

同定、定量を簡略化 精密質量による全体像の把握

Agilent 7250 GC/Q-TOF システム



より大きな成果を達成するために

サンプルにどのような成分がどの程度含まれているのかを解明できれば、成果達成に向けて的確な判断を下し、困難な課題に対応できるようになります。

数々の革新技術を搭載した一体型の Agilent 7250 GC/Q-TOF システムと、豊富な解析機能を備えた Agilent MassHunter ソフトウェアがあれば、信頼性の高い GC/MS ワークフローを実現できます。7250 は、以下のようなアプリケーションをはじめ、きわめて複雑な同定、定量、探索の課題にも対処できる最高レベルの GC/MS システムです。

- 複雑なメタボロミクス研究
- 分析困難なマトリックス中の農薬のスクリーニング
- ハーブ抽出物中の化合物の同定
- 化学工業原料の汚染レベルの確認

7250 は、現代の分析現場に求められる性能と堅牢性を考慮して設計されています。お客様が必要とする高品質の結果が確実に得られます。



ルーチンワークフローから最先端の研究まで、あらゆる分析に究極の信頼性を実現

7250 の特長

- 高感度の検出
- 正確な定量
- 分子式推定能力
- スペクトルの単純化
- 再現性のあるデータ

お客様のメリット

- 将来的な規制への対処
- より確かな結果
- 未知化合物の推定
- データ解析の効率化
- 再現性の向上

複雑化が進む課題の解決に向けた新たなメソッドと画期的なアプローチ

ラボが求める分析レベルは時代とともに進化しています。アジレントは 40 年以上にわたり、お客様のニーズに応える革新技術を通して世界中のラボを支えてきました。

7250 は、アジレント最高性能を誇る GC/Q-TOF です。幅広いアプリケーションにわたって卓越した性能を発揮します。

化合物同定にさらなる確信を

「アジレントの機器が当ラボにとって非常に有用である理由は3つあります。信頼性が高いこと、正確なこと、使いやすいことです。」

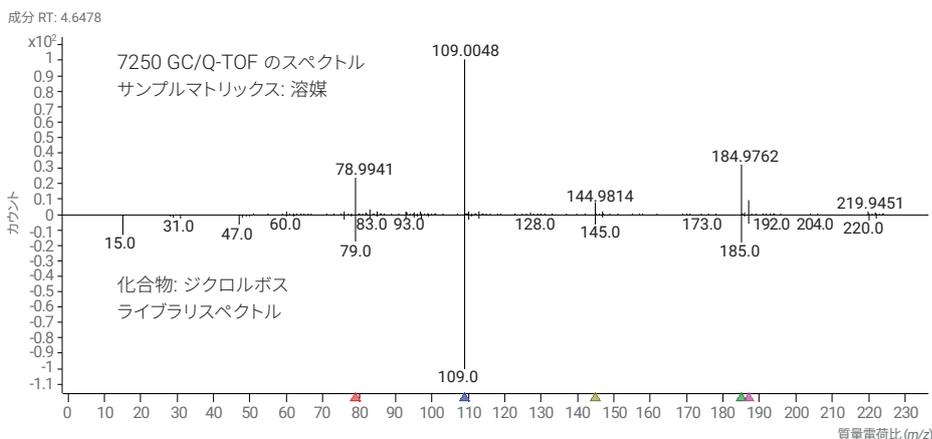
– Mike Thurman 博士
Center for Environmental Mass Spectrometry, University of Colorado

研究、開発、品質管理では、サンプルの全体像を把握することがきわめて重要になります。優れた分析力を備えた 7250 と MassHunter ソフトウェアがあれば、化合物の同定をかつてないほど正確かつ確実に行えます。

- **化合物の確実な同定:** 歪みのないライブラリ品質のスペクトルが得られるため、市販ライブラリとの照合により確信をもって化合物を同定できます。
- **確かな情報にもとづく分子式の確認:** 正確な同位体パターンにより、高い信頼性での分子式推定が可能です。
- **微量成分の検出:** スペクトル内ダイナミックレンジが広いため、高濃度の共溶出物の存在下でも成分を確実に検出できます。
- **分子構造の解明:** 高分解能の精密質量プロダクトイオンスペクトルを含む MS/MS 測定データから分子構造情報が得られます。また、優れた選択性によりマトリックス干渉が排除されます。

信頼性の高いスペクトルと質量精度: ジクロロボスの分析

市販のライブラリでスペクトルを検索することにより、化合物を簡単に同定できます。7250 では、数十万種類もの化合物ライブラリスペクトルと同等の品質のスペクトルが得られます。実際、ライブラリスペクトルの大半は Agilent 四重極 GC/MS システムで生成されたものです。ライブラリと同等のフラグメンテーションパターンが得られること、またフルスペクトル採取が可能なおかげで、7250 は GC/MS での同定に最適なプラットフォームと言えます。



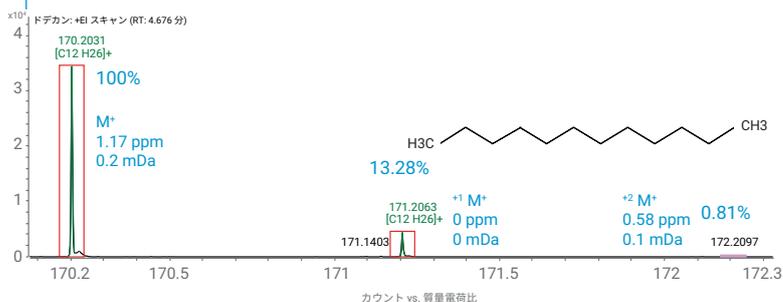
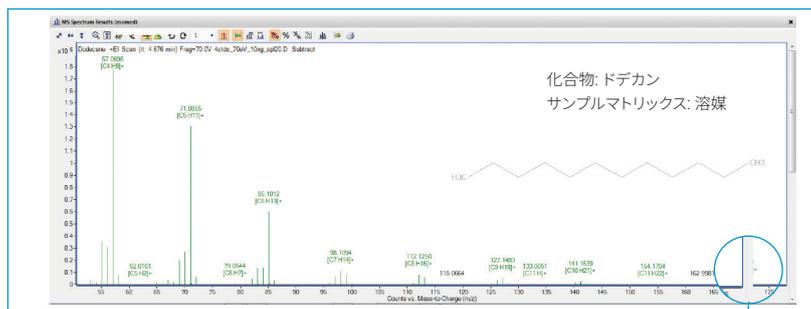
アジレントバリュープロミス

アジレントは、ご購入日から 10 年間、機器の性能を保証いたします。
また、アップグレードの際には、システムの残存価値に見合った導入プランをご提案します。

正確な同位体パターン: ドデカンの分析

信頼性の高い化合物同定に必要なのは、優れた質量精度だけではありません。同位体パターンマッチングなど、各成分の特性を考慮することも不可欠です。

MassHunter Qualitative Analysis では、同位体忠実度を簡単に視覚化できます。また、その情報を精密質量測定データとあわせて使用することで、化合物を確実に同定することが可能です。7250 では、微量濃度の同位体も含め、きわめて正確な同位体パターンが得られます。ここに示すドデカンのスペクトルでも、わずかな M^+ ピーククラスタが検出されているのがわかります。

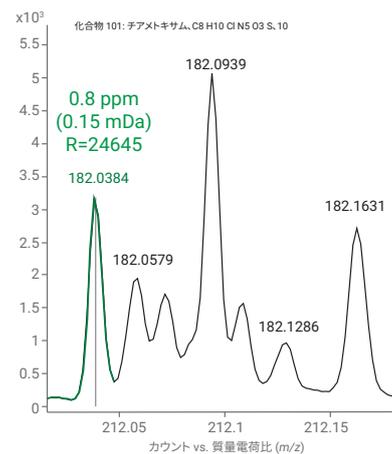
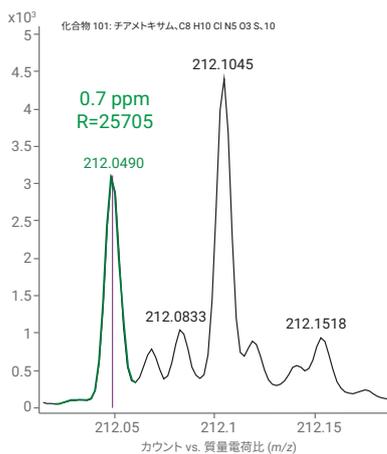


