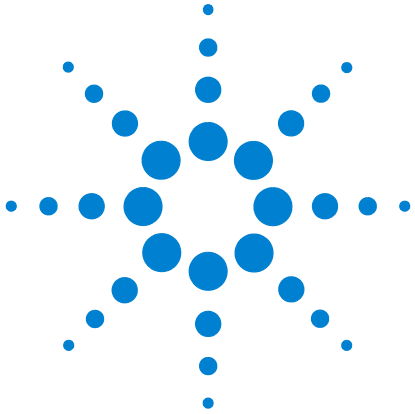


GC/MS 変換ツール

クイックスタート

Agilent Technologies

注意

© Agilent Technologies, Inc. 2014

このマニュアルの内容は米国著作権法および国際著作権法によって保護されており、Agilent Technologies, Inc. の書面による事前の許可なく、このマニュアルの一部または全部をいかなる形態（電子データやデータの抽出または他国語への翻訳など）あるいはいかなる方法によっても複製することが禁止されています。

マニュアル番

号G3335-96089

エディション

第２版、2014年2月
初版、2010年8月

Printed in USA

Agilent Technologies, Inc.
5301 Stevens Creek Boulevard
Santa Clara, CA 95051

保証

このマニュアルの内容は「現状のまま」提供されることを前提としており、将来の改訂版で予告なく変更されることがあります。また、Agilent は適用される法律によって最大限許される範囲において、このマニュアルおよびそれに含まれる情報に関し、商品の適格性や特定用途に対する適合性への暗黙の保障を含み、また、それに限定されないすべての保証を明示的か暗黙的かを問わず、一切いたしません。Agilent は、このマニュアルまたはこのマニュアルに記載されている情報の提供、使用または実行に関連して生じた過誤、付随的損害あるいは間接的損害に対する責任を一切負いません。Agilent とお客様の間に書面による別の契約があり、このマニュアルの内容に対する保証条項がここに記載されている条件と矛盾する場合は、別に合意された契約の保証条項が適用されます。

技術ライセンス

本書で扱っているハードウェアおよびソフトウェアは、ライセンスに基づき提供されており、それらのライセンス条項に従う場合のみ使用または複製することができます。

権利制限の説明文

ソフトウェアが米国政府を主要または副次的な契約者とする場合、このソフトウェアは、DFAR 252.227-7014（1995 年 6 月）で規定される「商用コンピュータソフトウェア（Commercial computer software）」、FAR 2.101(a) で規定される「商用項目（commercial item）」、FAR 52.227-19（1987 年 6 月）で規定される「制限されたコンピュータソフトウェア（Restricted computer software）」、あるいは同等の代理人規則または契約条項に従って配布およびライセンス供与されます。ソフトウェアの使用、複製、または公開は、Agilent Technologies の標準商用ライセンス条項に従うものとし、米国政府の国防総省以外の部局は、FAR 52.227-19(c)(1-2)（1987 年 6 月）で規定される制限を超える権利を得ないものとします。米国政府のユーザーは、すべてのテクニカルデータに適用される FAR 52.227-14（1987 年 6 月）または DFAR 252.227-7015(b)(2)（1995 年 11 月）で規定される制限を超える権利を得ないものとします。

安全にご使用いただくために

注意は、取り扱い上、危険があることを示します。正しく実行しなかったり、指示を遵守しないと、製品の破損や重要なデータの損失にいたるおそれのある操作手順や行為に対する注意を促すマークです。指示された条件を十分に理解し、条件が満たされるまで、**注意**を無視して先に進んではなりません。

警告は、取り扱い上、危険があることを示します。正しく実行しなかったり、指示を遵守しないと、人身への傷害または死亡にいたるおそれのある操作手順や行為に対する注意を促すマークです。指示された条件を十分に理解し、条件が満たされるまで、警告を無視して先に進んではなりません。

本書について

このガイドでは、MS Workstation によるサンプルデータの取り込み、MassHunter 形式への変換、MassHunter 定量分析の実行について説明します。また、ChemStation データ解析メソッドを MassHunter フォーマットに変換する手順も説明します。

GC/MS ChemStation と MassHunter 定量分析の異なる点は、データ解析方法です。

- GC/MS ChemStation では、各サンプルデータファイルを個別に解析します。
- 逆に MassHunter では、関連データファイルはバッチフォルダという単一フォルダに保存され、さらにバッチ内の各ファイルは単一データ解析メソッドを使用して一度に解析されます。

  これにより、解析されるファイルのクロマトグラムをきわめて柔軟に並べて比較することができます。

  本ガイドでは、以下の方法を学びます。
- GC/MS ChemStation データ解析メソッドを MassHunter データ解析メソッドに変換する方法。
- サンプルデータファイルを MassHunter フォーマットに自動変換する ChemStation メソッドのポストランマクロを定義する方法。
- MassHunter への変換を考慮して、GC/MS ChemStation にサンプルログテーブルとメソッドを作成する方法。
- 変換した GC/MS ChemStation サンプルデータファイルとメソッドを用いて MassHunter 用のバッチを作成する方法。
- MassHunter でデータを解析する方法。

目次

1 GC/MS ChemStation 定量メソッドを MassHunter メソッドに変換

メソッドの変換 8

変換した MS Workstation メソッドを MassHunter で検証 11

2 データファイルの変換

手動 16

手順 16

自動 19

ChemStation メソッドのポストランマクロの識別 19

サンプルログテーブルの準備 20

生成されたデータファイルのレビュー 21

3 GC/MS ChemStation 作成ファイルを使用した MassHunter におけるバッチの作成

バッチの作成 24

4 GC/MS ChemStation ファイル変換ツール ソフトウェアのインストール

インストール 30

1 GC/MS ChemStation 定量メソッドを MassHunter メソッドに変換

GC/MS ChemStation で作成したメソッドは、MSD ChemStation ファイル変換ツールソフトウェアを使用して、MassHunter 定量データ解析で使用できるよう自動的に変換できます。

GC/MS ChemStation で正常に実行した定量メソッドであれば、通常 MassHunter 定量分析でエラーなくインポート、バリデーションが行えます。バリデーションの問題が見つかると、MassHunter 定量分析ソフトウェアで自動的にエラーが識別されるので、訂正することができます。

