

最高灵敏度的串联四极杆线性离子阱
大气压电离质谱系统



4000 Q TRAP®

LC/MS/MS 系统

美国AB SCIEX公司

公司简介

美国AB SCIEX公司是世界上著名的分析、生化仪器公司，同时也是世界上最大的有机质谱仪、生物质谱仪供应商。在串联四极杆、飞行时间质谱仪上不断推陈出新，拥有众多的专利技术，在全球市场占有率与用户满意度排行榜上高居榜首，是世界上最大的LC/MS/MS系统生产基地。2002年又推出世界上第一台串联四极杆线性离子阱质谱仪，一直领导着LC/MS/MS技术潮流，建成最大的MALDI-TOF研发基地，拥有蛋白质、多肽和差异表达定量分析试剂盒等多项专利，处于世界领先地位，在2006年又发布了基于HPLC/MS/MS技术的食品安全分析平台和毒物筛平台“可立快”，2007年6月公司又向市场推出了超快速定量系统“闪电定量系统—FlashQuant”它是MALDI电离方式与串联四极杆质谱的完美结合。

美国AB SCIEX公司的质谱仪以其优异的性能、完善的售后服务和技术体系以及全球闻名遐迩的品牌效应迅速得到中国质谱专家和广大用户的认可。以清华大学、北京大学、南京大学、复旦大学、浙江大学、北京师范大学、西安交通大学、吉林大学、山东大学、兰州大学、华中农业大学、湖南师范大学、中科院上海药物所、中科院上海有机所、中科院大连化物所、中科院长春应化所、中科院广州地化所、中科院昆明植物所、军事医学科学院、中国医学科学院、中国预防医学科学院、北京协和医院、第一军医大学、第三军医大学、国家人类基因组南方、北方研究中心等为代表的一大批大学、研究所、以及三十余家出入境检验检疫系统和超过二十家的国家药品临床研究基地等，纷纷选购了美国AB SCIEX公司的质谱仪，取得了很多重大科研成果，并获得良好的经济效益。

专业的质谱公司，卓越的仪器性能，优异的售后服务，美国AB SCIEX公司系统愿与您携手，为人类创造更好的医疗健康及生存环境。



4000 Q TRAP[®] LC/MS/MS系统是真正具有高性能线性离子阱扫描功能和串联四极杆高灵敏度性能的系统

新的应用领域

4000 QTRAP®系统将可靠的定性功能和高灵敏度的定量分析完美地结合在一起。此系统可应用于多个领域如蛋白质组学，新药发现,药物开发，食品安全，环境分析等方面。一次LC/MS/MS运行，就可真正实现串联四极杆的扫描与线性离子阱扫描同时进行，从而同时获得定量和定性数据。这是传统串联四极杆质谱系统难以实现的。

