KSMS LETTER

통권2호, 발행번호2 2006.8.1
한국질량분석학회 (KOREAN SOCIETY FOR MASS SPECTROMETRY)

안녕하십니까. 한국질량분석학회(KSMS)는 질량분석학 분야의 발전을 도모하고 질량분석과 관련된 학문과 기술의 보급에 기여함을 목적으로 설립되었습니다.

한국질량분석학회는 김명수 교수님과 박종세 박사님 등 많은 선배 질량분석 학자들의 노력에 힘입어 10 여 년 전 연구회로 태동된 모습에서 시작하여 초대회장을 지내신 소헌영박사님의 헌신적인 노력으로 2004 년부터 공식학회로써의 모습을 갖추어 나가고 있습니다.

이제 막 걸음마를 하고 있는 질량분석학회의 2 대 회장으로써 저는 최근 질량분석법의 이용이 확산되고 있는 생물학 분야뿐 만 아니라 화학, 약학, 의학, 식품학, 지질학, 물리학, 환경학 등에 이르기까지 많은 다양한 분야의 회원들과 활발한 교류를 통하여 질량분석학회 회원이 배가되어 발전할 수 있도록 노력하겠습니다.

이를 통해 기하급수적으로 응용 범위가 확장되어 가고 있는 질량분석학 연구에서 다양한 관련분야 연구자의 교류를 촉진하고 빠르게 발전하는 새로운 질량분석학과 기기에 관한 정보를 제공함으로써 국내의 질량분석 연구분야의 발전에 기여하고자 합니다. 그리고 한국의 뛰어난 질량분석 연구자들의 활발한 국제교류를 위하여 국제질량분석학회에 회원국으로 가입을 적극 추진하겠습니다. 이에 ASMS 한국인 과학자 모임을 비롯하여 국내외 많은 회원들의 적극적인 협력을 촉구합니다.

매년 여름 정기학술대회 및 여름 · 겨울 workshop, short course, 타 관련학회와의 공동 symposium 등을 통한 활발한 학문적 · 인적 교류를 이루어 나갈 수 있도록 회원 여러분의 학회 활동을 적극 도와드릴 것을 약속 드리면서 한국질량분석학회가 질량분석 연구자 여러분의 유익한 정보마당이 될 수 있도록 여러분들의 많은 성원을 부탁드립니다.

2006. 1

한국질량분석학회 회장 유종신 올림

제2회 겨울 심포지움 개최

한국질량분석학회 제2회 겨울 심포지움이 지난 2월10일 한국기초과학지원연구원 서울센터에서 개최되었다. 이번 심포지움은 “Clinical and Pharmaceutical Applications of Mass Spectrometry”를 주제로 한국기초과학지원연구원(KBSI)과 서울 의약연구소 후원으로 진행되었다.

심포지엄에서는 조직위원장인 서울의약연구소 김호연박사의 인사말에 이어 전임회장이신 소헌영 박사님의 “MS/MS의 기본원리”를 시작으로 의학 및 약학분야에서 최신기술 및 다양한 응용분야 소개가 있었다. 특히 요즘 각광받고 있는 여러 가지 질량분석법을 이용한 대사체 분석의 응용으로 한국유전학 연구소의 김숙자원장의 metabolic disorder에서 tandem mass spectrometry의 의약학적인 응용과 덕성여대 약학과 윤혜란교수의 MS/MS를 이용한 생체대사물의 분석에 대한 강연이 있었다.

GC-MS 부분의 응용에 있어서는 성균관대 약학부 백만정 박사의 pattern recognition analysis와 결합한 유기 대사체의 Gas chromatographic-mass spectrometric profiling analysis에 대한 강연이 있었으며 한국마사회 유준동박사의 경주마 도핑테스트에서 질량분석기의 응용에 대한 소개는 많은 회원들의 흥미를 끄는 강연이었다.

최신기술과 응용분야 소개에 있어서는 워터스코리아가 On-Line SPE LC-MS/MS를 이용한 Neonatal Screening and the Determination of Plasma Free Metanephrines by On-Line SPE LC-MS/MS를 소개하였으며, 유로사이언스에서는 LC/MS/MS를 이용한 Pharmaceutical applications 에 대한 발표가 있었다.

한국질량분석학회 겨울심포지움은 해를 거듭할수록 다양한 주제에 대한 심층적인 접근으로 질량분석법의 활용분야를 넓힘으로서 120여명의 관련자들이 참석하여 정보교환 및 인적교류의 기회를 가졌다. 본 겨울심포지움은 4개사가 후원하였다.

