

ポジティブリスト農薬メソッドを用いた 食品中農薬のスクリーニング: デコンボリューションソフトウェアとリテ ンションタイムロックマスペクトルデー タベースを搭載した GC/MS 分析の利点

アプリケーション

食品

著者

Philip L. Wylie
Agilent Technologies, Inc.
2850 Centerville Rd.
Wilmington, DE 19808-1610
USA

要約

2006年に日本の厚生労働省は、農薬、飼料添加物、動物用医薬品の規制のための新しいシステムを施行しました。このポジティブリストシステムは、承認リストに掲載された化合物のみを食品生産に使用できることを規定し、化合物の規制に関する枠組みを示したものです。この新しい規制により、さまざまな食品中の対象薬品の残留物を検出できる分析メソッドの必要性が高まりました。規制対象の薬品の大部分は農薬で、その残留物はマスペクトル検出を搭載したガスクロマトグラフまたは液体クロマトグラフ (GC/MS または LC/MS) で主に測定されます。日本市場の食品サンプルの迅速かつ総合的な分析ニーズに対応するため、アジレントは自社のデコンボリューションレポート作成ソフトウェア (DRS) で使用するポジティブリストデータベースを発表しました。この新しいデータベースと DRS を用いて、日本政府により規制されている農薬等のうち、430 種類の農薬等に関して GC/MS データファイルをスクリーニングできます。処理は完全自動化されており、サンプルあたりの処理時間は約 2 分です。

緒言

2005年11月29日、日本の厚生労働省 (MHLW) は、農薬、飼料添加物、動物用医薬品の規制のための「ポジティブリスト」システムを発表しました [1,2]。758 の化学薬品に対して暫定的な最大残留限界 (MRL) が設定され、規制から除外される 65 の指定物質が発表されました。ヒトに対する高いリスクのため、15 の物質については、食品中に残留物の検出があってはならないとされています [3 ~ 5]。「ポジティブリスト」システムは、どの残留物も日本政府により設定された MRL に適合する必要があることを意味します。記載されていない農薬の MRL は、一律 0.01 ppm です。この規制は、2006年5月29日に発効しました。

それ以降、すべての日本の農業製品と日本向け輸出品は、ポジティブリストに適合することが必要になりました。このことは、リストに記載された農薬、飼料添加物、動物用医薬品に関して農産物をスクリーニングする必要性の高まりにつながりました。

このアプリケーションノートでは、日本の検疫所でモニタリングされるその他の農薬とともに、ポジティブリストシステムに記載されたすべての GC 分析農薬に関して食品抽出物をスクリーニングするための迅速なメソッドを説明します。このメソッドでは、430 種類のさまざまな農薬残留物に関してサンプルをスクリーニングできます。このメソッドでは、Agilent 7890A/5975C GC/MS システムを使用し、GC は MHLW GC メソッドを実行し、MSD はスキャンモードで分析を行いました。リテンションタイムロック (RTL) したマスペクトルライブラリを、このメソッド専用新たに開発しました。アジレントのデコンボリューションレポート作成ソフトウェア (DRS) と組み合わせる場合、サンプルあたり約 2 分で、全 430 種類の農薬に関して GC/MS データファイルをスクリーニングできます。



Agilent Technologies

実験

MHLW は、農作物ベースと畜水産物ベースの食品の抽出と分析のためのメソッドを発表しました [6]。抽出物は、対象化合物に応じて GC/MS または LC/MS で分析されます。

GC/MS メソッドでは、カラムの固定相と寸法、オープン温度プログラム、注入口温度、キャリアガス、イオン化モードとエネルギー、SIM 分析で各化合物に対してモニタリングされるイオンなどが記載されています。すべてのイオンが各化合物に対してモニタリングされるように、通常はスキャンモードで分析すること以外、使用さ

