

Agilent Accurate-Mass 6500 シリーズ Q-TOF
6200 シリーズ TOF LC/MS システム

clearly better choice

比類のない信頼性を実現する
超高精細 TOF テクノロジー

Our measure is your success.



Ultra High Definition TOF テクノロジーと 1290 Infinity LC が実現する 最高の LC/MS ソリューション

Ultra High Definition (超高精細) TOF テクノロジーが、分析性能と信頼性の飛躍的な向上を実現しました。

Agilent Accurate-Mass 6500 シリーズ Q-TOF LC/MS および Agilent Accurate-Mass 6200 シリーズ TOF LC/MS システムは、高品質のデータと、信頼性の高い分析結果をご提供します。さらに、アジレント LC/MS ファミリは、卓越した性能、スピード、感度、およびクロマトグラフィ分離能を持つ、新しい 1290 Infinity LC と組み合わせることで、最高の LC/MS システムを構築することができます。このシステムでは、より多くの低濃度化合物を、より高速、簡単、高い信頼性をもって分離および同定可能です。PTM 解析、バイオマーカープロファイリング、代謝物同定、農薬スクリーニング、インタクトタンパク質の特性解析などに対応可能な Agilent TOF および Q-TOF ソリューションは、最先端の研究分野で要求されるデータ品質をご提供します。このソリューションには以下の特長があります。

複雑なサンプル中の化合物の同定に必要な**優れた分析性能**

現在最も高速な UHPLC (Ultra High Performance LC) 分離の利点を活かす**分析スピード**

より適切な決定を迅速に行うために必要な**信頼性**

ラボの生産性を向上させ、優れた精密質量 MS および MS/MS 測定を実現するための

データマイニングツール

アジレントの MassHunter ソフトウェアの
高度なスクリーニング、プロファイリング、同定機能



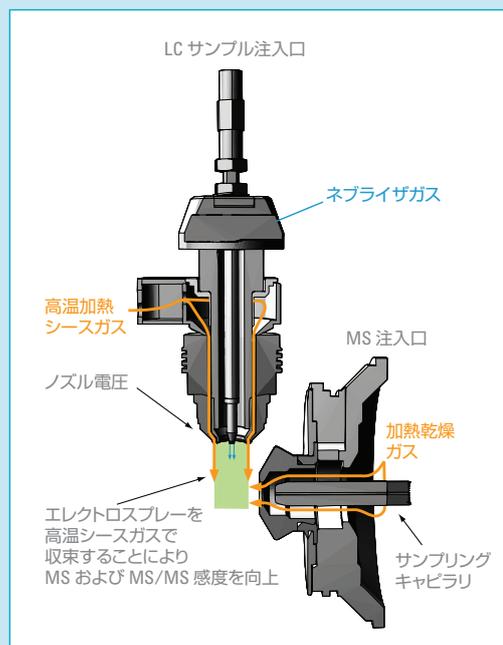
Agilent Accurate-Mass TOF (Time-of-Flight) および Q-TOF (Quadrupole Time-of-Flight) LC/MS システムは、Ultra High Definition Q-TOF テクノロジー、先進的な MassHunter Workstation ソフトウェア、さらに新しい 1290 Infinity LC の優れた HPLC/UHPLC 性能と柔軟性を組み合わせ、最高のソリューションをお届けします。

あらゆる性能を向上

Ultra High Definition TOF テクノロジーを導入した 6200 および 6500 システムは、データ取り込みスピード、質量範囲、質量分解能を犠牲にすることなく、業界最高の質量精度、ダイナミックレンジ、および感度を実現しています。他社製 Q-TOF、トラップベース LC/MS システムのように、質量精度、ダイナミックレンジ、および感度のために、スピード、質量範囲、質量分解能を犠牲にすることはありません。

アジレントの TOF、Q-TOF システムは、今日の超高速 UHPLC 分離に対応するために必要な取り込みスピードに加え、極めて複雑なサンプルから、できるだけ多くの情報を得るために必要な MS および MS/MS 測定における性能を有しています。

- **1-ppm 以下の質量精度**により、信頼性が高まり、偽陽性データが減少します。
- **最大 40,000 の質量分解能**により、分析対象化合物を干渉ピークから分離します。
- **最高 20 スペクトル/秒のデータ取り込みスピード**により、最高のデータ品質を確保し、高速クロマトグラフィやハイスループットメソッドの利点を最大限に活用します。
- **最大 5 桁のスペクトル内ダイナミックレンジ**により、他の夾雑物が高濃度で存在する場合でも、微量の分析対象物を検出します。
- **フェムトグラムレベルの高感度**により、極めて低濃度の不純物、代謝物、バイオマーカーを検出します。
- **高速スキャン設定時の極性切り替え**により、1 回の注入で陽イオンと陰イオンの両方を分析できます。
- **自動チューニングと信頼性の高い内部標準物質の導入**により、広い濃度範囲と質量範囲で一貫した質量精度と分子式の確認を実現します。