高い分離能と質量精度: チアマトキシムの分析

干渉成分から目的成分を分離するためには、高い質量分解能が必要です。しかも、その優れた分解能を、複雑なマトリックスサンプルや微量成分の分析など、困難な条件下で発揮できなければなりません。

ここに示す例は、7250 を使用して、アボカド中の殺虫剤チアマトキシム 5 ppb を分析した結果です。アボカドはバックグラウンドレベルが非常に高い複雑なマトリックスを含むサンプルですが、特徴的な質量ピークが、SANTE/11945/2015 ガイドラインに準拠した質量精度でバックグラウンドから分離されています。

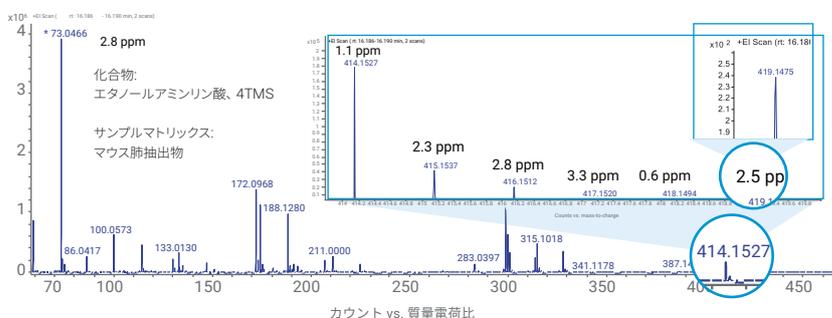
この優れた 7250 GC/Q-TOF のスペクトル性能は、取り込みスピードや質量範囲を変えても損なわれることはありません。



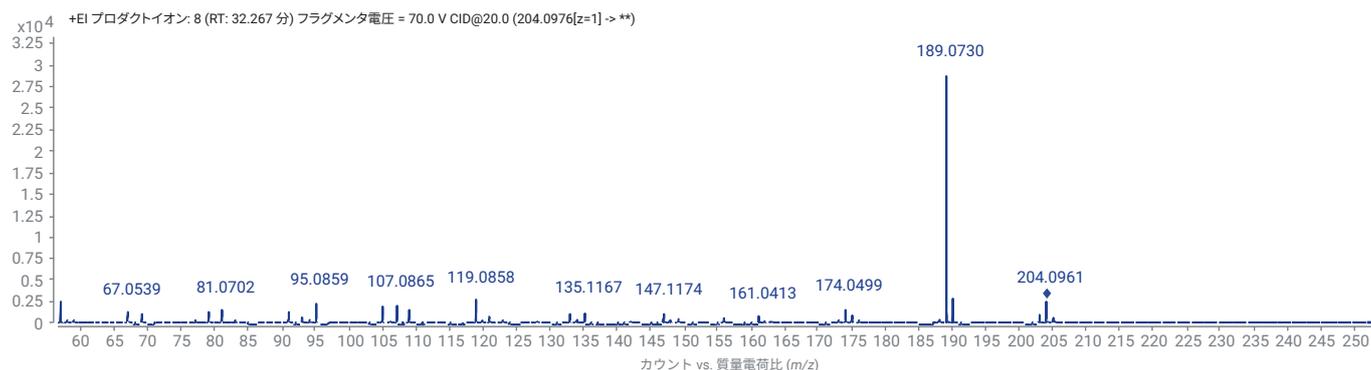
広いダイナミックレンジ: エタノールアミンリン酸の分析

広いスペクトル内ダイナミックレンジにより、バックグラウンドが高い場合や高濃度の共溶出物が存在する場合でも、微量濃度の目的成分を確実に検出できます。

7250 のスペクトル内ダイナミックレンジは通常 4 桁にわたり、それは高マトリックス下でも変わりません。この例は、マウス肺から抽出した複雑な生体サンプルの分析結果です。16,000+:1 のダイナミックレンジにより、微量のエタノールアミンリン酸 (4TMS) が検出されています。



化学構造の解明とさらなる真相の探求



Molecular Structure Correlator ソフトウェアでは、推定分子イオンから生成された MS/MS プロダクトイオンスペクトルを用いて、フラグメントイオンの精密質量情報に基づいた可能性のある化合物がスコア化されてリストアップされます。

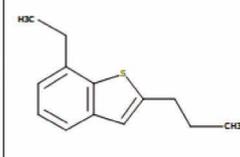
C13H16S: 521985

Scores: 1
MFG=100.0 MSC=88.0 Overall=88.0

ChemSpider: [521985](#)

[More Info...](#)

[Fragment](#) [Choose](#)



Rank	Mass	Intensity	Weight(%)	No. of candid.	Best score
1	189.0730	10352.75	63.5	2	98.9
2	119.0859	2749.10	6.7	4	89.0
3	105.0701	2336.48	4.4	2	96.5
4	119.0859	2749.10	6.7	4	89.0
5	175.0574	1575.93	8.3	4	99.0
6	175.0574	1575.93	8.3	4	99.0
7	55.0545	1574.50	0.8	4	92.6
8	93.0701	1565.03	2.3	4	85.3
9	91.0546	1543.52	2.2	3	92.4
10	174.0496	1428.89	7.4	4	97.5

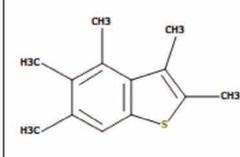
C13H16S: 163486

Scores: 2
MFG=100.0 MSC=85.0 Overall=85.0

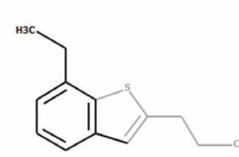
ChemSpider: [163486](#)

[More Info...](#)

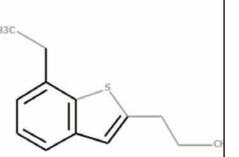
[Fragment](#) [Choose](#)



Penalty=5.5 dM=-2.7ppm F.D.S.=99.6 Of 1
C9H12-H Score=89.0



Penalty=7.0 dM=-2.7ppm F.D.S.=99.6 Of 1
C9H10-H Score=83.0



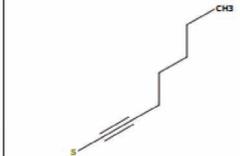
C13H16S: 9184236

Scores: 3
MFG=100.0 MSC=76.7 Overall=76.7

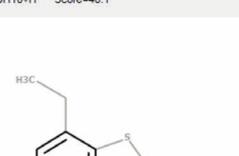
ChemSpider: [9184236](#)

[More Info...](#)

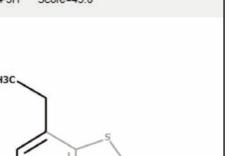
[Fragment](#) [Choose](#)