れるメソッドパラメータは同一です。これにより、アジレントの DRS の使用が容易になり、これは他のメソッドを上回る大きな長所です。

機器構成、ソフトウェア、装置パラメータは表 1 に記載されています。

サンプル

このメソッドで分析したサンプルは、Lehotay 等により開発された QuEChERS メソッドを使用し抽出しました。[7, 8]。

表 1. ポジティブリストに従って農薬を分析するための機器構成とパラメータ

ガスクロマトグラフ	Agilent 7890A
カラム	Agilent J&W 30 m × 0.25 mm × 0.25 μm DB-5MS (P/N 122-5532)
リテンションギャップ (オプション)	5-m × 0.25-mm Siltek 不活性処理済みフューズドシリカチューブ [Restek (Bellefonte, PA USA) P/N 10026]
キャリアガス	ヘリウム、リテンションギャップなしで 1.0 mL/min の通常流量。 GC カラム先端に接続された 5 m × 0.25 mm のリテンションギャップで約 1.1 mL/min。GC カラムの先端に接続され、QuickSwap が設置され 5.2 psi の圧力に設定された 5 m × 0.25 mm のリテンションギャップで約 1.7 mL/min。
リテンションタイムロッキング	13.443 分にロックされたクロロピリホスメチル
オープン温度プログラム	50 °C (1 分)、25 °C/min ~ 125 °C (0 分)、10 °C/min ~ 300 °C (10 分)
注入口	スプリット/スプリットレス
注入口温度	250 °C
注入口ライナ	Helix ダブルテーパー不活性化処理済み (P/N 5188-5398)
オートサンブラ	Agilent 7683B シリーズインジェクタとトレイ
注入量	2 μL
質量分析計	Agilent 5975C MSD
取込モード	スキャン
スキャン範囲	45 ~ 550 u
リミット値	0 (またはノイズレベルに従い設定)
イオン化エネルギー	70 eV
サンプリングスピード	n = 2
トランスファライン温度	280 °C
溶媒ディレイ	3.5 分
イオン源温度	230 °C
四重極温度	150 °C
チューンファイル	Atune.u
微量イオン検出	オン
ソフトウェア	
GC/MS 機器コントロール	Agilent GC/MS ChemStation (P/N G1701EA、バージョン E.01.00 以降)
デコンボリューションレポート	Agilent デコンボリューションソフトウェア
作成ソフトウェア	(P/N G1716AA、バージョン A.03.00 以降)
ライブラリ検索ソフトウェア	NIST MS Search (バージョン 2.0d 以降) (NIST05 マススペクトルライブラリ – Agilent P/N G1033A を搭載)
デコンボリューションソフトウェア	Automated マススペクトルデコンボリューションと同定ソフトウェア (AMDIS_32 バージョン 2.64; NIST05 マススペクトルライブラリ Agilent P/N G1033A を搭載)
MS ライブラリ	NIST05 マススペクトルライブラリ (Agilent P/N G1033A) アジレントと NIST 形式の Agilent ポジティブリスト農薬ライブラリ (P/N G1675AA)

結果と考察

数年前、アジレントはガスクロマトグラフ (GC) とマススペクトル検出を搭載した GC (GC/MS) 用のリテンションタイムロック (RTL) を発表しました。RTL ソフトウェアにより、どの Agilent GC や GC/MS でも、世界中のどのラボでも、同じ名称のメソッドと GC カラムが使用される場合、分析ごとにリテンションタイムをロックすることが可能になります [9]。別のラボで作成されたリテンションタイムをロックできるため、ロックされたリテンションタイムを含むマススペクトルライブラリを作成できます。データベースを作成するためにこれらのメソッドをロックすることで、ユーザーはライブラリの化合物のすべてに関して GC/MS ファイルをスクリーニングできます。「ヒット」するには、一致したリテンションタイムの他、一致したスペクトルも有する必要があります。これにより、多くの偽陽性を排除し、化合物同定により高い信頼性をもたらします [9,10]。

さらに最近、アジレントは、従来型のライブラリ検索と定量とともにマススペクトルデコンボリューションを組み込んだ、デコンボリューションレポート作成ソフトウェア (DRS) を発表しました。DRS には、以下の 3 つの異なる GC/MS ソフトウェアパッケージが組み込まれています。1) Agilent GC/MS ChemStation、2) NIST マススペクトルサーチプログラムと NIST05 MS ライブラリ、3) 自動マススペクトルデコンボリューションと同定システム (AMDIS) ソフトウェア (同じく NIST 作成)。

DRS は、キャリブレーションが行われたすべての対象化合物に対して正常な定量分析を行います。その後、データファイルを、全イオンクロマトグラムのすべてのスペクトルをデコンボリューションする AMDIS に送信します。(デコンボリューションの原理は以下で説明します。) 次に、各ピークのデコンボリューションしたスペクトルは対象化合物ライブラリ (この場合、430 種類の化合物を含むアジレントのポジティブリストライブラリ)

で検索されます。ヒットは、スペクトル一致と、ロックされたリテンションタイムをライブラリに保存された値と比較することで同定されます。リテンションタイムはライブラリに対してロックされるため、非常に狭いリテンションタイム (通常、ライブラリの値の ± 10 秒) が使用されます。確認のために、すべてのヒットのデコンボリューションしたスペクトルが NIST05 マススペクトルライブラリ全体と比較されます。結果はシンプルなレポートに要約されます。