Agilent Jet Stream テクノロジーにより LC/MS と LC/MS/MS の感度が 5 倍上昇

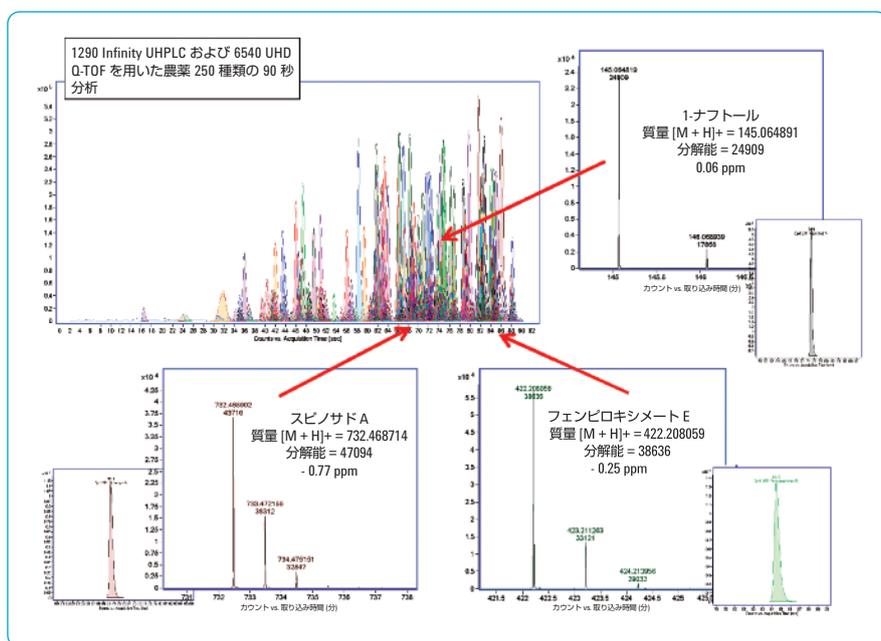
Agilent Jet Stream サーマルフォーカシングテクノロジーは、エレクトロスプレーで生成したイオンの空間的フォーカシングを向上させることで、MS および MS/MS 測定の S/N 感度を大幅に改善します。この革新的なテクノロジーは、高温に加熱された窒素を使用してイオン生成と溶媒除去を向上させ、シグナル強度を高め、ノイズを低減します。これにより、新薬候補物質、微量の食品汚染物質、代謝物、バイオマーカーの探索といった多くのアプリケーションにおいて S/N 感度を 5 倍以上改善します。

卓越した MS および MS/MS 性能 — UHPLC の利点をフルに活用

Agilent 6500/6200 シリーズの精密質量測定により、低分子、高分子ともに確実なスクリーニング、同定および定量が可能になります。

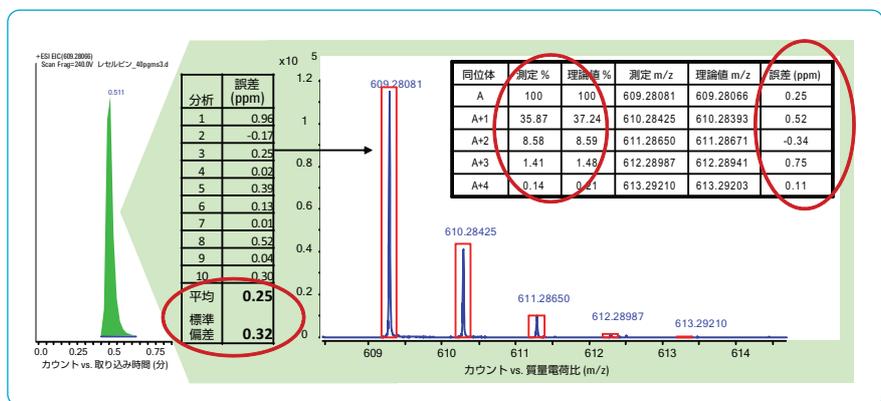
Agilent Jet Stream テクノロジー、超高速アナログデジタル変換 (ADC) 取り込み、自動標準物質導入など、すべての Agilent LC/MS に共通するハードウェアの技術革新により、従来の TOF および Q-TOF 機器を劇的に上回る性能を実現しました。

感度、精密質量、ダイナミックレンジ、および分解能のすべてが超高速 UHPLC 分離技術と完全にマッチし、アジレントの最新の UHPLC である 1290 Infinity LC と組み合わせることで、そのパワーを最大限に発揮できます。



非常に優れた質量分解能で、
より多くの化合物を検出

この例では、1290 Infinity LC、ZORBAX ラピッドレゾリューション High Definition (RRHD) カラムおよび 6540 Accurate-Mass Q-TOF を使用し、250 種類の農薬を 90 秒で分析しました。農薬の質量範囲全体で優れたクロマトグラフィとマススペクトルの分解能が得られています。低、中、高の m/z を代表する 3 種類の農薬について、詳細を示します。



