



Agilent Accurate-Mass 6500 시리즈 Q-TOF
및 6200 시리즈 TOF LC/MS 시스템

확실한 성능 확실한 선택

TOF 및 Q-TOF LC/MS 시스템

Our measure is your success.

제품 | 어플리케이션 | 소프트웨어 | 서비스



Agilent Technologies

Ultra High Definition Q-TOF 기술의 뛰어난 신뢰도와 이를 강화하는 Agilent 1290 Infinity LC의 놀라운 속도

Ultra High Definition Q-TOF 기술은 뛰어난 성능과 확실성으로 다양한 이점을 제공합니다. 이제 이 탁월한 기술이 Agilent Accurate-Mass 6500 시리즈 Q-TOF LC/MS 및 Agilent Accurate-Mass 6200 시리즈 TOF LC/MS 시스템에 적용되었으며, 신제품 1290 Infinity LC의 최고 속도와 감도, 크로마토그래피 분리능으로 이들 제품군의 성능이 강화되었습니다. 따라서 여러분은 미량 성분을 보다 높은 신뢰도로 더 빠르고 쉽게 식별 및 분리할 수 있습니다. 여러분이 PTMs (post-translational modifications), 바이오마커 프로파일링, 대사 산물 식별, 농약 스크리닝, 원형 단백질(intact proteins) 구조 분석 등 어떤 응용 분석을 수행하든 간에, Agilent TOF 및 Q-TOF 솔루션은 가장 까다로운 과학 분야에서 요구하는 높은 수준의 데이터 품질과 함께 다음과 같은 이점을 제공합니다.

복잡한 시료의 성분 식별에 필요한 **분석 성능**

현존 최고 속도의 UHPLC 분리력을 현실화한 **속도**

보다 정확하고 신속한 결정을 내리기 위한 **신뢰도**

실험실의 생산성 증대와 뛰어난 accurate-mass MS 및 MS/MS

측정 기술을 충분히 활용하기 위한 **데이터 마이닝 도구**

Agilent MassHunter 소프트웨어가 제공하는

향상된 스크리닝, 프로파일링 및 식별 기능



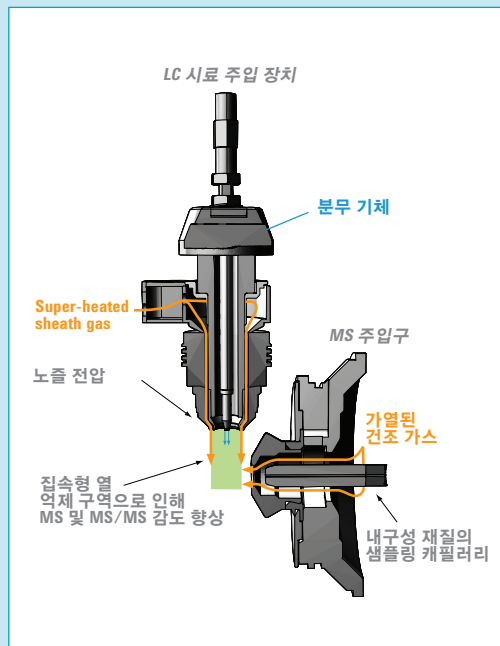
Agilent Accurate-Mass Time-of-Flight (TOF) 및 Quadrupole Time-of-Flight (Q-TOF) LC/MS 시스템은
Ultra High Definition Q-TOF 기술과 첨단 MassHunter Workstation 소프트웨어, 그리고 신제품 1290
Infinity LC의 뛰어난 HPLC 및 UHPLC 성능과 유연성을 모두 갖추고 있습니다.

명백히 향상된 성능 제공

Ultra High Definition Q-TOF 기술을 사용한 6200 및 6500 시스템은 타사의 Q-TOF 기반 시스템이나 고가의 Orbitrap 질량 분석기에서조차 발생하고 있는 — 데이터 수집 속도, 질량 범위 또는 질량 분해능의 저하 없이도 업계 최고의 뛰어난 질량 정확도, dynamic range 및 감도를 제공합니다.

이러한 장비를 사용하면, 오늘날의 초고속 UHPLC 분리를 실현하는 데 필요한 속도뿐만 아니라, 가장 까다로운 시료에서 더 많은 유용한 정보를 획득하는데 필요한 MS 및 MS/MS 성능까지 제공합니다.

- **Sub ppm의 질량 정확도로**, 신뢰도는 높아지고 위양성(false positives)은 감소됩니다.
- **40,000에 이르는 분해능**으로 다른 방해물질로부터 분석 대상 물질을 분리합니다.
- **초당 최대 20 스펙트럼의 데이터 수집 속도로** 최고의 데이터 품질을 보장하고 초고속 크로마토그래피 및 고 처리량의 워크플로와도 호환됩니다.
- **10⁵의 스펙트럼 내 dynamic range**로 방대한 양의 성분이 섞여 있어도 극미량 대상 분석 물질을 검출합니다.
- **Femtogram 수준의 감도로** 극미량 불순물, 대사 산물 또는 바이오마커를 추적합니다.
- **신속한 스캔 간 극성 전환**으로 단일 실험으로 양이온과 음이온을 모두 분석할 수 있습니다.
- **Auto tuning 및 안정된 내부 기준 질량(internal reference mass) 제공**으로, 광범위한 농도 및 m/z 에서도 질량 정확도와 신뢰성 있는 성분 구성값이 일관되게 유지됩니다.