以下の場合は、MassHunter でメソッドのバリデーションを行う際に変換が必要です。

- クオリファイア比がゼロに設定されている
- すべての化合物に関するキャリブレーションレベルのラベルが同一でない場合

  たとえば、メソッド内に 4 つの化合物が存在し、以下である場合に発生します。
  - 化合物 A、B、C のキャリブレーションレベルはそれぞれ **100**、**150**、**200**
  - だが、化合物 D のキャリブレーションレベルが **100**、**150**、**175**
- メソッドテーブルの化合物にキャリブレーションレベルが足りない場合

  たとえば、メソッド内に 4 つの化合物が存在し、以下である場合に発生します。
  - 化合物 A、B、C のキャリブレーションレベルはそれぞれ **100**、**150**、**200**
  - だが、化合物 D のキャリブレーションレベルが **100**、**150** しかない

上記のようにメソッドに変更が必要な場合は、必要に応じてメソッドを変換する前に MassHunter 定量分析ソフトウェアまたは GC/MS ChemStation で変更を行います。

一度バリデーションを実行すれば、MassHunter 定量メソッドはそれ以上の変更を行わずに実行することができます。新たにインポートしたメソッドは、MassHunter で作成したメソッドと同様、さらにカスタマイズして MassHunter 定量分析で使用可能な拡張機能を利用することができます。

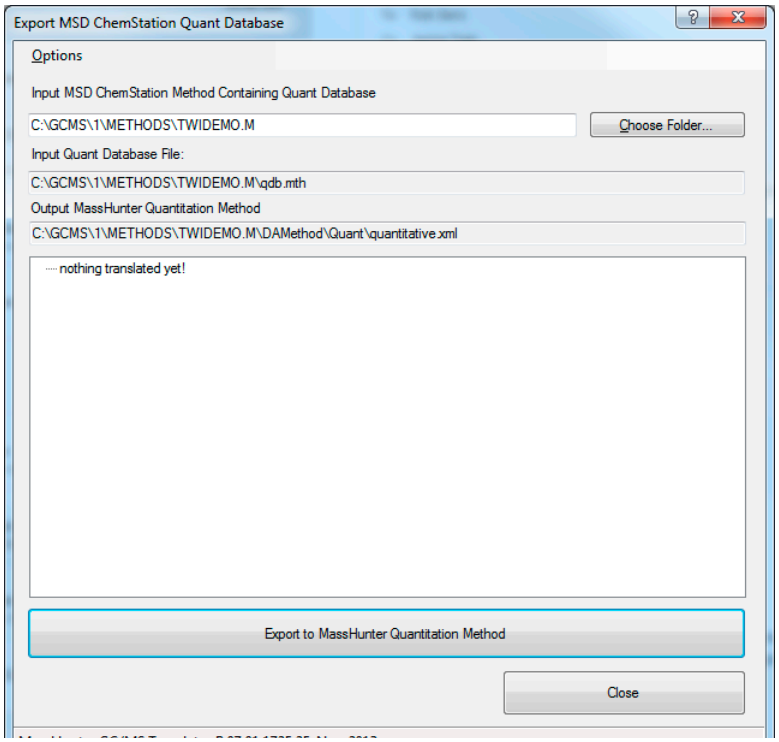
メソッドの変換

この手順では、MSD ChemStation ファイル変換ツール ソフトウェアをインストールした PC から、GC/MS ChemStation 定量メソッドにアクセス可能であることが必要です。

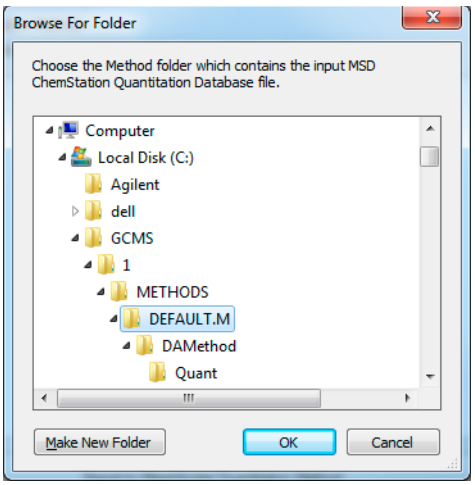
1 **GCMS 変換ツール**デスクトップアイコンを開いて、**[MSD ChemStation 定量データベースの変換]** をクリックします。または Windows の **[スタート]** メニューからを開始します。



2 [MSD ChemStation 定量データベースのエクスポート]ダイアログが開きます。



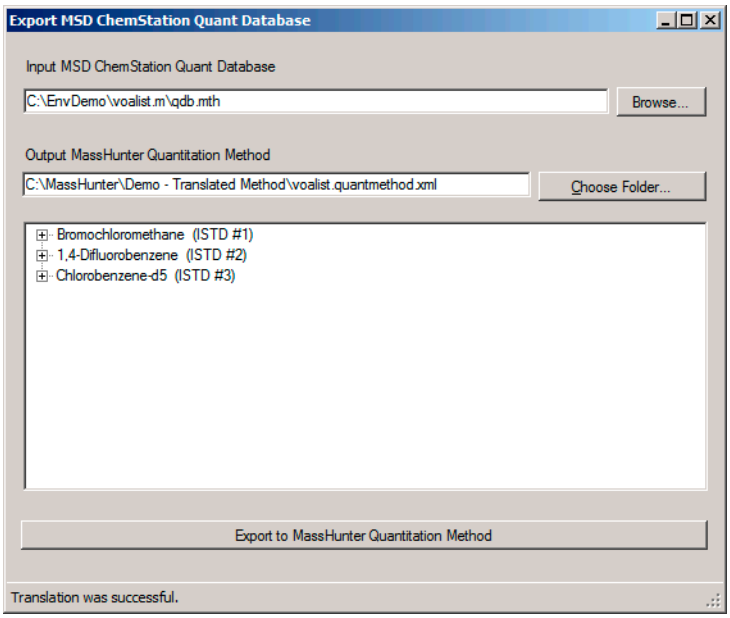
3 **[フォルダ選択]** ボタンをクリックします。**[フォルダ参照]** ダイアログが表示されます。変換するメソッドが格納されたフォルダに移動します。