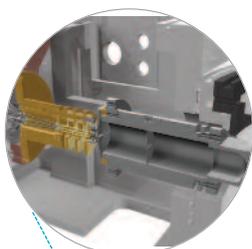
非常に優れた質量精度により、
分析信頼性が向上

6500 Q-TOF のコリジョンセルとイオン光学系の革新的な設計により、同じ標準物質で分子量キャリブレーションを MS と MS/MS の両方に使用できます。左図質量データは、レセルピンを 10 回注入し、カラム分離し得られたものです。カラムにレセルピンを 40 pg 注入した結果、優れた同位体比精度と標準偏差 (この例では 0.32 ppm) が得られています。

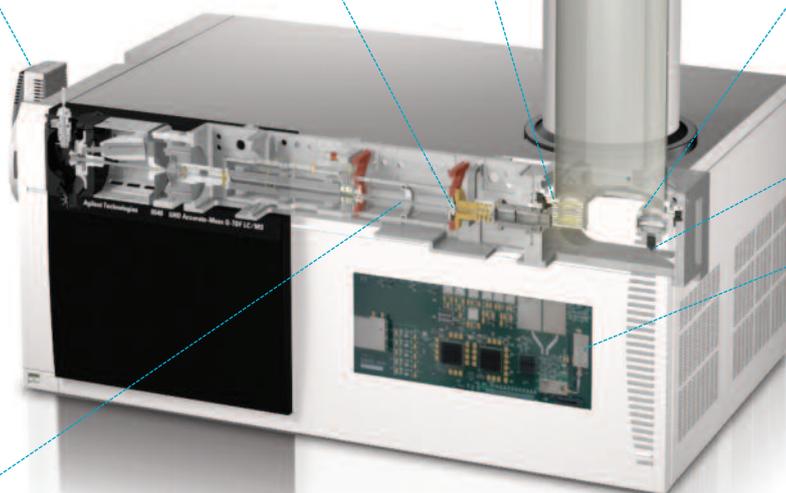
デュアルステージのイオンミラーにより、二次タイムフォーカス能力が向上し、**最高の質量分解能**が実現されます。



イオンビーム集光 (IBC) テクノロジー (特許出願中) は、イオンビームを最大 10 倍集光および冷却します。これにより、イオン損失が減少し、質量割り当ての精度が向上します。**質量分解能と質量精度は、最大 200% 向上します。**



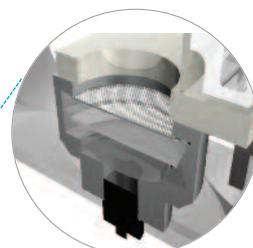
独自の直交型スプレーをはじめとするイオン源の改良により、**イオン生成効率を最大化し、ノイズを低減**すると同時に、内部標準物質の自動導入により優れた質量精度を維持します。



イオンは、ヘキサポールコリジョンセルで加速され、**高品質 MS/MS スペクトル**をより高速に生成します。

真空断熱シエル内に密封された独自の INVAR フライトチューブにより、温度変化に起因する熱質量ドリフトを防ぎ、常に優れた質量精度を維持します。長さを延長することで**質量分解能**が向上しました。

単一のイオン到達時間を記録するタイムデジタル変換 (TDC) 検出器とは異なり、アナログデジタル変換 (ADC) は複数のイオン到達時間を記録し、**広い質量範囲とダイナミックレンジの濃度で極めて正確な質量割り当て**を可能にします。



高サンプリングスピード (32 Gbit/s) を実現する 4GHz ADC エレクトロニクスにより、イオン強度の小さい分析対象物でも分解能、質量精度、感度が向上します。低ゲインチャンネルと高ゲインチャンネルの両方で検出器シグナルを同時に処理するデュアルゲインアンプにより、**ダイナミックレンジが 10⁵ にまで拡大**します。

あらゆるアプリケーションで生産性を向上

ラボの生産性向上には、分析スピードとデータ品質を高めることが必要です。Agilent TOF および Q-TOF ソリューションは、卓越した分離スピードと分解能、優れた定性能力、強力な MassHunter データマイニングソフトウェアを組み合わせ、生産性に関するあらゆる課題に対応します。

Agilent 1290 Infinity LC システム 無限大の可能性を開く、最先端 UHPLC

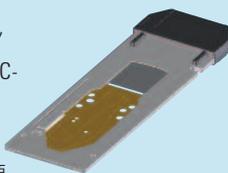
1290 Infinity LC は、Ultra High Definition Q-TOF テクノロジーの利点を利かし、分離を最適化して生産性を最大化する LC です。ZORBAX ラピッドレゾリューション High Definition (RRHD) カラムは、優れた UHPLC 結果を実現するための分離能力を備えています。非常に複雑なサンプルでも、1290 Infinity LC システムの比類のないピークキャパシティとクロマトグラフィ分離能により共溶出化合物によるイオン抑制効果を最小化します。



Agilent 1290 Infinity LC は、比類なきパワーレンジにより、クラス最高のスピード、分離能、および感度を実現し、無限大の可能性を提供するシステムです。