整体解决方案

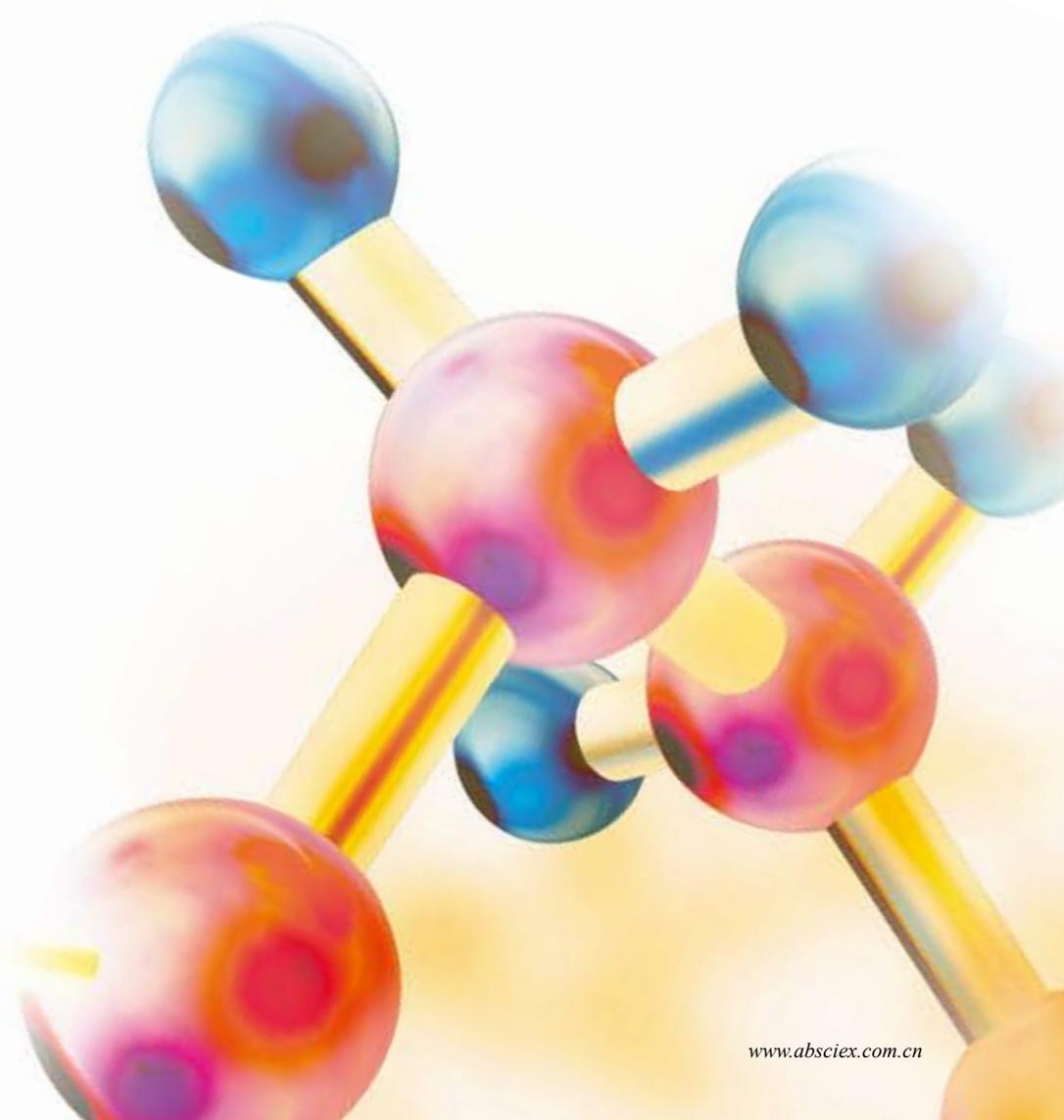
抗污染能力极强的4000 QTRAP®系统为高通量实验室建立了实验数据可靠性的新标准。此系统由于具有完整的自动化分析特征，它可完美地适应于客户实验室的工作流程，并能极大地提高客户的工作效率；此系统配套的软件完全符合美国FDA 21CFR Part 11的法规要求，美国AB SCIEX公司可向客户提供系统认证服务。

能力超群的工业标准及软件

4000 QTRAP®系统配置了功能超群的软件Analyst®和BioAnalyst™，极大地简化了分析方法的建立，数据采集方式更加完善，数据处理更加合理。软件的自动化处理能力使获得的数据更加可靠，软件的视窗设计使的操作更简化，并可控制多种厂家的液相色谱仪。

药物发现和研发的方案

4000 QTRAP®系统所具有的超高灵敏度的定量分析能力（MRM）和线性离子阱技术的超高灵敏度的全扫描能力以及优异的软件Analyst®可为新药开发的客户实验室提供总体解决方案。此系统可将Metabolite ID, Pro ID, Pro ICAT功能与Celera的Discovery系统（CDS）有机地结合起来，再利用4000 QTRAP®提供的高灵敏度数据，可为客户提供最有用的信息，这是任何其它仪器所不能企及的。