목차

1. 회장 인사말
2. 제2회 겨울 심포지움 개최
3. 2006 여름학회 계획
4. 2007 겨울심포지움 계획
5. 관련학회 소식
6. 실험실 소개

회원동정

1. 정봉철 회원: KIST 생체대사연구센타장 임용

2006 여름학회 계획

- 학회장소: 피닉스파크
- 학회일정: 2006년 8월23-25(수-금)

초록접수: 2006년 7월31일, www.ksms.org

<table>
<tr><th colspan="2">시간</th><th colspan="3">2006. 8.23 (수)</th><th colspan="3">기타사항</th></tr>
<tr><td colspan="2">13:00 - 14:00</td><td colspan="3">등록(Organizer : 황연순)
피닉스볼룸I 프론트</td><td></td><td>학회</td><td rowspan="6">기기
전시</td></tr>
<tr><td rowspan="4">14:00 -
17:50</td><td>Shourt
course</td><td>Session 1
질량분석이론 및 기초
Organizer(김영환, KBSI)
에메랄드룸</td><td>Session 2
프로테오믹스
Organizer(박지용, 광주과기원)
루비룸</td><td>User meeting
토파즈룸</td><td rowspan="4">Short
course 경우
사전등록자에
한함</td><td rowspan="4">학회</td></tr>
<tr><td>14:00 -
15:50</td><td>1.1 질량분석기 구성 및 원리
강사 : 오한빈 (서강대)</td><td>2.1 LC-MS 를 이용한 단백질체분석
강사 : 김정권 (중남대)</td><td rowspan="3">(14:00 - 18:00)
(Thermo Electron)</td></tr>
<tr><td>15:50 -
16:00</td><td>Coffee Break</td><td>Coffee Break</td></tr>
<tr><td>16:00 -
17:50</td><td>1.2 질량스펙트럼 해석
강사 : 임용현 (KRISS)</td><td>2.2 프로테옴 Data Analysis
강사 : 이철주 (KIST)</td></tr>
<tr><td colspan="2">17:50 - 19:30</td><td colspan="3">저녁식사 / 지오플라자</td><td>식권
지급</td><td>학회</td></tr>
<tr><td colspan="2">19:30 - 20:30</td><td colspan="3">신진 질량분석자 Seminar
Organizer(김광표)
피닉스볼룸 I</td><td></td><td>학회</td></tr>
<tr><td colspan="2">20:30 - 21:30</td><td colspan="3">Welcome mixer
피닉스볼룸 I</td><td>다과</td><td></td></tr>
</table>

시간	2006. 8.24 (목)		기타사항			
8:00 - 8:55	식사 피닉스볼룸 I		빵, 차	학회	기기 전시	포스터
8:55 - 9:00	Opening remark 피닉스볼룸 I			학회		
9:00 - 9:50	Plenary Lecture, Organizer(유종신, KBSI) Dr. Young-Ki Paik *(Department of Biochemistry and Yonsei Proteome Research Center, Yonsei University)* **"Go/Stop Signals for Aging"**			학회		
9:50 - 10:00	Break (10 ')		커피, 차	학회		
10:00 - 10:40	Sponsor session 1 Thermo Electron 에메랄드룸	Sponsor session 2 Agilent 루비룸	-			
10:40 - 10:50	Break (10 ')		커피, 차	학회		
10:50 - 12:10	심포지엄 1 Pharmaceutical & Medical applications Organizer (한상범, 중앙대) 피닉스볼룸 I	심포지엄 2 Inorganic applications Organizer (이광식, KBSI) 루비룸		학회		
12:10 - 12:20	Break (10 ')		커피, 차	학회		
12:20 - 13:20	Sponsor session 3 Bruker Daltonics 에메랄드룸	Sponsor session 4 Dong-il SHIMADZU Corp. 루비룸	점심			
13:20 - 13:30	Break (10 ')		커피, 차	학회		
13:30 - 14:50	심포지엄 3 Large biomolecule applications Organizer (김광표, 건국대) 피닉스볼룸 I	심포지엄 4 Metabolomic applications Organizer (정봉철, KIST) 루비룸	-	학회		
14:50 - 15:00	Break (10 ')		커피, 차	학회		
15:00 - 15:40	Sponsor session 5	Sponsor session 6	-			

