

高通量ADME研究的分析解决方案

Marian Twohig, Robert S. Plumb, Amy Bartlett, Peter Hancock

Waters Corporation

摘要

在药物发现的早期阶段，高通量ADME（吸收、分布、代谢和排泄）研究在确定可行的候选药物方面发挥着关键作用。体外ADME研究通常包括一系列分析项目，包括代谢、稳定性、毒性和膜渗透性。

若能快速筛选大量化合物的ADME和理化特性，就能加快匹配结果向合格候选药物的转化过程，从而提高研究工作效率，并协助关键决策的制定。为了在药物发现过程的早期阶段获得高质量的体外ADME数据，人们认识到需要使用快速的分析方法。

液相色谱和串联四极杆质谱(LC-MS/MS)技术凭借优异的灵敏度、选择性以及自动化工作流程的优势，在体外ADME研究中得到广泛应用。

本研究介绍了有助于高通量收集分析数据的分析方法：自动化完成靶向MS方法优化、样品采集、数据处理和报告，该方法可加快结果解析速度并提高效率。研究使用超高效液相色谱(UPLC)系统结合电喷雾检测(ESI)、Xevo™ TQ-S micro串联四极杆质谱仪(MS)，以及CTC PAL3 RSI自动进样器。CTC PAL3 RSI系统是一款高度灵活的X、Y、Z轴机械手系统，具有多种功能。研究通过微粒体稳定性分析来展示QuanOptimize如何全自动完成ADME工作流程中的关键环节。

该方法表现出优异的进样精密度，三种测试化合物在所有时程下的微粒体孵育测量值（T0、T15、T30、T45、T60和T90）的RSD小于2% (n=6)。

优势

- 稳定耐用的质谱仪，能够高速采集数据，从而全面表征快速色谱分析所产生的窄峰，并满足全面的灵敏度要求
- QuanOptimize能够全自动完成方法优化、方法生成、数据采集和处理，提高工作流程效率并减少用户干预
- 高重现性的进样器，样品容量可调整，并提供托盘选项，更加灵活且功能更丰富
- 清洗序列支持自定义，尽可能减少残留，缩减离线系统冲洗需求，从而尽可能延长系统正常运行时间
- 提供提前进样功能，支持自定义分析速度，缩短进样间的运行时间

简介

在药物发现的早期阶段，高通量ADME（吸收、分布、代谢和排泄）研究在确定可行的候选药物方面发挥着关键作用¹。体外ADME研究通常包括一系列分析项目，包括代谢、稳定性、毒性和膜渗透性²。若能快速筛选大量化合物的ADME和理化特性，就能加快将确定的匹配结果向合格的先导开发候选药物的转化过程，从而提高研究工作效率，并协助关键决策的制定¹。为了在药物发现过程的早期阶段获得高质量的体外ADME数据，人们认识到需要使用快速的分析方法³。高流速的快速液相色谱法与串联质谱法(LC-MS/MS)联用，因数据质量高、速度快、灵敏度和选择性高，并且能够实现自动化，在ADME研究中得到广泛应用³。在快速色谱分析中，为了准确定义洗脱峰，需要高速采集质谱数据。前端自动化的样品前处理流程与高通量分析相结合，有助于减少ADME分析中的限速点⁴。在使用LC-MS/MS分析样品之前，需要获取每种潜在候选药物的MS/MS信息并开发方法，这些步骤在分析工作流程中可能非常耗时。此外，及时提供ADME结果对于促进先导候选药物的推进至关重要。高通量分析技术会产生大量数据，需要妥善管理这些数据以免出现积压的情况⁵。通过软件自动化完成并妥善管理工作流程的各个环节，包括化合物优化、LC-MS/MS方法开发、数据采集和处理），有助于提高工作效率。

本研究介绍了QuanOptimize™软件的使用，该软件旨在全自动完成高通量的LC-MS/MS数据采集、MS方法优化、样品采集、数据处理和报告，从而更快地解析和报告结果^{6,7}。研究使用超高效液相色谱(UPLC™)系统结合电喷雾检测(ESI)、Xevo™ TQ-S micro串联四极杆质谱仪，以及CTC PAL3 RSI自动进样器。CTC PAL3 RSI系统是一款高度灵活的X、Y、Z轴机械手系统，具有多种功能，并配备开放床形式的自动进样器，可实现快速样品获取和处理⁸。

微粒体稳定性分析常被用于预测固有清除率，这是一项能够影响体内半衰期的重要的药代动力学参数⁹。本研究使用几种阳性对照化合物进行微粒体稳定性分析，测定原型药的消失情况，并展示QuanOptimize如何全自动完成ADME工作流程的关键环节（包括几个耗时的方法开发步骤）。

实验

样品前处理

标准品和试剂

几种药物的确证标准品购自Sigma Aldrich（美国密苏里州圣路易斯）。Optima LC/MS级溶剂和甲酸购自Thermo Fisher Scientific（美国马萨诸塞州沃尔瑟姆）。使用分析天平称取确证药物标准品放入玻璃闪烁瓶中，如有必要，计算时还应考虑盐的重量。使用10%二甲基亚砷初步溶解固体化合物，随后使用90%甲醇制成浓度为1 μM 的储备液。然后用乙腈将药物溶液进一步稀释至浓度100 μM ，准备用于微粒体稳定性分析。在优化步骤中，使用2 mL 96孔深孔板制备浓度为1 μM 的药物标准品。

微粒体稳定性研究

磷酸二氢钾、磷酸氢二钾和NADPH购自Sigma Aldrich。本研究按如下方法制备储备液：

1) 0.1 M磷酸钾缓冲液(PH 7.4)

用称量皿称取磷酸二氢钾（P5655, 0.51 g）转移至200 mL试剂瓶中。用第二个称量皿称取磷酸氢二钾（P3786; 2.81 g）转移至试剂瓶中。加入去离子水(200 mL)，对溶液进行超声处理5 min。将pH调节至7.4，得到最终溶液。

2) NADPH (N8129)，20 mM，溶于缓冲液

称取56.8 mg NADPH放入玻璃闪烁样品瓶中，然后加入4 mL 0.1 M磷酸钾(pH 7.4)缓冲液，制成浓度为20 mM的溶液。溶液在分析当天制备，并用箔覆盖避光。