4000 QTRAP[®]系统不只能做所有的事，

无与伦比的串联四极杆和线性离子阱灵敏度

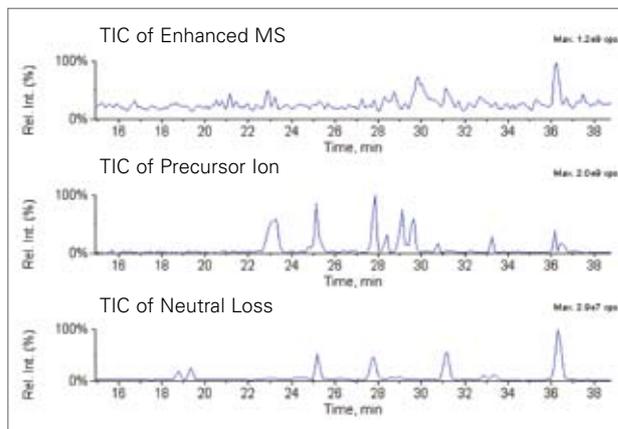
优异的串联四极杆性能，专利技术的高压聚焦碰撞室和线性离子阱技术集于一体的4000 QTRAP[®]系统极大地提高了全扫描和MS/MS扫描的灵敏度，才能确认更低丰度的代谢物，蛋白质以及后翻译修饰。