Penalty=14.0 dM=-2.7ppm F.D.S.=99.6 Of 1
C9H10+H Score=48.1

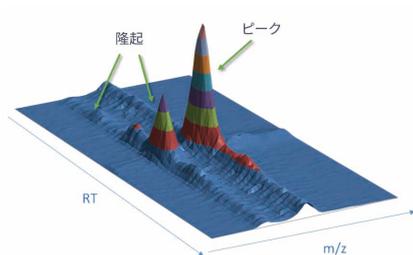


Penalty=14.5 dM=-2.7ppm F.D.S.=99.6 Of 1
C9H14-3H Score=45.6



未知化合物や、構造が未知の化合物の場合は、可能性の範囲をフィルターで絞り込むことが可能です。

定量真度を向上



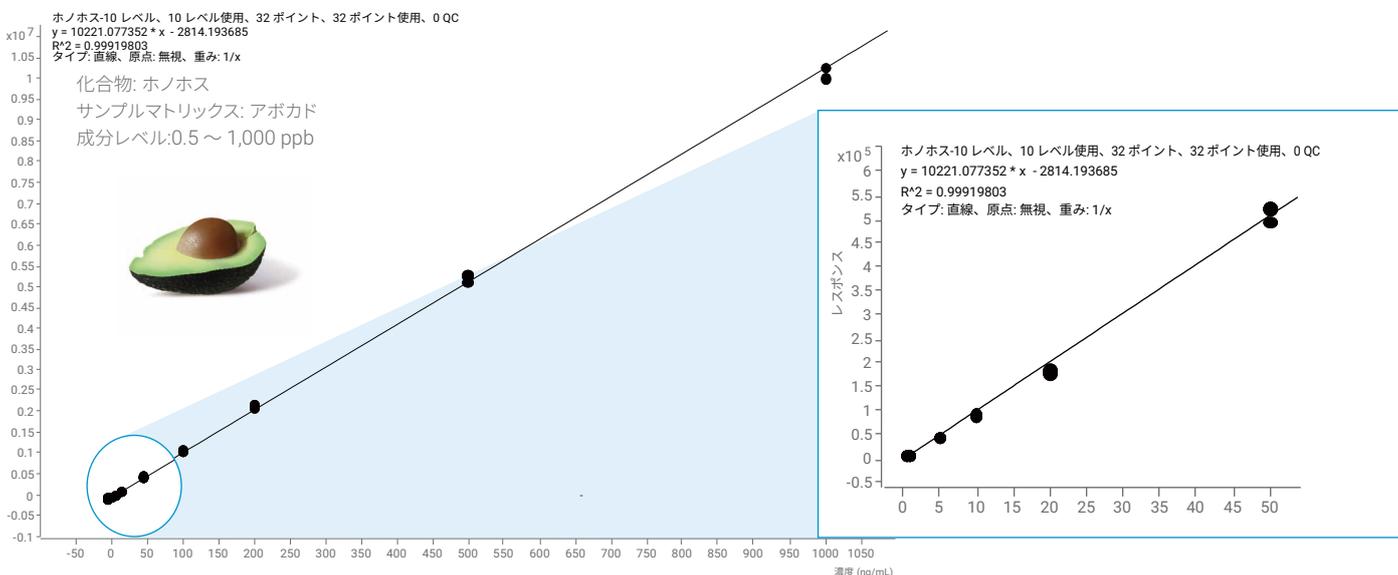
Agilent MassHunter SureMass は、高分解能 MS プロファイルデータ用に設計された化学的特性検出アルゴリズムです。

ターゲット成分の定量とノンターゲットでの取り込みを組み合わせることで、非常に効率的なスクリーニングが実現します。Agilent 7250 GC/Q-TOF システムでは、その優れたクロマトグラフィー性能、高い質量分解能、および広いダイナミックレンジにより、卓越した定量真度がもたらされます。

- **広いダイナミックレンジにわたり高分解能を維持:** 最先端のエレクトロニクスを駆使した質量の分離と検出により、広い濃度範囲にわたり良好な直線性が得られます。
- **複雑なサンプルも高精度分析:** 高マトリックスサンプル中の微量成分に対してもレスポンス係数が一定に保たれます。
- **高速定量:** 高速取り込みと高分解能スペクトルにより、狭い範囲に共溶出する GC ピークのデコンボリューションを正確に行えます。
- **化合物の特性を検出・抽出:** MassHunter SureMass の独自の信号処理アルゴリズムにより、質量精度と信号強度が最適化されます。

正確な定量: ホノホスの分析

広い直線ダイナミックレンジにより、幅広い濃度にわたって優れた定量真度が実現されます。この例は、アボカドマトリックスに含まれる 0.5 ~ 1,000 ng/mL のホノホスの測定結果です。複雑なサンプルであるにもかかわらず、低濃度領域まで検量線のレスポンス係数が一定に保たれています。



分析をよりシンプルに

これまで非現実的とされてきたワークフローも、世界唯一の高分解能 GC/Q-TOF、7250 なら可能です。特殊なイオン化法に頼らなくても、幅広い成分に電子イオン化を汎用的に適用し、シンプルで明確なスペクトルを生成することができます。

7250 に搭載されている電子イオン化 (EI) イオン源は、Agilent 5977B GC/MSD および 7010B GC/TQ システムで多くの実績がある超高感度イオン源 (HES) をベースとしています。この EI イオン源は低エネルギーでのイオン化に最適化されていますが、従来の 70 eV のイオン化電圧でも優れた性能を発揮します。また、HES の改良により低エネルギー電子イオン化時の感度が飛躍的に高まり、GC/MS に新たな形のソフトイオン化がもたらされます。

7250 では、このソフトイオン化オプションに加え、交換可能な化学イオン化イオン源もご利用いただけるため、1つのシステムでよりシンプルな分析が実現します。

- **高い信頼性での同定:** アプリケーションに応じて分子イオンの不要な分解を防ぎ、またはそのイオン化を促進することで、高感度の MS/MS 測定が可能になります。
- **これまでにない汎用性:** 幅広い化合物クラスをイオン化できます。他のソフトイオン化法に起こりがちな感度低下も生じません。
- **効率の向上:** GC/MS のマーケットリーダーが提供する実績あるイオン源技術の優れた性能を活用いただけます。



低エネルギー EI イオン源による汎用性の高いイオン化と信頼性の高い検出により、高感度測定が容易になります。

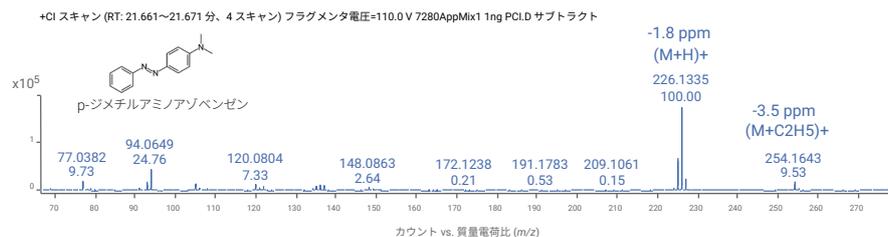
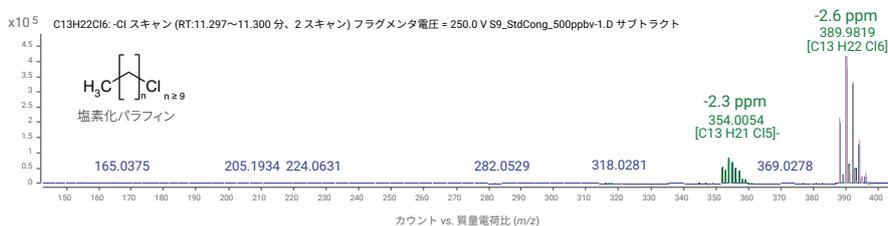
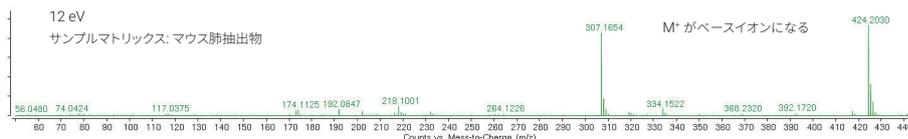
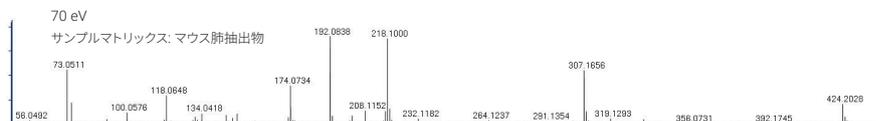
交換可能な化学イオン化イオン源もご利用いただけるため、GC/MS の従来のソフトイオン化への切り替えも簡単です。

分析困難なマトリックスのソフトイオン化: キヌレニンの分析

複雑なマトリックス中の代謝物 (および構造類似性の高いその他の化合物クラス) は、容易に同定できない場合があります。ここに示すメタボロミクス測定では、マウス肺抽出物中でキヌレニンが検出されています。

イオン源のイオン化エネルギーを下げて測定したスペクトルでは、高 m/z 側の分子イオンの信号強度が高くなっています。17 eV 時に分子イオンの相対量と絶対量がどちらも増加したことから、この MS/MS 測定ではイオン化電圧 17 eV が最適と言えます。