デコンボリューション

デコンボリューションについては、このアプリケーションノートでは詳述しませんが、基本原理を図 1 に示します。

黒で表示されたクロマトグラフピークはガウス分布のようですが、実際は、部分的に分解された少なくとも 3 つの化合物の結果です。このピークの頂点のスペクトルは、3 つの化合物すべてからのイオンによって構成されており、その一部は重複した測定対象化合物の 2 つまたは 3 つに共通です。AMDIS によりクロマトグラムをデコンボリューションし、重複したピークから「クリーンド」スペクトルを取り出します。ほとんどの場合、AMDIS は、干渉アバンダンスが対象測定対象化合物よりもはるかに高い場合にも、カラムブリード、その他の測定対象化合物、一緒に抽出された干渉から、化合物のスペクトルをうまく分離します。

デコンボリューションしたフルスペクトルを用いる AMDIS は、アジレントのポジティブリストライブラリに対して各ピークを検索し、一致の程度ユーザー設定のリミット値を超える場合、ヒットを報告します。リテンションタイムの合致性からも判断されるため、偽陽性はほぼ排除されます。ヘビーマトリクスにより目立たなくされる微量農薬に対しても、AMDIS デコンボリューションによりライブラリ検索可能なスペクトルを作成できるため、同様に偽陽性は最小限に抑えられます。

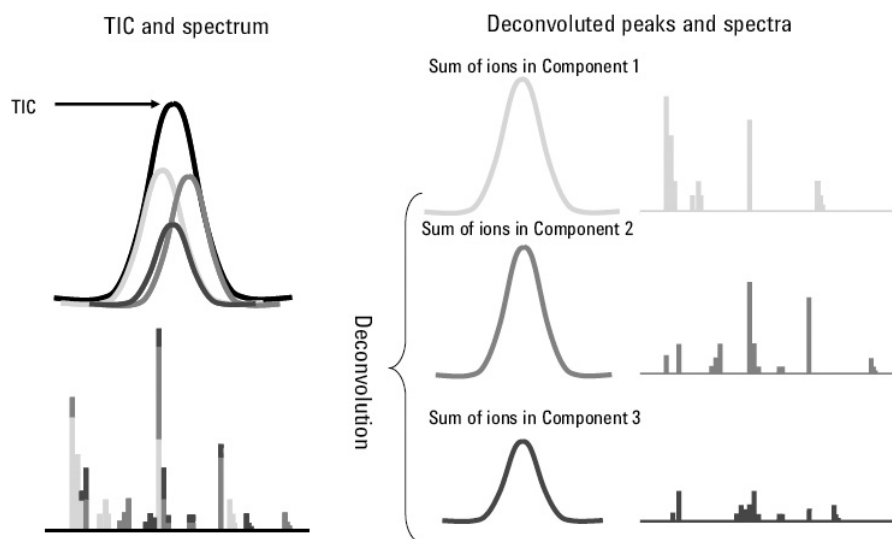


図 1. マススペクトルのデコンボリューション

確認段階として、すべての AMDIS ヒットのデコンボリューションしたスペクトルが 163,000 化合物 NIST マススペクトルライブラリに対して検索されます。この段階では、リテンションタイムの要求はありません。DRS の詳細情報は、過去に発表された資料に記載されています [11 ~ 17]。今までの実験 [14,15] により、DRS は農薬スクリーニングのための最速で最も包括的なメソッドであり、偽陽性や偽陰性が最も少ないことが示されました。

日本のポジティブリスト農薬データベースに記載された農薬

ポジティブリスト農薬データベースに記載された農薬は 3 つに分類されます。1 つ目は、最新の MHLW 規制下で GC/MS による分析のために記載された農薬です。さらに、神戸と横浜の検疫所の研究者の論文で発表された農薬が追加されました [18]。3 つ目は、医薬食品局安全部の「2006 年度輸入食品モニタリング計画」によるものです。この計画では、輸入食品と農産物を、447 の農薬リストであるこの文書の「規定 6 に適合する」必要があることを述べています [19]。447 の農薬の一部は GC により分析され、その他は LC で分析されます。一部はどちらのメソッドでも分析可能ですが、文書では使用するべきメソッドを指定していません。アジレントのポジティブリスト農薬データベースには、実際に GC/MS により分析できる化合物のすべてが含まれます。

実際の MRL 値は 2 つのリスト (最終的な MRL を含むリスト [4] と暫定的な MRL を含むリスト [5]) に示されています。2007 年 2 月 5 日、日本の MHLW は両方の MRL リストの改訂版を発表しました。67 の新たな薬物と農薬が改訂された暫定リストに追加されました。