3) 孵育标准品

用乙腈(2 μL)制备制药标准品，浓度为100 μM

在96孔板中应用以下步骤进行微粒体稳定性研究：

1) 实验前，将几管储存在-80 °C的雄性Sprague Dawley混合大鼠肝脏微粒体(RLM) (0.5 mL，20

mg/mL，BioIVT，美国纽约州韦斯特伯里) 在冰上缓慢解冻（约60 min）。合并样品瓶并轻轻振摇，得到均匀溶液。

2) 所有时间点的孵育混合物的总体积为200 μL ，蛋白质终浓度为2.0 mg/mL。

3) 加入20 μL 微粒体、178 μL 缓冲液和2 μL 药物，制备代表无反应发生的T0时间点样品。T0时间点不添加

NADPH。

- 4) 加入20 μL 微粒体、178 μL 缓冲液和2 μL 药物，制备每种药物的T15-T90时间点样品。
- 5) 加入20 μL 微粒体、160 μL 缓冲液和20 μL NADPH溶液，制备药物空白样。
- 6) 在加入测试化合物之前，将孵育混合物置于37 °C水浴中平衡5分钟。
- 7) 将T0时间点移至包含600 μL 冷乙腈的等待淬灭板中。
- 8) 固定好孵育板的盖垫，然后置于37 °C水浴中孵育。
- 9) 将T15、T30、T45、T60、T90各时间点的溶液依次移至含有600 μL 冷乙腈的淬灭板中。振荡淬灭板以终止反应。
- 10) 反应完成后，将样品板在4000 rpm下离心10 min。将得到的上清液转移到洁净的样品板中，直接进样或用75:25乙腈/水稀释10倍后以备LC-MS/MS分析。

分析系统由一台压力可达18k psi的二元泵(BSM)组成。色谱柱管理器提供了两个色谱柱位置用于选择，此外还保留了一个旁路通道用于化合物优化（表1）。色谱柱位置1用于微粒体稳定性样品的采集。使用一种不含填料的原型色谱柱作为混合器和限流器组合，目的是使泵具有足够小的背压，并出现色谱峰展宽现象，从而辅助优化过程。引起峰展宽和背压的另一种方法是使用适当组合的不同长度和/或内径的PEEK管路。

表1. 液相色谱条件

LC和色谱柱管理器条件	
UPLC泵:	ACQUITY UPLC BSM
色谱柱:	CORTECS T3色谱柱, 120Å, 1.6 μm , 2.1 \times 30 mm
流速:	1.0 mL/min
流动相A:	0.1%甲酸的水溶液
流动相B:	含0.1%甲酸的乙腈溶液
色谱柱管理器位置:	优化（旁路通道）；采集（色谱柱1）
柱温:	55 °C

使用配备LCMS-P工具和100 μL 智能注射器的CTC PAL3 RSI自动进样器将样品输送至高压阀(VICI)（图1）。该自动进样器包括快速清洗站模块，支持自定义从两个溶剂储液瓶清洗的速度和顺序，有助于尽可能减少残留（表2）。

使用两个能够容纳6个96孔板的托盘支架模块和一个制冷的帕尔帖模块（样品容量相同），温度设置为4 °C（图1A和1B）。

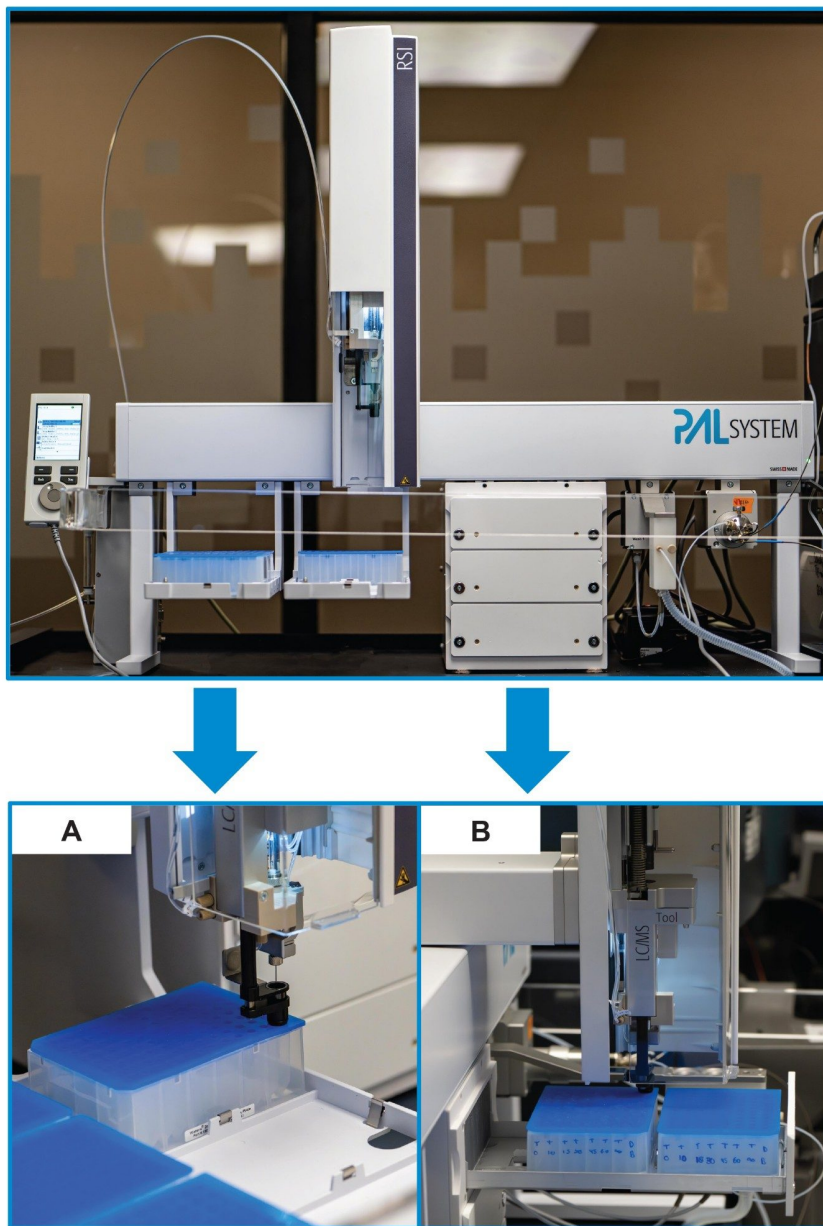


图1. CTC PAL3 RSI系统（上图）、托盘支架(A)和帕尔帖冷却器堆叠模块(B)

