



Agilent MassHunter Workstation ソフトウェア

faster, more confident

サンプル中のあらゆる情報を導き出すソフトウェア

Our measure is your success.

products | applications | **software** | services



Agilent Technologies

MassHunter Workstation ソフトウェア

求める“答え”を 迅速に提供するソフトウェア

機器チューニングから最終レポート作成まで対応する Agilent MassHunter Workstation ソフトウェアは、あらゆる MS 分析をより速く、より簡単に、より生産性の高いものに変えるように設計されています。

このソフトウェアは、Agilent TOF、Q-TOF、トリプル四重極 LC/MS のデータ採取プラットフォームとして機能します。また、LC/MS、GC/MS、ICP-MS といったすべての Agilent MS プラットフォームについて、単一のソフトウェアで一貫したデータ処理を行うことが可能です*。さらに、高度な特徴抽出ツール、データマイニングツール、データ処理ツールを搭載しています。これらのツールを使えば、サンプルに含まれる化合物から、あらゆる情報を迅速かつ正確に自動で引き出すことができます。単なるピークやデータポイントではなく、“答え”が手に入るのです。



MassHunter Workstation ソフトウェアのパワフルな特徴抽出機能とデータマイニング機能は、アジレントの LC/MS、GC/MS、ICP-MS プラットフォームのパフォーマンスをさらに高めます。*

ルーチン分析において完全に自動化された MassHunter のデータ解析なら、Agilent TOF や Q-TOF LC/MS で得られた精密質量 MS および MS/MS データの高度な情報を、あますところなく活用することができます。MassHunter は、以下のことを実現します。

- **サンプルに含まれるすべての化合物や、サンプル間およびサンプルセット間の違いを確実に見つけだします。** MassHunter ソフトウェアを使えば、1 回の LC/MS 分析で、クロマトグラムやスペクトルのみにとどまらず、あらゆる関連情報を引き出すことができます。
- **未知物質を簡単に確認および同定します。** MassHunter ソフトウェアは、オプションの精密質量と保持時間 (AMRT) のデータベース、MS/MS ライブラリ検索 (近日発売開始) を備え、Molecular Formula Generation (MFG) により、データマイニングや自動同定を容易にします。

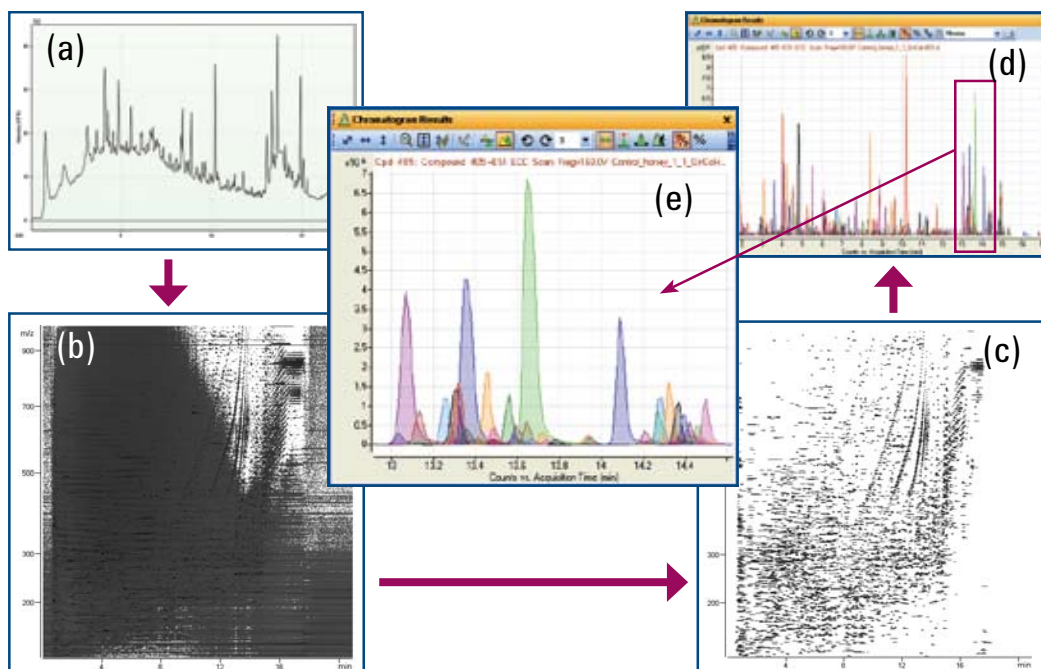
*GC/MS および シングル四重極 LC/MS 用 MassHunter Workstation は近日発売予定。

比類のないデータ解析の生産性

「化合物中心」のデータ解析と、直観的でワークフローに沿ったナビゲーションにより、未処理の分析データから求めている答えを引き出すまでの道のりを短縮します。これにより以下のことが実現します。