少量のサンプルに対して最高の感度を実現する HPLC-Chip/MS テクノロジー

複雑なナノフロー LC 分離をプラグ&プレイのみで実現する 1200 シリーズ HPLC-Chip/MS テクノロジーに、Agilent 6500 シリーズおよび 6200 シリーズシステムは完全に対応しています。HPLC-Chip は、顕微鏡スライドサイズの再利用可能な 1 枚のマイクロ流体チップ上にサンプル濃縮機能と分離カラムおよびナノスプレーチップがインテグレートされています。堅牢で超高感度な結果を実現でき、使用できるサンプル量の少ないタンパク質およびペプチドアプリケーションに特に適しています。



- 低濃度のサンプルを精度よく分析できます。
- 幅の狭い、クリアなピークにより、信頼性の高い化合物同定が可能になります。
- 新しい HPLC-Chip II には新しい炭素イオンインプラントフィルタが搭載されているため、チップ間および分析間の再現性が向上し、生産性が最大化されます。
- より信頼性の高いナノスプレー MS は、バイオマーカーの探索およびバリデーション、インタクトモノクローナル抗体分析、薬物動態などの低分子化合物分析、翻訳後修飾 (PTM) 研究におけるリン酸化ペプチドなどのアプリケーションに適しています。

生産性を向上させる MassHunter ソフトウェア

アジレントの MassHunter Workstation ソフトウェアは、機器のセットアップから最終レポートまで、MS 分析のあらゆる手順をより速く、より容易に、より生産的に実施できるように設計されています。データ分析ツールにより、複雑なマトリクス中の化合物を速やかに検出、比較、および同定できます。化合物中心のデータマイニングおよびナビゲーション機能によって、MS データ解析を効率よく行い、簡略化できます。

使いやすい単一のインターフェースで基本的な定性および定量分析タスクをすべて処理できます。アプリケーションに特化した他のワークフローソフトウェアにシームレスに統合することもできます。

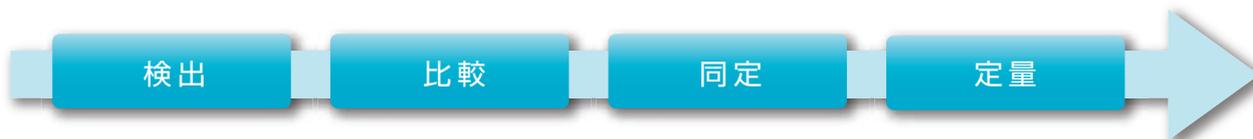
MassHunter は、未知化合物の検出、比較、同定を簡単かつ確実に実行します。 総合的なデータマイニングを可能にする独自のアルゴリズムにより、未知化合物を信頼性高く、確認、同定します。

アプリケーション主体のデータベースとライブラリ検索。 MassHunter Workstation ソフトウェアでは、METLIN、Spectrum Mill などの公共およびプライベートデータベースを用いて、分析対象化合物の自動精密質量検索を実施することが可能です。これにより、生産性が高まるとともに、化合物同定が容易になります。精密質量およびリテンションタイム、精密質量 MS または MS/MS データから分子式を予測することにより、農業、法医学、毒性などのアプリケーションにおいて化合物を検索できます。

The screenshot displays the MassHunter Workstation interface with several key components highlighted by blue arrows and text labels:

- 化合物中心のデータナビゲーション** (Compound-centric data navigation): Points to the left-hand 'Data Navigator' pane.
- 詳細な分子式予測および精密質量データベース検索結果** (Detailed molecular formula prediction and high-resolution mass database search results): Points to the 'Compound List' table on the right, which includes columns for Name, Calc. RT, and Base Peak.
- メソッドエディタとエクスプローラ** (Method editor and explorer): Points to the 'Method Editor' window at the bottom left.
- 分子式および精密質量データベース検索ヒット件数が記載された化合物のリスト** (List of compounds with molecular formula and high-resolution mass database search hit counts): Points to the 'Compound List' table.
- 個々の化合物について重ね書きされた化合物クロマトグラム** (Overlaid compound chromatograms for individual compounds): Points to the 'Chromatogram Results' plot in the center.
- 各化合物に対して同定されたイオン試料が記載された質量ピークリスト** (Mass peak list with identified ion samples for each compound): Points to the 'MS Peaks' table at the bottom right, which lists m/z, Abund., Charge, etc.
- 予測された式に理論上の同位体パターンを重ね書きした化合物マススペクトル** (Compound mass spectrum with overlaid theoretical isotope patterns for the predicted formula): Points to the 'MS Spectrum Results' plot at the bottom center.