。

表2. 自动进样器条件

检查器条件	
自动进样器:	CTC PAL3 RSI
LC/MS工具:	LCMS-P-100工具, 带100 μ L智能注射器
样品板:	96孔样品收集板, 2 mL方孔
盖垫:	盖垫正方形塞, 硅胶/PTFE, 预开口
进样体积:	1 μ L定量环, 10倍溢出
脚本版本:	Open architecture V1.1
清洗溶剂1:	70:30乙腈/水
清洗溶剂2:	25:25:25水:甲醇:乙腈:异丙醇

使用通用梯度, 以及能够在反相条件下尽可能保留极性分析物的固定相 (表3)。在使用有机溶剂百分比较低的流动相 (最高100%水相) 时, T3颗粒可以提供传统C₁₈的特性, 适用于极性和非极性分析物。

表3. 梯度程序

时间 (min)	流速 (mL/min)	%A	%B	曲线
0.00	1.0	95	5	初始
0.05	1.0	95	5	6
0.25	1.0	60	40	3
0.40	1.0	45	55	6
0.55	1.0	1	99	1
0.70	1.0	95	5	11

在Xevo TQ-S micro串联四极杆质谱仪上采用通用离子源参数采集MS数据 (表4)。使用MassLynx软件中的QuanOptimize应用程序, 全自动完成化合物优化、MRM方法生成、数据采集、定量分析方法生成、数据处理和报告生成步骤。

表4. MS条件

MS条件	
电离模式:	ESI正离子模式
毛细管电压(kV):	1.0 kV (1 μM样品稀释10倍), 3.5 kV (优化后, 1 μM样品)
锥孔电压(V):	QuanOptimize各项指标
碰撞能量(eV):	QuanOptimize各项指标
离子源温度(°C):	600
脱溶剂气温度(°C):	150
脱溶剂气流速(L/h):	1000
锥孔气流速(L/h):	100

QuanOptimize自动化方法开发和采集

MassLynx软件中的QuanOptimize应用管理软件使ADME工作流程中的各个步骤完成起来更加简单流畅，并且大幅减少了用户干预。该软件适用于任何需要高通量定量测定的实验室。全自动工作流程如图2所示。各步骤的参数都在QuanOptimize方法编辑器中定义。该软件适应性强，支持各步骤同时执行或单独执行，能够满足不同实验室的要求。

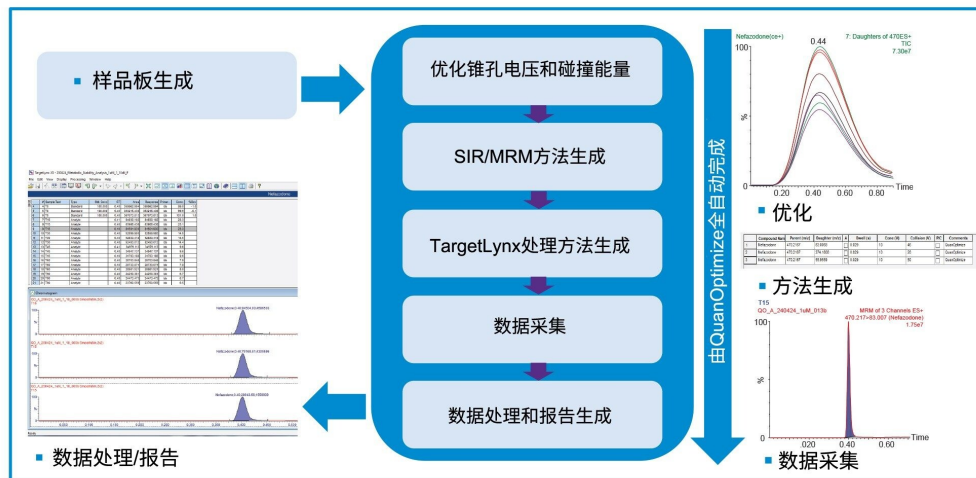
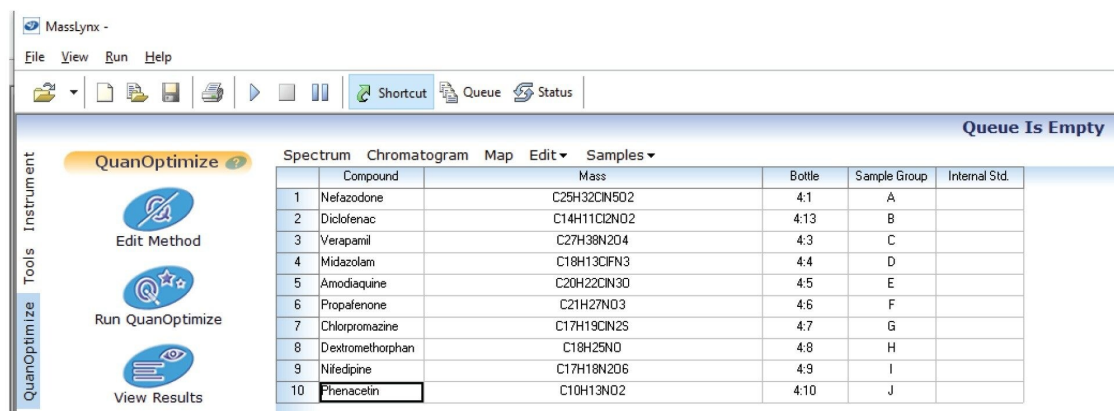


图2.全自动QuanOptimize工作流程

在化合物优化中，使用定量环进样，将浓度1 μM的测试化合物通过旁路通道（色谱柱管理器中的可用流路之一）进样。QuanOptimize使用预先格式化的样品列表，即化合物列表，用户可以在其中输入与样品相关的信息，包括名称、质量数或元素组成、样品位置以及样品组（将化合物分组用于分析）（图3）。



The screenshot shows the MassLynx software interface. On the left, there is a vertical toolbar with icons for 'Edit Method', 'Run QuanOptimize', and 'View Results'. The main window displays a table with the following data:

	Compound	Mass	Bottle	Sample Group	Internal Std.
1	Nefazodone	C25H32ClN5O2	4.1	A	
2	Diclofenac	C14H11Cl2N02	4.13	B	
3	Verapamil	C27H38N2O4	4.3	C	
4	Midazolam	C18H13ClFN3	4.4	D	
5	Amodiaquine	C20H22ClN3O	4.5	E	
6	Propafenone	C21H27NO3	4.6	F	
7	Chlorpromazine	C17H19ClN2S	4.7	G	
8	Dextromethorphan	C18H25NO	4.8	H	
9	Nifedipine	C17H18N2O6	4.9	I	
10	Phenacetin	C10H13NO2	4.10	J	

图3.用于优化的QuanOptimize化合物列表格式

然后，根据化合物列表中的信息和QuanOptimize方法编辑器中的设置（图4），在针对特定化合物确定的理想电离极性下，使用多个MS功能通道优化锥孔电压和碰撞能量。

QuanOptimize方法编辑器用于协调与分析工作流程自动化相关的所有过程的参数。在方法编辑器中浏览通用LC方法、MS调谐文件以及自动生成MS方法所依据的设置。

成功完成化合物优化对于确保理想的灵敏度和专属性非常重要。在优化步骤，根据在方法编辑器中指定的锥孔电压和碰撞能量(CE)的范围，将使用多个MS功能通道。同时采集用于优化锥孔电压和碰撞能量的MS功能通道，如图4中CE定量环进样优化的叠加色谱图所示，其中方法指定的范围为10 eV-50 eV。

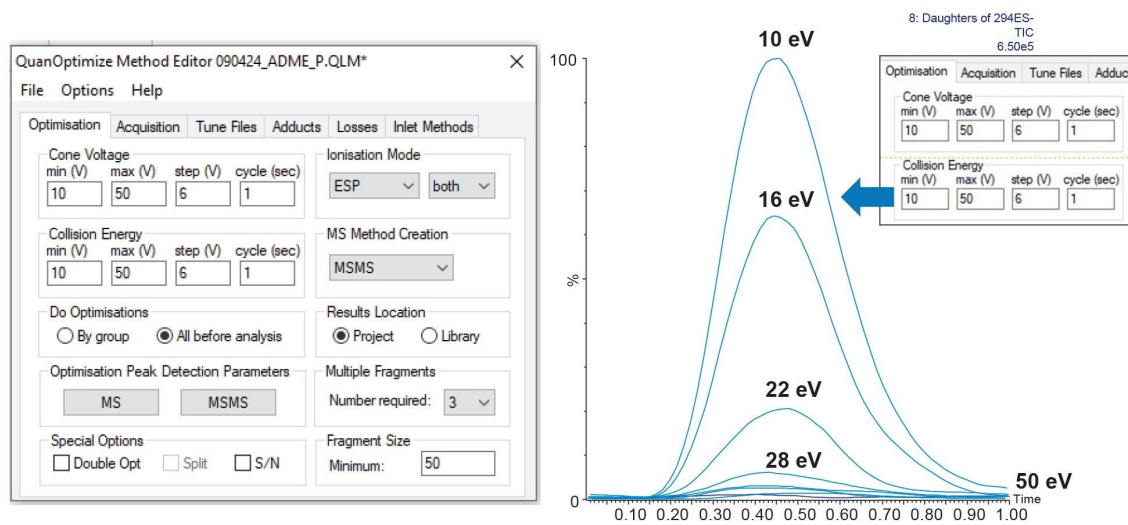


图4. QuanOptimize方法编辑器，用于协调与优化和采集相关的所有设置（左）。CE优化的叠加色谱图（右）。

图5显示了多种化合物的优化报告示例以及QuanOptimize生成的奈法唑酮MS方法。

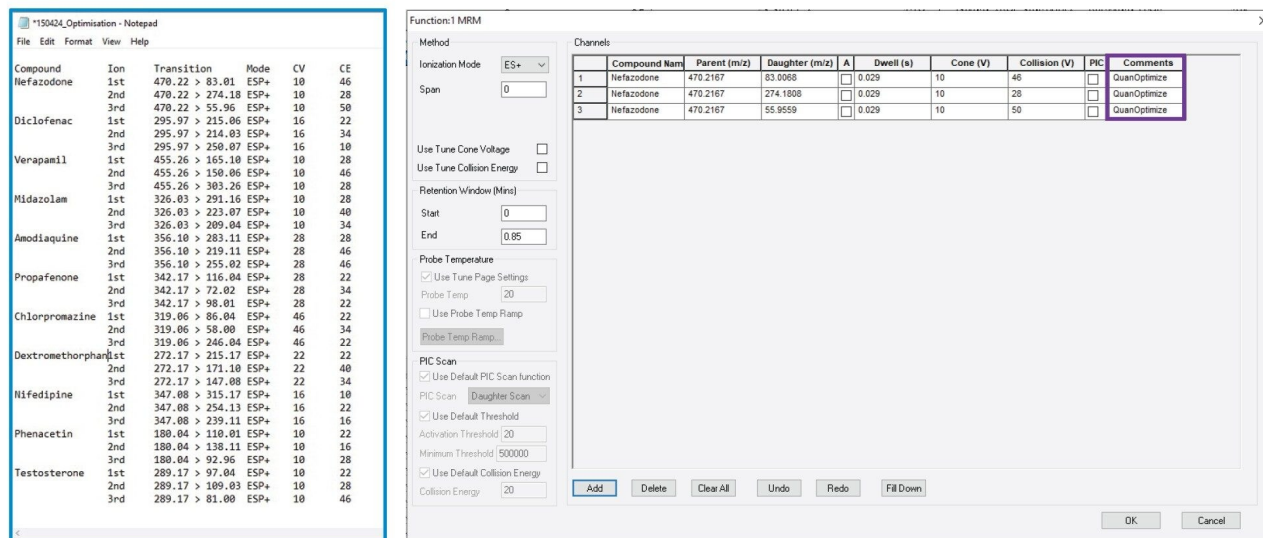


图5. QuanOptimize优化结果报告示例（左）和自动生成的奈法唑酮MS方法（右）

分析列表是第二个预制的样品列表，用于采集分析数据。此样品列表用于标识样品的文件名、样品定义、浓度和位置。MS方法和LC方法均由QuanOptimize管理，无需指定（图6）。