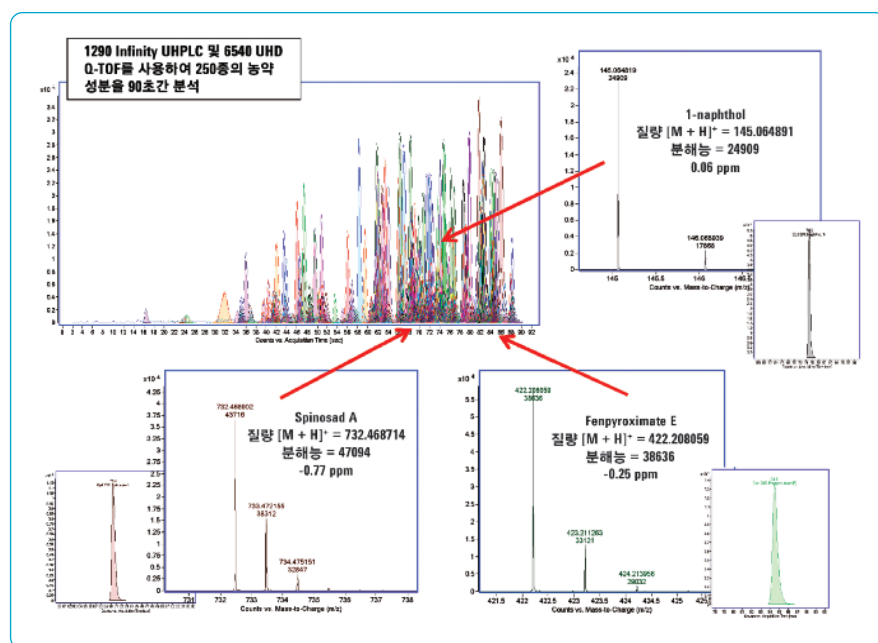
Agilent Jet Stream 기술로 인해 LC/MS 및 LC/MS/MS 감도 5배 향상

Agilent Jet Stream Thermal Focusing 기술을 사용해 전기분사 방울의 공간적 집중 기능을 개선한 결과 MS 및 MS/MS의 감도가 크게 향상되었습니다. 이 혁신적인 기술에는 초고온으로 가열된 질소가 사용되어 ion generation 및 desolvation이 향상되기 때문에, 시그널은 향상되고 노이즈는 감소됩니다. 이로 인해 신약 후보 물질, 식품 오염 물질, 대사 산물 또는 바이오마커 확인 등 다양한 응용 분야에서 5배 이상 향상된 감도를 제공합니다.

UHPLC와 완벽하게 호환되는 탁월한 MS 및 MS/MS 성능

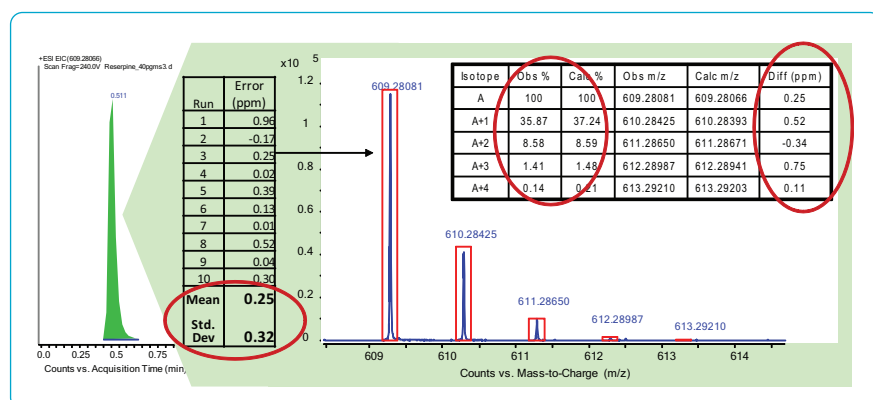
저분자량 물질 분석에서 고분자량 단백질 분석에 이르기까지, Agilent 6500 시리즈 및 6200 시리즈 시스템의 accurate-mass 측정 성능은 스크리닝, 식별, 정량 분석 시 보다 향상된 정확도를 제공합니다. Agilent Jet Stream 기술, 초고속 analog-to-digital (ADC) 수집, 자동화된 기준 질량(reference mass)의 제공(현재는 모든 애질런트 액상 이온 소스로 확대됨.)과 같은 혁신적인 하드웨어 기술을 통해 이전 세대의 TOF 및 Q-TOF 장비와는 비교할 수 없을 정도로 향상된 성능을 제공합니다.

결과적으로 감도, 질량 정확도, dynamic range, 질량 분해능 등 여러 면에서 탁월한 분석 성능을 제공하고, 이 모든 성능은 초고속 UHPLC 분리 기법과 완벽하게 호환됩니다.



탁월한 질량 분해능으로 보다 많은 성분 검출

1290 Infinity LC와 ZORBAX RRHD(Rapid Resolution High Definition) 컬럼 및 6540 Accurate-Mass Q-TOF를 사용하여 250종의 농약을 90초간 분석한 예입니다. 농약 질량 범위에서 탁월한 크로마토그래피 및 질량 스펙트럼 분해능을 보여주고 있으며, 대표적인 고, 중, 저 m/z 를 나타내는 세 종류의 농약 분석 예가 세부적으로 제시되어 있습니다.



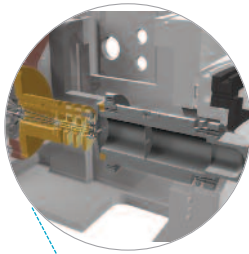
탁월한 질량 정확도로 분석 신뢰도 향상

6500 Q-TOF collision cell 및 ion optics의 혁신적인 설계를 통해 동일한 기준 질량 검교정(reference mass calibration)을 MS 및 MS/MS에 모두 사용할 수 있습니다. 그 결과 MS 질량 정확도(본 예에서는 0.32 ppm)와 정밀한 isotopic ratio를 통해 보다 정확한 분자식 생성이 가능합니다. 40 pg on-column reserpine을 10회 반복 주입한 결과, 탁월한 isotopic ratio fidelity를 보여 줍니다.