定性分析における化合物の容易な検出、比較、および同定。MassHunter Workstation を使用すると、化合物ごとの結果作成、整理、ナビゲート、保存、レポートが容易になります。

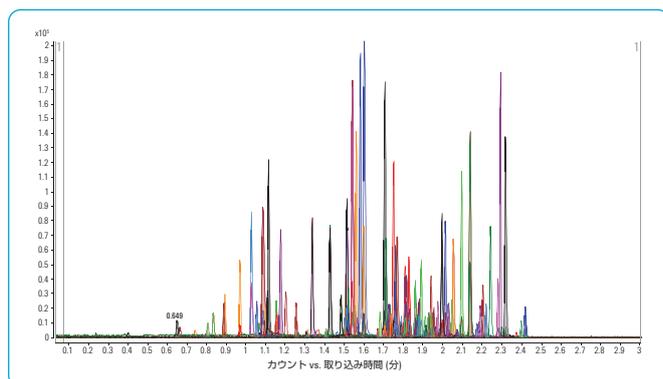


MassHunter Workstation は、ワークフローに沿った化合物中心のアプローチにより、化合物を自動的に検出、比較、同定、定量します。

食品安全分析と環境分析のためのソリューション

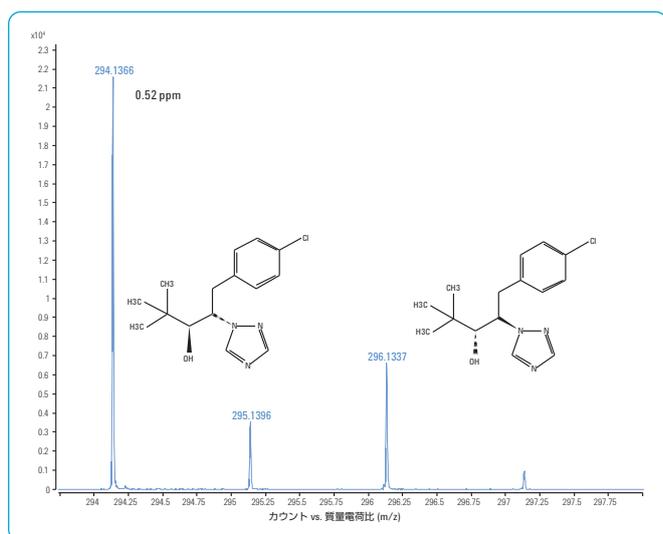
超高速スペクトル取り込み、広いダイナミックレンジ、および優れた質量精度と質量分解能により、夾雑物が含まれている場合でも、数百種類の化合物を1回の分析でスクリーニングできます。MassHunter ソフトウェアは、サンプル構成成分を特定し、公共およびプライベートデータベースを自動的に検索して、信頼性の高い結果を迅速に提供します。メソッド、化学薬品標準物質、化合物データベースなどを含む新しい Agilent アプリケーションキットは、セットアップと構成にかかる時間を短縮し、研究のための時間を確保し、ラボの生産性向上に寄与します。

農薬の超高速スクリーニングおよび同定



Q-TOF により、3分未満で 100 種類の農薬同定を実現。優れたピークキャパシティと高速な MS 取り込みによって、大量の農薬を分離し、信頼性の高い化合物同定を行うことができます。Q-TOF の高速取り込み機能によって、フルスペクトルデータを取り込みながら、分析時間を大幅に短縮できます。(ZORBAX RRHD カラム、1290 Infinity LC、6540 Accurate-Mass Q-TOF を使用)