15:00 - 15:40	Sponsor session 5 LSK 에메랄드룸	Sponsor session 6 Waters 루비룸	-			
15:40 - 15:50	Break (10 ‘)		커피, 차	학회		
15:50 - 17:10	심포지엄 5 Gas phase ion chemistry Organizer (임용현, KRISS) 피닉스볼룸 I	심포지엄 6 Food & Environmental applications Organizer (서정주, KBSI) 루비룸		학회		
17:10 - 17:.30	Break (20 ‘)		커피, 차	학회		
17:30 - 19:30	KSMS meeting(Organizer : 김진영) 및 Conference Dinner 다이아몬드룸		식사	-		
19:30 - 20:00	음악회 피닉스볼룸 I		다과	-		
20:00 - 22:00	Poster session(Organizer : 이재익) 피닉스볼룸 I		포스터 발표	학회		
시간	2006. 8.25 (금)		기타사항			
8:00 - 9:00	아침식사 피닉스볼룸 I		빵, 차	학회	기기 전시	
9:00 - 9:50	Special Lecture, Organizer(유종신, KBSI) Dr. Young Sook Yoo *(Korea Institute of Science and Technology)* **“Analytical approaches for Systems Biology”**			학회		
9:50 - 10:10	Break (20 ‘)		커피, 차	학회		
10:10 - 12:10	워크샵 Systems biology Organizer (권경훈, KBSI) 피닉스볼룸 I		-	학회		

2007 겨울 심포지움 계획

- 주제: 무기분석 및 동위원소비 측정에 사용되는 질량 분석법의 기초 원리와 최신 동향
- 학회일정: 2007년 2월

54th ASMS Conference on Mass Spectrometry 소식

- 학회장소: Seattle, Washington
- 학회일정: May 28 – June 1, 2006, May 27 - 28: **Short Courses**
- 참석자: 6,360명
- ASMS 한국인 과학자 모임 :
  - 약 100여명의 국내외 질량분석전문가들이 모여 정보교환 및 인적교류
  - 후원: 신코, 유로사이언스, 워터스코리아, LSK(ABI)

실험실 소개

자연과 인간이 함께하는 기술로 미래를 만들어가는
고객감동을 실천하는 Premium CRO

Premium CRO SPL Seoul Pharma Laboratories 주식회사 서울의약연구소

㈜서울의약연구소(Seoul Pharma Laboratories, SPL)는 신약개발연구 및 생명공학연구, 임상진단연구 등을 지원하여 세계에 공헌하고자 신약개발지원사업부, 생명공학사업부, 연구소 등으로 구성하여 2005년 9월에 설립하였습니다.

사업 분야

금천구 가산동에 위치한 (주)서울의약연구소의 신약개발지원사업부는 국내 최고의 우수 연구진 확보로 최고의 품질과 속도를 자랑하며, 축적된 분석 기술과 HPLC, GC/MS 및 LC/MS/MS 등의 최첨단 분석기기를 활용하여 의약품개발지원 서비스를 제공하고 있습니다.

특히, 신약개발지원사업부의 연구실은 국제적인 GLP 규정에 맞게 구성되어 있으며 현재 GLP 기관 지정을 진행하고 있어 GLP 제규정에 부합한 신뢰성 있는 결과 제공 등 국내 분석기술의 수준을 한층 높이기 위한 노력을 계속 해 나가고 있습니다.

"신약개발지원사업부" 서비스 영역

- ◆ 생물학적동등성시험 서비스
- ◆ 생체시료 및 화합물 중 약물분석 서비스
- ◆ 대사체 ID 및 분석 서비스
- ◆ GLP Bioanalysis 컨설팅 서비스

"생명공학사업부" 서비스 영역

- ◆ Protein ID 서비스
- ◆ Peptide sequence 분석 서비스

"임상진단연구" 서비스 영역

- ◆ 새로운 진단법 개발 서비스

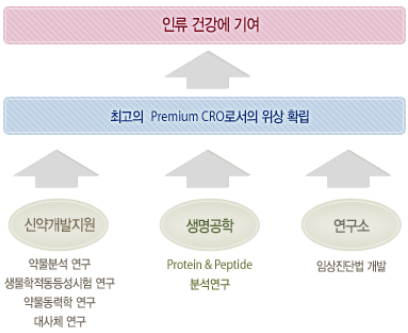
생명과학의 눈부신 발전으로 인해 임상진단분야에 이용이 가능한 새로운 Biomaker의 대량 발굴과 High-Throughput Technology를 이용한 쉽고 빠른 진단법 개발이 가능하게 되었습니다.