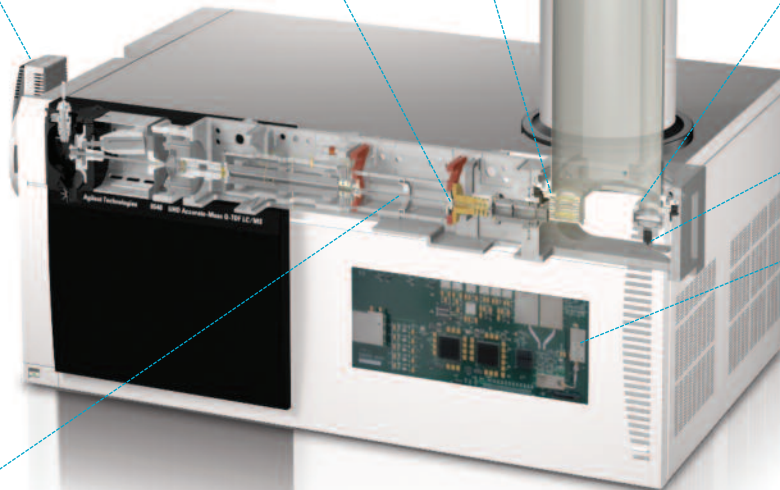
Dual-stage 이온 미러
사용으로 높은 질량
분해능을 제공합니다.



특히 출원 중인 Ion Beam
Compression (IBC) 기술은
이온 빔을 최대 10배로
압축하고 안정화하므로 이온
손실은 감소되고 정밀한 질량
측정이 가능합니다. 질량
분해능과 질량 정확도는 최대
200%까지 향상됩니다.



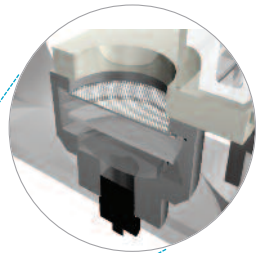
독자적인 직교 분사와 같은
혁신적인 이온 소스로 이온 생성을
극대화하고 노이즈를 감소시키는
동시에, 자동화된 내부 기준
질량(internal reference mass) 제공
기능으로 뛰어난 질량 정확도를
유지합니다.



6중극(hexapole) collision cell에서
이온이 가속화되어 고품질
MS/MS 스펙트럼을 보다 빠르게
생성할 수 있습니다.

진공 단열 셀(shell)에 밀봉된
독자적인 INVAR 비행 튜브는
온도 변화로 인한 질량 변화를
제거함으로써 탁월한 질량
정확도를 24시간 유지하며,
길어진 비행 튜브로 질량
분해능이 향상되었습니다.

단일 이온 이벤트를 기록하는
time-to-digital (TDC) 검출기와
달리, analog-to-digital (ADC)
검출기는 여러 이온 이벤트를
기록하기 때문에 넓은 질량 측정
범위 및 농도 범위에 걸쳐 매우
정확한 질량 측정이 가능합니다.



4GHz ADC 전자 장치를 통해
샘플링 속도를 초당 32 Gbit로
높일 수 있어 미량 시료에 대한
분해능, 질량 정확도 및 감도가
개선됩니다. Dual gain
amplifiers를 사용하여 검출기
신호를 동시에 처리하기
때문에 dynamic range가
10⁶까지 확장됩니다.

응용 분야와 상관없이 뛰어난 생산성 제공

생산성은 때로 전적으로 속도에 관한 것이기도 하고, 때로 전적으로 데이터 품질에 관한 것이기도 합니다. 그러나 대부분의 경우 이 두 요소 모두에 의해 좌우됩니다. Agilent TOF 및 Q-TOF 솔루션에는 최고의 분리 속도와 분해능, 최고 성능의 MS 및 MS/MS 기능, 그리고 강력한 MassHunter 데이터 마이닝 소프트웨어가 모두 통합되어 있기 때문에 각 실험실에서 원하는 생산성 기준을 맞출 수 있습니다.

Agilent 1290 Infinity LC 시스템 훨씬 더 강력해진 액체 크로마토그래피 플랫폼

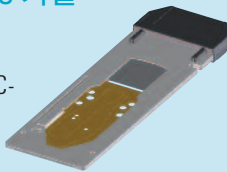
1290 Infinity LC는 Ultra High Definition Q-TOF 기술의 성능을 보완하고, 분리 기법을 최적화하여 생산성을 극대화합니다. 또한 ZORBAX RRHD(Rapid Resolution High Definition) 컬럼은 뛰어난 UHPLC 결과 도출에 합당한 분리력을 제공합니다. 고 처리량 분석을 원하신다면 고속 크로마토그래피를 활용해 보십시오. 매우 복잡한 시료에는 1290 Infinity LC 시스템의 탁월한 피크 capacity 및 크로마토그래피 분리능을 사용하여 동시 용출(co-elution) 및 이온 억제 영향을 최소화할 수 있습니다.



Agilent 1290 Infinity LC는 동급 최강의 속도와 분리능, 감도를 제공하므로 HPLC 및 UHPLC 성능을 전반적으로 향상시킵니다.

시료량이 제한된 응용 분석에서 최고의 감도를 제공하는 HPLC-Chip/MS 기술

Agilent 6500 시리즈 및 6200 시리즈 시스템은 혁신적인 1200 시리즈 HPLC-Chip/MS 기술과 완벽하게 호환되며, 이것은 복잡한 Nanoflow LC 분석 기법을 대체할 수 있는 편리한 플러그 앤 플레이(plug-and-play) 방식입니다. 사용이 간편한 이 기술은 1200 시리즈 Nanoflow LC 시스템의 시료 농축 및 분리 컬럼과 통합형 나노스프레이 팁(tip)을 결합한 것으로, 현미경 슬라이드 크기 정도의 재사용 가능한 미세유체 칩 하나에 모두 통합되어 있습니다. 신뢰성 있는 고감도 결과를 제공하는 이 기술은 특히 시료량이 제한된 단백질 및 펩티드 분석에 적합합니다.