高分解能 MS、1 ppm 以下の質量精度、および 10 スキャン/秒の同位体ピーク精度



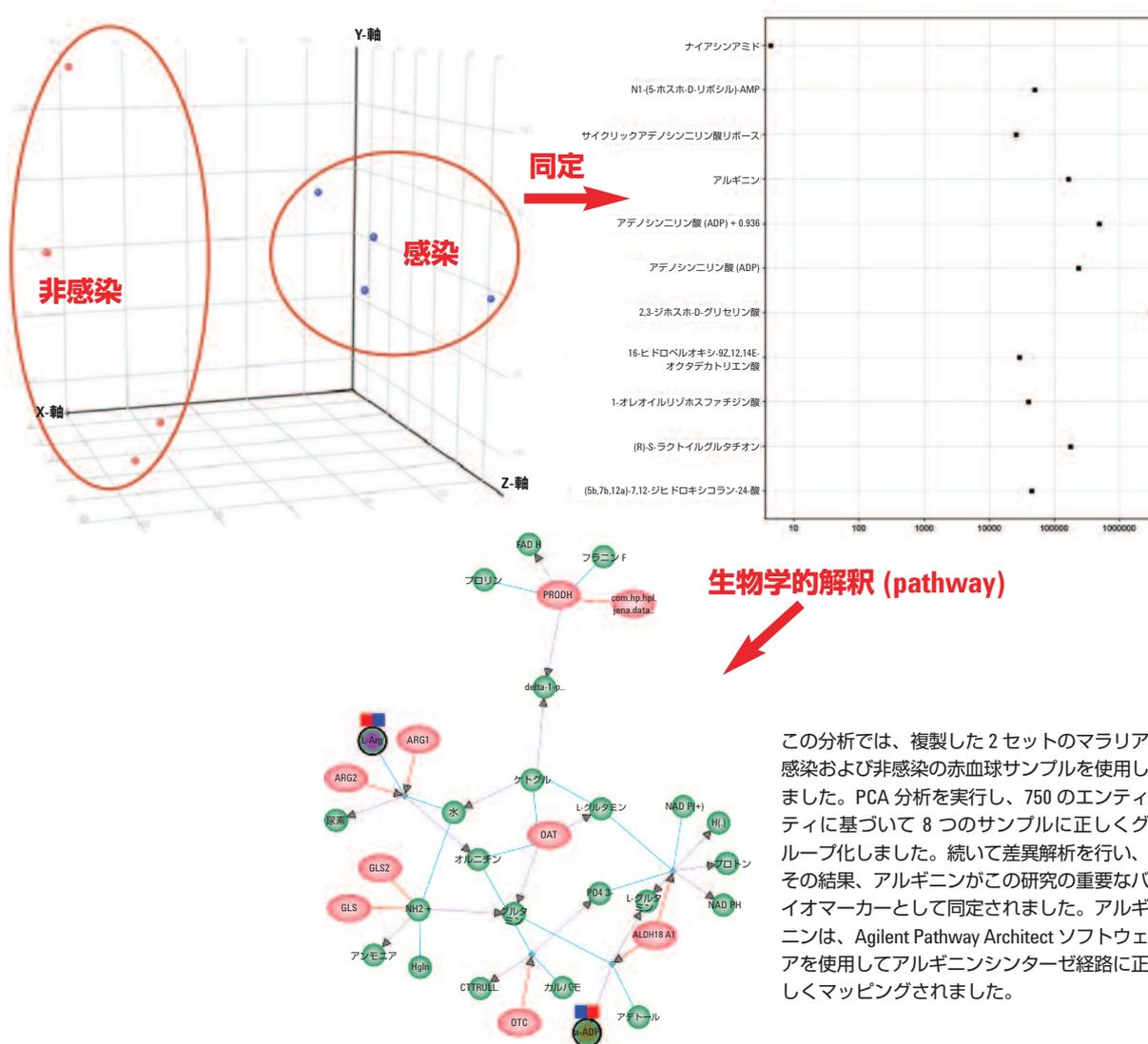
3 分間に数千種類の農薬をスクリーニング。この例では、それぞれ 1 秒の LC ピークで 10 個のデータポイントを収集し、数千種類の農薬を 3 分でスクリーニングできます。

より多くのバイオマーカーをより速やかに検出

アジレントの Ultra High Definition Q-TOF テクノロジーにより、複数のサンプル群間で、存在量の異なる物質由来ピークの差異を迅速に検出し、精密質量 LC/MS データからバイオマーカー候補を見つけることが可能です。LC/MS ソリューションと METLIN パーソナル代謝物データベースや Mass Profiler Professional などの統合ソフトウェアソリューションを組み合わせることで、複雑な生体系を理解するための強力なツールが構築されます。

卓越した TOF 感度と 5 桁のダイナミックレンジにより、高濃度な化合物の存在下でも低濃度代謝物を検出できます。1 ppm 以内の質量精度は、化合物同定の信頼性を高め、偽陽性を排除します。23,000 を超える内因生および外因性代謝物、脂質、およびジペプチドとトリペプチドを収録したアジレントの METLIN パーソナル代謝物データベースは世界で最も充実した代謝物データベースで、カスタマイズも可能です。

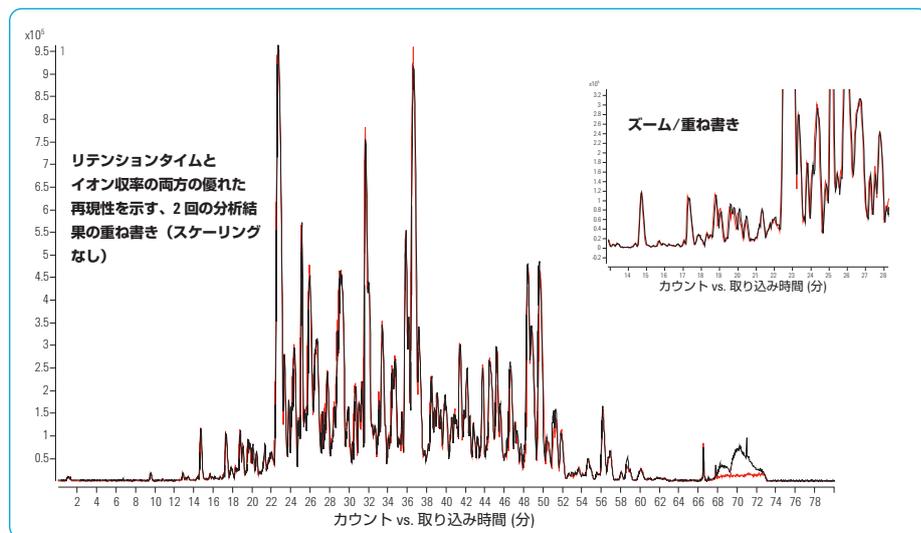
プロファイリング、多変量分析、同定、および経路解明のための代謝物データマイニングツール