4 入力される定量データベースファイル（qdb.mth）と出力される MassHunter 定量メソッドファイルが、統合メソッド処理によって自動的に選択されます。

5 ウィンドウ下部の［**MassHunter 定量メソッドへのエクスポート**］ボタンをクリックします。変換処理が開始します。

完了すると、ウィンドウ下部にメッセージが表示されます。MassHunter 定量メソッドが指定された場所に保存されます。定量メソッドから ISTD リストとして変換された結果も、ウィンドウに表示されます。各 ISTD 下のリストを展開すると、このリファレンス標準でグループ化した化合物が表示されます。



6 **GCMS 変換ツール**ソフトウェアを閉じます。

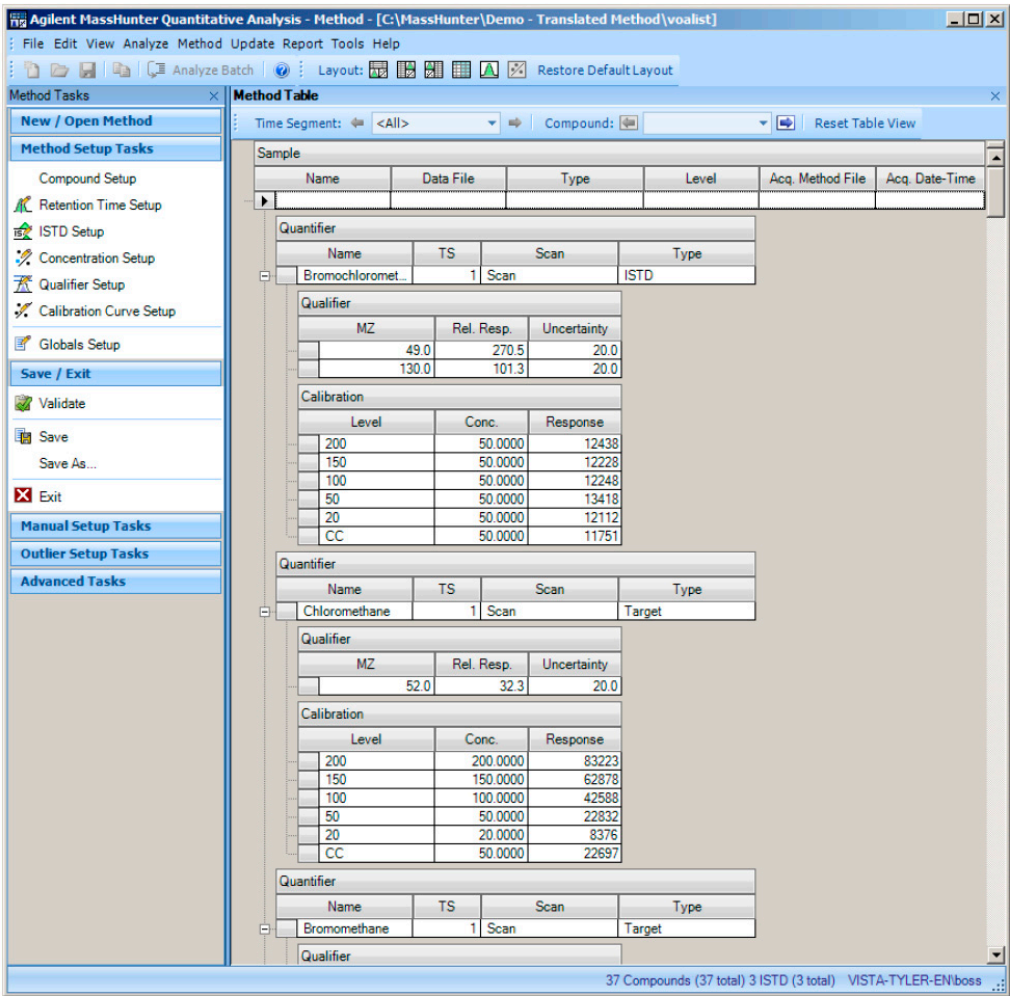
次のステップでは、MassHunter 定量分析を使用して、この変換されたメソッドのバリデーションを実行します。

変換した MS Workstation メソッドを MassHunter で検証

1 いずれかの MassHunter 定量分析プログラムを開きます。
- **MassHunter 定量分析（MS）** – シングル MS 分析用
- **MassHunter 定量分析（QQQ）** – MS/MS 分析用

2 **［メソッド］** > **［開く］** > **［既存ファイルからメソッドを開く］**を選択します。**［メソッドを開く］**ダイアログが表示されます。

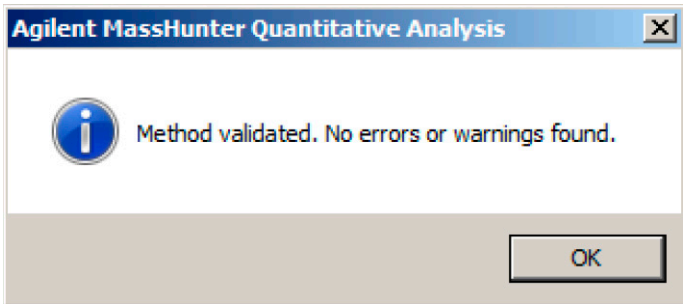
3 MassHunter で検証する変換済みメソッドを選択し、**［開く］**をクリックします。MassHunter メソッドエディタ（ME）に**メソッドテーブル**が表示されます。



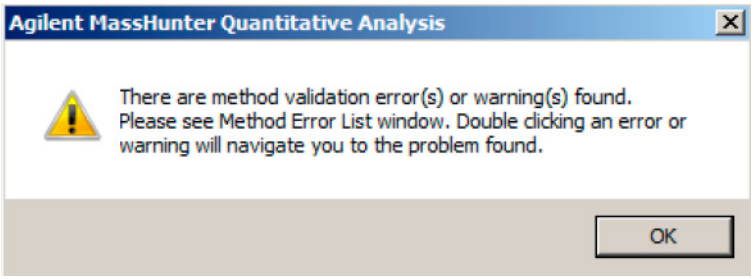
4 **メソッドテーブル**をスクロールして、MassHunter 定量分析メソッドの内容を確認します。