最高灵敏度的MRM

4000 QTRAP[®]系统在MRM扫描方式下，有最高的定量灵敏度，最宽的动态范围，可确保对小分子和小肽的最低浓度的定量检出限。

MS³扫描功能

三级质谱扫描功能再结合串联四极杆的质谱碎片扫描功能，一次进样可提供更多有用的信息包括详细的结构信息和药物代谢途径。

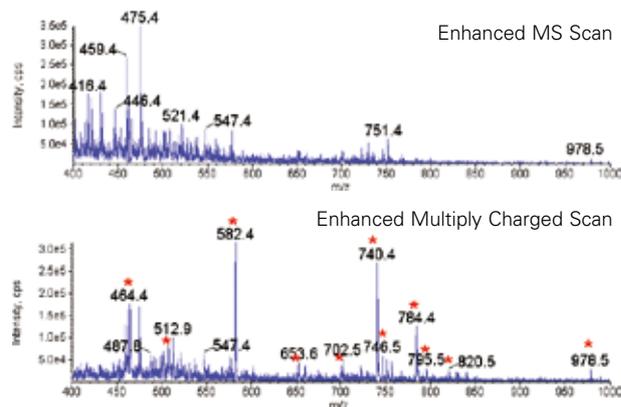


高选择性的母离子扫描和中性丢失扫描能提炼出非常有意义的信息

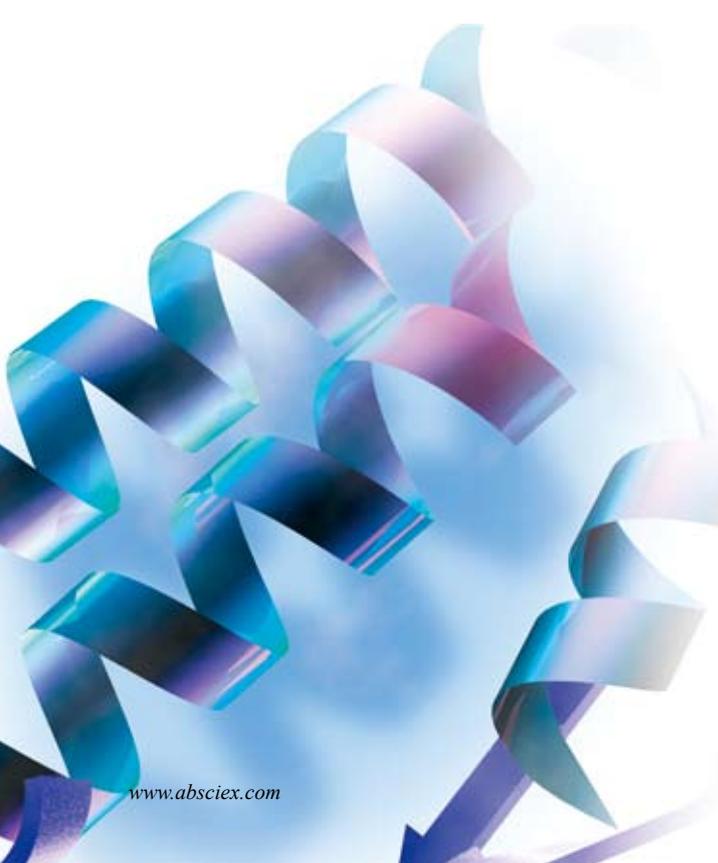
高级扫描功能

高灵敏度中性丢失扫描、母离子扫描和增强多电荷扫描联合使用，可极大提高化合物结构分析的速度。

在LC/MS/MS方法中建立信息关联采集 (IDA) 逻辑扫描方式，可提供大量目标化合物的质谱碎片结构信息；在4000 QTRAP[®]中，其独特的IDA功能可将串联四极杆的扫描方式与线性离子阱的扫描方式有机地结合在一起，获得目标化合物的大量质谱碎片信息。



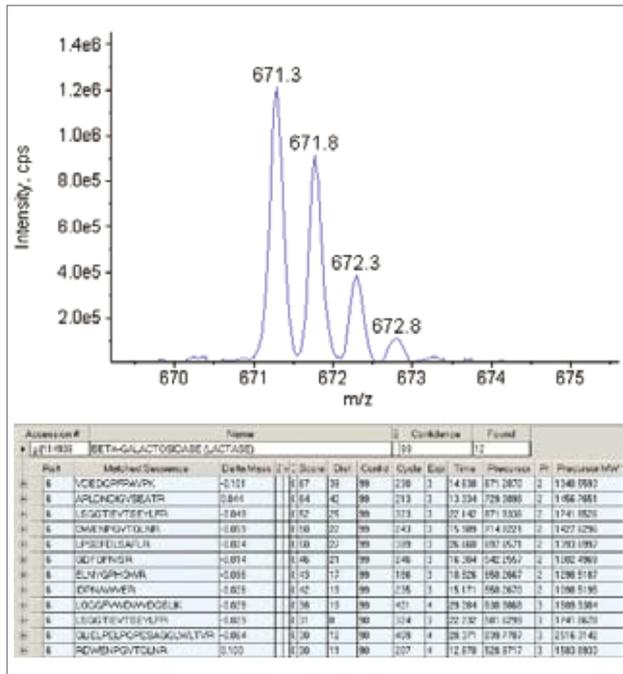
增强多电荷扫描能极大消除单电荷质谱碎片而且能提高目标肽离子的丰度



而且能做的更好

高分辨扫描—提高质量精确度

新一代线性离子阱技术具有增强分辨扫描功能，能获得可靠的多电荷质谱图以及精确的同位素丰度比值和全扫描范围内质谱碎片的质量精度。



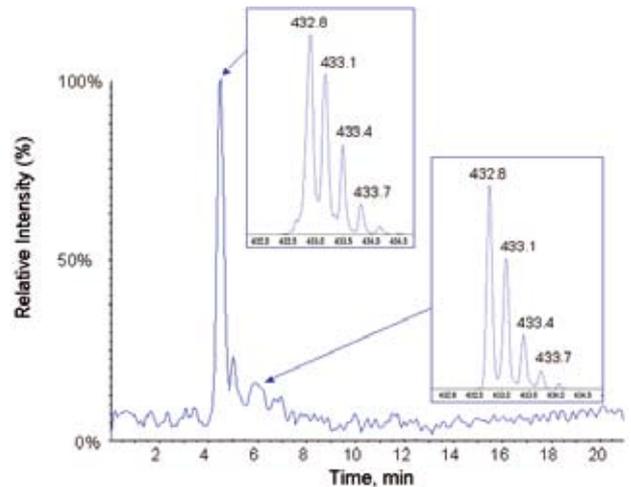
提高分辨和质量精确度能提高质谱库检索速度和特异性，从而确保结果的可靠性

即插即用离子源

4000 QTRAP®系统标准配置了抗污染能力极强的Turbo V™离子源，它能适用液相色谱的不同流速，同时很方便地进行ESI和APCI探头互换，以满足用户的不同需求，此质谱系统还可配置ESI/APCI复合源、NanoSpray®离子源。

动态填充时间 (DFT)