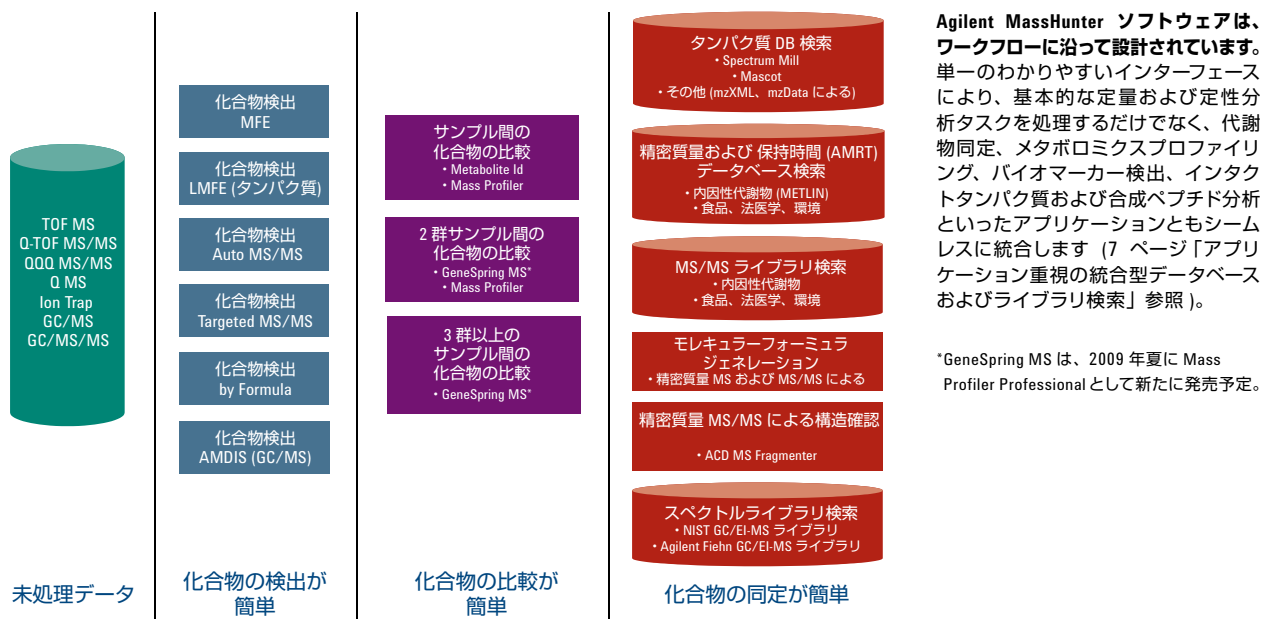
- **定量分析の時間を短縮します。** タスクに沿った機能を備えたアプリケーション中心のパワフルな定量パッケージにより、面倒な手動による解析手順を排除します。
- **複雑なデータの結果をより迅速かつ簡単に検証できます。** 直観的なユーザーインターフェースにより、すべての関連情報がまとめて表示されるので、データファイルを簡単に比較することができます。
- **解析時間を短縮し、ラボのスループットを最大化します。** カーブフィットアシスタント、検量線の動的追従、異常値の自動色分け、全データ一覧表示、カスタマイズ可能な表示画面などの機能により、すべての解析をスピードアップします。

より緻密な解析、より確実な結果



パワフルなツールが、求めている情報を引き出します。2D クロマトグラム (a) を処理する従来のデータ解析ソフトウェアとは異なり、MassHunter Workstation ソフトウェアでは、独自の Molecular Feature Extractor (MFE) アルゴリズムを用いて、3D 精密質量 LC/MS データセット (b) を直接処理します。MFE により、マトリックス由来のノイズを完全かつ自動的に除去し (c)、各成分の化合物クロマトグラム (d) と化合物質量スペクトルを抽出します。化合物クロマトグラムの重ね書き (e) により、複数の化合物が部分的または完全に共溶出する場合でも、サンプル中の各化合物の正確なクロマトグラムおよびその保持時間を示します。

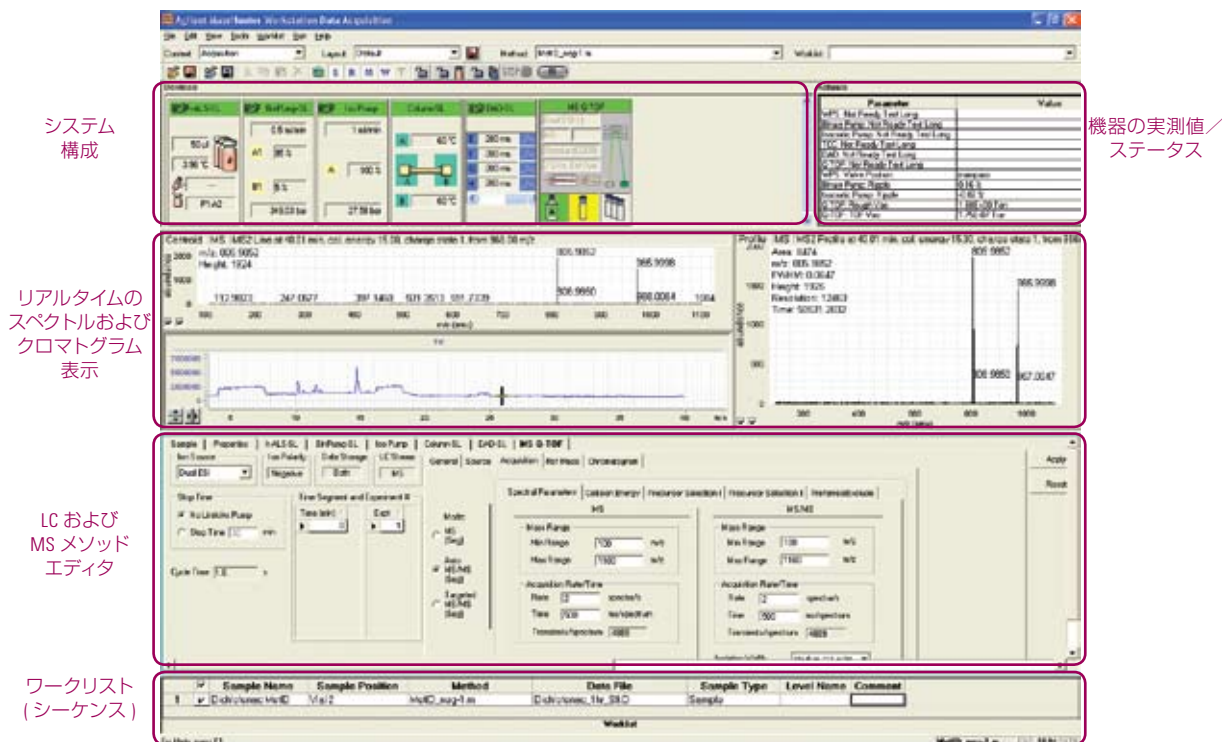
ワークフローとシームレスに統合する化合物中心のアプローチ



Agilent MassHunter Workstation ソフトウェアの詳細については、www.agilent.com/chem/jp をご覧ください。

あらゆる関連情報を思いのままに

MassHunter Workstation の直観的で「フラット」なユーザーインターフェースでは、あらゆる関連情報を一目で見ることができます。画面を切り替えたり、邪魔なポップアップウィンドウをよけずに、探している情報を見つけることができます。また、ワークフローを重視したレイアウトにより、マウスの移動距離や必要なクリックの回数が少なくてすみます。デュアルモニターにも完全対応しています。