元の日本ポジティブリストの農薬の中で、265 種類は GC/MS で分析される物でした。新たに追加された 59 種類の農薬の多くは、GC/MS で分析可能です。この結果、ポジティブリスト農薬データベースには、430 種類の農薬と 1 つの内部標準 (フェナントレン-d₁₀) に対するマススペクトルとロックされたリテンションタイムが含まれます。

サンプルを分析する

図 2 に、8 種類の農薬 (各 500 ng/g) でスパイクされ、ポジティブリストメソッドを用いて分析した、イチゴ抽出物のクロマトグラムを示します。最初の 18 分間は、農薬とともに抽出された内因性化合物の大きなピークを伴い、非常に「ダーティ」でした。

DRS をこのサンプルで実行しましたが、GC/MS は対象化合物に対してキャリブレーションが行われませんでした。代わりに、データベース中のすべての農薬に対して平均レスポンスファクターが使用されました。図 3 に、約 90 秒で DRS で作成されたレポートを示します。

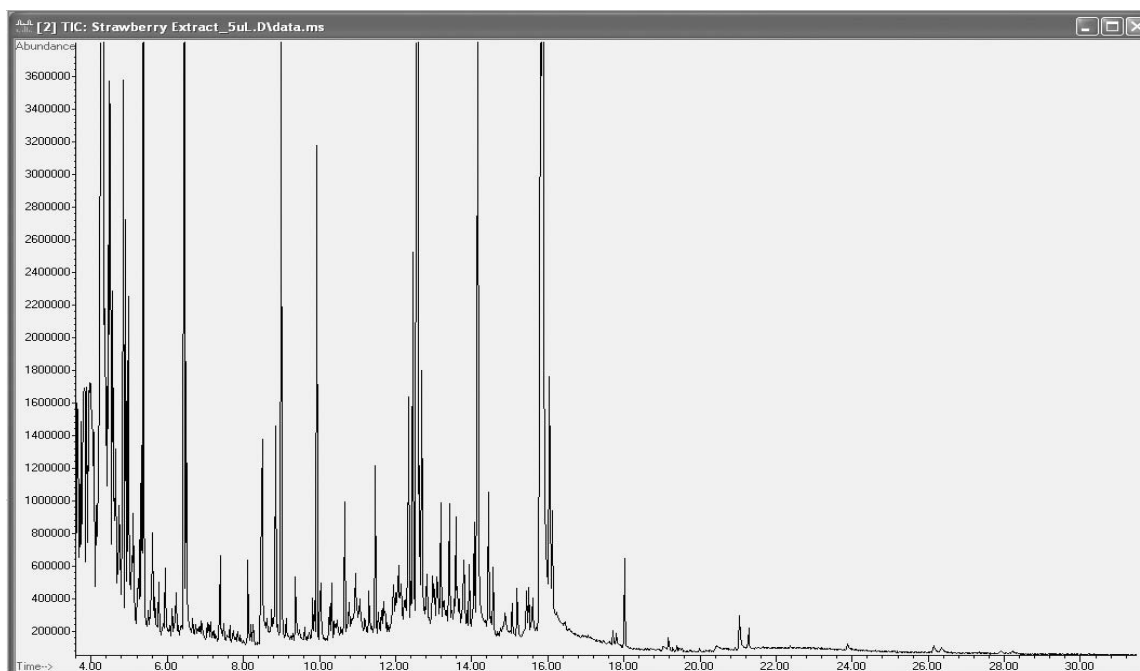


図 2. 各 500 ng/g の 8 種類の農薬でスパイクされたイチゴ抽出物のクロマトグラム。8 種類の農薬の内、7 種類はポジティブリスト農薬データベースに記載されており、DRS で簡単に同定されます。

テメホスがサンプルにスパイクされましたが、この化合物はデータベース中に含まれないため、DRS により検出されませんでした。ピリダベンは Agilent ChemStation により同定されましたが、AMDIS では確認されませんでした。ChemStation は同定に 4 つのイオンを使用しますが、AMDIS はデコンボリューションしたスペクトル全部を使用します。AMDIS が検出しない対象化合物を ChemStation が同定することは稀です。データを素早く確認した結果、ピリダベンはサンプル中に存在しなかったことが分かりました。メチオカルブと同様に、ChemStation により報告されない化合物を検出することが、AMDIS にとってはるかに一般的です。このサンプルは、偽陽性と偽陰性の両方を排除するのに DRS が役立つことを示しています。