5 **［メソッドタスク］**エリアの**［保存/終了］**下で**［バリデーション］**を選択します。プロンプトが開き、検証結果が表示されます。

これで、このメソッドを使用して MassHunter でサンプルを分析することができます。



メソッドで**エラーが見つかった場合は**、訂正する必要があり、エラーがなくなるまでメソッドを再度バリデーションします。



バリデーションエラーのもっとも一般的な原因は、以下の通りです。

- クオリファイア比がゼロに設定されている
- すべての化合物に関するキャリブレーションレベルのラベルが同一でない場合
  たとえば、メソッド内に 4 つの化合物が存在し、以下である場合に発生します。
  - 化合物 A、B、C のキャリブレーションレベルはそれぞれ **100、150、200**
  - だが、化合物 D のキャリブレーションレベルが **100、150、175**
- メソッドテーブルの化合物にキャリブレーションレベルが足りない場合。
  たとえば、メソッド内に 4 つの化合物が存在し、以下である場合に発生します。
  - 化合物 A、B、C のキャリブレーションレベルはそれぞれ **100、150、200**
  - だが、化合物 D のキャリブレーションレベルが **100、150** しかない

6 まずメソッドエディタの右下の**メソッドリストテーブル**のエラーラインをダブルクリックして、各エラーを訂正します。この操作により、問題の存在するメソッドエディタの領域が強調表示されます。必要に応じてエラーを修正し、さらに**［バリデーション］**を再度選択します。

7 修正したエラーの項目が**メソッドエラーリスト**から削除されます。**メソッドエラーリスト**の次のメッセージをダブルクリックし、メソッドエディタのエラーを修正してバリデーションを実行します。**メソッドエラーリスト**が空になるまでこの処理を続けます。

8 エラーがなくなったら、**［メソッドタスク］**領域の**［保存/終了］**にある**［名前を付けて保存］**をクリックします。**［名前を付けてメソッド保存］**ダイアログが表示されます。

9 MassHunter のバリデーション済みメソッドの保存に使用するフォルダに移動します。メソッド名を**［ファイル名］**フィールドに入力し、**［保存］**をクリックします。ファイル拡張子 *.quantmethod.xml が追加されます。

10 **［メソッドタスク］**領域の**［保存/終了］**にある**［終了］**をクリックし、MassHunter 定量分析を終了します。

検証が済んだメソッドは、MassHunter 定量分析で使用できます。

1 GC/MS ChemStation 定量メソッドを MassHunter メソッドに変換

2 データファイルの変換

以下に、GC/MS ChemStation データを MassHunter 定量分析で使用できるフォーマットに変換する方法（自動およびマニュアル）を説明します。

この処理中に、元の ChemStation の測定データが変更されることはありません。GC/MS ChemStation のデータ解析で、必要に応じてこのデータを使用することができます。

手動

以下に、GC/MS ChemStation サンプルデータファイルを MassHunter 定量データ分析プログラムで使用できるフォーマットにマニュアルで変換する方法を説明します。

注記

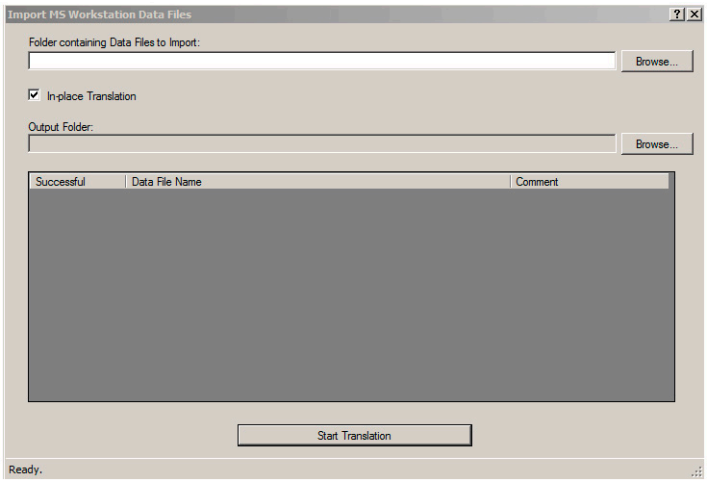
GC/MS ChemStation ファイル変換ツールソフトウェアを、データ測定を行う GC/MS ChemStation と同じ PC にインストールする場合は、この処理を自動化することができます（次のセクションを参照してください）。

GC/MS 変換ツールソフトウェアは、オリジナルのデータファイルのコピーを作成し、MassHunter 定量データ解析の形式に従って再編成します。この処理でオリジナルの MS Workstation 生データファイルが変更されることはないので、必要に応じて、MS Workstation でのデータ解析に引き続き使用できます。

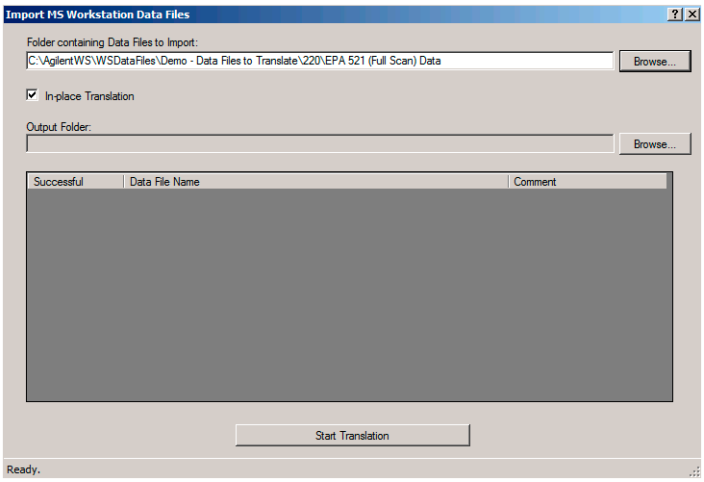
手順

1 第 4 章の手順に従って、GC/MS 変換ツールソフトウェアをインストールします。

2 **GCMS 変換ツール**デスクトップショートカットを開いて、**［MSD ChemStation データファイルの変換］**を選択します。**［MSD ChemStation データファイルのインポート］**画面が表示されます。