- 최고의 감도로 저농도 시료에 대해서도 정확도를 보장합니다.
- 크로마토그래피 피크 구간이 더 협소하고 적절하게 정의되어 MS 데이터의 복잡성이 줄어들므로 높은 신뢰성으로 성분을 식별할 수 있습니다.
- 새로운 HPLC-Chip II에 새로운 탄소 이온 투입 필터가 사용되어, 칩 간(chip-to-chip), 분석 간(run-to-run) 재현성이 최적화되므로 생산성이 극대화됩니다.
- 신뢰도가 향상된 nanospray MS로 DMPK와 같은 저분자량 물질 분석, 바이오마커 개발 및 검증, 원형 모노클론 항체 구조 분석 및 인펩티드(phosphopeptide) 분석이 가능합니다.

MassHunter 소프트웨어로 생산성 증대

애질런트의 MassHunter Workstation 소프트웨어는 장비 셋업에서 최종 보고에 이르기까지, MS 분석의 전 과정을 신속하고 간단하며 생산적으로 수행하도록 설계되었습니다. 데이터 분석 도구를 사용하면 복잡한 매트릭스에서 목적 성분들을 빠르게 검색, 비교, 식별할 수 있고, 성분 중심(compound-centric)의 데이터 마이닝 및 탐색 기능으로 MS 데이터를 간편하고 효율적으로 분석할 수 있습니다.

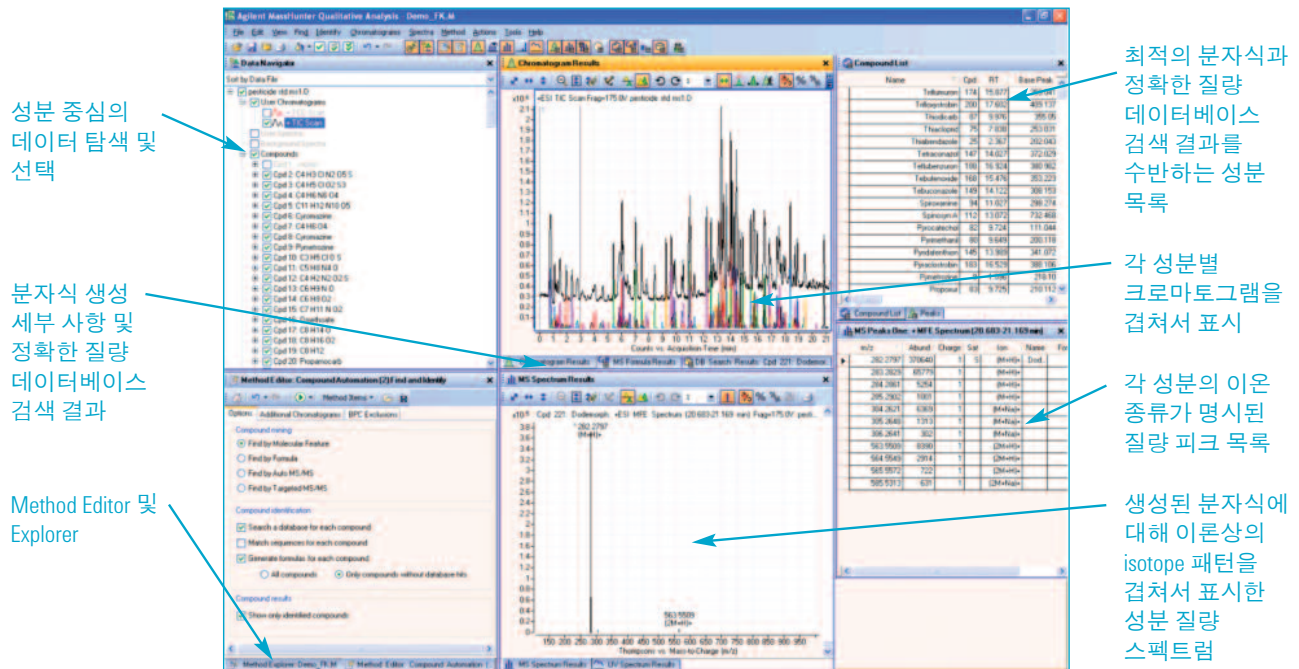
배우기 쉬운 단일 인터페이스에서는 기본적인 정성/정량 분석 작업이 모두 처리되고 애질런트의 강력한 응용 분야별 워크플로 소프트웨어와도 매끄럽게 통합됩니다.

MassHunter를 통한 손쉬운 검색, 비교, 식별 작업.

독자적인 알고리즘의 포괄적인 데이터 마이닝을 통해, 미지 성분을 보다 확실하게 확인하고 식별할 수 있습니다.

응용 분야 기반의 통합형 데이터베이스 및 라이브러리 검색.

MassHunter 소프트웨어에서는 METLIN 및 기타 공개/비공개 데이터베이스 대비 accurate-mass 검색을 자동으로 수행할 수 있기 때문에, 생산성이 향상되고 성분 식별이 보다 쉬워집니다. 또한 accurate-mass MS 또는 MS/MS 데이터를 사용해 분자식을 생성하거나 정확한 질량값과 머무름 시간을 사용하여 농약, 법의학 물질, 독극물 및 기타 저분자량 물질을 검색할 수 있습니다.



정성 분석 시 성분의 검색, 비교, 식별이 용이합니다. MassHunter Workstation에서 성분별로 결과를 쉽게 작성, 구성, 탐색, 저장, 보고할 수 있습니다.