機器設定とコントロール。 MassHunter Workstation データ採取ソフトウェアでは、分析のモニタリングやコントロールに必要なすべての情報が 1 つの画面に表示されます。

すべての LC/MS プラットフォームに対応する共通のデータ採取ソフトウェア

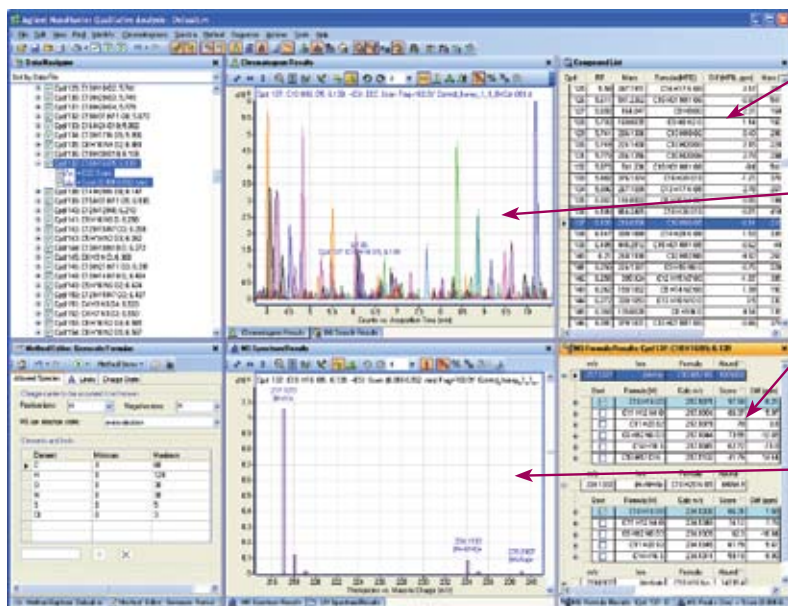
MassHunter データ採取ソフトウェアは、Q-TOF 用の網羅的なデータ依存型 MS/MS 機能のほか、トリプル四重極用の自動 MRM × ソッド開発ソフトウェア (MassHunter Optimizer)、ダイナミック MRM、21CFR Part 11 コンプライアンスサポート機能を搭載しています。LC モジュールコントロールやワークリストエディタはすべての機器で共通しており、Microsoft Excel® 表計算ソフトウェアに似た機能を用いて、複数のサンプルのデータ採取を設定することができます。

革新的な化合物中心のデータナビゲーション

化合物中心のデータ整理およびナビゲーションにより、複雑な MS データの検証や解析を容易にします。MassHunter Qualitative Analysis では、自動的に抽出されたすべてのスペクトルとクロマトグラムがナビゲーションツリー内に登録・整理され、化合物ごとにナビゲーションすることができます。

各データファイルは、化合物の質量スペクトルおよびクロマトグラム、質量リストのほか、ユーザー設定が可能なテーブルと直接リンクしています。テーブルには各化合物の全解析結果がまとめられ、それぞれの結果を引き出すことができます。解析結果には、分子組成式表示、多価イオンスペクトルの価数表示、デコンボリューション、AMRT データベース検索、分子組成式による検索、MS/MS ライブラリ検索* などの解析ステップで得られた情報を追加することもできます。

*MS/MS ライブラリは、近日中に発売予定です。



定性解析

MassHunter Workstation のワークフローを重視したユーザーインターフェースは、迅速で直観的な化合物中心のデータマイニングやナビゲーションを可能にし、必要な情報を一目で見られる画面で表示します。

- 算出した分子組成式を持つ化合物のリスト
- 検出された各化合物を示す化合物クロマトグラムの重ね書き
- 分子組成式計算結果の詳細
- 理論上の同位体パターンを重ね書きした化合物質量スペクトル

化合物中心のデータ保存とレポート作成

MassHunter Workstation ソフトウェアでは、すべての解析結果が、化合物スペクトル、化合物クロマトグラム、分子組成式、データベースおよびライブラリ検索結果、多価イオンの価数、デコンボリューション結果、同位体パターンなどのデータファイルとともに、化合物ごとに保存されます。Microsoft Excel® 表計算ソフトウェアと XML 結果ファイルをもとにした、高度なカスタマイズが可能な MassHunter のレポート作成機能を使えば、化合物ごとに結果のレポートを作成することができます。

MassHunter カスタムレポート作成マクロアドイン ツールバー

カスタムツールボタンを使ってテーブルやグラフを追加

Excel の印刷プレビューを使用

XML 結果から表示列をドラッグ & ドロップ

Excel の数値フォーマットを使用

Excel の条件フォーマットを使用した異常値の色分け

Excel を用いたフォーマットヘッダとフッタ

共同作業や様々な報告書に対応した全面的なカスタマイズが可能なレポート

MS 分析で得られた重要な情報の提示は、科学上およびビジネス上の重要な決定を下すうえで欠かせません。MassHunter では、すべての結果が XML ファイルに保存され、レポート作成には Microsoft Excel とカスタムマクロアドインが使用されます。なじみ深い Excel 環境で、アプリケーションに特化した幅広いレポートテンプレートや、ニーズに応じたカスタム計算などのカスタマイズが可能なレポートを使用することができます。