	File Name	File Text	Bottle	Sample Type	Sample Group	Conc A	Quan Ref
1	QQ_A_150524_1uM_1_10_001b	Blank	2.96	Blank	A		
2	QQ_A_150524_1uM_1_10_002b	Blank	2.96	Blank	A		
3	QQ_A_150524_1uM_1_10_003b	Blank	2.96	Blank	A		
4	QQ_A_150524_1uM_1_10_004b	Blank no drug	2.95	Blank	A		
5	QQ_A_150524_1uM_1_10_005b	Blank no drug	2.95	Blank	A		
6	QQ_A_150524_1uM_1_10_006b	Blank no drug	2.95	Blank	A		
7	QQ_A_150524_1uM_1_10_007b	T0	2.1	Standard	A	100	
8	QQ_A_150524_1uM_1_10_008b	T0	2.1	Standard	A	100	
9	QQ_A_150524_1uM_1_10_009b	T0	2.1	Standard	A	100	
10	QQ_A_150524_1uM_1_10_010b	T10	2.13	Analyte	A		
11	QQ_A_150524_1uM_1_10_011b	T10	2.13	Analyte	A		
12	QQ_A_150524_1uM_1_10_012b	T10	2.13	Analyte	A		
13	QQ_A_150524_1uM_1_10_013b	T15	2.25	Analyte	A		
14	QQ_A_150524_1uM_1_10_014b	T15	2.25	Analyte	A		
15	QQ_A_150524_1uM_1_10_015b	T15	2.25	Analyte	A		
16	QQ_A_150524_1uM_1_10_016b	T30	2.37	Analyte	A		
17	QQ_A_150524_1uM_1_10_017b	T30	2.37	Analyte	A		
18	QQ_A_150524_1uM_1_10_018b	T30	2.37	Analyte	A		
19	QQ_A_150524_1uM_1_10_019b	T45	2.49	Analyte	A		
20	QQ_A_150524_1uM_1_10_020b	T45	2.49	Analyte	A		

图6.QuanOptimize分析列表

工作流程中的所有步骤均通过QuanOptimize向导启动。根据实验室需要，这些步骤可以单独执行，也可以一起执行（图7）。

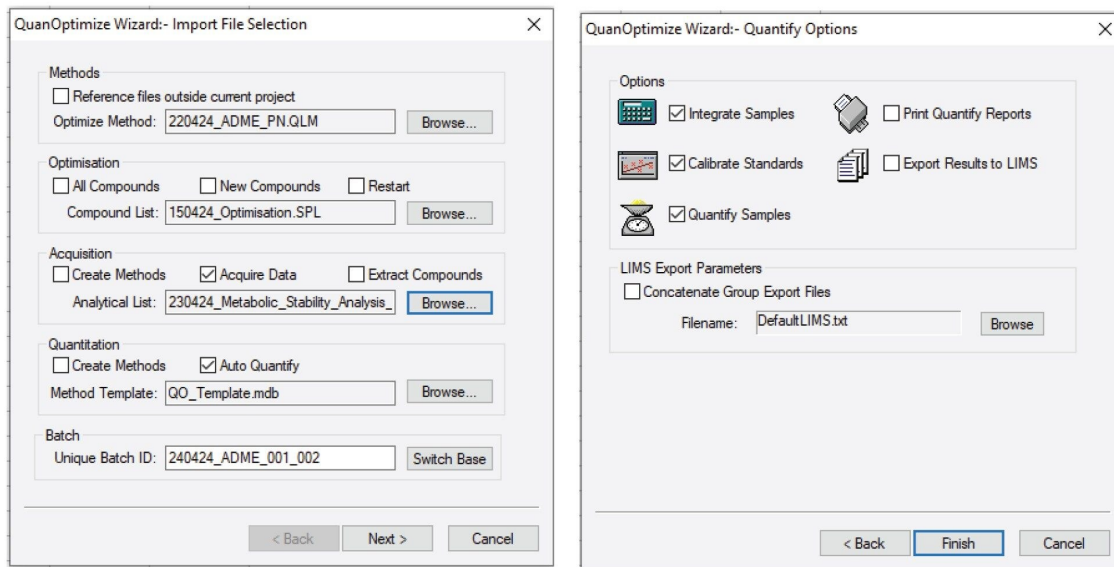


图7.QuanOptimize向导和定量选项。其中步骤既可以一起执行，也可以单独执行。

结果与讨论

使用QuanOptimize实现微粒体稳定性工作流程的自动化

方法开发过程实现自动化后，在微粒体稳定性研究中使用QuanOptimize来管理数据采集以及处理方法生成和报告。图8显示了奈法唑酮RLM微粒体稳定性研究结果的TargetLynx报告（重复分析三次）。根据峰面积响应变化的测量结果计算剩余原型药相对于T0（定义为标准品，赋值为100%）的百分比。时间点T15-T90相对于T0进行定量。