7 件のヒットそれぞれに対して、DRS はリテンションタイム、CAS 番号、農薬名を示しました。4 列目には、ChemStation ソフトウェアにより同定された際の各ヒットの定量値を示します。アジレントは、さまざまな機器コンフィグレーションで使用できる、ポジティブリスト農薬データベース用メソッドを 4 つ提供しています。これらのメソッドには、430 種類の対象農薬すべてに対する定量データベースを搭載しています。これらのメソッドに提供されるレスポンスファクターは、約 25 種類の代表的な農薬に対する平均レスポンスファクターを入手することによって得られました。これらのレスポ

ンスファクターは正しくありませんが、分析者は対象化合物の濃度を推定することが可能になります。通常、推定値は実際の農薬の同じ桁の範囲内です。正確に定量分析を行うために、ラボでは独自のキャリブレーションを行う必要があります。430 種類の農薬すべてに対してキャリブレーションを行うとは考えにくいので、キャリブレーションされない化合物に対してこれらの平均値を使用できます。新しい化合物が DRS により同定される際、キャリブレーション溶液に追加できます。

5 列目には、デコンボリューションしたスペクトルが対象農薬ライブラリスpekトルとよく一致していること (100 = 完全一致) を示しています。また、AMDIS の見出しの下は、ライブラリと測定値のリテンションタイム差です (6 列目)。ライブラリの作成とイチゴの分析に RTL が使用されたため、測定値はライブラリに極めて近接しています。1 つの化合物、フェナミホスだけが際立って、ライブラリのリテンションタイムから 1 秒以上外れました。

DRS 分析の最終段階は、各ヒットに対してデコンボリューションしたスペクトルを NIST05 マススペクトルライブラリと比較することです。上位 100 件のライブラリヒットの中の農薬を検出した場合、一致した値とヒット番号を最後の 2 列に印刷します。この段階により、化合物の同定の追加検証を行います。

MSD デコンボリューションレポート

サンプル名: イチゴ抽出物
 データファイル: C:\msdchem\1\DATA\Strawberry_TID_2uL.D
 日時: 04:44 PM Thursday, Sep 6 2007

AMDIS 対象ライブラリで検出された成分に関して、NIST ライブラリを検索しました。

RT	Cas #	化合物名	Agilent	AMDIS	NIST	ヒット	
			ChemStation				RT 差
			量	秒	マッチ	数	
			(ng/μL)	マッチ			
11.4914	298022	ホレート	0.99	95	-0.4	90	1
12.3647	13071799	テルブホス	1.4	97	-0.5	89	1
12.4698	333415	ダイアジノン	1.09	95	-0.3	80	1
12.5726	1517222	フェナントレン-d ₁₀		98	-0.6	84	1
12.7135	298044	ジスルホトン	0.91	87	-0.3	84	1
14.0851	2032657	メチオカルブ		85	0.5	81	1
14.4553	55389	フェンチオン	2.57	99	-0.3	90	1
16.0453	22224926	フェナミホス	3.32	96	2.4	88	1
20.630	96489713	ピリダベン	0.04				
12.575		フェナントレン-d ₁₀	5				

図 3. 図 2 に示されているイチゴサンプルの DRS レポート。4 列目の定量値は概算で、個々の農薬キャリブレーションではなく、平均レスポンスファクターを用いて導かれました。

図 4 に、スパイクされなかったミックスフルーツ抽出物のクロマトグラムを示します。DRS は、1 つの有機リン農薬 (アジンホスメチル) とともに、2 つの殺菌剤 (ジフェニルアミンとチアベンダゾール) を検出しました (図 5)。初期分析で、ジフェニルアミンは AMDIS と NIST05 ライブラリに一致しましたが、ChemStation では報告されませんでした。この場合、ジフェニルアミンピークは ChemStation の Q-Edit 機能を用いて手動で積分され、「既存の定量」結果を用いて DRS を再実行しました。図 6 に、ジフェニルアミンの定量結果を含む、ミックスフルーツ抽出物に対する新たな DRS レポート

を示します。定量に平均レスポンスファクターが使用されたため、報告された値は推定値だけです。

アジンホスメチルは共溶出する化合物に隠れていましたが、ミックスフルーツ抽出物中で同定されました。デコンボリューションの利点は、AMDIS ソフトウェアからの画面キャプチャを示した図 7 からも明らかです。図 7a の矢印は、アジンホスメチルが溶出する位置を示しています。図 7b はその点のスペクトルを示す一方、図 7c はデコンボリューションしたスペクトル (白) をライブラリスペクトル (黒) と並列させています。デコンボリューションしないと、ライブラリ検索でアジンホスメチルを