MassHunter のデータ、結果、メソッドを Agilent OpenLAB ECM でアーカイブ化

結果やメソッドなどの MassHunter データファイルのアーカイブ化は、Agilent OpenLAB Enterprise Content Manager (ECM) とシームレスに統合されています。すべてのサンプル情報を簡単にインデックス化および検索できるほか、ECM サーバーへのデータ移動を自動スケジューリングすることが可能です。

求める情報を得るためのパワフルなツール

MassHunter Workstation ソフトウェアを使えば、クロマトグラフィ分析結果や質量分析結果を検証する際に、重要な疑問にすぐに集中して取り組むことができます。「サンプルには何が含まれている?」「その量は?」「2つのサンプルの違いは?」「サンプル群を比較する方法は?」といった疑問に対する答えが見つかります。

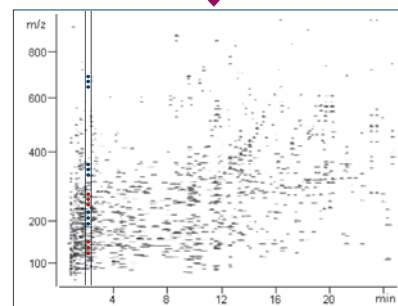
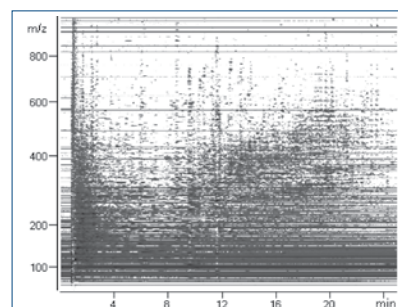
MassHunter ソフトウェアは、精密質量 MS および MS/MS データに含まれる潜在的な情報をあますところなく引き出します。独自のアルゴリズムにより、総合的なデータマイニングを可能にし、きわめて信頼性の高い未知物質の確認や同定を実現します。物質が存在している限り、MassHunter で検出、同定、定量することが可能です。

化合物同定とプロファイリングの解析を簡単にする Molecular Feature Extractor

MassHunter ソフトウェアに搭載されている先進的な Molecular Feature Extractor (MFE) アルゴリズムは、すべてのサンプル成分を最低レベルのアバンダンスにいたるまで自動的に特定し、関連するすべての化合物由来スペクトルやクロマトグラム情報を、ノイズを含むデータから抽出することで、解析時間を大幅に短縮します。また、このソフトウェアでは、分子組成式表示、AMRT データベースまたは MS/MS ライブラリ検索*、デコンボリューション、多価イオン価数判定といった追加の解析ステップを実行することもできます。

きわめてパワフルで効果的な MFE 機能には、おもに 3つの利用法があります。

- **定性解析**では、試料中に含まれるすべての検出可能な化合物 (未知物質および既知物質) を検出することができます。
- **Metabolite ID および同様のアプリケーション**では、MFE が 2つのサンプルに含まれるすべての化合物を検出し、それらを比較することで、サンプル間で大きな違いのある分析対象化合物を見つけ出すことができます。
- **マスプロファイリング研究** (バイオマーカー検出など) では、多数のサンプルに含まれる化合物を検出することができます。結果を Mass Profiler または GeneSpring MS ソフトウェアにインポートすれば、統計解析を実施してサンプル群間の有意な違いを調べることができます。

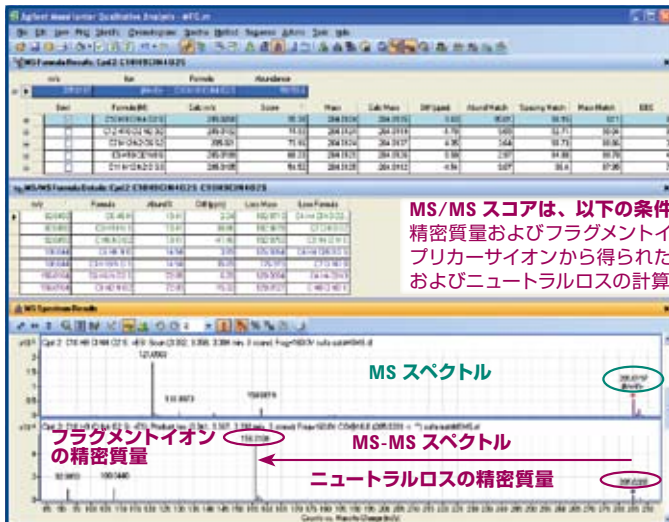


化合物または分子関連物質のリスト

| RT | m/z | アバンダンス |
|------|----------|--------|
| --- | --- | --- |
| --- | --- | --- |
| 2.11 | 195.1745 | 21000 |
| 2.11 | 257.2566 | 335500 |
| 2.34 | 224.2134 | 11784 |
| --- | --- | --- |
| --- | --- | --- |

Molecular Feature Extractor 機能を使えば、きわめて複雑な LC/MS データファイルを迅速かつ自動的に変換し、保持時間や m/z、アバンダンスを含む完全で正確な化合物または分子関連物質リストを作成することができます。

*MS/MS ライブラリは、近日中に発売予定です。



MSスコアは、以下の条件にもとづいています。

- 全化合物イオンの精密質量
- 同位体イオン強度パターン
- M+1 および M+2 の同位体間隔

MS/MSスコアは、以下の条件にもとづいています。
 精密質量およびフラグメントイオン強度の許容値、
 プリカーシオンから得られたフラグメントイオン
 およびニュートラルロスの計算値による合致度が必要