また、イオン化エネルギーをさらに低くしたスペクトルでは、提示された推定分子イオンがベースイオンになっており、これが同定のさらなる裏付けとなります。



食品の安全を GC/Q-TOF テクノロジーで守る

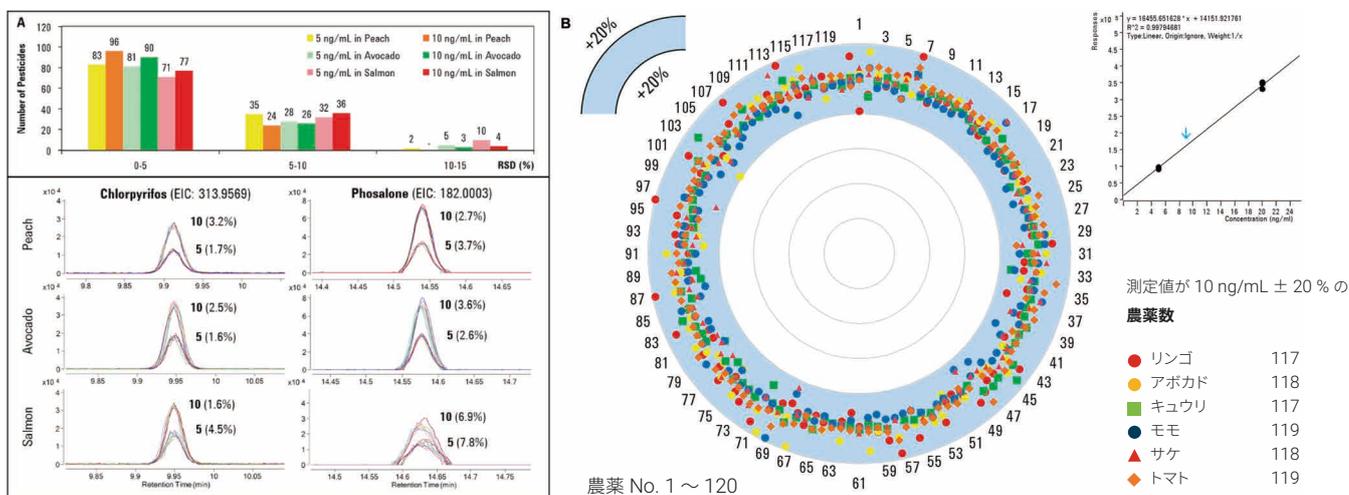
食品生産者と消費者は、食品への儀和物混入や偽装表示の脅威にさらされています。また、国際貿易の活発化、規制の厳格化、食品安全性に対する意識の高まりを背景に、食品検査をより頻繁かつ詳細に行うことが急務となっています。

これらの課題を解決へと導くのが 7250 です。ターゲット化合物、存在が疑われる化合物、および未知化合物のスクリーニングに最適なプラットフォームです。

- アジレントの農薬および環境汚染物質の高分解能スペクトライブラリを使用することで、1,000 種類を超える目的成分の定性スクリーニングを行えます。ライブラリはユーザーがカスタマイズすることも可能です。
- アジレントの包括的なスクリーニングワークフローでは、ターゲット成分の定量と並行して高分解能ライブラリサーチを行なって、存在が疑われる成分の同定も同時に行えます。
- SureMass シグナル処理により、広い直線ダイナミックレンジにわたってターゲット化合物を定量し、市販ライブラリを使用して未知化合物を同定できます。

さまざまな食品のマトリックスにも対応

ノンターゲットでの取り込みデータを高分解能スペクトライブラリと照合することで、食品マトリックス中の農薬を包括的にスクリーニングできます。



アボカドおよびサケを含む 3 種類の食品マトリックスに、120 種類の農薬を 5 ng/mL および 10 ng/mL でスパイクして分析しました。測定データから求めた再現性 (RSD%) 値により、7250 の優れた分析性能が確認されました。図には、検出された特徴的なイオン 2 種類の繰り返し分析結果も示しています。

最大残留基準値 (MRL) への適合性の迅速な確認に必要となる定量真度を評価するために、それぞれ複雑さの異なる 6 種の食品マトリックスに農薬 120 種を 10 ng/mL でスパイクして分析しました。アボカドやサケのような複雑なマトリックスにおいても、テストした農薬/食品の組み合わせの 97% 以上で、EU SANTE/11813/2017 ガイドラインに準拠した定量真度が得られました。

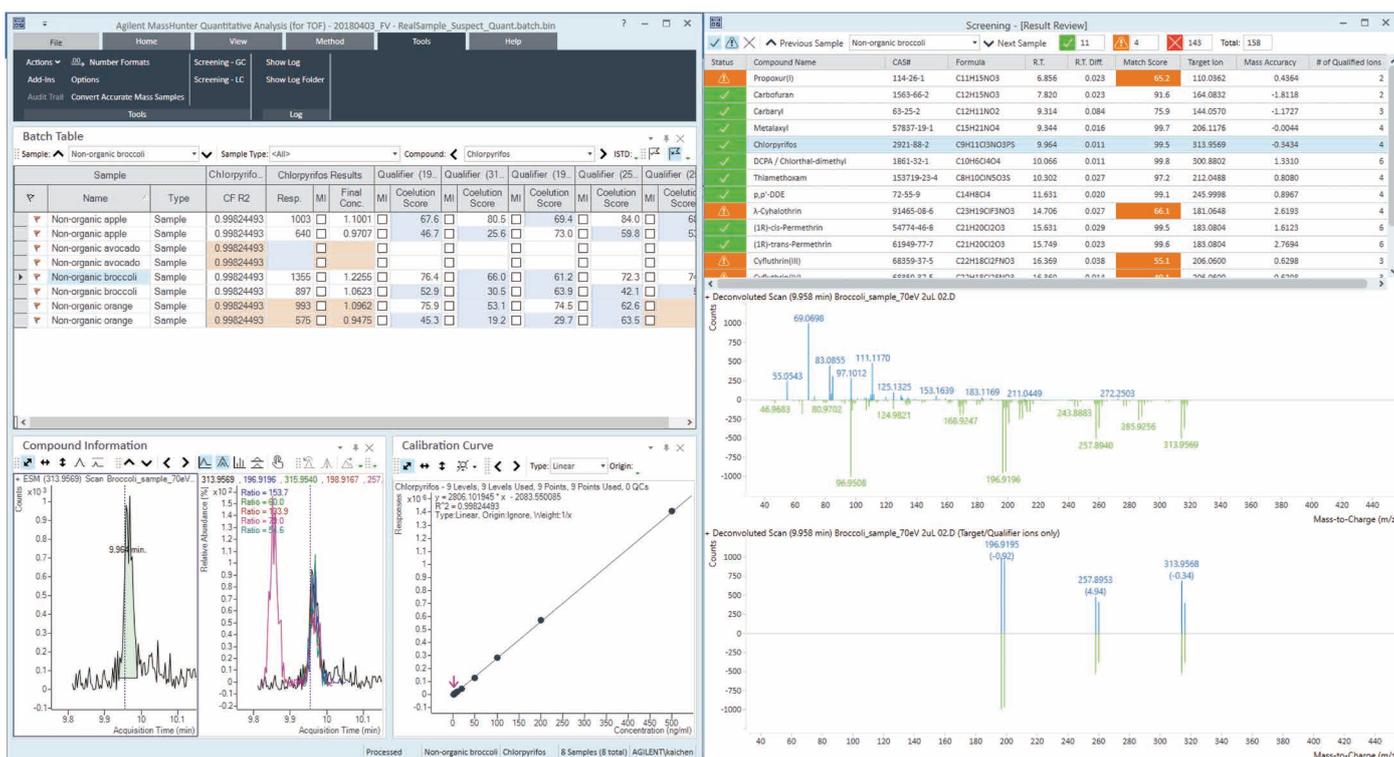
「GC/MS Q-TOF システムのおかげで、確実な結果を得ると同時に偽陽性も防げました。」