信頼性の高い生体分子の同定、特性解析、および定量

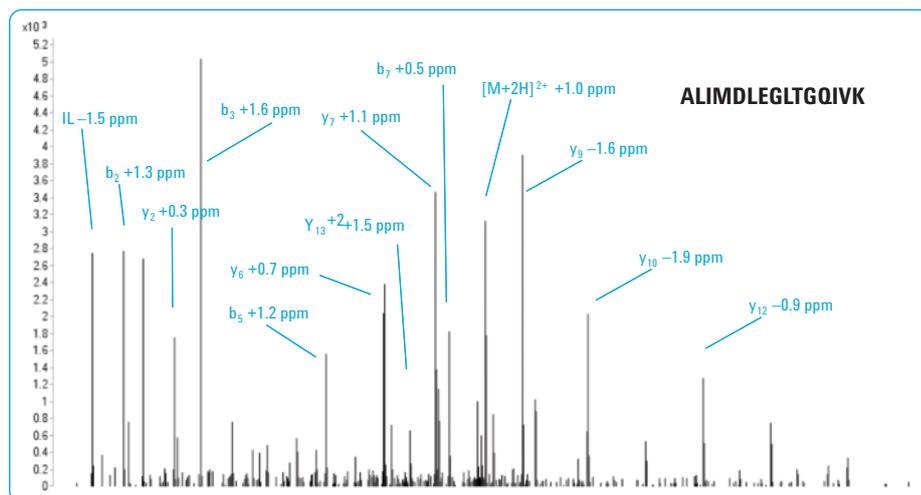
アジレントの 1200 シリーズ HPLC-Chip/MS システムは、高速で再現性の高いナノフロー LC 分離を実現します。この高性能を Accurate-Mass Q-TOF プラットフォームの高いスペクトル品質とマッチングさせることにより、差異解析で良好な結果を得ることができます。優れた質量精度および質量分解能と広いダイナミックレンジの利点によりプロファイリング性能が最適化され、低濃度化合物の検出や高濃度と低濃度両方でのペプチドとタンパク質の確認が可能です。

優れた MS 再現性



酵母サンプルからの SEC 分留のトリプシン消化物の 2 回の分析結果の重ね書き。リテンションタイムとイオン収率の両方について高い再現性が示されています。(Agilent HPLC-Chip/MS および 6540 Accurate-Mass Q-TOF による分析)

優れた MS/MS 質量精度



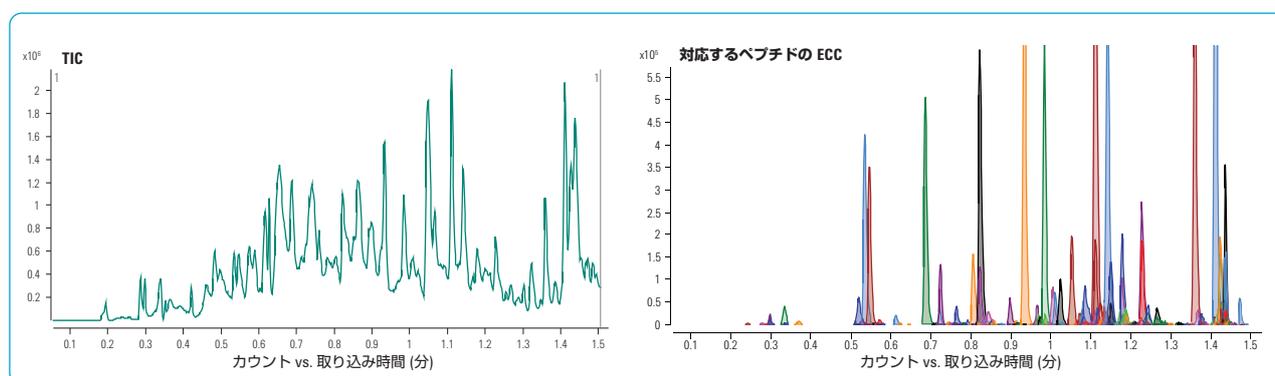
酵母からのペプチド、ALIMDLEGLTGQIVK についての MS/MS スペクトル。平均プロダクトイオン質量精度は 2.3 ppm でした。ペプチドからのすべての b イオンおよび y イオンが、対応する質量精度値と共に示されています。(Agilent HPLC-Chip/MS および 6538 Accurate-Mass Q-TOF による分析)

インタクトタンパク質の信頼性の高い確認

分析対象のタンパク質の完全な特性解析 (分子構造と構造変化に関する詳細を含む) には、インタクトタンパク質とタンパク質消化物の両方に対する詳細で正確な分析が必要です。アジレントの Q-TOF プラットフォームの精密質量 MS および MS/MS 測定は、インタクトタンパク質の同定において、より高い信頼性を実現します。システムの TOF 機能の高い分解能によって、多価イオンの確認 (荷電状態の確認) による精密質量の測定、翻訳後修飾、化学分解、および組み換えに起因する構造の微細な変化をピンポイントで突き止めることができます。