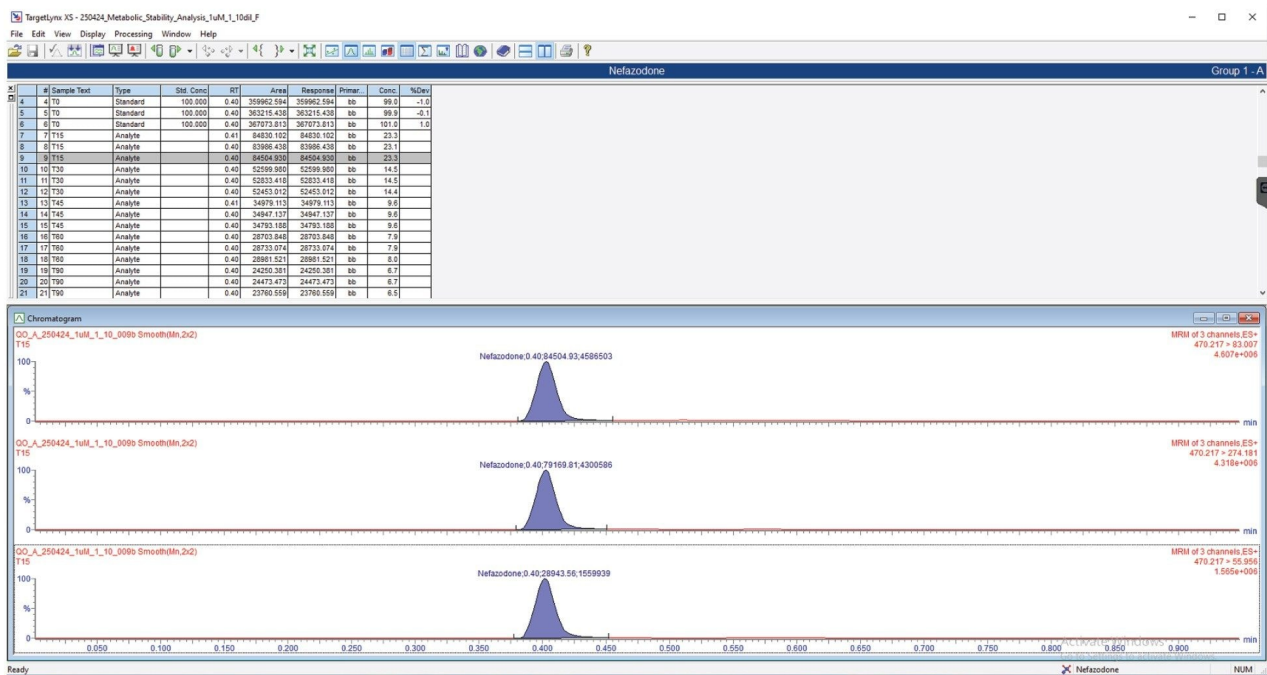


图8.自动生成的TargetLynx定量报告，显示了浓度为1 μ M的奈法唑酮与RLM在T0-T90范围内孵育的微粒体稳定性特征数据表(n=3)。

绘制剩余药物百分比(n=3)-时间图，评估奈法唑酮的微粒体稳定性特征（图9）。

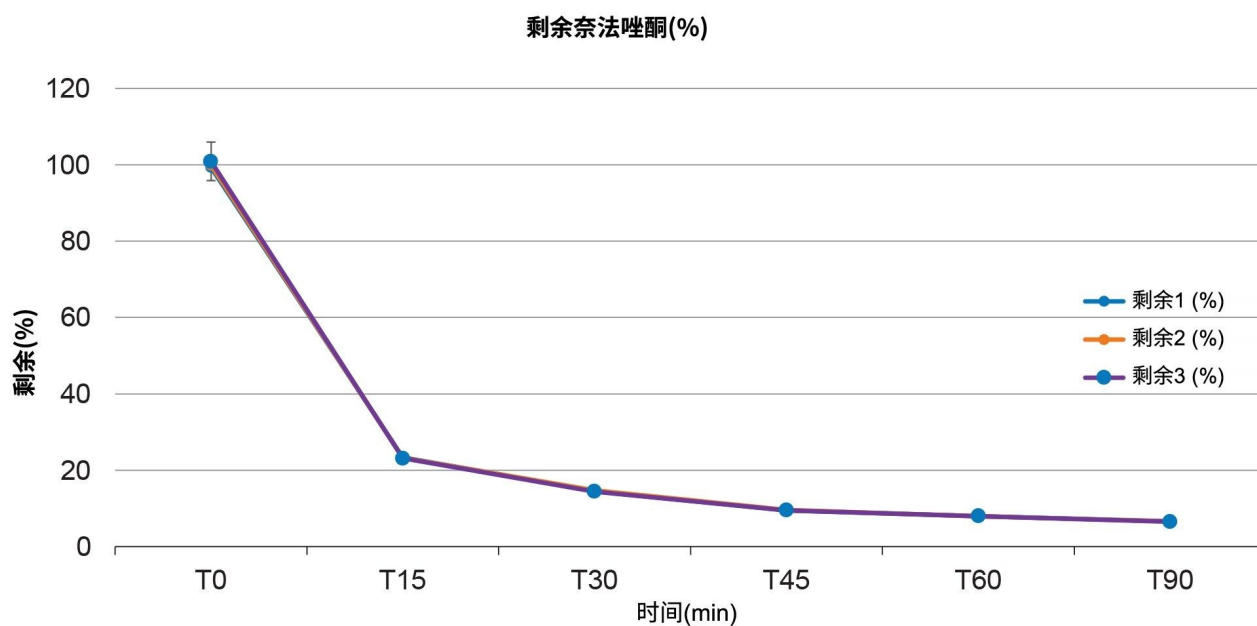


图9. 奈法唑酮在T0-T90 min范围内的微粒体稳定性特征（剩余百分比-时间曲线）(n=3)（浓度为1 μ M，使用RLM孵育，稀释10倍，1 μ L定量环，10倍溢出）

使用%RSD评估分析系统的重现性。奈法唑酮样品（稀释1:10倍，1 μ M孵育）在时程点进样6次。数据以表格和条形图展示（图10）。时程内任意时间点每次进样的RSD均小于1.5%，证明这是一套具有高重现性的分析系统。使用另外两种化合物重复进行该重现性研究，每种测试化合物在任何时间点的RSD均小于2% (n=6)（数据未显示）。