— Peter Furst 博士

Department of Central Analytical Services, Chemical and Veterinary Analytical Institute, Munsterland-Emscher-Lippe

スループットを容易に向上

1つの分析メソッドにより、大量のサンプルバッチで数百種類のターゲット化合物やサスペクト化合物を簡単に評価できます。MassHunterでは、検量線に登録された化合物を同時に定量測定できます。また、標準物質のない存在が疑われる化合物についても、高分解能スペクトライブラリサーチによるスクリーニングが可能です。



MassHunterには、ワークフローに必要な情報だけを表示する Quant-My-Way カスタマイズオプションが搭載されています。

ターゲット化合物とサスペクト化合物を同じデータ解析ツールで同時にスクリーニングできるようになりました。7250 と、農業および環境汚染物質の GC/Q-TOF パーソナル化合物データベースライブラリ (PCDL) を組み合わせることで、1,000 種類を超える対象化合物の定性スクリーニングを行えます。このスクリーニングでは標準物質は必要ありません。PCDL をカスタマイズし、お客様のスクリーニング範囲を拡張することも可能です。

次なる次元の問題解決へ

人類が環境に与える影響や環境が人類に与える影響を探求する過程で、日々新たな疑問点が生じています。7250 に搭載されている革新技術は、こうした疑問への意味ある答えが簡単かつ効率的に得られるように設計されています。

- レトロスペクティブ解析: 一度測定したフルスペクトルデータを後から繰り返し解析できるため、将来的なターゲット成分の調査に役立てることができます。
- 高分離能のフルスペクトル: 幅広い質量範囲 (最大 3,000 m/z) にわたるスペクトルが生成されるため、同族体の検出やスペシエーションが可能です。
- 交換可能な高効率のイオン源デザイン: 低エネルギー電子イオン化と化学イオン化を柔軟に切り替え、シグナル強度を維持しながら、70 eV の EI を超える感度を達成できます。これらのイオン源は、さまざまなイオン化エネルギーでのイオン化や、ポジティブおよびネガティブモードの化学イオン化に対応できるように最適化されています。

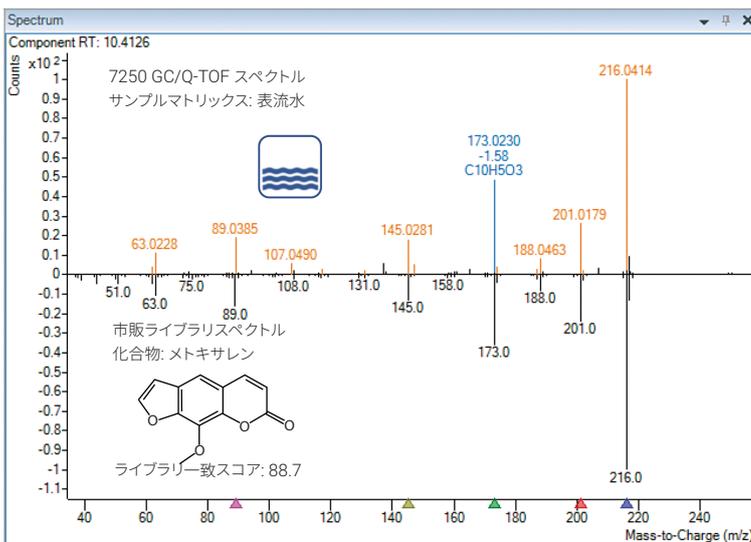
未知化合物を確実に同定

MassHunter Unknowns Analysis ソフトウェアでは、SureMass シグナル処理アルゴリズムと精密質量検索機能により、従来のデコンボリューション法を超える深い知見と高い確実性が得られます。微量の成分も、高いバックグラウンドシグナルの存在下で正確に抽出し、同定することができます。

四重極 MS システムで採取した整数質量スペクトルと MS ライブラリを使用して、精密質量で得られたスペクトルと推定された分子式を用いてライブラリサーチを行っても、化合物を高い信頼性で同定することが可能です。

ここに示すデータは、NIST ライブラリの照合と精密質量の比較を組み合わせて、表流水中の医薬品化合物の微量検出を行った結果です。





Exact Mass

Source Ion (m/z)	Exact Mass (m/z)	Mass Delta (ppm)	Fragment Formula
63.0228	63.0229	-1.35	C5H3
89.0385	89.0386	-0.40	C7H5
107.0490	107.0491	-0.93	C7H7O
117.0339	117.0335	3.26	C8H5O
145.0281	145.0284	-1.77	C9H5O2
173.0230	173.0233	-1.58	C10H5O3
174.0265			
187.0386	187.0390	-2.22	C11H7O3
188.0463	188.0468	-2.90	C11H8O3
201.0179	201.0182	-1.61	C11H5O4
202.0212			
216.0414	216.0417	-1.48	C12H8O4

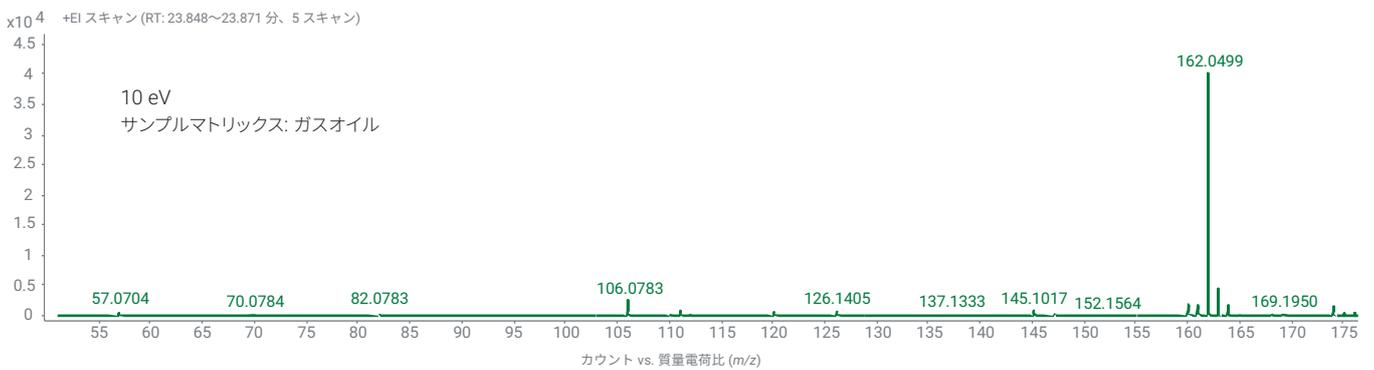
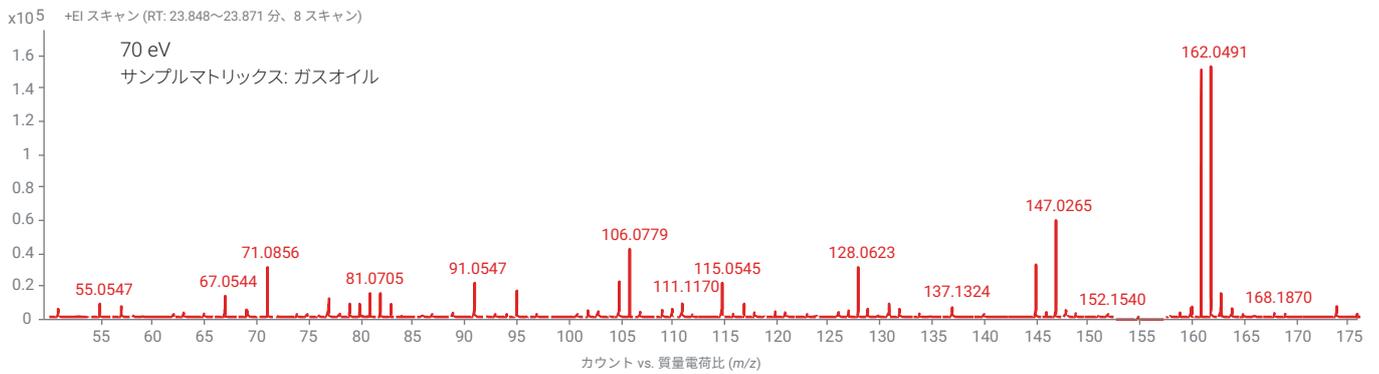
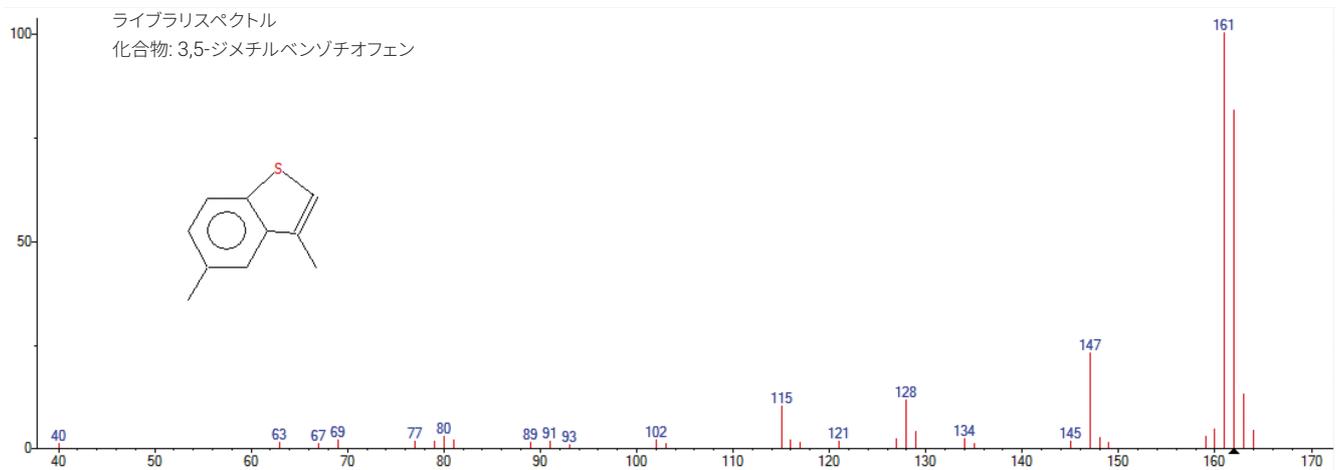
ここに示したデータは、複雑な燃焼生成物内でのマッチスコアが 95 を超えるジプロモフェニルエーテルの微量検出結果を示します。