이에 (주)서울의약연구소의 연구소는 고가분석기기를 이용하여 새로운 진단법 개발 서비스를 제공하며, 특히 아토피 질환에 대하여 원인 규명 및 원인 단백질을 발견하여 임상진단 및 치료예방에 공헌하고자 합니다. (주)서울의약연구소는 최고의 기술력과 품질로 제약산업, 바이오산업, 임상진단산업, 화학산업계 전반에 필요한 토탈 분석 솔루션 및 연구 결과를 제공함으로써 고객의 연구 및 제품에 가치를 더하여 고객감동을 실천해 나가도록 노력하는 Premium CRO (Contract Research Organization, 위탁연구기관)라는 최종목표를 향해 멈춤 없이 나아가겠습니다

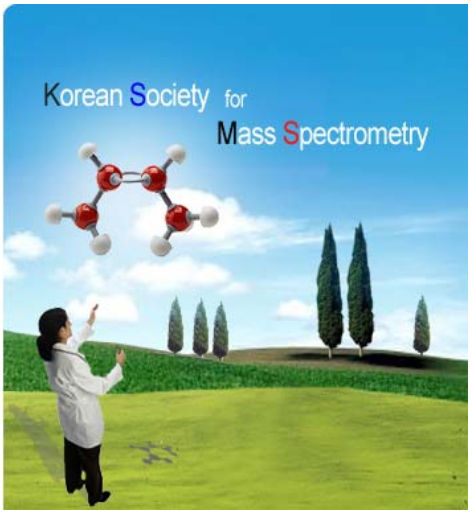
보유 기술

- √ 우수한 연구진
- √ 최고의 약물 분석기법
- √ 축적된 Know-How
- √ GLP Bioanalysis
- √ 대사체 ID 및 분석기법
- √ 정밀한 분석 시스템

사업 비전



한국질량분석학회 홈페이지 개편



www.ksms.org

한국질량분석학회 홈페이지가 개편되었다. 이번 개편된 홈페이지는 보다 빠르게 정보를 게재하고 공유할 수 있도록 하였으며, 무엇보다도 학회 등록 및 초록 접수 등이 인터넷 기반으로 가능하고 등록비 등도 카드사와 연계하여 온라인으로 영수증을 발급 받을 수 있는 system이다.

관련학회 소식

- 17th International Mass Spectrometry Conference: Prague, 2006, www.imsc2006.org
- Applied Pharmaceutical Analysis 2006: September 11-15, 2006 Boston, MA
- **55th ASMS Conference on Mass Spectrometry**
  June 3 – 7, 2007, Indianapolis, Indiana, www.asms.org
- 대한화학회: 2006년 10월 19~20일(목, 금) 광주 김대중컨벤션센터 예정(광주)

한국질량분석학회

(KOREAN SOCIETY FOR MASS SPECTROMETRY)

대전시 유성구 어은동 52번지
한국기초과학지원연구원
연구장비개발부 (우305-806)

전화: 042-865-3922
팩스: 042-865-3929

한국질량분석학회(KSMS)는 질량분석학 분야의 발전을 도모하고 질량분석과 관련된 학문과 기술 의 보급에 기여함을 목적으로 2004년에 설립되었습니다. 질량분석법은 최근 이용이 급증하고 있는 생물학 분야 뿐 만 아니라 화학, 약학, 지질학, 물리학 분야에 이르기까지 나날이 응용 범위가 확장되어 가고 있습니다. 이에 한국질량분석학회에서는 다양한 관련분야 연구자의 교류를 촉진하고 빠르게 발전하는 새로운 질량분석법과 기기에 관한 정보를 제공함으로써 국내 질량분석분야의 발전에 기여하고자 합니다.

발행인 : 유종신

편집인 : 서정주, 문명희

KSMS 소식지 발간 안내

KSMS에서는 2005년부터 소식지를 발간하게 되었습니다. 국내외 최근의 질량분석관련 소식들을 전하고자 합니다. 회원들께서는 좋은 소식과 정보를 보내주시면 소식지를 통해서 회원들이 공유하도록 하겠습니다.
원고는 한국기초과학지원연구원 서정주박사 (전화: 02-920-0791, e-mail: jjseo@kbsi.re.kr)에게 보내주시면 됩니다.

Platinum Sponsorship

Agilent 한국에질런트 ---------- *11 page*
Bruker Daltonics 부르커달토닉스 ---------- *12 page*
LSK *LSK(Applied Biosystems)*--- *13 page*
Shimadzu 동일시마즈 ---------- *14 page*
Thermo Electron 신코/유로사이언스/인성크로마텍 - *15/16/17 page*
Waters 워터스코리아 ---------- *18 page*