4000 QTRAP®系统具有自动计算离子填充到线性离子阱的时间功能。当离子强度大时，为了消除空间电荷效应，系统会自动减少填充到离子阱内的离子时间，而当离子强度小时，系统会提高离子的填充时间，以提高信号强度。

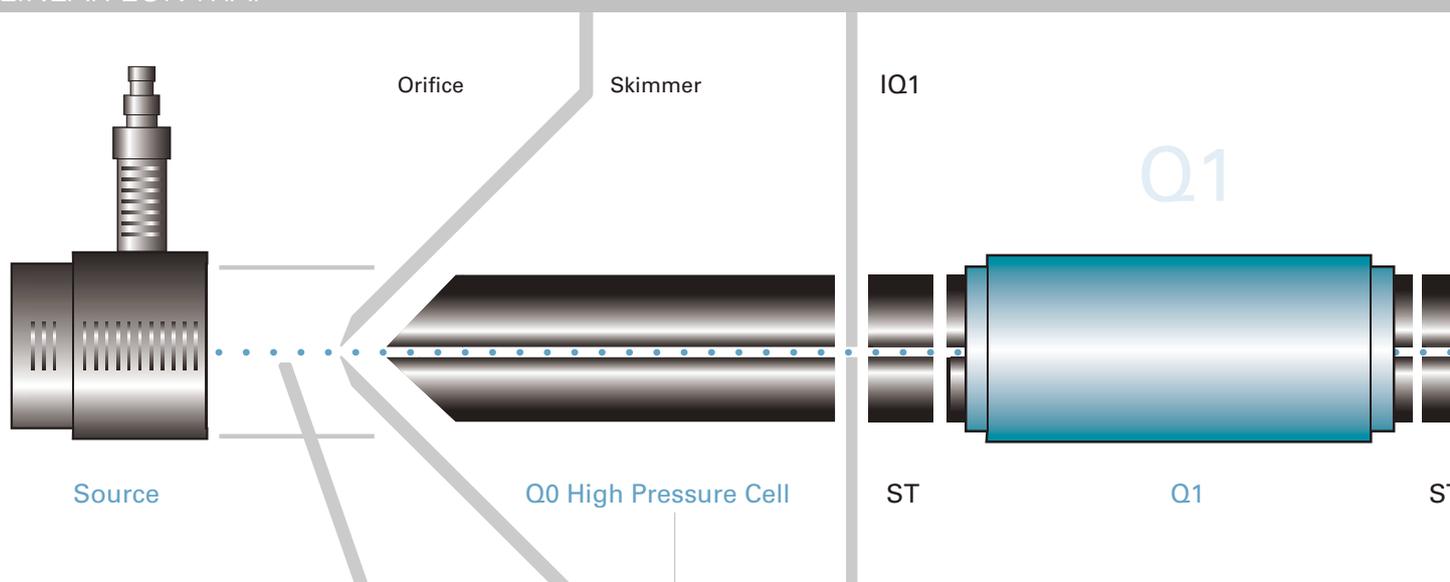


动态填充时间确保在浓度范围很宽的情况下，能产生高质量的数据

线性离子阱技术将质谱的性能和灵敏度

4000 QTRAP®系统是质谱技术的又一划时代技术革新，它将串联四极杆质谱的独特定量定性技术同时集合于一个系统上，特别是美国AB SCIEX公司的线性离子阱技术（LIT），具有高效的离子捕获功能，离子容量大等特点，使此系统无论是定量分析还是定性分析，都具有极高的灵敏度，从而适应于所有的分析检测领域。