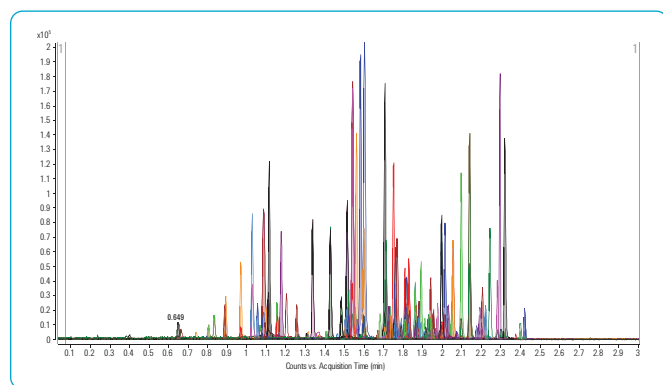


MassHunter Workstation의 고유한 성분 중심 데이터 처리 방식으로 성분을 자동으로 검색, 비교, 식별, 정량합니다.

식품 안전 및 환경 분석을 위한 강력하고 간편한 솔루션

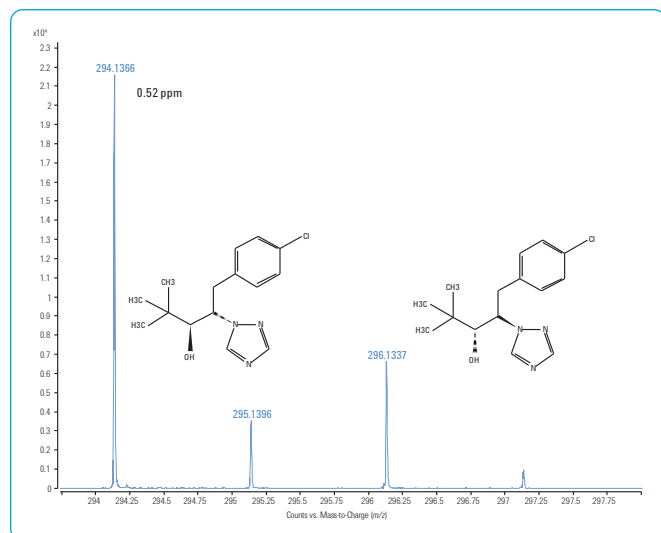
초고속 스펙트럼 수집, 넓은 dynamic range, 뛰어난 질량 정확도와 질량 분해능이 애질런트만의 독특한 방식으로 통합되어 있기 때문에, 매우 복잡한 매트릭스에서도 단 1회의 분석으로 수백 종의 성분을 분석할 수 있습니다. MassHunter 소프트웨어는 시료 성분을 찾은 다음, 공개 및 비공개 데이터베이스를 자동으로 검색하여, 신뢰성 높은 결과를 신속하게 제공합니다. 분석법, 화학 물질, 성분 데이터베이스 등이 포함된 새로운 애질런트 어플리케이션 키트를 사용하면 셋업 및 구성에 드는 시간을 줄이고 전문적인 결과 도출에 더 많은 시간을 할애할 수 있습니다.

초고속 농약 스크리닝 및 식별



Q-TOF 기술로 100종의 농약을 3분 이내에 분석. 뛰어난 피크 capacity와 빠른 MS 수집 기능을 통해 다수의 농약을 분석하고 높은 신뢰성으로 성분을 식별합니다. Q-TOF의 빠른 수집 기능으로 전체 스펙트럼 데이터를 수집하면서도 분석 시간은 현저히 줄어듭니다. (ZORBAX RRHD 컬럼과 6540 Accurate-Mass Q-TOF를 사용한 1290 Infinity LC).

고 분해능 MS, sub 1 ppm의 질량 정확도 및 초당 10회 스캔 속도로 얻은 isotope peak fidelity



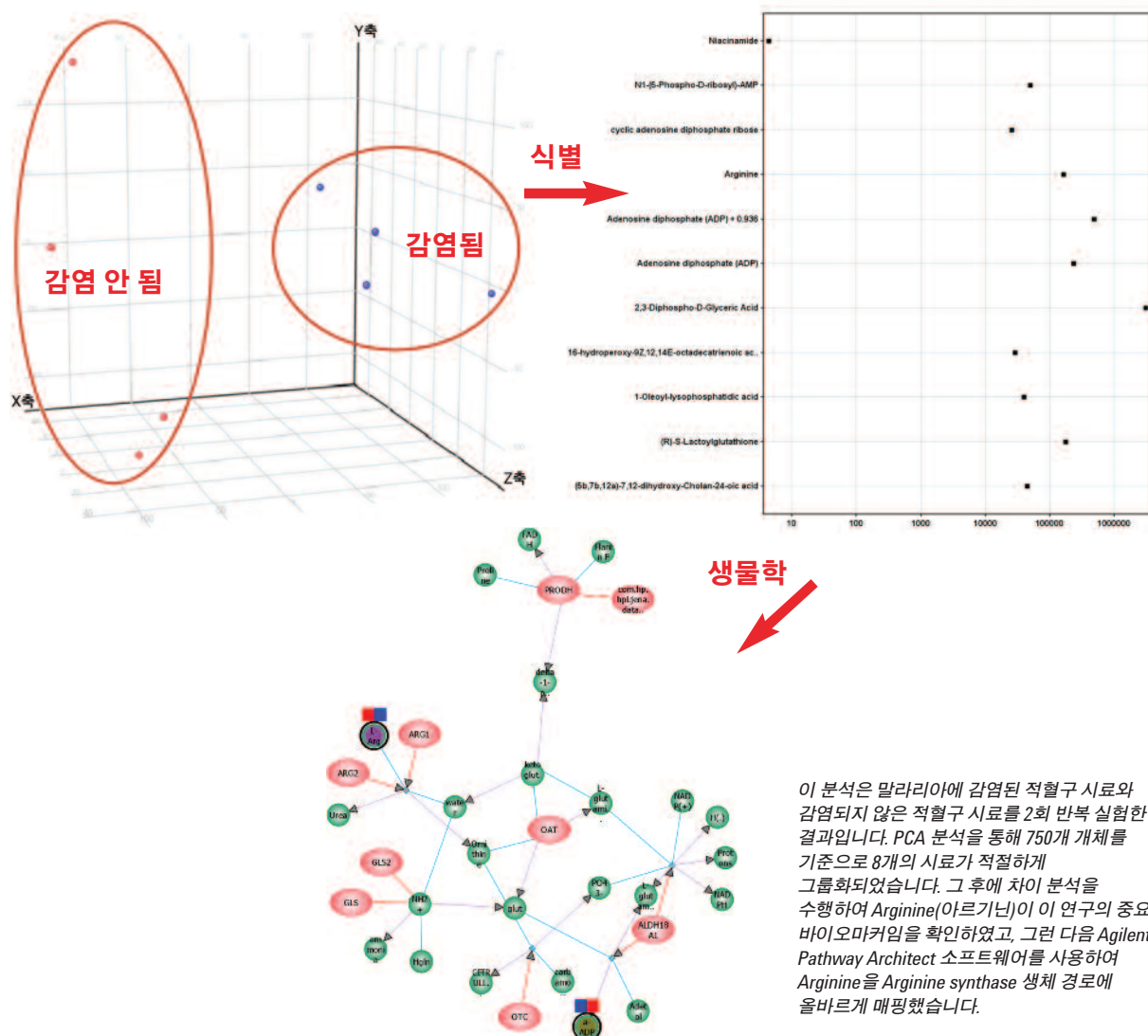
수천 종의 농약을 3분 이내에 스크리닝한 예. 여기서는 폭이 1초인 각 LC 피크에서 10개의 데이터 포인트를 수집하여 수천 종의 농약을 3분 이내에 스크리닝할 수 있었습니다.