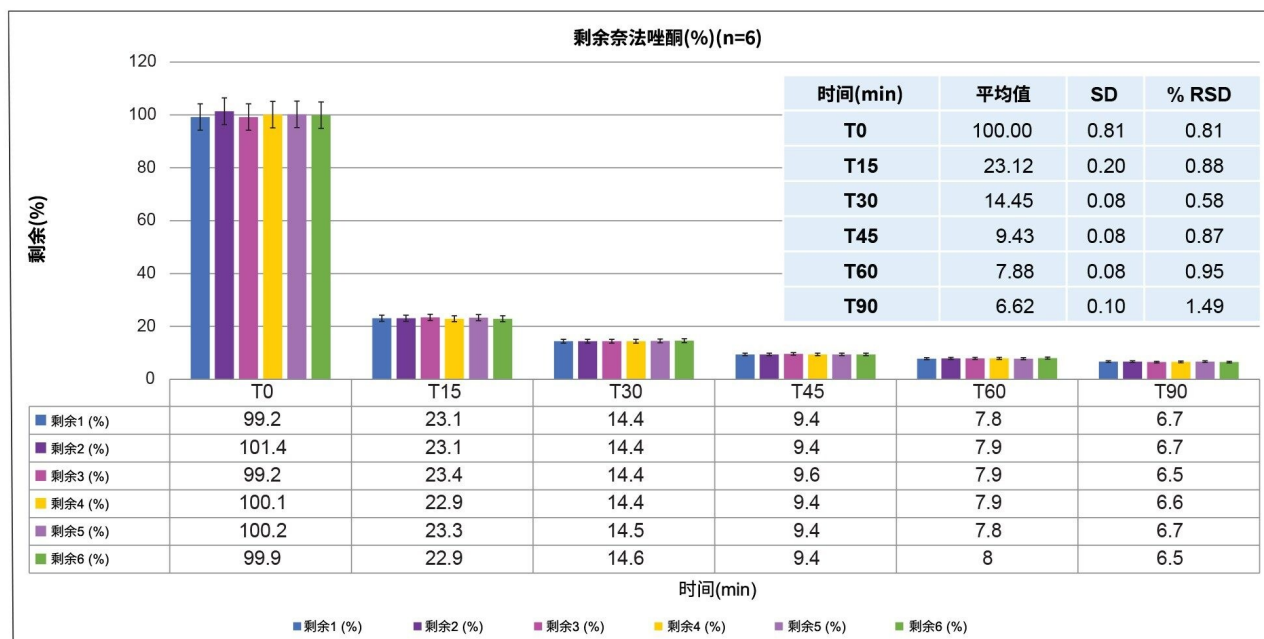


图10.奈法唑酮在T0-T90 min时程范围内重复进样(n=6)的条形图以及以表格和图表形式呈现的相关数据（使用RLM以1 μM孵育，稀释10倍，1 μL定量环，10倍溢出）。

阳性对照的微粒体稳定性特征

自动生成的MS方法与通用LC梯度配合使用，可以对色谱分析进行初步评估（图11），确保每种分析物获得良好的峰形和保留性。CORTECS T3 1.6 μm, 2.1 x 30 mm实心核颗粒色谱柱使用的固定相旨在改善极性分析物的保留性能（表1）。减小粒径和使用实心核颗粒技术可提高柱效，从而改善色谱分离度，这对于分离基质组分和易于发生源内碎裂而回到原型分子的代谢物非常重要。使用低扩散性色谱系统时，柱效可大幅提升²。提高流速和缩短柱长能够大幅减少分析运行时间，同时仍可确保良好的保留性能和峰形。良好的色谱峰形有助于避免在数据分析过程中需要手动积分。

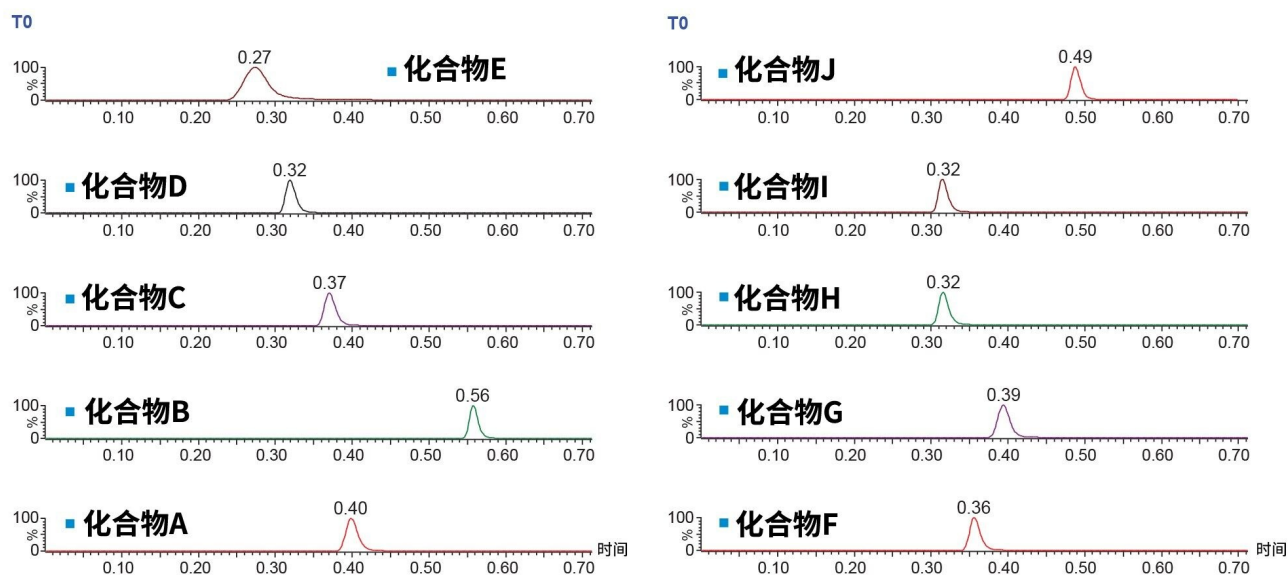


图11.分析浓度为 $1\ \mu\text{M}$ 的阳性对照化合物（溶于乙腈， $1\ \mu\text{L}$ 定量环，10倍溢出）所得到的色谱图。

使用不同结构的阳性对照化合物（浓度为 $1\ \mu\text{M}$ ）进行时程RLM孵育（T0、T15、T30和T45）。将样品重复进样三次，根据每个时间点的平均值绘制T0-T45的微粒体稳定性曲线（图12）。

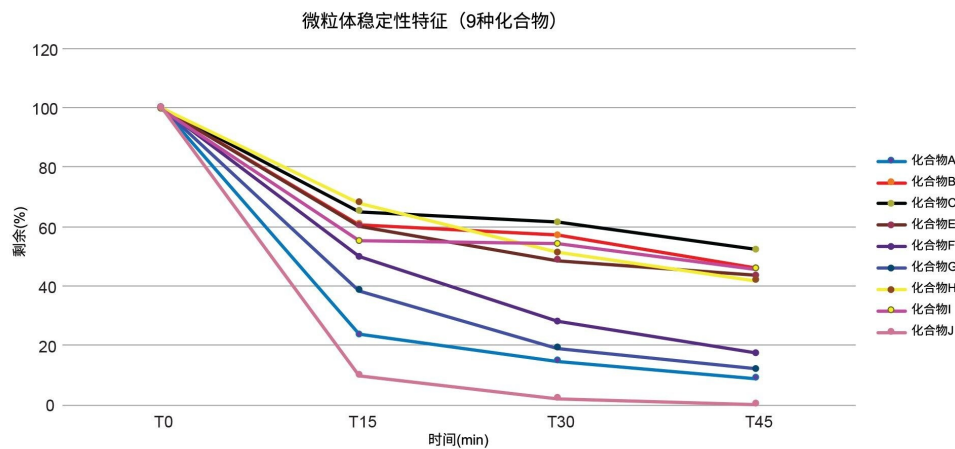


图12.九种阳性对照化合物在T0-T45 min范围内的微粒体稳定性特征（剩余百分比-时间曲线）（浓度为 $1\ \mu\text{M}$ ，使用RLM孵育， $1\ \mu\text{L}$ 定量环，10倍溢出）。