Gold Sponsorship

성진 *I and T*

Silver Sponsorship

구정크로마텍
한국다이오넥스
지올코리아
인터페이스 엔지니어링

애질런트의 신제품 1200 LC 및 6000 시리즈 LC/MS 시스템을 이용하면, 귀하의 실험실에서 필요로 하는 응용 및 분석 요구사항을 만족하는 탁월한 감도, 속도 및 분리능을 얻을 수 있습니다. 1200 시리즈 LC 시스템과 ZORBAX 컬럼은 고속 분리용(Rapid Resolution) LC f로부터 HPLC-Chip 감도에 이르기까지 확장 가능한 LC 솔루션을 제공합니다. 1200 시리즈 LC는 전 세계에 설치된 60,000여 시스템을 통해 입증된 1100 시리즈 LC 기술을 기반으로 제작되어 그 성능과 신뢰성을 보장합니다. 새로운 HPLC-Chip/MS는 기존의 HPLC에 비해 최고 3,500배 높은 감도를 제공합니다.

애질런트 6000 시리즈는 새로운 Triple Quadropole, Q-TOF, 한층 업그레이드 된 ion-trap, TOF로 구성된 완전히 새로운 LC/MS 시스템 포트폴리오로서 실험실의 생산성을 높이는 성능, 신뢰성 및 사용의 편리성까지 질량분석기의 새로운 표준을 확립합니다. 신제품 6100 시리즈 Single Quadropole LC/MS 시스템은 보급형 모델에서 고속 스캐닝 모델에 이르기까지 탁월한 감도를 제공합니다.

Workflow-특유 소프트웨어와 함께 애질런트 LC 및 LC/MS 시스템을 이용하면 소규모 투자로 막대한 이점을 창출할 수 있습니다. 또한 모든 시스템이 언제나 최고의 성능으로 작업할 수 있도록 전문적이고 광범위한 서비스를 제공합니다.

한국질량분석학회에서 애질런트의 LC 및 LCMS 시스템 포트폴리오에 대해 알아 보십시오.

Christopher Gerner 박사의 프레젠테이션도 놓치지 마십시오!

신제품

- *Agilent 1200 Series LC 시스템 및 모듈*
- *Agilent 1200 Series Rapid Resolution LC 시스템*
- *Agilent 1200 Series HPLC-Chip/MS*
- *Agilent RRHT LC 컬럼*
- *Agilent 6100 Series Single Quadropole Time-of-Flight LC/MS*
- *Agilent 6210 Time-of-Flight LC/MS*
- *Agilent 6300 Series Ion Trap LC/MS 시스템*
- *Agilent 6410 Triple Qudrupole LC/MS*
- *Agilent 6510 Quadrupole Time-of-Flight LC/MS*
- *Agilent Mass Profiler 소프트웨어*
- *Agilent ChemStation 및 EZChrom Elite 소프트웨어*
- *Agilent 인텔리전트 서비스*

2006년 8월 24일(목) 심포지엄 3-1

제목 : A bottom-up approach for biomarker discovery: Proteome analysis of secreted proteins

발표자 : Christopher Gerner 박사, 비엔나의과대학교 생화학과 조교수

기타 문의처: 전화 031-230-2653 / 팩스 031-230-2633

www.agilent.co.kr/chem/performanceA4

©Agilent Technologies, Inc. 2005 MC 15774

Agilent Technologies

• **Accurate mass determination**

• **SigmaFit™ isotopic analysis**

• **MS/MS performance**

Unique power³ for discovery

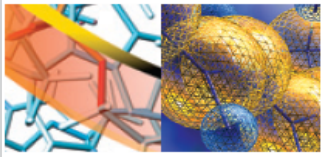
The micrOTOF-Q™ perfectly covers the areas of easy formular determination, metabolic studies, analysis of complex mixtures and in-depth evaluation of proteins:
Besides a focus resolving power exceeding 15,000 FWHM, a mass accuracy of better than 3 ppm, an unequalled dynamic range and the SigmaFit™ true isotope analysis tool, the micrOTOF-Q features outstanding MS/MS strategies, *de novo* sequencing of peptides and analysis of post translational modifications are at your fingertips.

micrOTOF Q

BRUKER DALTONICS®

Enabling Life Science Tools Based on Mass Spectrometry™

BRUKER BIOSCIENCES KOREA Co., Ltd 브루커바이오사이언시스코리아 주식회사
서울특별시 서초구 반포4동 49-5 주호빌딩 401호 TEL: 02) 596-3232 FAX: 02) 596-8383 E-mail: info@bdal.co.kr



Advanced Linear Ion Trap performance, plus outstanding budget sensitivity.

The 3200 Q TRAP® LC/MS/MS system provides excellent sensitivity, superior dynamic range, and reliability across a range of identification and quantitation applications. With features found in our industry-leading LC/MS/MS systems, the 3200 Q TRAP system brings true hybrid triple quadrupole/Linear Ion Trap capabilities within the reach of any lab.