강력한 워크플로로 보다 많은 바이오마커를 훨씬 빠르게 검색

Agilent Ultra High Definition Q-TOF 기술을 사용하면, 시료 그룹 간의 발현 수준의 차이를 빠르게 확인하고 accurate-mass LC/MS 데이터에서 바이오마커 후보 물질을 식별할 수 있습니다. Agilent METLIN Personal Metabolite 데이터베이스 및 Mass Profiler Professional과 같은 통합 소프트웨어 솔루션과 함께 이 플랫폼을 사용하면, 복잡한 생물학적 구조를 빠르게 파악할 수 있습니다.

뛰어난 TOF 감도 및 최대 10^5 의 dynamic range로 인해 상대 존재비가 매우 높은 성분이 있더라도 극미량 대사 산물을 검출할 수 있습니다. 또한 23,000종 이상의 내인성 및 외인성 대사 산물, 지질, 디-펩티드 및 트리-펩티드 정보를 담고 있는 Agilent METLIN Personal Metabolite 데이터베이스를 사용한 검색을 통해 sub ppm MS의 전형적인 질량 정확도를 확보할 수 있으므로 성분 식별의 정확성을 높이고, 위 양성(false positives)을 줄일 수 있습니다.

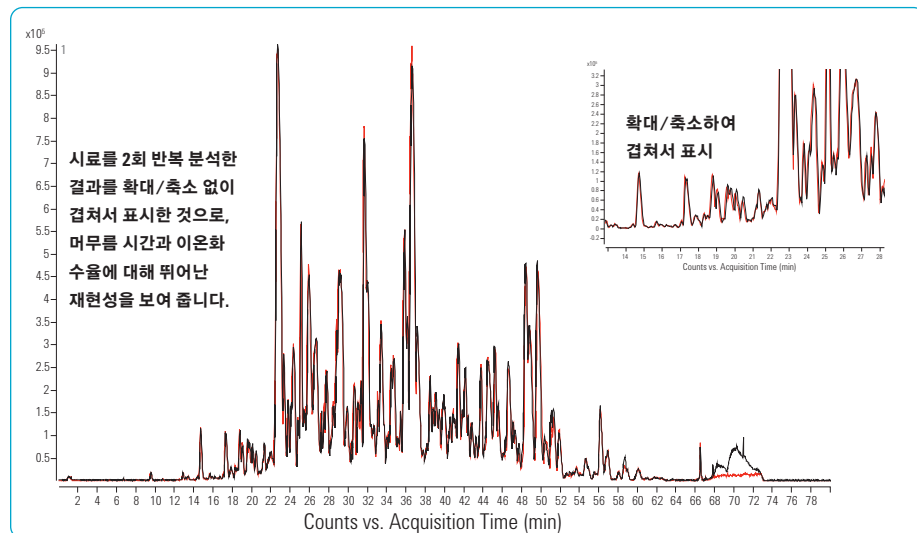
프로파일링, 다변량(multivariate) 분석, 식별 및 생체 경로 설명을 위한 대사체학(metabolomics) 데이터 마이닝 도구 전체 제품군



