

最新のテクノロジーへリフレッシュ

Agilent GC/MS ユーザー向け MassHunter アップグレードキャンペーン

最新の MassHunter にアップグレード

進化を続けるアジレントの GC/MS の性能を引き出すにはパワフルなソフトウェアが必要になります。データ測定だけでなく、データ解析やレポート出力、データの活用など、アジレントの MassHunter ソフトウェアは常に進歩し続けています。

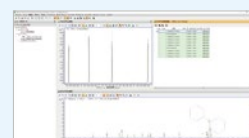
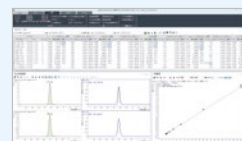
MassHunter の様々な機能を利用することで、分析業務の“生産性”を大幅な向上が期待できます。

- ユーザーフレンドリーかつ**直感的操作が可能なクリーンインターフェース**
- 分析の目的に応じて最適化された**ソフトウェア群**
- **バッチ処理**：複数データの一括処理による、解析時間の大幅短縮
- **定量機能**：シンプルかつ簡易な定量ワークフロー
- 結果の信頼性を高める、**多彩なデータのクオリティチェック機能**
- **デコンボリューション**による解析により、複雑なマトリックスを含むサンプルの定性解析をより精確に
- **eFamiliarization**：実際の画面を使って手順をナビゲートする電子マニュアル
- データ解析条件をメソッドで管理することで、**IEC/ISO 17025** に求められる**データのトレーサビリティ**を強化

分析フロー全体図



データ解析・解釈の時間短縮が、今後生産性を向上していく“鍵”!!



GC/MS データ解析の全てが詰まった Agilent の MassHunter により分析業務の生産性を大幅に向上できます。

本キャンペーンでは、Windows 10 へのアップグレードにあたり定価より

50% off!!