Move Beyond Conventional Ion Traps

Hybrid triple quadrupole/Linear Ion Trap technology provides increased sensitivity and enables you to move from screening to identification to quantitation in a single analysis. By combining triple quadrupole scanning functionality with sensitive linear ion trap scans, you can reduce analysis time and get more information from every experiment.

Versatile, Integrated System

The 3200 Q TRAP system meets multiple challenges because it is a powerful, easy to use, compact benchtop system that is rugged enough to allow for continuous high throughput operation. With intuitive, application-specific software and automation features it's easy to see why the 3200 Q TRAP system fits perfectly into the workflows of any drug discovery, proteomics, or forensics laboratory.

Simultaneous Qualitative and Quantitative Analysis

The hybrid quadrupole/Linear Ion Trap technology of the 3200 Q TRAP system provides you with the ability to identify and quantitate components from complex samples in a single run. Triple quadrupole specificity and quantitation combine with ion trap full scan MS/MS sensitivity for simultaneous qualitative and quantitative results.

Big Performance on a Small Budget

Whether your work involves proteomics, drug discovery, drug development, or forensic studies, the 3200 Q TRAP system can improve your productivity by delivering an affordable, single-system solution with a wide range of application capabilities, plus best-in-class technical performance.

3200 Q TRAP®
LC/MS/MS System

Applied Biosystems Korea (제품 서비스 및 기술지원), 엘에스케이(AB 국내 독점 대리점 : 판매 및 마케팅)
서울시 서초구 양재동 275 동원 B/D 12F, Tel: 02-2057-2207~8 Fax: 02-2057-2209)

www.SHIMADZU.co.kr

AXIMA-TOF²™

Axima-TOF²™ - a highly flexible research grade mass spectrometer- from high energy MS/MS of proteomics and other biological and organic samples to uncompromised analysis of high mass intact proteins.

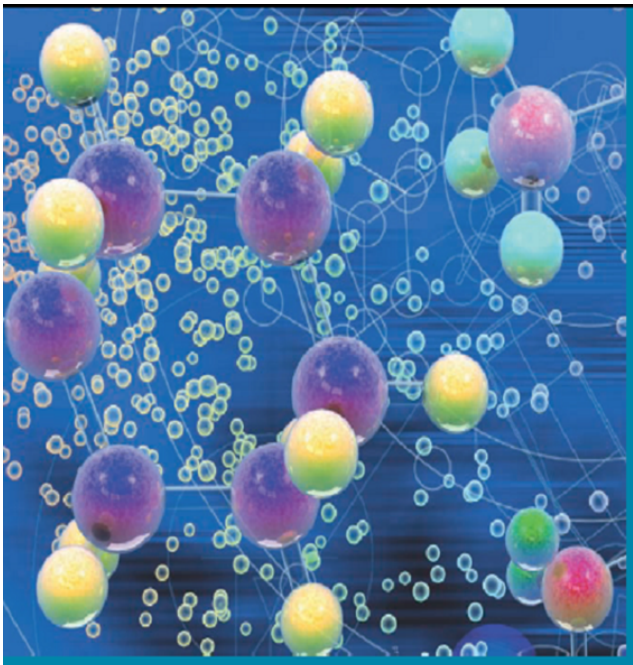
The next generation in MALDI CID MS/MS - A TOF-TOF mass spectrometer with high energy MS/MS for advanced proteomics studies and biomarker discovery

- True high energy MS/MS-CID with a laboratory frame collision energy of 20keV
- Optimal precursor ion selection resoultion using revolutionary gating technology
- Outstanding sensitivity- uncompromised design, to ensure no MS/MS signal is discarded

SHIMADZU BIOTECH
bringing analysis to life

동일시마즈(주)

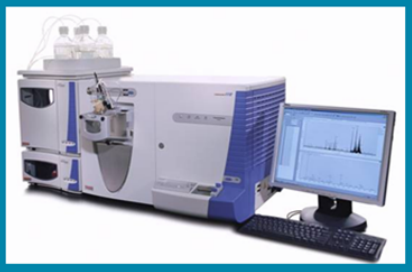
135-818 서울시 강남구 논현동 90-1 디아이 제2사옥 3층
대표전화 02-540-5541 팩스 02-541-2163