使用する精密質量情報：

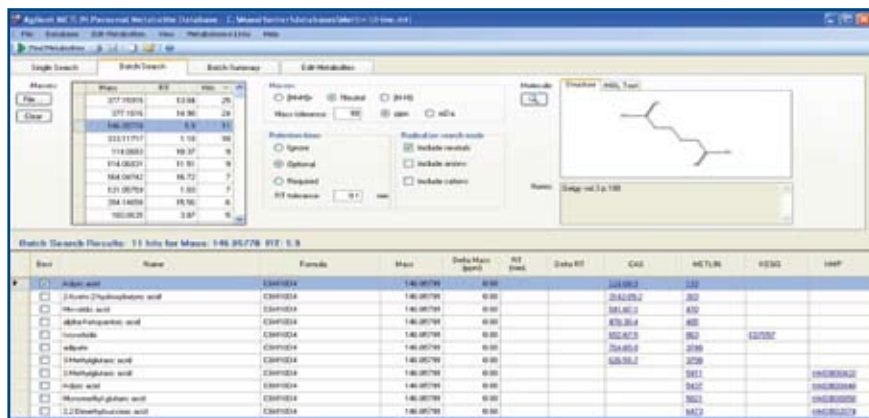
- プリカーシオンから
- 同位体 M+1、M+2 から

- 各フラグメントイオンから
- 各ニュートラルロスから

アプリケーションに一体化したデータベースおよびライブラリ検索

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。化合物は AMRT データベース検索、MS/MS ライブラリ検索* によって同定され、さらに精密質量 MS および MS/MS 情報を用いた Molecular Formula Generator を同時または連続的に実行し、化合物を同定することができます。

(アジレントは、食品、法医学、環境アプリケーション用のコンテンツデータベースと MS/MS ライブラリも開発しています。近日中に発売予定です)



アジレントの METLIN パーソナルデータベース

METLIN は、世界でもっとも充実した代謝物データベースで、脂質、ジペプチド、トリペプチドなどの 2 万 2000 種類を超える一次および二次内因性代謝物のほか、一般的な外因性代謝物も網羅しています。このパーソナルデータベースでは、検索内容の機密は完全に保持されます。独自の化合物や保持時間を追加し、データベースをカスタマイズすることもできます。

*MS/MS ライブラリは、近日中に発売予定です。

Agilent Mass Profiling ワークフロー： 統計的な差異をより速く、より確実に発見

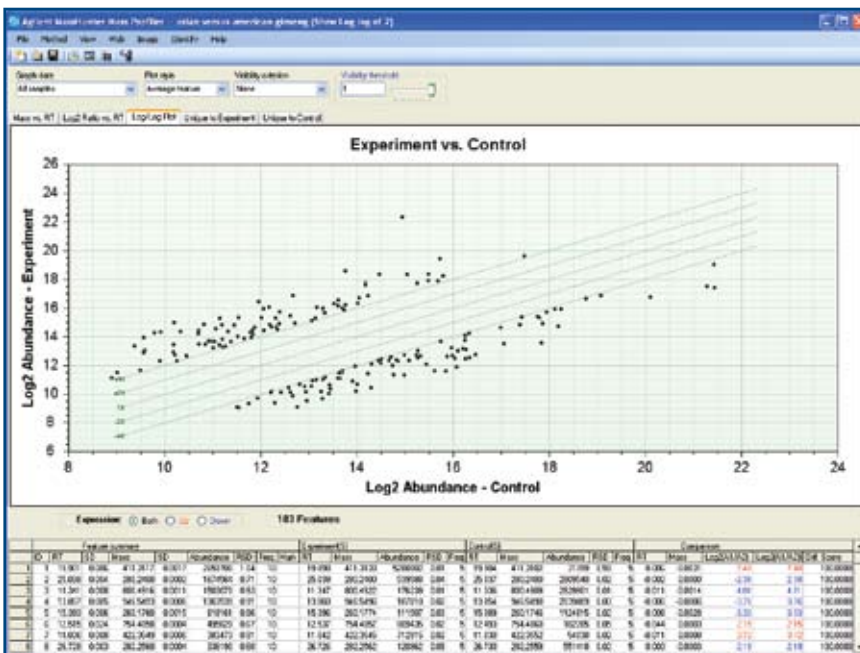
MassHunter Qualitative Analysis、Mass Profiler、GeneSpring MS ソフトウェアは、アジレントの統合型 Mass Profiling ワークフローを構成しています。Mass Profiling ワークフローは、シームレスに統合された MS ハードウェアおよびソフトウェアのソリューションで、各サンプル間の差異を見つける必要がある研究に有効です。

もともとはプロテオミクス研究やメタボロミクス研究のために開発された Mass Profiling ワークフローは、薬剤不純物テスト、法医学、環境、農業分析などのアプリケーションにも対応できます。独自の MFE アルゴリズムにより、サンプルがきわめて複雑な混合物の場合でも、そのなかに含まれるすべての分析対象成分を確実に見つけ出すことができます。

総合的な結果と最高の生産性を実現できるように全手順を最適化

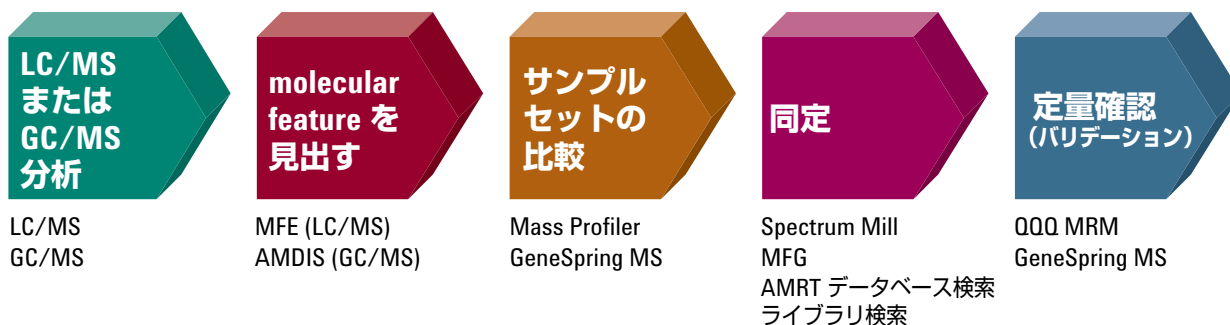
困難な発見プロファイルアプリケーションやバイオマーカー探索アプリケーションの場合、まず MassHunter Qualitative Analysis ソフトウェアにより、精密質量 MS 分析結果で得られた複雑でノイズの多いデータを Molecular Feature Extractor により整理します。Mass Profiler および GeneSpring MS ソフトウェアの搭載するさまざまな統計手法と視覚化ツールを使えば、健康なサンプル群と疾病サンプル群などのサンプルグループ間に見られる有意な差異の特定や、発現状況が異なる特徴のアバundance比の計算が可能です。Mass Profiler でも GeneSpring MS でも、比較条件を柔軟に選択し、任意の特徴を自由に調べることができます。