2024 年 3 月末日まで

詳細は営業担当にお問合せください

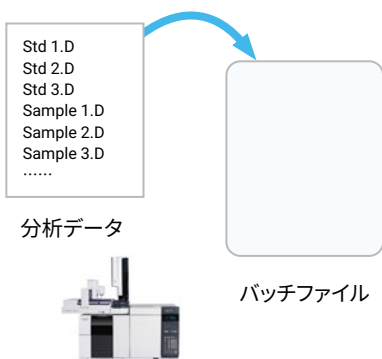


MassHunter Quantitative Analysis

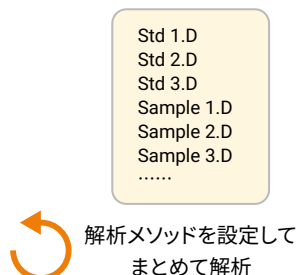
ターゲットが決まっている場合の解析に最適（ターゲット分析）

MassHunter Quantitative Analysis のワークフロー

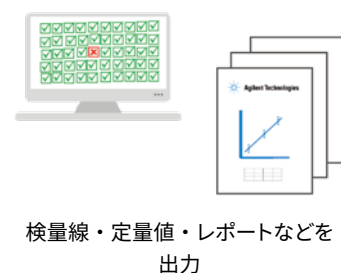
① バッチファイルにデータを追加



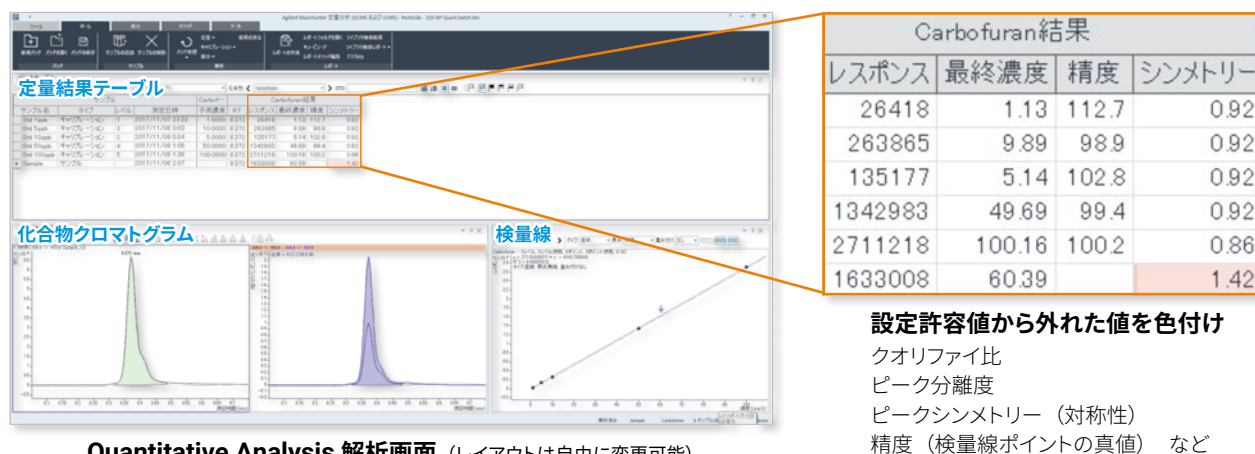
② バッチファイルのデータを一括解析



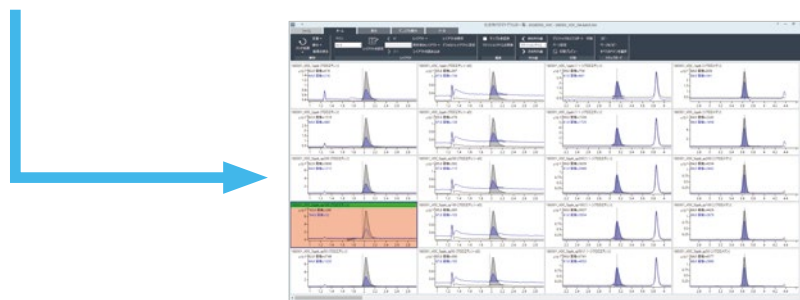
③ 結果の確認



- MassHunter では、バッチファイルに解析したいデータファイルを入れて、まとめて解析を実行。
- データをバッチファイルに後から追加して、簡単に再解析可能。



Quantitative Analysis 解析画面（レイアウトは自由に変更可能）



化合物のクロマトグラム一覧

- 化合物のクロマトグラム一覧機能を使えば、複数のクロマトグラムを一括で閲覧可能。
- 設定許容範囲から外れた値を色付けすることで、“クオリファイア比” “ピークシンメトリー” “分離度” など、分析結果の信頼性に関わる重要な値に異常が無いかが一目で確認できる。