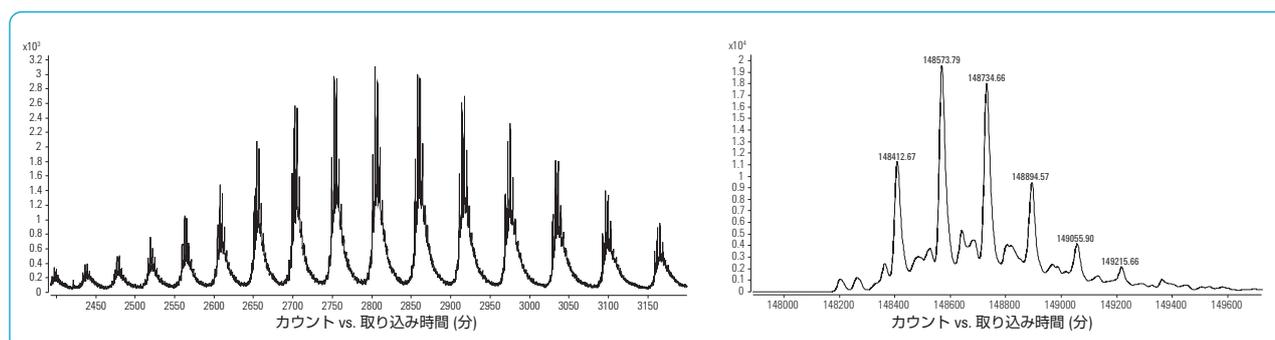
MassHunter BioConfirm ソフトウェアは、マスペクトルデータのデコンボリューション機能とペプチドマッピング用の配列エディタ/マッチ機能に加えてアミノ酸組み換えや糖修飾の予測、確認を行い、組み換えタンパク質および合成ペプチド、オリゴヌクレオチドの特性解析を支援します。

モノクローナル抗体代謝物の 100 % 配列範囲



2 分未満で完全な mAb 配列を網羅。この例は、IgG 配列に対応するペプチドの抽出化合物クロマトグラム (ECC) を示しています。LightChain と HeavyChain 両方について、100 % のアミノ酸配列範囲が確認できました。流速 1.6 mL/分、1100 bar を超えるシステム圧力で、分析時間は 2 分未満でした。(Poroshell 120 カラム、Agilent 1290 Infinity LC、6530 Accurate-Mass による分析)

インタクト抗体の MS 測定およびデコンボリューション



600 pg (4 fmol) をカラムに注入した後に脱グリコシルした ANTI-FLAG 抗体の MS スペクトル。右側のデコンボリューションスペクトルは、主な 6 つの異なるグリコフォームを示しています。(Agilent HPLC-Chip/MS および 6530 Accurate-Mass Q-TOF による分析)

ワークフローに沿ったソフトウェアによる データ品質とラボの生産性の向上

ラボの生産性を最大化するために、アプリケーションに特化した使いやすいソフトウェアを MassHunter Workstation にシームレスに統合できます。次のようなソリューションをご提供します。

Mass Profiler Professional

精密質量 MS データの高度な情報をあますところなく活用する強力なケモメトリックスソフトウェアパッケージ

MassHunter Workstation 用の Spectrum Mill

タンパク質の同定、相対的定量、特性解析

MassHunter BioConfirm ソフトウェア

インタクトタンパク質の特性解析およびオリゴヌクレオチド分析

MassHunter Metabolite ID ソフトウェア

医薬品代謝物の同定

パーソナル化合物データベースおよび ライブラリソフトウェア

- MassHunter パーソナル法医学および毒性データベース
7,000 を超える化合物を利用可能
- MassHunter パーソナル農薬データベース
1,600 を超える化合物を利用可能
- Agilent METLIN パーソナル代謝物データベース
包括的な内因性代謝物データベース (8,000 の脂質をはじめ、
23,000 を超える化合物が含まれます)

アジレントのサービスが、 ラボの生産性を最大に保ちます

最高のトレーニングを受けたサービスエンジニアがお客様をサポートします。サポート対象機器の台数やベンダーにかかわらず、アジレントは問題を速やかに解決し、稼働率を向上させ、ラボのリソースを最適化のお手伝いをさせていただきます。ラボのニーズと予算に合わせ、次のようなサービスを提供しています。

- 信頼できるシステム動作を確保し、不測のダウンタイムを最小限に抑えるオンラインサポート
- 稼働時間を最大化するリモート診断モニタリング機能
- 迅速で専門的なトラブルシューティングおよび修理
- 導入後の迅速な立ち上げと、アジレント機器を最大限に利用するための、エキスパートによる設置、習熟、高度なトレーニング

関連情報

詳細については以下をご覧ください。

www.agilent.com/chem/jp

カスタマコンタクトセンター

フリーダイヤル 0120-477-111

本文書掲載の機器類は薬事法に基づく登録を行っておりません。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。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。

アジレント・テクノロジー株式会社
© Agilent Technologies, Inc. 2010
Printed in Japan February 10, 2010
5990-4052JAJP



Agilent Technologies