높은 신뢰성으로 생체 고분자의 식별, 구조 분석 및 정량 분석 수행

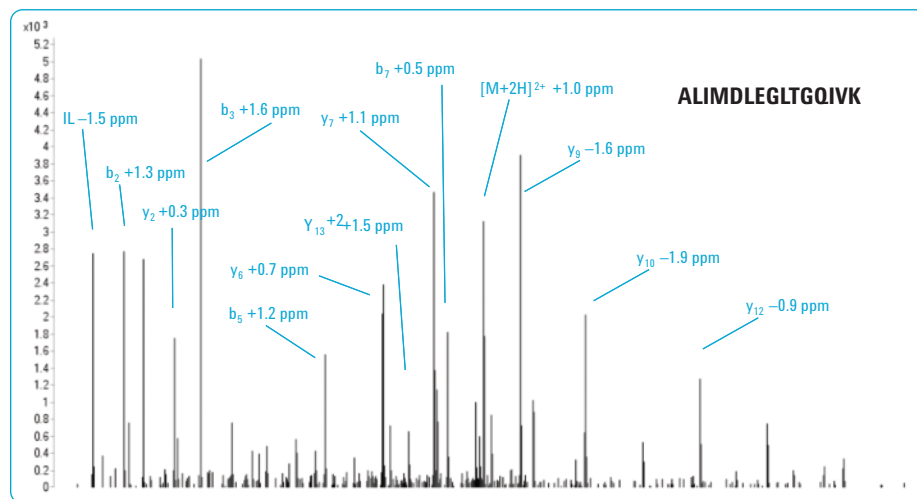
Agilent 1200 시리즈 HPLC-Chip/MS 시스템은 빠른 분석 속도와 높은 재현성 — 이 두 요소는 비교 분석(differential analysis) 시 고품질의 결과 도출에 결정적입니다. — 을 제공하는 Nanoflow LC 분리 기술을 구현하며, Accurate-Mass Q-TOF 플랫폼의 고품질 스펙트럼을 보완하는 이상적인 장비입니다. 뛰어난 질량 정확도 및 질량 분해능과 더불어 광범위한 dynamic range를 통해 프로파일링 성능이 최적화됨으로써, 상대 존재비가 매우 낮은 극미량 성분의 검출은 물론 저농도에서 고농도의 펩티드 및 단백질을 확인할 수 있습니다.

뛰어난 MS 재현성



겹쳐서 표시된 크로마토그램은 분열형 효모(*Schizosaccharomyces pombe*) 시료에서 SEC fraction의 트립신 분해산물을 2회 반복 분석한 결과입니다. 머무름 시간과 이온화 수율에 대해 높은 수준의 재현성을 보여주고 있습니다. (Agilent HPLC-Chip/MS 및 6540 Accurate-Mass Q-TOF)

뛰어난 MS/MS 질량 정확도



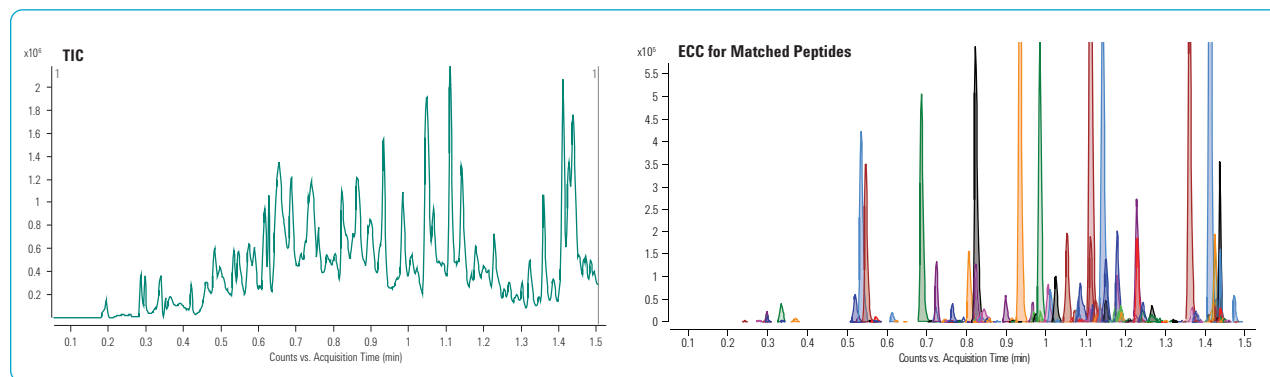
분열형 효모에서 취한 ALIMDLEGLTGQIVK 펩티드의 MS/MS 스펙트럼. 평균 생성 이온 질량 정확도는 2.3 ppm이며, 펩티드의 모든 b-이온 및 y-이온이 해당 질량 정확도 값과 함께 표시되어 있습니다. (Agilent HPLC-Chip/MS 및 6538 Accurate-Mass Q-TOF)

신뢰할 수 있는 원형 단백질(intact proteins) 확인 기법

분자 조성, 구조적 변이 등 분석하려는 단백질의 특성을 완벽하게 규정하려면 원형 단백질과 분해 산물의 두 형태 모두를 대상으로 하는 철저하고도 정확한 분석이 요구됩니다. Agilent Q-TOF 플랫폼의 accurate-mass MS 및 MS/MS 측정 기법을 활용하면, 원형 단백질을 보다 높은 신뢰성으로 식별할 수 있습니다. 이 시스템이 제공하는 고분해능으로 전하 상태를 구분함으로써 post-translational modifications, 화학적 분해 및 변형(modification)으로 인한 구조상의 작은 변화도 정확하게 알아낼 수 있습니다.

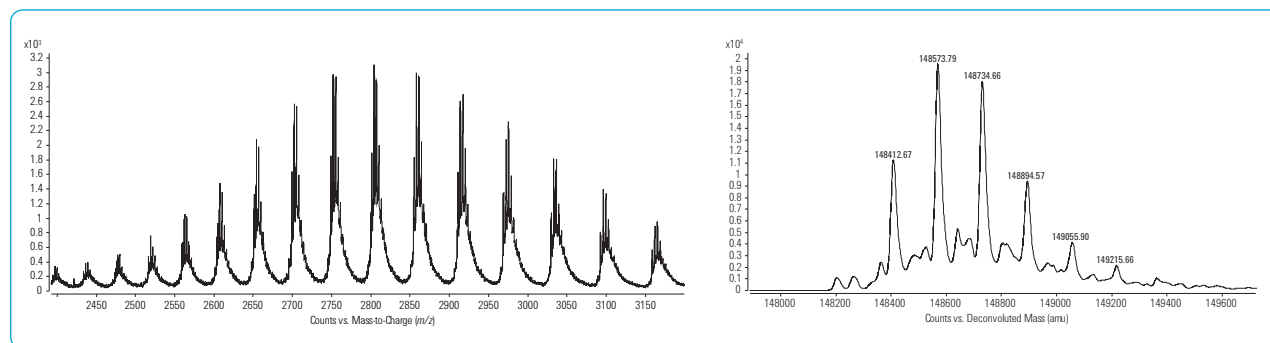
MassHunter BioConfirm 소프트웨어에는 최적화된 단백질 변형의 예측 및 확인 기능 뿐만 아니라, 질량 스펙트럼 deconvolution, 펩티드 매핑을 위한 시퀀스 editor/matcher 기능이 있으므로, 재조합 단백질 및 합성 펩티드를 빠르게 구조 분석할 수 있습니다.