3 パスを入力するか、または **［参照］**ボタンをクリックして、変換するデータファイルが含まれているフォルダに移動します。



4 次に、変換したファイルを保存する場所を指定します。

[同じフォルダで変換] を選択すると、オリジナルデータファイルの格納ディレクトリのすぐ下にサブディレクトリが作成され、ここに変換後のデータファイルが格納されます。

[出力フォルダ] を選択する場合は、**[同じフォルダで変換]** チェックボックスをオフにしてパスを入力するか、または変換したデータファイルを保存するディレクトリを選択します。

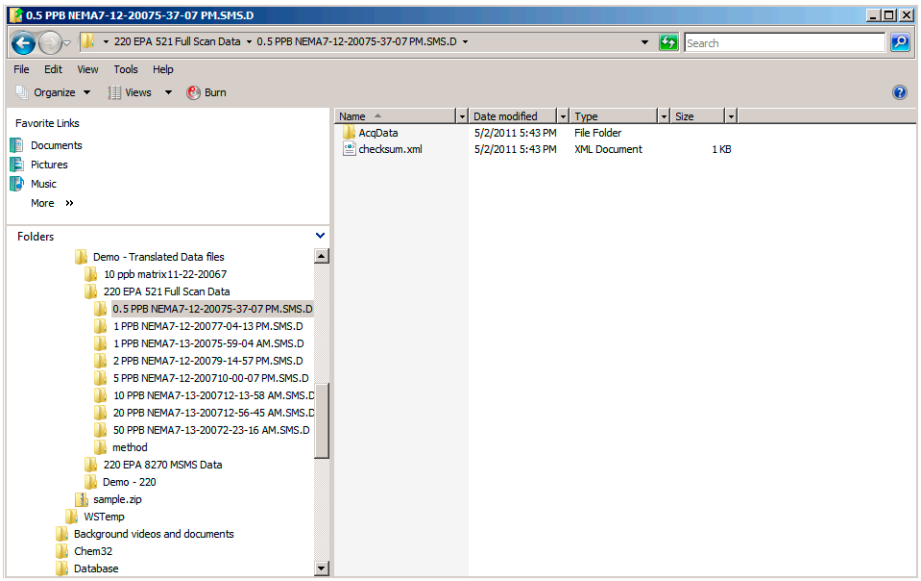
いずれの場合も、元の GC/MS ChemStation 生データファイルがこの変換によって変更されることはありません。MS Workstation で引き続き使用することができます。

5 **[変換の開始]** をクリックして続行します。

6 進行状況を確認します。変換が済んだファイルは、画面に一覧表示されます。

7 すべてのファイルが変換されたら、ディレクトリに戻って変換されたファイルを確認します。

保存されたフォルダは、以下のように表示されます。**checksum.xml** ファイルと **AcqData** フォルダが、変換処理中に追加されました。元のデータファイルは変更されていません。



ファイルは変換され、MassHunter 定量データ解析を使用して解析できるようになりました。

自動

データ測定を行う PC に GC/MS 変換ツール ソフトウェアをインストールし（第 4 章を参照）、メソッドで変換コマンドを定義すると、変換ツールは、測定したデータファイルのコピーを作成して MassHunter 形式への変換処理を自動で実行します。オリジナルの ChemStation データはそのまま残るので、必要に応じて GC/MS ChemStation で使用することができます。

ChemStation メソッドのポストランマクロの識別

1. GC/MS ChemStation を開き、データ測定に使用するメソッドを読み込みます。
2. ［メソッド編集］アイコンをクリックし、**［メソッド編集］**ダイアログボックスを表示します。
3. **［メソッド情報］**を編集するだけなので、**［機器 / 測定］**と**［データ解析］**のチェックボックスはオフにします。
4. さらに**［OK］**をクリックして続行します。**［メソッド情報］**画面が表示されるので、ここでポストランで実行する変換用マクロを指定します。
5. **［ポストランマクロ/コマンド］**チェックボックスをオンにします。
6. **［機器コントロール］**フィールドで、**MSDChem/MSexe** フォルダに移動し、**MassHunterG17701DataTranslatorUtilityMacro.mac** ファイルを選択します。

   このマクロは、変換ツールのインストール中に ChemStation の **/Msexe** フォルダにコピーされたものです（デフォルトの場所は **MsdChem/Msexe** です）。

   MSD ChemStation ファイル変換ツールソフトウェアをこのメソッドのポストランマクロとして定義するために必要なことは、これだけですが、

   ここではデータ解析オプションについても検討する必要があります。データ解析すべてを MassHunter で実行する場合、**［メソッド情報］**画面の**［データ解析］**チェックボックスをオフにすると処理時間が節約できます。そうでない場合はそのままオンにしておきます。
7. **[OK]** をクリックして続行します。**［メソッド保存］**ダイアログボックスが表示されます。
8. もう一度**［OK］**をクリックして、変更をメソッドに保存します。

   メソッドに必要な変更はこれだけです。

   このメソッドを実行するたびに、そこで測定されるサンプルデータは ChemStation と MassHunter の両フォーマットで保存されます。

サンプルログテーブルの準備

変換ユーティリティをメソッドに割り当てたら、以下の手順でサンプルログテーブルを設定してください。

1 データ測定を行うサンプルログテーブルを開きます。

2 データ解析処理を検討します。

シーケンスを作成する場合に検討すべき主要な点の一つは、MassHunter でデータを解析する方法です。

MassHunter では、GC/MS ChemStation と異なり、データ解析をバッチで実行します。つまり、単一のデータ解析メソッドを使用して処理できるすべてのファイルは、単一の**バッチ**にグループ化され、単一メソッドを使用して一緒に処理されます。これにより、解析されるファイルのクロマトグラムをきわめて柔軟に並べて比較することができます。

サンプルデータファイルを MassHunter に変換する場合、GC/MS ChemStation で集められるデータをもっとも効率よく収集する方法は、類似のサンプルをグループ化したサンプルログテーブルを作成し、結果データフォルダには、ひとつのデータ解析メソッドで解析できるファイルのみを含むようにすることです。