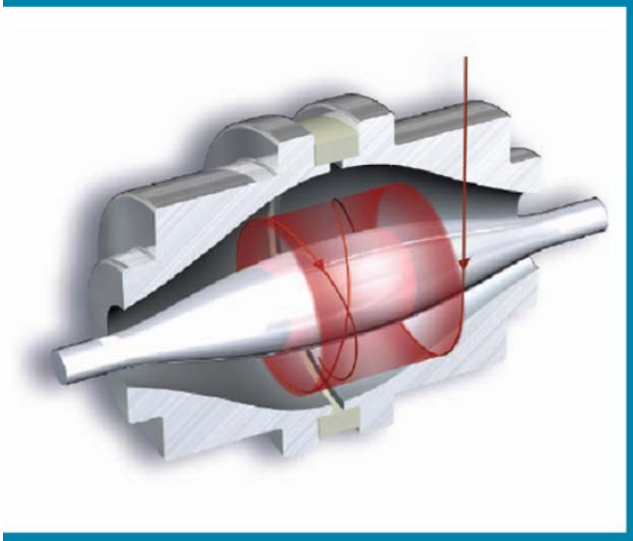


LTQ XL™ Linear Ion Trap

Ultimate Performance Platform

- Multiple dissociation techniques (PQD, ETD, CID)
- Extensive coverage for predicted and unpredicted metabolites
- Fast polarity switching for high-sensitivity analysis of unknowns
- Intelligent Data Dependent™ acquisition
- Platform for high resolution, accurate mass hybrids





LTQ Orbitrap™

Breakthrough Hybrid Technology for Small Molecule Research and Proteomics

- Superior accurate mass alternative to ToF mass spectrometry
- Unsurpassed dynamic range for metabolite identification in complex matrices
- Routine high-resolution operation on a fast chromatographic time scale
- Highest confidence protein ID
- Parallel MS and MS^n acquisition for increased productivity

Analyze • Detect • Measure • Control™

Thermo ELECTRON CORPORATION

scinco

SCINCO CO., LTD

74-27 Nonhyeon-domg, Gangnam-gu, Seoul, Korea, 135-010
TEL : (02)545-7300 / FAX :(02)546-1336 Web : http://www.scinco.com

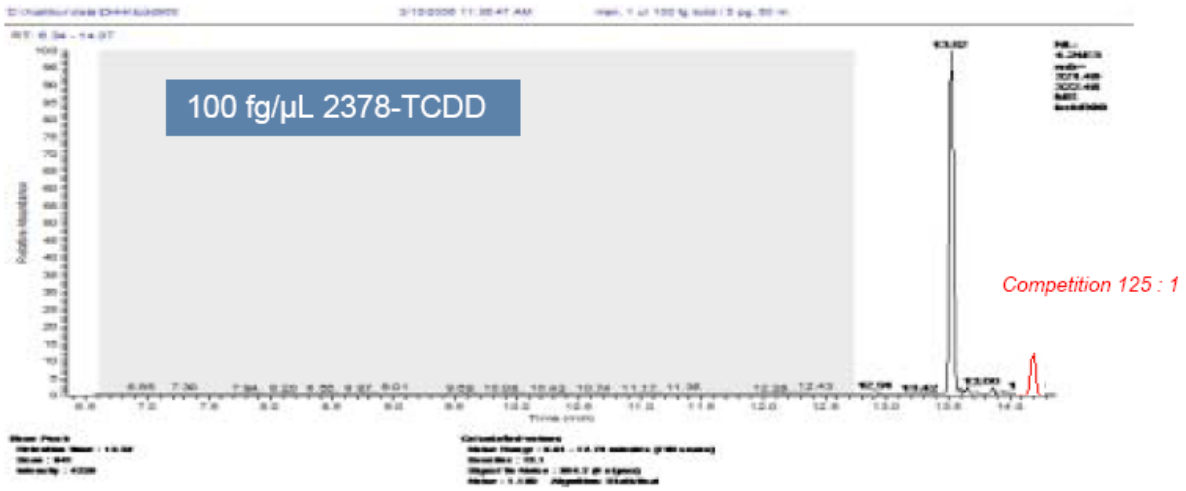
Analyze • Detect • Measure • Control™

Thermo ELECTRON CORPORATION

Thermo Electron DFS High Resolution GC/MS

- **Optimized for low level target compound applications**
  - Ultimate high sensitivity
- ***High productivity***
  - with dual GC and common autosampler(optional)
- ***Ease of operation***
  - Common Xcalibur user interface
  - One unique calibration independant from resolution
  - Autotune
- ***Low cost of ownership***
  - Small footprint, low weight
  - Low power consumption
- **Ultra sensitivity for 100 fg/uL 2,3,7,8-TCDD**
  - S/N > 800:1

Sensitivity: 2,3,7,8-TCDD > 800:1 S/N ratio with 10,000 Resolution (10% valley)