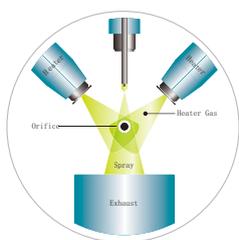
LINEAR ION TRAP



具有专利技术的Q0高压聚焦技术

Q0聚焦技术—独特的高压聚焦技术极大提高离子的传输效率

Q0捕获技术—离子在Q0区域可以进行积累，而Q3在进行MS/MS和MS³扫描时可进行离子阱的扫描；其结果是提高了离子的利用率，也提高了系统的灵敏度。



新的TurboV™离子源

内嵌陶瓷加热器技术提高了雾化气的效率，这样可极大地提高系统的灵敏度，而且可满足液相范围很大的流速要求；ESI探头和APCI探头的互换方便快捷。



新的纳升喷雾离子源和接口

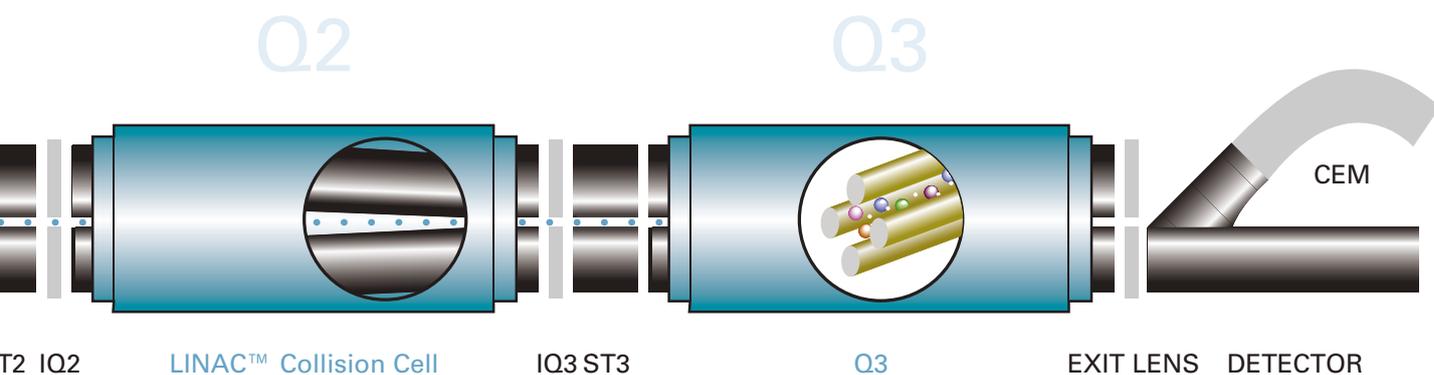
新的纳升喷雾离子源可实现多种形式的喷雾—离散纳升喷雾，纳升流速喷雾和微升流速喷雾。同时配置了新的接口，使其更具抗污染能力，提高离子的传输效率。

提高到一新的高度



“4000 QTRAP®系统是真正的复合型质谱系统，它是世界上最灵敏的三重四极串联四极杆质谱仪，同时也是世界上最灵敏的线性离子阱质谱仪，当同时进行两种质谱技术的扫描时，其灵敏度相互不受任何损失。”

---美国AB SCIEX公司高级科学家Jim Hager博士



具有专利技术的LINAC®碰撞池技术

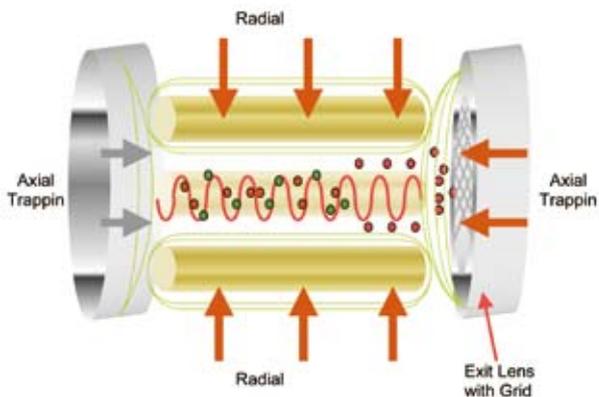
LINAC®高压碰撞池可以加速离子传输速度，减少离子住留时间，提高灵敏度。

具有专利技术的Q3线性离子阱技术

Q3是用四极杆形成的线性离子阱，线性离子阱可极大地提高离子阱的性能，同时维持完整的三重四极杆串联质谱的性能：

- 大的离子容量 线性离子阱的离子容量是传统三维离子阱离子容量的70倍，可消除三维离子阱固有的空间电荷效应，提高扫描的灵敏度。
- 进样量提高，离子阱的效率提高 离子在线性离子阱的离子路径比三维离子阱的长30倍，这样离子就有更多时间衰减能量，从而提高离子的捕获能力。
- 新的动态填充时间（DFT） 离子填充时间随着离子强度而动态变化，可以确保数据的质量。
- 循环时间短 快速扫描能力可以在很短的时间内获取更多信息，在一个色谱峰上具有更多的扫描数据点，提高了数据的可靠性。
- 无三维离子阱的质荷比截止效应 质谱碎裂扫描（LINAC®碰撞池）和离子阱扫描（Q3）在空间上分开的，这样可以捕获和分析低质量端的离子。