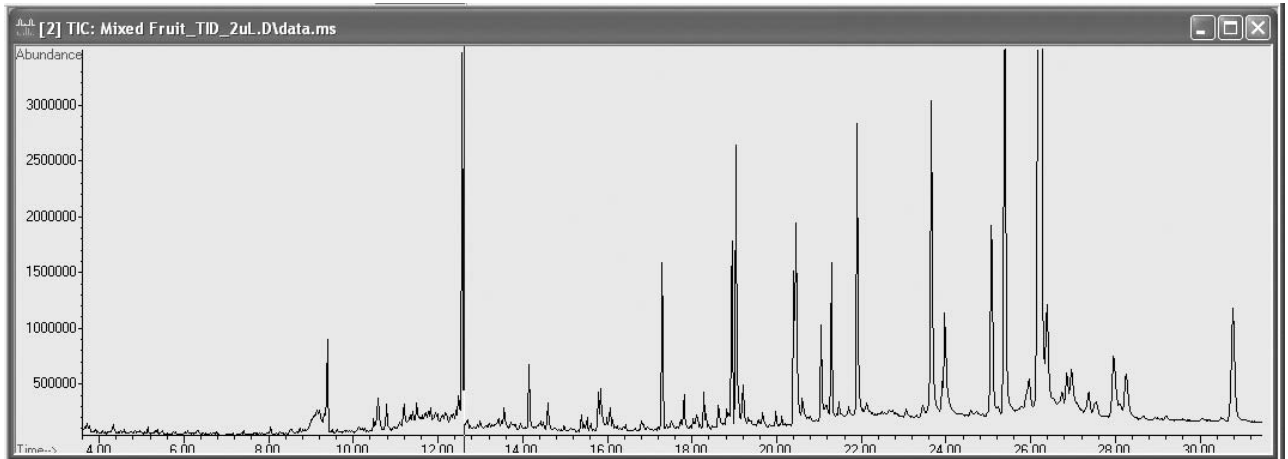


図 4. 未スパイクミックスフルーツ抽出物のクロマトグラム。

MSD デコンボリューションレポート

サンプル名: ミックスフルーツ

データファイル: C:\MSData\Sept 04_07 Lehotay samples using TID & Japanese method\Mixed Fruit_TID_2uL.D

日時: 04:01 PM Monday, Sep 10 2007

AMDIS 対象ライブラリで検出された成分に関して、NIST ライブラリを検索しました。

RT	Cas #	化合物名	Agilent	AMDIS		NIST	
			ChemStation 量 (ng/μL)	マッチ	RT 差 秒	リバース マッチ	ヒット 数
10.7853	122394	ジフェニルアミン		97	-0.1	91	1
12.5733	1517222	フェナントレン-d ₁₀		99	-0.6	84	2
15.3882	148798	チアベンダゾール	0.66	99	-2.6	92	1
19.4523	86500	アジンホスメチル	0.02	63	-0.6	76	2
12.575		フェナントレン-d ₁₀	5				

図 5. 図 4 の DRS レポート。

MSD デコンボリューションレポート

サンプル名: ミックスフルーツ

データファイル: C:\MSData\Sept 04_07 Lehotay samples using TID & Japanese method\Mixed Fruit_TID_2uL.D

日時: 04:11 PM Monday, Sep 10 2007

AMDIS 対象ライブラリで検出された成分に関して、NIST ライブラリを検索しました。

RT	Cas #	化合物名	Agilent ChemStation 量 (ng/μL)	AMDIS マッチ	AMDIS RT 差 秒	NIST	
						リバース マッチ	ヒット 数
10.783	122394	ジフェニルアミン	0.92	97	-0.1	91	1
12.5733	1517222	フェナントレン-d ₁₀		99	-0.6	84	2
15.3882	148798	チアベンダゾール	0.66	99	-2.6	92	1
19.4523	86500	アジンホスメチル	0.02	63	-0.6	76	2
12.575		フェナントレン-d ₁₀	5				

図 6. ジフェニルアミンのピークを積分するために Q-Edit を使用した DRS レポート。DRS は、「既存の定量」結果を用いて、2 回実行されました。

同定することは不可能だったと考えられます。アジンホスメチルが存在することを認識していても、標準のバックグラウンド減算法では、ライブラリ検索可能なスペクトルを作成するのは不可能でした。デコンボリューション後、スペクトルはライブラリに適切に一致しています。

研究から、DRS には従来型の農薬分析により検出されない農薬を同定する能力を有することが分かってきました

[14,15]。大部分の GC と GC/MS 農薬メソッドでは一定数の化合物を対象として、対象リストに記載されない限り、一般的には化合物を同定しません。さらに、分析結果を検証するのに、熟練した分析者でもサンプルあたり 30 分以上の時間を要します。一方、アジレントの DRS メソッドは、日本政府の GC 分析対象農薬のすべて (430 種類の農薬) に関して約 2 分でスクリーニングできます。