パワフルな分析機能

複雑なサンプルの定性分析は簡単ではありません。信頼性の高い結果を引き出すためには、知識と知見に加え、強力な分析機能が必要です。高分解能精密質量測定、低エネルギー電子イオン化および化学イオン化オプション、コンプリヘンシブ GC x GC に対応できる高速スペクトル採取、高感度 MS/MS 測定など、高度な機能を備えた Agilent 7250 GC/Q-TOF は、このアプリケーションに最適なシステムです。

- データレート最大 50 Hz の高速取り込みにより、狭い範囲に密集した分離ピークや、さらに密集度の高い二次元 GC ピークも確実に解析できます。分解能が取り込みスピードに左右されることもありません。
- GC/MS ソフトイオン化オプションを使用したサンプルで明確なスペクトルにより、類似化学種の分子イオンを容易に推定できます。また、高感度の MS/MS 測定データでこれらのイオンを確認できます。
- 高分解能精密質量プロダクトイオンスペクトルをパワフルな Molecular Structure Correlator ソフトウェアで解析することにより、化学構造を突き止めることができます。





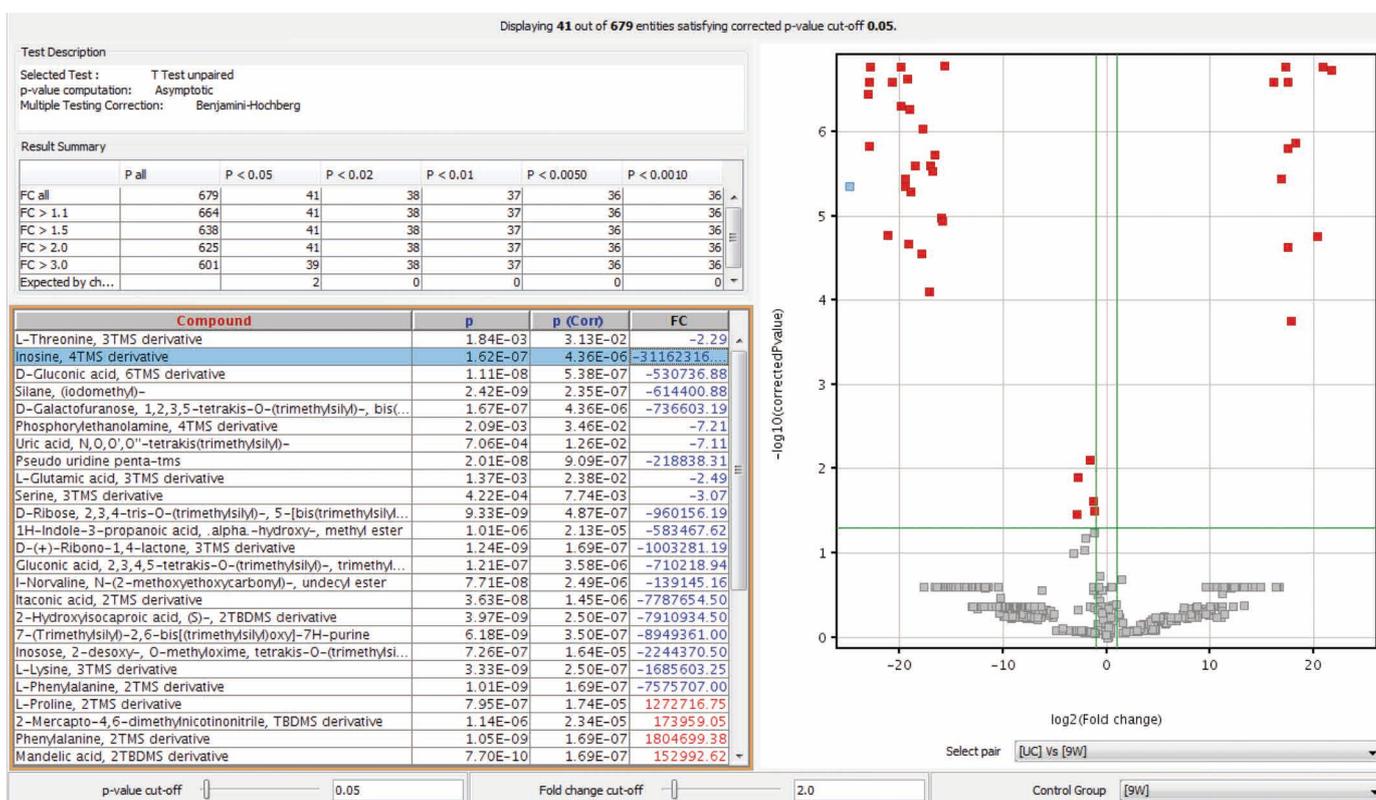
7250 の革新的な低エネルギー電子イオン化により、より明確なスペクトルが得られます。この低エネルギー対応 EI イオン源は、Agilent 5977 HES GC/MSD および 7010 GC/TQ プラットフォームに搭載されている超高感度イオン源をベースとし、化合物に対する感度を維持しながら、高 m/z 側の分子イオンのスペクトル強度を大幅に高めます。この例では、低エネルギー電子イオン化を使用することで、ガスオイルで検出された 3,5-ジメチルベンゾチオフェンを容易に同定できています。

さらに価値の高いタスクにフォーカス

人の健康およびその維持に関する分野は日々進歩しています。このような進歩の原動力となる研究には、綿密な実験計画を立て、その計画を忠実に実施することが求められます。Agilent 7250 GC/Q-TOF のフルスペクトル、高分解能データ、およびパワフルなソフトウェアを活用することで、研究を大きく前進させることができます。