その後、発現が異なる化合物のリストをエクスポートし、METLIN などの AMRT データベース LC/MS/MS ライブラリ*、Agilent Fiehn GC/EL-MS ライブラリなどで検索することができます。同定結果についても、パスウェイ解析ソフトウェアパッケージにエクスポートできます。



Mass Profiler ソフトウェアは、使いやすい統計ツールや視覚化ツールを搭載しています。これらのツールを使えば、サンプルグループ間の統計的に有意な差異を特定することが可能です。

*MS/MS ライブラリは、近日中に発売予定です。

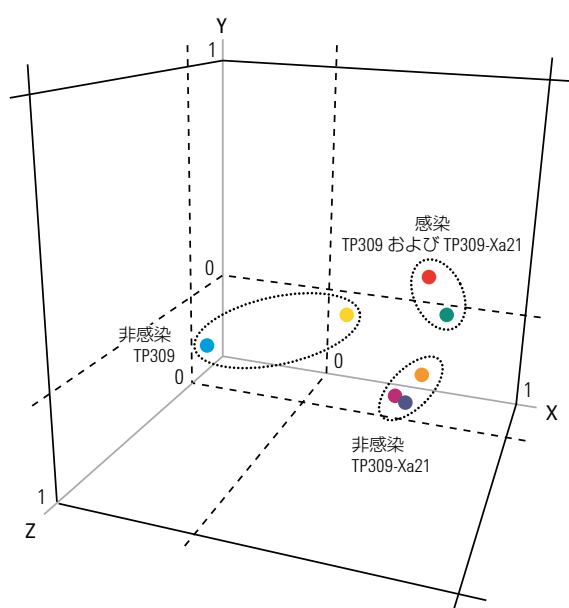


アジレントのパワフルな Mass Profiling ワークフローは、アジレント製 MS ハードウェアおよびソフトウェアツールをサポートする以下のさまざまな手順で構成されています。

1. LC/MS または GC/MS データ採取。
2. Molecular Feature Extractor または AMDIS による化合物情報の自動抽出により、各化合物の質量、RT、強度を含む化合物リストを生成。追加の内部標準またはすべての含有化合物をもとに、各サンプル間で RT および強度の化合物情報が補正されます。
3. 化合物リストの統計解析により、サンプル群間の有意な差異を検出。2つのサンプル群間の単純な差異解析には MassHunter Mass Profiler、それ以上のサンプル群間の高度な統計解析には GeneSpring MS を使用します。
4. アバンダンスに有意な差異が見られる化合物を特定。
5. 必要に応じて、ハイスループットのターゲット MRM 定量 (トリプル四重極) または SIM (GC/MS) や、GeneSpring MS の統計解析によりバイオマーカー候補を確認。

生物学的な関連性を解明する Agilent GeneSpring MS ソフトウェア*

GeneSpring MS は、複数のアプリケーションのデータおよび解析結果や、他の統計解析パッケージのデータを統合できるように設計されています。このソフトウェアを使えば、大量のサンプル群や複雑な実験デザインのなかから、GC/MS、LC/MS、CE/MS などのデータ (MS/MS も含む) を簡単にインポートし、標準化や比較を実行し、表示することが可能です。



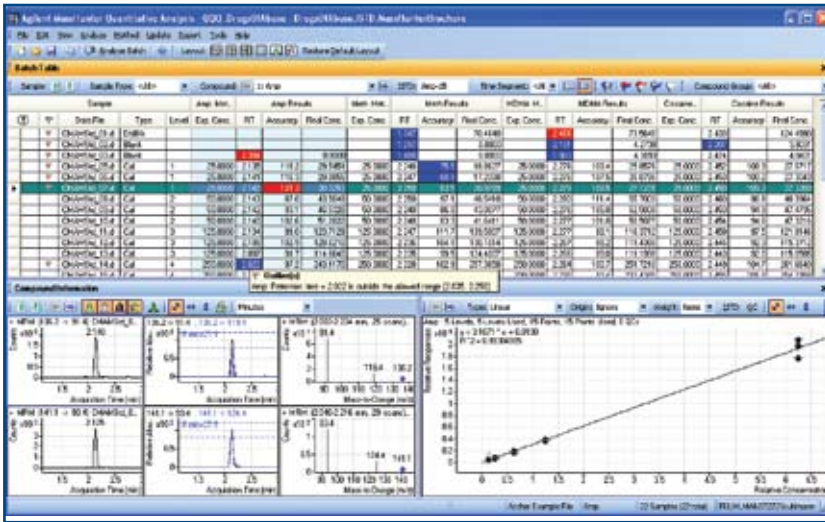
GeneSpring MS は、質量分析データの標準化や比較を可能にする使いやすい統合型プラットフォームです。メタボロミクス研究やプロテオミクス研究で扱う複雑な生物学上の疑問の答えを見つけるのに役立ちます。

*GeneSpring MS は、2009 年夏に Mass Profiler Professional として新たに発売予定。

MassHunter Quantitative Analysis ソフトウェア

迅速でパワフルな定量解析

覚えやすく使いやすい MassHunter Quantitative Analysis ソフトウェアは、大規模な複数化合物バッチの分析で高い生産性を実現します。内蔵のピークバリデーション機能を備えたパラメータ不要のインテグレータにより、目的のピークのみ集中することができます。また、ユーザーログイン、セッションロック、ユーザー役割の設定、電子署名、包括的な監査証跡など、21 CFR Part 11 を遵守するためのツールも提供します。