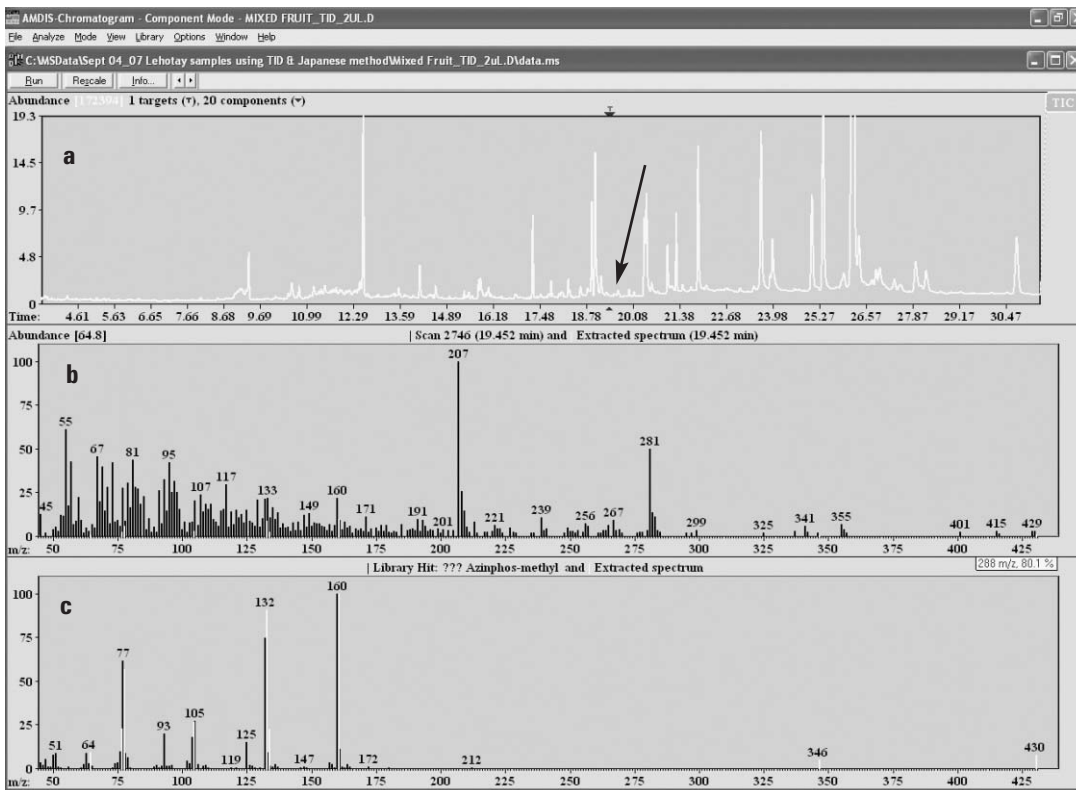


図 7. AMDIS の画面キャプチャ: a) ミックスフルーツ抽出物の全イオンクロマトグラム、b) アジンホスメチルが溶出する位置のスペクトル、c) アジンホスメチルのライブラリスペクトル (黒) と並列されたデコンボリューションされたスペクトル (白)

結論

日本のポジティブリスト農薬規制に適合するというニーズに対応するため、アジレントは新しいリテンションタイムロックマスペクトルデータベースを発表しました。このデータベースには、430 種類の農薬のロックされたリテンションタイムとともに、アジレント、NIST、AMDIS 形式のマスペクトルが含まれます。農薬のリストは、日本の厚生労働省とその機関の最新刊行物に基づいています。ロックされたリテンションタイムは、MHLW 通知 GC/MS 条件を用いて入手しました。アジレントのデコンボリューションレポート作成ソフトウェアを用いると、分析者はサンプルあたり約 2 分で、430 種類の農薬すべてについてデータファイルをスクリーニングできます。このメソッドは迅速、包括的、正確、かつ自動化されているため、分析者の技能を問わずに使用することが可能です。