複雑なデータを明瞭な結果に変える Mass Profiler Professional ソフトウェア

サンプルグループ間の差分析では、比較研究を行う際に統計的重要性を持つものに焦点をあてます。下図は、結核に感染したマウスと未感染マウスの 9 週目における肺組織中の代謝物を比較したものです。倍率変化解析の結果がボルケーノプロットで表されており、病状の進行状態が一目でわかります。



複雑なデータは強力な Mass Profiler Professional ソフトウェアによって単純な結果で表現できるようになります。サンプルグループ間の差分析では、比較研究を行う際に統計的有意差があるものにフォーカスします。上図は、結核に感染したマウス検体と未感染マウス検体の 9 週目における肺組織中の代謝物の違いを示したものです。倍率変化解析の結果がボルケーノプロットで表されており、病状の進行状態が一目でわかります。

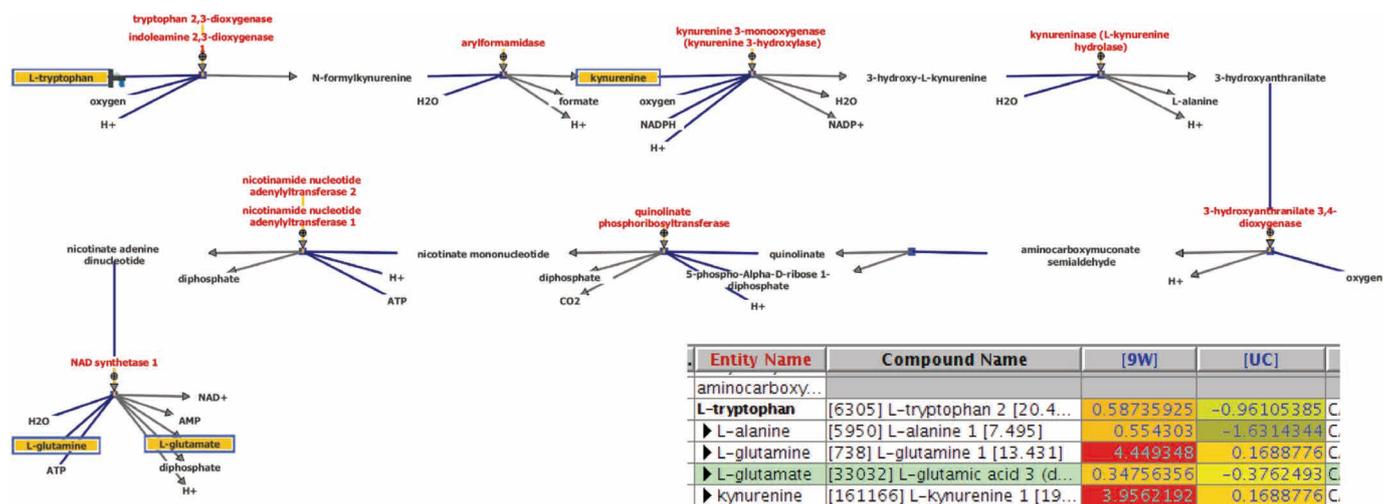
「高分解能 Q-TOF MS と Mass Profiler ソフトウェアを組み合わせることで、分析対象農薬と共溶出する、さまざまなマトリックス成分を研究することができました」

– Carmen Ferrer 博士
Analytical Department, University of Almeria

メタボロミクスワークフロー：システムバイオロジー研究を促進

複雑なメタボロミクス研究では、未知代謝物を体系的に解明するうえで、フルスペクトルの優れた感度と質量精度、および MS/MS 機能を備えた 7250 が大いに役立ちます。このシステムが備える広いダイナミックレンジにより、細胞内に存在する多様な代謝物を一括して正確に定量することが可能です。

Mass Profiler Professional のオプションモジュールである Pathway Architect では、質量スペクトルデータへの生物学的意味付けが行えます。シングルオミクスまたはマルチオミクスの実験結果を生物学的パスウェイにマッピングし、パスウェイ情報の解析、視覚化、解釈を同時に行うことが可能です。このパスウェイ中心のワークフローは発見や知見からバリデーションまでの流れを加速します。また、次に続く一連の実験を効率的に計画し、実施できるようになります。



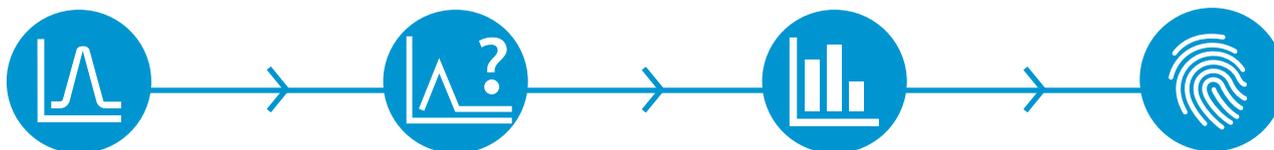
求める答えを導く豊富なソフトウェア

Agilent MassHunter ソフトウェアの高度なデータマイニングおよび解析ツールがあれば、サンプル中の分析対象物から利用可能な情報を素早く正確に引き出すことができます。効率的な解析機能により、かつてないレベルの生産性を実感いただけます。

- MassHunter の Find-by-Fragment 機能により、ターゲット成分の定性スクリーニングの結果を一目で確認できます。
- ターゲット成分の定性結果にもとづいて定量メソッドを簡単に作成できます。
- パワフルな多変量解析によりデータセットを解釈可能な形でデータを集約し、関連成分の識別が容易になります。