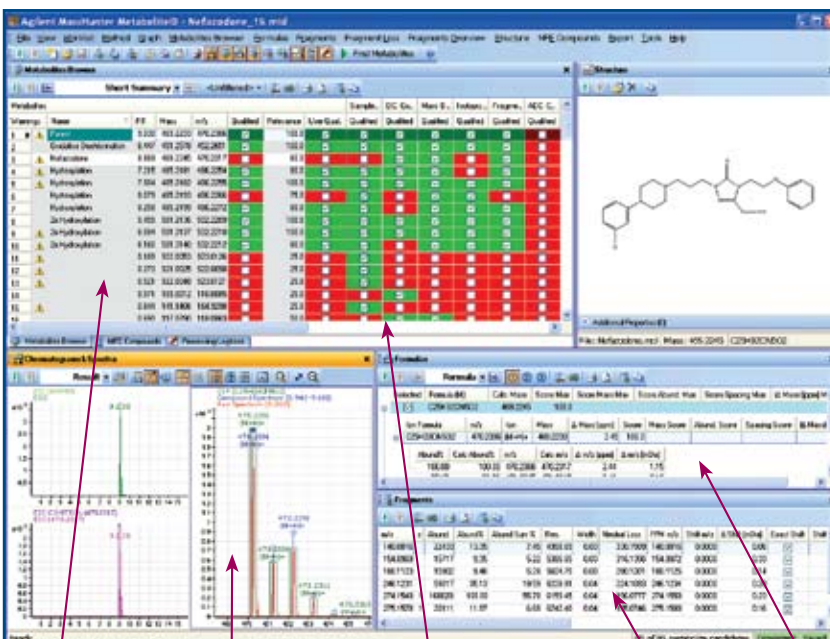


MassHunter Quantitative Analysis ソフトウェアを使えば、これまでよりも短い時間でデータを解析することができます。全データ一覧レビュー、カーブフィットアシスタント、解析結果のダイナミックリンク、異常値の色分け、カスタマイズ可能な表示画面など、役立つ機能を搭載しています。これらすべてを、化合物またはサンプル中心による柔軟なナビゲーションで利用することができます。

MassHunter Metabolite ID ソフトウェア

包括的で確実な代謝物同定

業界でもっとも幅広いアルゴリズムを備える MassHunter Metabolite ID ソフトウェアを使えば、精密質量、同位体パターン、MS/MS スペクトル、UV ピーク、放射能検出ピーク、質量欠損などの検証項目により、予想される代謝物を検出して確認することができます。また、精密質量や、MS または MS/MS データをもとに算出した分子式を用いて、未知の代謝物を同定することも可能です。



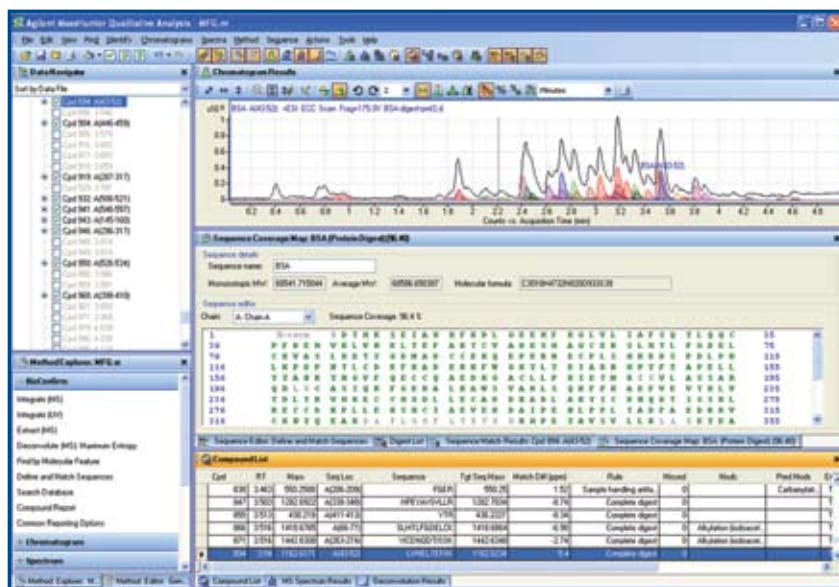
MassHunter Metabolite ID ソフトウェアは、選択肢やコントロール能力を損なわずに、代謝物同定を単純化します。汎用的でパワフルなアプリケーションパッケージにより、データ解析、検証、レポート作成に要する時間を、数日から数時間にまで短縮します。

化合物中心のデータナビゲーション
 統合型の Novatia AutoShift アルゴリズム
 概要を示す設定可能な結果テーブル
 フラグメントテーブル
 分子式生成 (MFG)

MassHunter BioConfirm ソフトウェア

合成ペプチドやインタクトタンパク質の積極的確認

MassHunter BioConfirm ソフトウェアを使えば、合成ペプチドの同定結果を確認し、抗体などのインタクトタンパク質の変異体を同定することができます。このソフトウェアでは、高度なアルゴリズムツールを用いて、自動的かつ双方向的な組み換えタンパク質や合成ペプチドの確認および特徴分析を可能にしています。これにより、各ペプチドやタンパク質変異体の質量やアバンドンスを精密に測定することができます。



BioConfirm ソフトウェアの Interactive Sequence Editor/Matcher を使えば、組み換えタンパク質の分析により異常なタンパク質の生成が明らかになった場合に、変異部位を特定することができます。独自のタンパク質分子構造抽出機能を使えば、関連イオンのデコンボリューションによる複雑な混合物の分析が可能です。