参考文献

1. "Introduction of the Positive List System for Agricultural Chemical Residues in Foods," Department of Food Safety, Ministry of Health, Labour and Welfare, June 2006 <http://www.mhlw.go.jp/english/topics/foodsafety/positivelist060228/introduction.html>
2. "Positive List System for Agricultural Chemical Residues in Foods," Ministry of Health, Labour and Welfare <http://www.mhlw.go.jp/english/topics/foodsafety/positivelist060228/index.html>
3. "Maximum Residue Limits (MRLs) List of Agricultural Chemicals in Foods," The Japan Food Chemical Research Foundation <http://www.m5.ws001.squarestart.ne.jp/foundation/search.html>
4. Table in item 6 (1), Section A General Compositional Standards for Food, Part I Food: The maximum residue limits of substances used as ingredients of agricultural chemicals in foods <http://www.mhlw.go.jp/english/topics/foodsafety/positivelist060228/dl/index-1a.pdf>
5. Table in item 7 (1), Section A General Compositional Standards for Food, Part I Food: The maximum residue limits of substances used as ingredients of agricultural chemicals in foods (Provisional MRLs List) <http://www.mhlw.go.jp/english/topics/foodsafety/positivelist060228/dl/index-1b.pdf>
6. "Analytical Methods for Residual Compositional Substances of Agricultural Chemicals, Feed Additives, and Veterinary Drugs in Food", Department of Food Safety, Ministry of Health, Labour and Welfare, <http://www.mhlw.go.jp/english/topics/foodsafety/positivelist060228/dl/060526-1a.pdf>
7. S. J. Lehotay, A. de Kok, M. Hiemstra, and P. van Bodegraven (2005) *J. AOAC Int.* **88**, 595-614
8. M. Anastassiades, S. Lehotay, D. Štajnbaher, and F. J. Schenck (2003) *J. AOAC Int.*, **86**, 412-431
9. V. Giarocco, B. Quimby, and M. Klee, "Retention Time Locking: Concepts and Applications," Agilent Technologies, publication 5966-2469E, www.agilent.com/chem
10. H. Prest, P. Wylie, K. Weiner, and D. Agnew, "Efficient Screening for Pesticides and Endocrine Disruptors Using the 6890/5973 GC/MSD System," Agilent Technologies, publication 5968-4884E, www.agilent.com/chem
11. Philip L. Wylie, "Screening for 926 Pesticides and Endocrine Disruptors by GC/MS with Deconvolution Reporting Software and a New Pesticide Library," Agilent Technologies, publication 5989-5076EN, www.agilent.com/chem
12. Bruce Quimby, "Screening for Hazardous Chemicals in Homeland Security and Environmental Samples Using a GC/MS/ECD/FPD with a 731 Compound DRS Database," Agilent Technologies, publication 5989-4834EN, www.agilent.com/chem
13. Mike Szelewski and Bruce Quimby, "New Tools for Rapid Pesticide Analysis in High Matrix Samples," Agilent Technologies, publication 5989-1716EN, www.agilent.com/chem
14. Chris Sandy, "A Blind Study of Pesticide Residues in Spiked and Unspiked Fruit Extracts Using Deconvolution Reporting Software," Agilent Technologies, publication 5989-1654EN, www.agilent.com/chem
15. Philip Wylie, Michael Szelewski, Chin-Kai Meng, Christopher Sandy, "Comprehensive Pesticide Screening by GC/MSD Using Deconvolution Reporting Software," Agilent Technologies, publication 5989-1157EN, www.agilent.com/chem

16. Xiaofei Ping, Chin-Kai Meng, Michael Szelewski, "Building Agilent GC/MSD Deconvolution Reporting Libraries for Any Application," Agilent Technologies, publication 5989-2249EN, www.agilent.com/chem
17. C. Lesueur and M. Gartner, "Routine Identification and Quantification of Pesticide Multiresidues in Fruit and Vegetable Samples with Full Scan, SIM, and Deconvolution Reporting Software," *Ernahrung/Nutrition* **29** (11), 466-471 (2005)
18. Y. Hirahara, et Al., "Validation of Multiresidue Screening Methods for the Determination of 186 Pesticides in 11 Agricultural Products Using Gas Chromatography (GC)," *J. Health Science* **51** (5) 617-627 (2005)
19. "Imported Foods Monitoring Plan for 2006" Notices Nos. 0331006 and 0525001, Office of Imported Food Safety, Ministry of Health, Labour and Welfare, May 26 2006 <http://www.mhlw.go.jp/english/topics/importedfoods/dl/4.pdf>

謝辞

スパイク/未スパイク抽出物のサンプルを提供して頂いた、Steven Lehotay 氏と Katerina Mastovska 氏 (米国農務省) に謝意を表します。

詳細情報

アジレント製品とサービスの詳細については、アジレントのウェブサイト www.agilent.com/chem/jp をご覧ください。

アジレントは、本資料に誤りが発見された場合、また、本資料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。また、本資料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。

本資料に記載の情報、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、本資料を複製、翻案、翻訳することは禁じられています。

© Agilent Technologies, Inc. 2007

Printed in Japan
September 21, 2007
5989-7436JAJP