모노클론 항체 분해산물의 단백질 염기서열 100% 분석



mAb 염기서열이 2분 이내에 분석 완료되었습니다. 본 예는 IgG 염기서열과 일치하는 펩티드에 대해 추출된 성분 크로마토그램(EIC)으로, 경쇄(light chain) 및 중쇄(heavy chain)가 모두 포함되며 염기서열이 100% 분석된 결과입니다. 1.6 mL/min의 유속과 1100 bar를 초과하는 시스템 압력에서 분석 시간은 2분도 걸리지 않았습니다. (Poroshell 120 컬럼 및 6530 Accurate-Mass Q-TOF를 사용하는 Agilent 1290 Infinity LC)

원형 항체의 MS 측정 및 deconvolution



컬럼에 600 pg (4 fmol) 주입 후 탈당된 ANTI-FLAG 항체에 대한 MS 스펙트럼. 오른쪽의 deconvoluted 스펙트럼은 6가지의 서로 다른 주요 글리코 형상을 나타내는 것으로, 분석에는 HPLC-Chip/MS와 43 mm ZORBAX SB 300-C18 chip을 사용하였습니다. (Agilent HPLC-Chip/MS 및 6530 Accurate-Mass Q-TOF)

워크플로 중심의 응용으로 성능 및 생산성 향상

사용이 간편한 응용 분야별 소프트웨어 솔루션은 MassHunter Workstation에 완벽하게 통합되므로 실험실의 생산성이 최대화됩니다. MassHunter Workstation에 통합 가능한 소프트웨어는 다음과 같습니다.

Mass Profiler Professional

accurate-Mass MS 데이터의 중요 정보를 모두 활용하는 강력한 계량분석화학(chemometrics) 소프트웨어 패키지

MassHunter Workstation용 Spectrum Mill

단백질의 식별, 상대 정량화 및 구조 분석

MassHunter BioConfirm 소프트웨어

원형 단백질 구조 분석 및 올리고뉴클레오타이드 분석

MassHunter Metabolite ID 소프트웨어

약물 대사 산물 식별

Personal Compound Database & Library 소프트웨어

- MassHunter Personal Forensic & Toxicology 데이터베이스
7,000종 이상의 성분 포함
- MassHunter Personal Pesticide 데이터베이스
1,600종 이상의 성분 포함
- Agilent METLIN Personal Metabolite 데이터베이스
가장 포괄적인 내인성 대사 산물 데이터베이스로,
8,000종의 지방질을 포함한 23,000종 이상의 성분 포함

애질런트는 여러분의 실험실이 최고의 생산성을 유지할 수 있도록 전문 서비스를 제공합니다.

애질런트 서비스 엔지니어는 전문 교육 과정을 통해 고객 만족도 98%를 달성하며, 업계 최고의 서비스로 평가 받고 있습니다. 애질런트는 실험실의 규모나 분야와 관계없이, 문제를 신속히 해결하고 가동시간을 증대시키며 실험실의 리소스를 최적화하도록 지원합니다. 또한, 사용자는 실험실의 요구 사항과 예산에 맞추어 애질런트에서 제공하는 다양한 서비스 상품을 선택함으로써 다음과 같은 혜택을 얻을 수 있습니다.

- 예방 차원의 유지보수 (preventive maintenance, PM)를 현장에서 수행함으로써, 예상치 않은 시스템 가동 중단을 최소화하고 시스템 작동의 신뢰성을 보장합니다.
- 원격 진단 및 모니터링 기능으로 “가동 시간 향상”을 보장합니다.
- 애질런트 및 비애질런트 장비에 대해 신속하고도 전문적인 문제해결 및 수리 서비스를 제공합니다.
- 숙련된 설치, 교육 및 친숙화 과정을 제공하여 사용자는 최단 시간 내에 기기를 운용할 수 있으며, 애질런트 신기술을 정확하게 습득할 수 있습니다.

추가 정보

기타 정보:

www.agilent.com/chem/qltof

온라인 구매:

www.agilent.com/chem/store

국가별 애질런트 고객 센터 찾기:

www.agilent.com/chem/contactus

미국 및 캐나다

1-800-227-9770

agilent_inquiries@agilent.com

유럽

info_agilent@agilent.com

아시아 태평양

inquiry_lsca@agilent.com

연구용으로 사용이 제한됨. 이 발간물의 정보, 설명 및 사양은 사전 통보 없이 변경될 수 있습니다. 애질런트 테크놀로지스는 본 발간물에 포함된 오류 또는 비치(furnishing), 성능, 이 자료의 사용 등으로 인한 우연적이거나 필연적인 손상에 대한 책임을 지지 않습니다.

© Agilent Technologies, Inc. 2010
한국에서 인쇄. 2010년 3월 1일.
5990-4052KO

경기도 수원시 영통구 이의동 906-10 나노소재특화캠퍼스(KANC) 9층
한국애질런트테크놀로지스(주) 생명과학/화학분석 사업부
고객지원센터 080-004-5090 www.agilent.co.kr



Agilent Technologies