シーケンスから収集されたすべてのデータファイルを、ひとつのデータ解析メソッドを使用して解析できるようにすると、処理が非常に簡単になります。

3 グループ内のすべてのサンプルがひとつのデータ解析メソッドで解析できるように、サンプルを設定すると、もっとも効率的に処理ができるということを念頭において、サンプルログテーブルを作成してください。

このチュートリアルでは、GC/MS ChemStation に含まれるサンプルデータファイルを使用します。

このシーケンスは、キャリブレーションサンプル 5、日次キャリブレーションサンプル 1、メソッドブランク、通常サンプル 2、マトリックススパイク、およびマトリックススパイク複製を含みます。

このシーケンスで測定されたデータファイルを MassHunter フォーマットに変換する場合、［**タイプ**］と［**レベル**］列は含まれません。

サンプル［**タイプ**］と濃度［**レベル**］に関する情報をサンプル名に表示するとよいでしょう。これにより、サンプル［**タイプ**］と濃度［**レベル**］を MassHunter に入力した場合に識別が容易になります。

したがって、データをすべて MassHunter のみで解析する場合は、［**タイプ**］と［**レベル**］の列を空白にします。

4 **[OK]**をクリックして続行します。

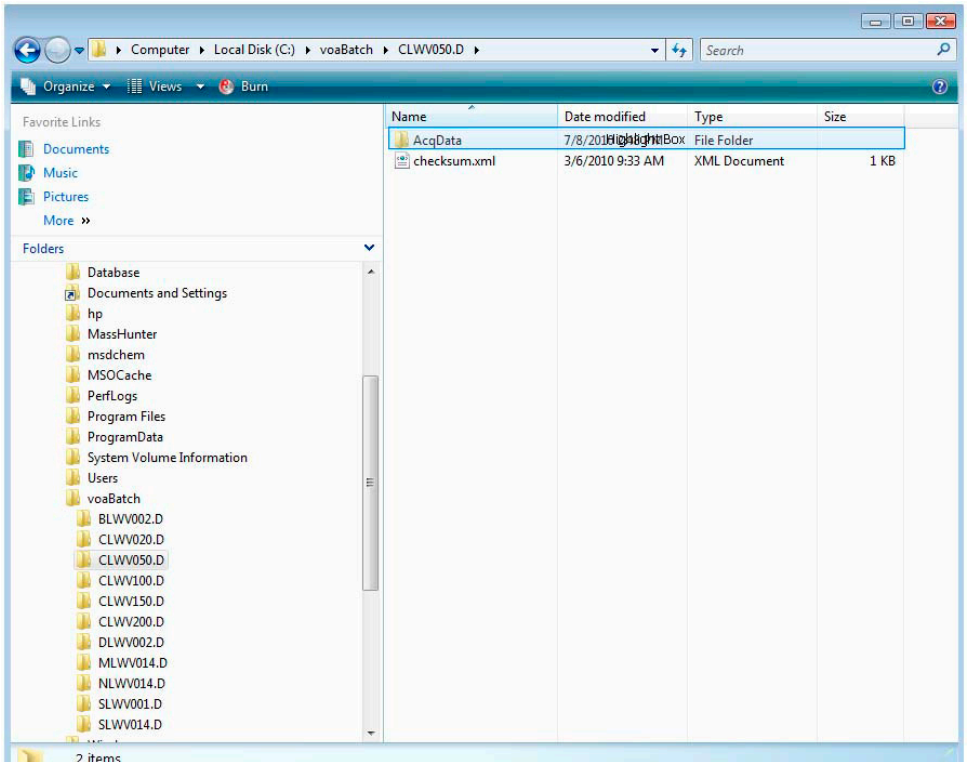
5 メソッドで定義されたポストランマクロ、および定義したシーケンスを使用する場合、［シーケンス実行］アイコンをクリックして、［**シーケンス開始**］ダイアログボックスを表示します。

6 このシーケンスの実行時に作成されるファイルの出力先フォルダを入力します（MassHunter にバッチを作成する場合は、そのフォルダがバッチフォルダになることが理想です）。

7 ［シーケンス実行］をクリックしてサンプルを処理します。

生成されたデータファイルのレビュー

データ取り込みが完了したら、GC/MS ChemStation で作成されたフォルダとデータファイルを見直します。



.D フォルダには、標準的な GC/MS ChemStation サンプルデータファイルがすべて含まれます。GC/MS ChemStation を使用してこのデータを解析する場合は、これらのファイルがいつでも使用できます。これらのデータファイルが変更されることはありません。

各データファイルフォルダ下には、**AcqData** フォルダと **checksum.xml** ファイルがあります。これらは、MSD ChemStation ファイル変換ユーティリティを使用したポストランマクロで作成されたものであり、MassHunter でデータ処理を行うために必要なものです。

2 データファイルの変換

3 GC/MS ChemStation 作成ファイルを使用した MassHunter におけるバッチの作成

以下に、GC/MS ChemStation ファイルから変換されたメソッドとデータファイルを使用して、MassHunter 定量分析のバッチを作成する方法を説明します。

バッチの作成

MassHunter のバッチの作成は、バッチ名とバッチを保存するフォルダを定義することから始まります。このフォルダは通常、**バッチフォルダ**と呼ばれます。

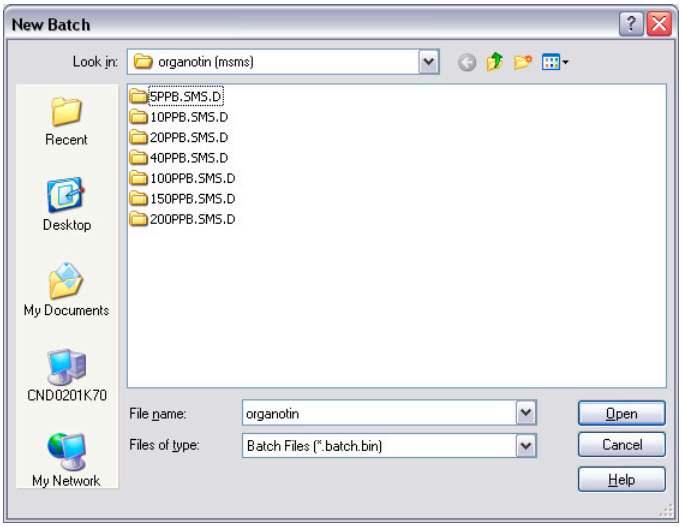
おわかりのように、バッチフォルダがバッチに入れるデータファイルを含むフォルダと同一であると非常に便利です。この例では、GC/MS ChemStation から変換されたデータファイルを含むフォルダを使用します。