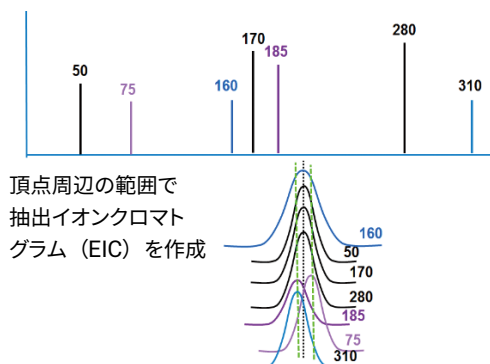


MassHunter Unknown Analysis

ターゲットが決まっていない場合の網羅的解析に最適（ノンターゲット分析）

強力な GC/MS データ解析手法 デコンボリューションとは？

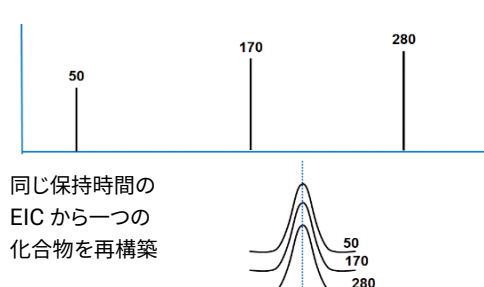
不純物を含むスペクトル



頂点周辺の範囲で
抽出イオンクロマト
グラム（EIC）を作成

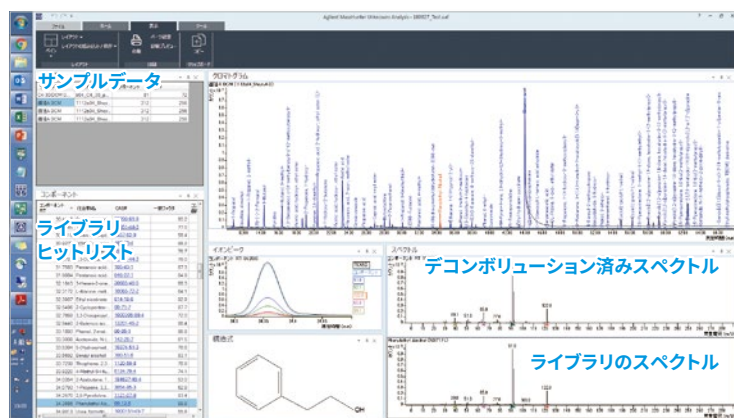
デコンボリューションによる
コンポーネント
抽出イメージ図

不純物を除いたスペクトル



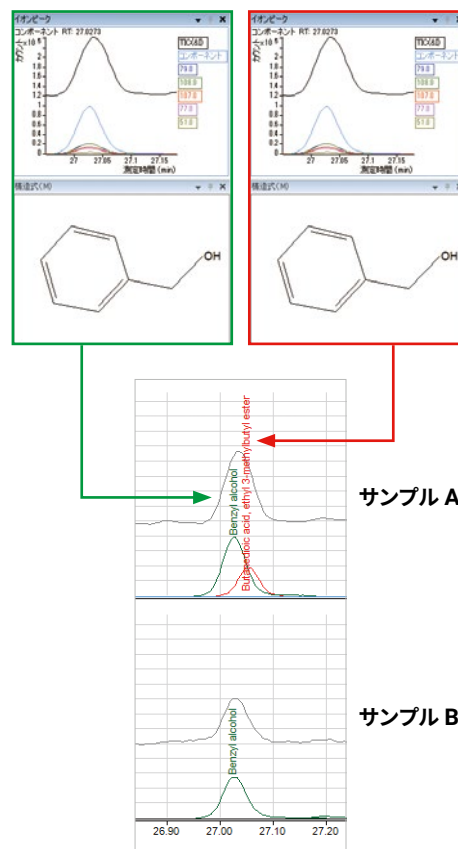
同じ保持時間の
EIC から一つの
化合物を再構築

- デコンボリューションとは、同じリテンションタイムの化合物ピークのみをグルーピングして夾雑成分を含まない“ピュアな”化合物スペクトルを再構築する解析手法のこと。



Unknown Analysis 解析画面（レイアウトは自由に変更可能）

- MassHunter Unknown Analysis では、①解析したいデータの読み込み、②メソッド設定、③解析実行の簡単ステップで デコンボリューションによるスペクトル抽出からライブラリ検索までの解析手順を自動化できる。
- デコンボリューションにより、定性解析の精度が大幅に向上する。
- デコンボリューションの結果を利用して、MassProfiler や Mass Profiler Professional などのソフトウェア（別売り）を使うことで、サンプル間の“差”を見つけだせる。



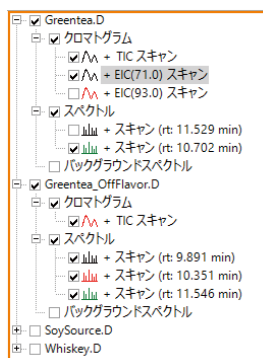
デコンボリューション例

TIOC（灰色）では単一のピークに見えるが、デコンボリューションによりサンプル A において 2 本の化合物ピークが検出。



MassHunter Qualitative Analysis

一般的な定性解析などに最適



ツリー構造のデータナビゲータ

比較したいクロマト / スペクトルにチェックを入れる。



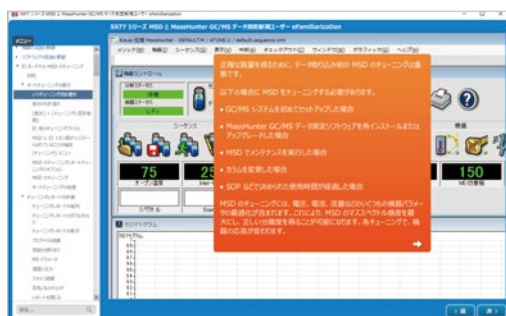
Qualitative Analysis 解析画面 (レイアウトは自由に変更可能)

- ツリー構造のデータナビゲータにより、サンプル間のデータ比較が非常に容易。
- マスマスペクトルや抽出イオンクロマトグラムなど、解析の履歴を全て残しておくことが可能。



eFamiliarization

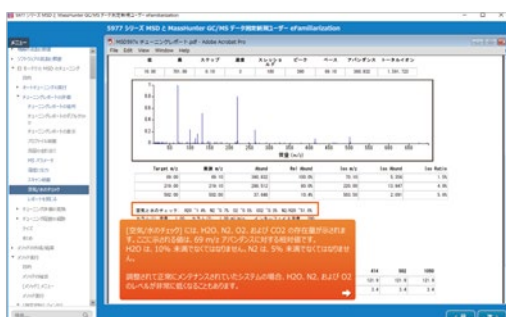
取扱説明をいつでも復習できる電子マニュアル



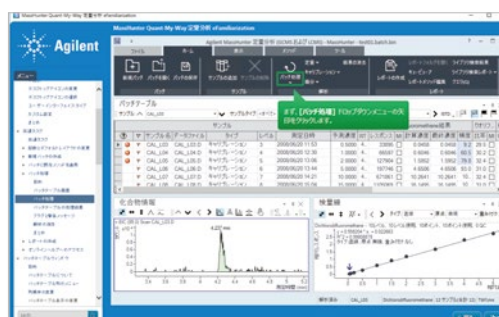
GC-MS 制御ソフトウェアの操作方法 (チューニングを実施する推奨のタイミング)



イオン源メンテナンス方法の動画



チューニングレポートの見方



定量ソフトウェアのワークフロー解説

- データ取り込み・解析から日常のメンテナンス方法まで。実際のソフトウェアの画面に合わせて一部動画による解説付き。

アジレント・テクノロジー株式会社

DE62034888

カスタムコンタクトセンタ

フリーダイヤル 0120-477-111

Mail : email_japan@agilent.com

©Agilent Technologies, Inc. 2023