Euro Science

서울특별시 강남구 역삼2동 708-8 세방빌딩 7층(135-919)
Tel:02-540-0651 Fax: 02-540-4145
Home:http://www.euroscience.co.kr Email:kits@kits-euro.co.kr

Chromatography and Mass Spectrometry Solutions

TRACE GC Ultra
- *Utmost sensitivity through Large Volume techniques*
- *Ultra Fast GC to boost lab productivity*

FOCUS GC
- *Small and productive (QA/QC)*
- *High quality ease-of-use*
- *Powerful standard features*

TriPlus Autosampler

DSQ Series Single Quadrupole GC/MS
- *Large dynamic range*
- *Fast scanning: 10,000 amu/sec*
- *Mixed mode acquisitions*

PolarisQ Series Ion Trap GC/MS^n (n=1~5)
- *Designed for productivity and ultimate quantitation*
- *Unparalleled selectivity with MS^n*
- *Data Dependent Scanning*

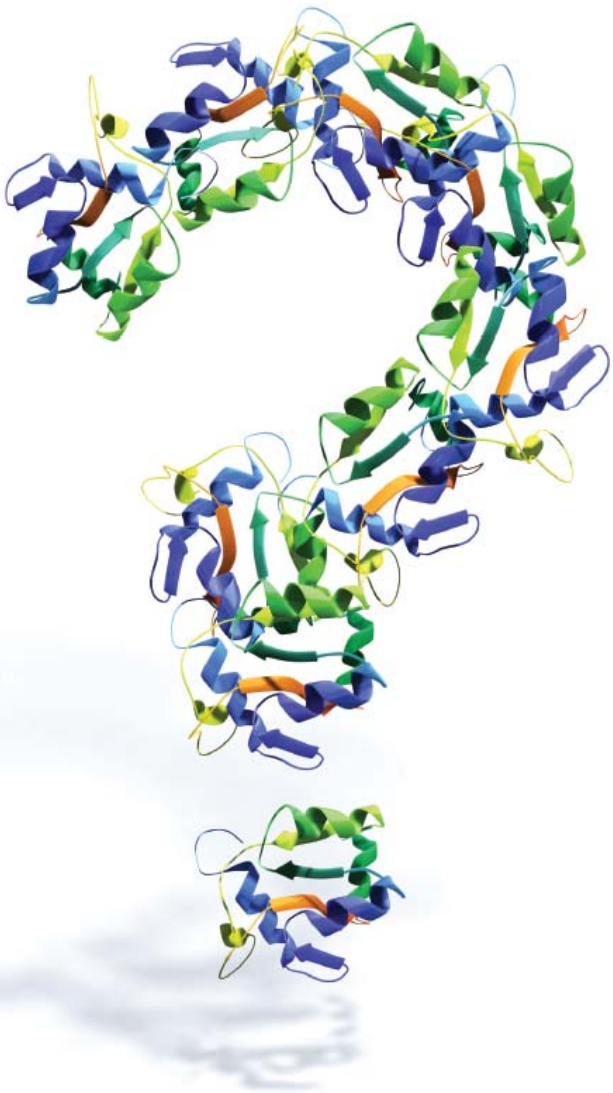
Finnigan Surveyor Plus HPLC System
- *Increased R.T reproducibility with precise solvent delivery*
- *Patented LightPipe technology provides up to 5X sensitivity*

Finnigan Surveyor MSQ Plus Single Quadrupole LC/MS
- *Standard ESI and APCI probes*
- *Patented cone-wash feature optimized for complex matrices*

INSUNG 인성크로마텍(주)

서울특별시 양천구 신정2동 89-106 (우)158-849 TEL. 02)2644-1991 FAX. 02)2644-1996/2478
[대전] TEL. 042)822-2944 FAX. 042)822-2945 [부산] TEL. 051)331-0795 FAX. 051)331-0796
[대구] TEL. 053)951-6414 FAX. 053)951-6415 Homepage : www.insung.net E-mail : is@insung.net

Waters



Whatever protein quantification questions you face, Waters gives you the biostatistically significant answer.

With the only label-free system using patented LC/MS^{E} technology – plus unparalleled bioinformatics for isotopic/isobaric labeling using classic LC/MS/MS – Waters has the tools you need for confident protein quantification. Our comprehensive Q-Tof Premier™ system enables you to measure changes in biology, draw biostatistically significant conclusions, and create a knowledge base for scientific advances. For more information, visit www.waters.com/p2

© 2006 Waters Corporation. Waters and Q-Tof Premier are trademarks of Waters Corporation.