1 MassHunter 定量データ分析を開きます。

2 **［ファイル］>［新規バッチ］**を選択します。

3 バッチフォルダに使用するフォルダに移動します。この場合は、GC/MS ChemStation から変換されたデータファイル（サンプルログテーブルで特定されたもの）を含むフォルダになります。

データフォルダ（.D 拡張子を持つフォルダ）がすでにこのフォルダにあることに注意します。ファイルをバッチに読み込む操作（手順 6）がとても簡単になります。

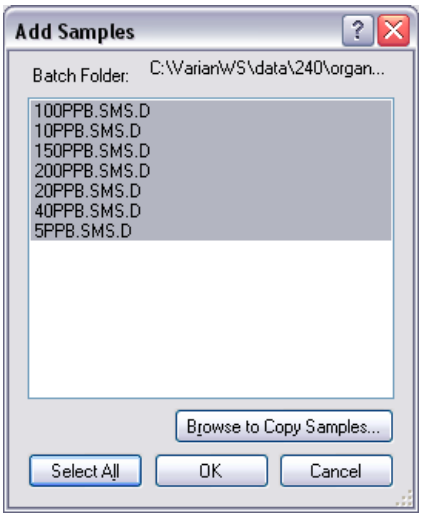


4 このバッチに**［ファイル名］**を入力し、さらに**［開く］**をクリックします。タイトルバーで指定した名前の**バッチ**テーブルが表示されます。さらに、以下も行ってください。

- **QuantResults** というフォルダをバッチディレクトリに作成します。
- 指定した名前と拡張子 .batch.bin を使用して、バッチファイルを作成します。
- batchname.batch.bin ファイルを**QuantResults** フォルダに保存します。

次に、このバッチに含めるサンプルを識別します。

5 **［ファイル］>［サンプルの追加］**をクリックします。



このフォルダにすべてのサンプルデータファイルが表示されます。この例では、MS Workstation でのデータ取り込み後に MassHunter 変換ツールのマクロによって自動変換されたサンプルを使用します。

6 **[すべて選択]** をクリックします。これにより、このフォルダ内のサンプルはすべて新規バッチに含まれます。

7 **[OK]** をクリックして続行します。これで、変換されたすべてのファイルが新しいバッチに含まれます。

8 処理を終了するには、ドロップダウンボックスを使用して、各サンプルに該当する［**タイプ**］を選択します。

- キャリブレーションサンプルに［**Cal**］を選択します
- 日次キャリブレーションに［**CC**］を選択します
- ブランクに［**ブランク**］を選択します
- **マトリックススパイク**
- **マトリックススパイク複製**

9 各キャリブレーションサンプルに適切なキャリブレーション［**レベル**］ラベルを入力します。ChemStation の処理と同様に、これらのラベルは定量データ分析メソッドに保存されているラベル名と同一である必要があります。

このバッチに50、100、150、200、20、CC を入力します。

処理の最終ステップとして、バッチに定量メソッドをアタッチします。この例では、事前に変換した GC/MS ChemStation メソッドを使用します。

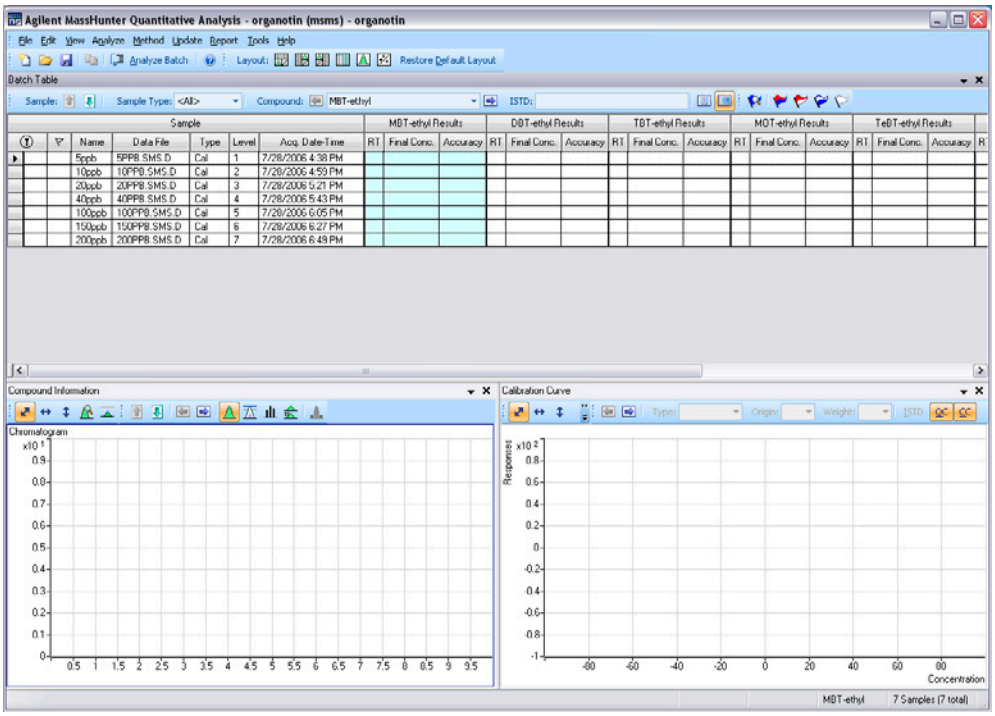
10 ［**メソッド**］>［**開く**］>［**既存ファイルから開いて適用...**］を選択します。