MassHunter Workstation 用 Spectrum Mill

迅速なタンパク質同定および定量

MassHunter Workstation 用 Spectrum Mill を使えば、高速データベース検索によりタンパク質やペプチドを迅速に同定し、自動および手動の一致確認を行うことができます。また、データベースでは見つからないペプチドの de novo シーケンシングも可能です。任意のタンパク質で観察された全ペプチドの相対アバンドンスの比較や、高度な視覚化ツールによる同位体標識または標識なしの手法により、分析対象タンパク質を定量することができます。Peptide Selector ツールを使えば、定量プロテオミクスにおいて最適なペプチドと MS/MS 生成イオンを予測できます。

| HeLa OGE 2GHz.8x15 | HeLa OGE 2GHz.8x16 | HeLa OGE 2GHz.8x17 | HeLa OGE 2GHz.8x18 | HeLa OGE 2GHz.8x19 | HeLa OGE 2GHz.8x20 | HeLa OGE 2GHz.8x21 | HeLa OGE 2GHz.8x22 | HeLa OGE 2GHz.8x23 | HeLa OGE 2GHz.8x24 | MS/MS Coverage | Distinct Peptides (P) | Distinct Summed Search Score | Group # | Protein Name |
|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|----------------|-----------------------|------------------------------|------------|--|
| 0.67e+005 | 7.33e+007 | 7.43e+007 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 3.33e+006 | 1.33e+007 | 2.33e+007 | 1.45e+007 | 88 | 57 | 1003.75 | 1.1 | 1.1 (Q033) | Gene_Symbol=ENO1 isoform alpha |
| 3.70e+005 | 1.57e+005 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 3.35e+005 | 1.47e+006 | 1.10e+006 | 26 | 40 | 983.99 | 2.1 | 2.1 | Gene_Symbol=FLNA Filamin-A |
| 7.95e+004 | 0.54e+006 | 1.11e+006 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 5.05e+004 | 7.24e+004 | 1.70e+006 | 1.35e+006 | 21 | 68 | 802.67 | 2.1 | 2.1 | Gene_Symbol=FLNB isoform 1 of Filamin-B |
| 0.70e+007 | 1.66e+007 | 3.20e+006 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 1.10e+006 | 6.10e+006 | 5.07e+006 | 9.34e+006 | 84 | 44 | 783.02 | 4.1 | 4.1 | Gene_Symbol=PGK1 Phosphoglycerate kinase |
| 1.27e+007 | 1.33e+007 | 3.21e+006 | 2.04e+006 | 5.20e+006 | 1.05e+007 | 6.81e+006 | 2.04e+006 | 3.70e+006 | 62 | 46 | 754.27 | 5.1 | 5.1 (Q297) | Gene_Symbol=HSPA1B HSPA1A.1 |
| 0.00e+000 | 3.66e+006 | 2.43e+006 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 3.39e+004 | 3.80e+005 | 5.03e+005 | 22 | 45 | 666.73 | 6.1 | 6.1 | Gene_Symbol=HSPA1A.1 HSPA1A.1 |
| 4.11e+006 | 0.35e+006 | 4.23e+005 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 2.52e+005 | 1.25e+006 | 1.16e+007 | 74 | 37 | 653.63 | 7.1 | 7.1 (Q022) | Gene_Symbol=ACTG1 Actin, cytoplasmic |
| 7.93e+006 | 2.52e+006 | 1.51e+006 | 3.30e+006 | 6.10e+006 | 3.30e+006 | 1.09e+006 | 6.42e+006 | 7.12e+006 | 66 | 36 | 601.31 | 8.1 | 8.1 | Gene_Symbol=ALDOA Aldolase A protein |
| 0.85e+006 | 2.05e+006 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 2.04e+000 | 0.13e+000 | 1.70e+007 | 1.37e+006 | 24 | 28 | 683.17 | 9.1 | 9.1 | Gene_Symbol=TPST1 Triosephosphate isomerase |
| 0.00e+000 | 0.00e+000 | 3.27e+006 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 1.70e+005 | 7.62e+006 | 1.45e+006 | 45 | 29 | 601.70 | 10.1 | 10.1 | Gene_Symbol=HSPD1 61 kDa protein |
| 1.57e+005 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 5.40e+004 | 1.11e+007 | 1.33e+007 | 2.53e+006 | 3.10e+006 | 62 | 27 | 500.29 | 11.1 | 11.1 | Gene_Symbol=PHGDH D-3-phosphoglycerate dehydrogenase |
| 7.30e+005 | 0.26e+006 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 1.32e+007 | 1.16e+007 | 2.14e+007 | 61 | 30 | 477.40 | 12.1 | 12.1 | Gene_Symbol=LCPHA1 isoform 1 of Lactadherin |
| 0.00e+000 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 0.00e+000 | 2.03e+000 | 1.00e+000 | 0.42e+000 | 1.13e+000 | 1.70e+000 | 23 | 32 | 472.75 | 13.1 | 13.1 | Gene_Symbol=UBE1 Ubiquitin-activating enzyme |

MassHunter Workstation 用 Spectrum Mill は、同定されたタンパク質だけでなく、複数のサンプルに含まれる任意のタンパク質の相対アバンドンスも正確に測定します。色分けにより、一目でわかるように相対アバンドンスが表示されます。

すべての MS 分析をより速く、 より簡単に、より生産的に

機器チューニングから最終レポート作成までに対応する Agilent MassHunter Workstation ソフトウェアの高度なコントロールおよびデータ解析機能は、アジレントの質量分析システムのパワーと性能をより一層向上させます。

詳細情報

ホームページ:

www.agilent.com/chem/jp

カスタマコンタクトセンタ:

0120-477-111

Excel® は Microsoft の登録商標です。

本製品は、業事法に基づく医療機器の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。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、本文書を複製、翻案、翻訳することは禁じられています。

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. 2008
Printed in Japan September 29, 2008
5989-9211JAJP



Agilent Technologies