これらの機能も、サンプル前処理からレポート作成にいたるあらゆるステップをサポートするアジレントの総合的な分析ワークフローの一部としてご利用いただけます。

プロファイリング



MassHunter Acquisition ソフトウェア

- 親しみやすく、柔軟性の高い操作
- Swarm オートチューンによるサンプルに応じた性能の最適化

MassHunter Unknowns Analysis ソフトウェア

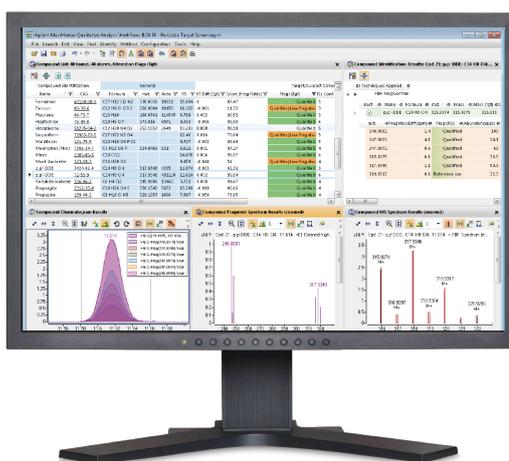
- SureMass シグナル処理にもとづく化合物の高品質の検出と抽出

Mass Profiler Professional ソフトウェア

- ケモメトリックスのための多変量統計解析
- 結果を迅速かつ明確にレポートする視覚化ツール

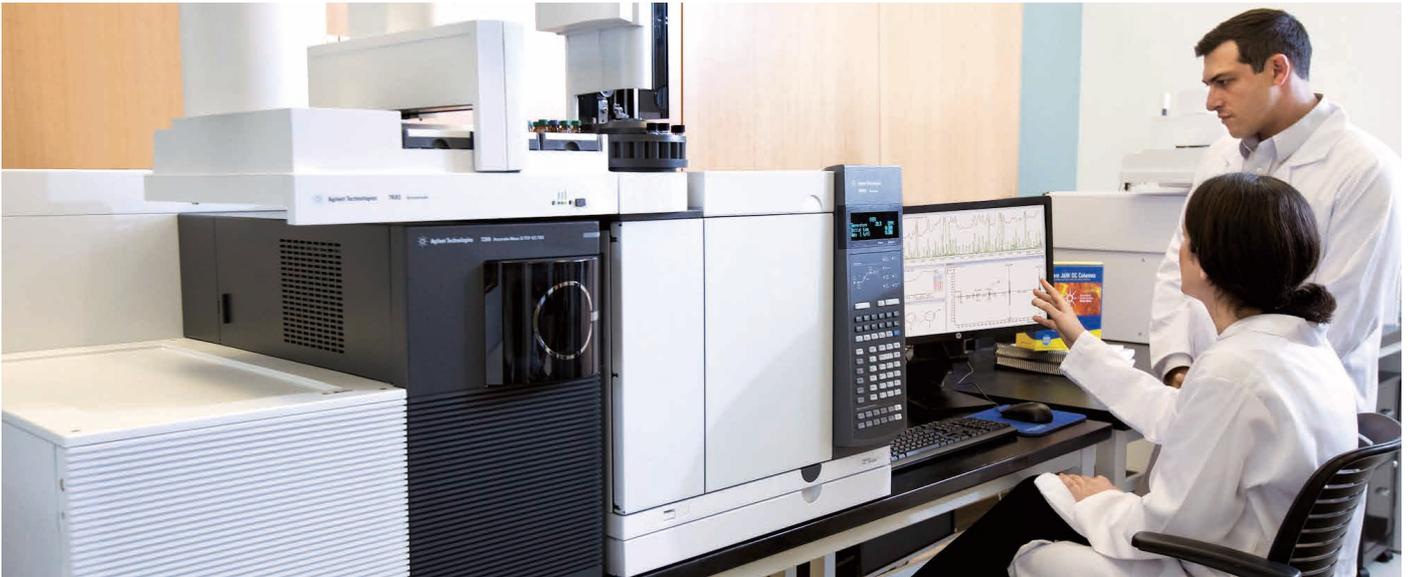
ID Browser ソフトウェア

- 目的成分をライブラリで検索する統合型の化合物同定機能

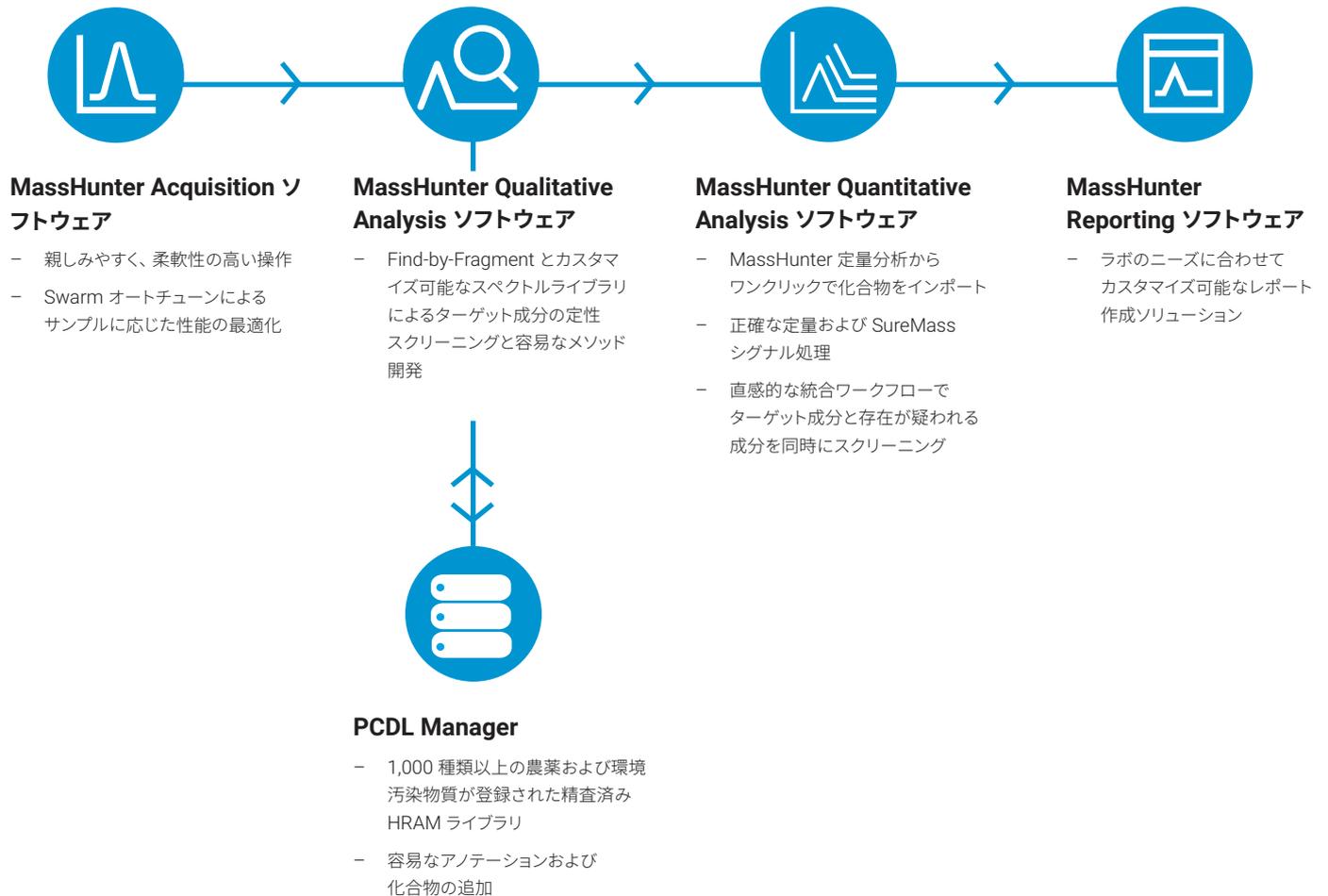


Pathway Architect ソフトウェア

- 主なソースの統計的関連性の高いデータを使用して生物学的パスウェイを視覚的に表現



スクリーニング



解明



MassHunter Acquisition ソフトウェア

- 親しみやすく、柔軟性の高い操作
- Swarm オートチューンによるサンプルに応じた性能の最適化
- 低エネルギー電子イオン化と化学イオン化による分子イオンの改善
- MS/MS スペクトルによる分子構造の究明



MassHunter Qualitative Analysis ソフトウェア

- 化合物の高品質の検出および抽出



MassHunter Molecular Structure Correlator ソフトウェア

- 未知化合物の同定と分子構造の解明
- 検索の幅を広げる豊富なオンラインリソース

推測



MassHunter Acquisition ソフトウェア

- 親しみやすく、柔軟性の高い操作
- Swarm オートチューンによるサンプルに応じた性能の最適化



MassHunter Unknowns Analysis ソフトウェア

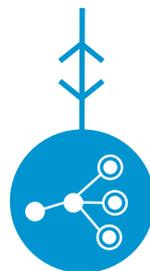
- SureMass シグナル処理にもとづく化合物の高品質の検出と抽出



Mass Profiler Professional ソフトウェア

- ケモトリックスのための多変量統計解析
- 結果を迅速かつ明確にレポートする視覚化ツール

ルーチン検査から最先端の研究まで、アジレントは、成果につながる確かな答えへと導くパワフルなソフトウェアツール群により、お客様のデータ解析ワークフローをサポートしています。



MassHunter Classifier

- クラス予測モデルのトレーニングとバリデーションによる将来的な分類の効率化



サービス、消耗品、ラボ全体のリソース管理から構成される CrossLab は、ラボの効率の向上、運用の最適化、機器の稼働時間の延長、ユーザースキルの開発などを支援します。テクノロジーリフレッシュ、アプリケーションコンサルティング、修理、点検、コンプライアンス検証、トレーニングなど、業界最高レベルのサービスを通して、お客様の機器の性能を最高の状態に保ちます。

Agilent CrossLab は、アジレント機器だけでなく主要な他メーカーの機器をサポートしています。また、ワークフローの実現、ラボ解析、コンプライアンス、在庫管理、移設サービスを含めた資産管理のためのコンサルティングサポートを提供しています。

Agilent CrossLab の詳細については、ホームページをご覧ください。見えない価値を目に見える成果へと導く CrossLab の具体的な実績をご確認いただけます。

ホームページ

www.agilent.com/chem/jp

カスタムコンタクトセンター

0120-477-111

email_japan@agilent.com

本製品は一般的な実験用途での使用を想定しており、
医薬品医療機器等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・テクノロジー株式会社
© Agilent Technologies, Inc. 2019
Printed in Japan, June 20, 2019
5991-8109JAJP