11 バリデーションした MassHunter 定量分析メソッドが含まれるフォルダに移動し、このバッチに適用するメソッドを選択します。

この例では、GC/MS ChemStation から変換され、MassHunter で事前にバリデーションしたメソッドをアタッチします。

12 **［開く］**をクリックして、現在のバッチに選択したメソッドを適用します。

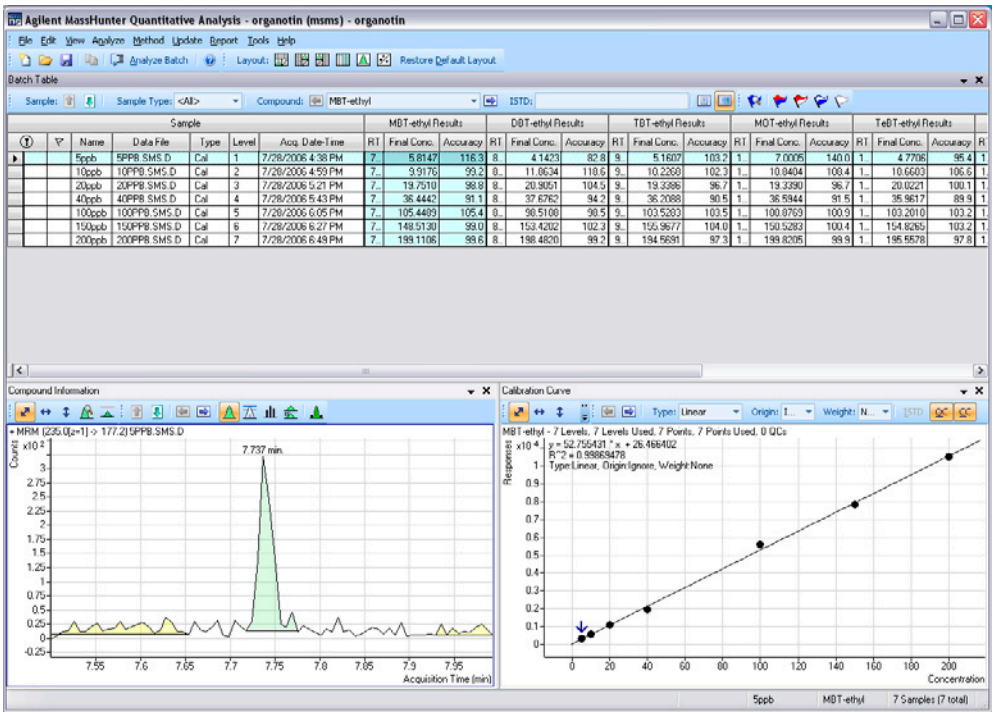
13 メインメニューで**［ファイル］＞［バッチの保存］**を選択し、このメソッドをこのバッチとともに保存します。



この時点で、バッチディレクトリには、選択したすべてのサンプルデータファイル、および**定量分析**プログラムにより作成された **QuantResults** という名前のフォルダとそのフォルダ内の batchname.batch.bin ファイルが含まれています。

14 メソッドがアタッチされたので、**［バッチの分析］**をクリックしてサンプルデータを処理し、結果を表示します。

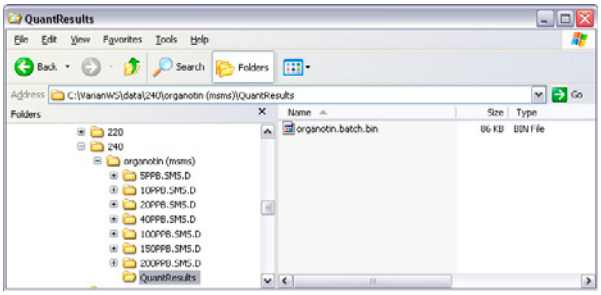
MassHunter の **［バッチテーブル］**に結果が表示されます。



メソッドの指定より高いと赤く強調表示され、メソッドの指定より低いと青く強調表示されます。

15 **［次へ］**化合物ボタンをクリックして、各化合物の結果を一つずつ表示します。

16 バッチが解析されると、MassHunter の**バッチ**フォルダ内に **QuantResults** フォルダが作成されます。



QuantResults フォルダには、バッチファイルのコピーが格納されます。

3 GC/MS ChemStation 作成ファイルを使用した MassHunter におけるバッチの作成

4 GC/MS ChemStation ファイル変換ツール ソフトウェアのインストール

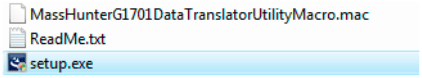
以下に、GCMS 変換ツールソフトウェアのインストール方法を説明します。このソフトウェアは、GC/MS Workstation データおよびメソッドを MassHunter 定量分析フォーマットに変換するために使用します。

GCMS 変換ツール ソフトウェアは、MS Workstation 付属の Supplemental ディスクに収録されています。

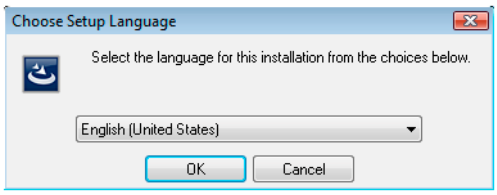
インストール

1 **Supplemental** ディスクをディスクドライブに挿入します。

2 **GCMS Translator** フォルダに移動し、**Setup.exe** をダブルクリックします。



3 使用する言語を選択し、**[OK]** をクリックして続行します。



4 インストールウィザードがインストールを完了し、完了時にプロンプトを表示します。

インストールが完了すると、GCMS 変換ツールアイコンがデスクトップに表示されます。



5 データファイルを自動変換できるようにするには、以下を実行します。

a **V2MassHunter.cmd** ファイルを GCMS インストールディレクトリ（**C\Program Files\Agilent\MassHunter\GCMS Translator** など）から MS Workstation インストールディレクトリ（**C:\GCMS** など）にコピーします。

b このユーティリティは、MS Workstation サンプルリストのポストラン自動リンクマクロで確認できます（19 ページの「ChemStation メソッドのポストランマクロの識別」を参照してください）。

www.agilent.com

© Agilent Technologies, Inc. 2014

Printed in USA
第 2 版、2014 年 2 月



Agilent Technologies