使用QuanOptimize对整个分析工作流程进行单点软件管理，只需极少的用户干预即可生成和解析数据。

结论

利用RLM孵育进行微粒体稳定性实验，证明QuanOptimize工作流程在ADME研究中的易用性以及带来的效率提升。使用方法编辑器管理优化过程，无需对新化合物进行预分析或调谐，确保快速向项目团队提供结果。该软件使ADME工作流程中的各个步骤完成起来更加简单流畅，并且大幅减少了用户干预。该工作流程应性强，支持各步骤同时执行或单独执行，能够满足不同实验室的要求。

CTC PAL3 RSI系统用作进样器，搭配沃特世UPLC泵、多路径色谱柱管理器和耐用的质谱仪，能够满足全面的灵敏度要求并提供高质量数据。该分析系统支持高通量色谱分析，在进样顺序方面具有高度的可定制性，并提供提前进样功能，可避免上样延迟，从而缩短了分析时间。快速清洗模块支持自定义清洗顺序和速度，尽可能减少残留。

如果实验室需要快速分析来自ADME和其他体外试验的大量样品，该分析方法和软件非常适用，有助于提高分析效率并减少方法开发和数据处理负担。

参考资料

1. Kassel, D. B. Applications of High-throughput ADME in Drug Discovery. *Current Opinion in Chemical Biology* 2004, 8 (3), 339–345. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2004.04.015> <
<https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2004.04.015>> .
2. Plumb, R. S.; Potts III, W. B.; Rainville, P. D.; Alden, P. G.; Shave, D. H.; Baynham, G.; Mazzeo, J. R. Addressing the Analytical Throughput Challenges in ADME Screening Using Rapid Ultra-performance Liquid Chromatography/Tandem Mass Spectrometry Methodologies. *Rapid Communications in Mass Spectrometry* 2008, 22 (14), 2139–2152. DOI: <https://doi.org/10.1002/rcm.3594> <
<https://doi.org/10.1002/rcm.3594>> .
3. Shou, W. Z. Current Status and Future Directions of High-throughput ADME Screening in Drug Discovery. *Journal of Pharmaceutical Analysis* 2020, 10 (3), 201–208. DOI:

<https://doi.org/10.1016/j.jpha.2020.05.004> <<https://doi.org/10.1016/j.jpha.2020.05.004>> .

4. Jenkins, K. M.; Angeles, R.; Quintos, M. T.; Xu, R.; Kassel, D. B.; Rourick, R. A. Automated High Throughput ADME Assays for Metabolic Stability and Cytochrome P450 Inhibition Profiling of Combinatorial Libraries. *J Pharm Biomed Anal* 2004, 34 (5), 989–1004. DOI: [10.1016/j.jpba.2003.08.001](https://doi.org/10.1016/j.jpba.2003.08.001) <<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0731708503006678>> From NLM.
5. Luippold, A. H.; Arnhold, T.; Jörg, W.; Süßmuth, R. D. An Integrated Platform for Fully Automated High-throughput LC–MS/MS Analysis of in vitro Metabolic Stability assay samples. *International Journal of Mass Spectrometry* 2010, 296 (1), 1–9. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ijms.2010.07.004> <<https://doi.org/10.1016/j.ijms.2010.07.004>> .
6. Improving ADME Screening Productivity in Drug Discovery. Waters White Paper, [720003442](https://www.waters.com/webassets/cms/library/docs/720003442en.pdf) <<https://www.waters.com/webassets/cms/library/docs/720003442en.pdf>> , 2010.
7. Tanna, N. QuanOptimize: 一款支持对大量小分子分析物进行快速、一致、准确的MRM方法开发的软件工具. 沃特世应用纪要, [720007002ZH](https://www.waters.com/webassets/cms/library/docs/720007002ZH.pdf), 2020年.
8. CTC User Manual Edition 11.1.pdf <https://transfer.ctc.ch/link/fbOeReXbJULzqlNM7CUTy1> <<https://transfer.ctc.ch/link/fbOeReXbJULzqlNM7CUTy1>> , 2020.
9. Xu, R.; Nemes, C.; Jenkins, K. M.; Rourick, R. A.; Kassel, D. B.; Liu, C. Z. Application of Parallel Liquid Chromatography/Mass Spectrometry for High throughput Microsomal Stability Screening of Compound Libraries. *J Am Soc Mass Spectrom* 2002, 13 (2), 155–165. DOI: [10.1016/s1044-0305\(01\)00342-7](https://doi.org/10.1016/s1044-0305(01)00342-7) <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1044030501003427>> From NLM.

特色产品

Xevo TQ-S micro串联四极杆质谱仪 <<https://www.waters.com/nextgen/global/products/mass-spectrometry/mass-spectrometry-systems/xevo-tq-s-micro.html>>

MassLynx质谱软件 <<https://www.waters.com/nextgen/global/products/informatics-and-software/mass-spectrometry-software/masslynx-mass-spectrometry-software.html>>

MassLynx定量应用程序 <<https://www.waters.com/nextgen/global/products/informatics-and-software/mass-spectrometry-software/masslynx-mass-spectrometry-software/masslynx-quantitation->

[applications.html](#)>

720008464ZH, 2024年8月



© 2024 Waters Corporation. All Rights Reserved.

[使用条款](#) [隐私策略](#) [商标](#) [招聘](#) [法律和隐私声明](#) [危险化学品生产经营许可证](#) [Cookie](#) [Cookie](#)
[设置](#)

[沪ICP备06003546号-2](#) [京公网安备 31011502007476号](#)