Q3线性离子阱工作模式

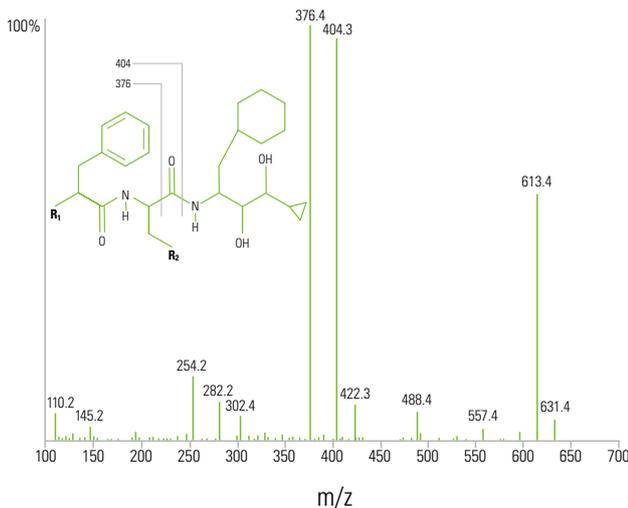


自动进行代谢物的鉴定与确认

4000 QTRAP®系统具有的最高定量灵敏度（MRM）和独特的扫描功能，以及根据MRM方式进行MS/MS和MS³扫描功能，可确保在一相和二相代谢物分析中能快速鉴定、描述和确认相关的代谢物。

在复杂的生物基质中，利用三重四极杆扫描功能的独特选择性如母离子扫描（PI）、中性丢失扫描（NL）再结合药理学和MS/MS谱图就可以鉴定出已知的和未知的代谢物；最高灵敏度的三重四极杆质谱扫描方式PI和NL可确保能检测出浓度很低的代谢物；而利用线性离子阱的高灵敏度扫描功能可以进一步确认代谢物。

Parent Drug MS/MS



母药 (m/z 631) 的子离子扫描质谱图，有两个丰度很离子质谱碎片 (m/z 404, m/z 376)

为了分析一相和二相已知的目标代谢物，MRM扫描方式提供极其灵敏和极高选择性的途径。下面例子中，潜在的一相代谢物根据理论MRM扫描进行自动筛选，其中有六个潜在的母药共同生物转化方式被鉴定，其中具有两对质谱碎片离子的代谢物是来自于母药的MS/MS质谱碎片。

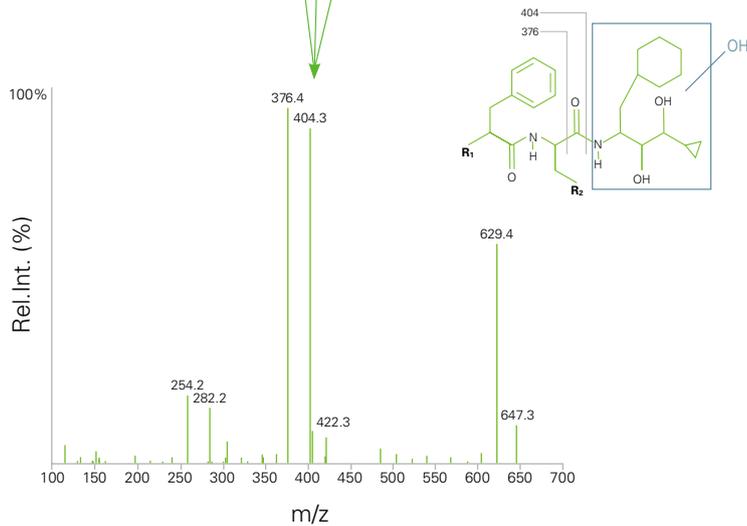
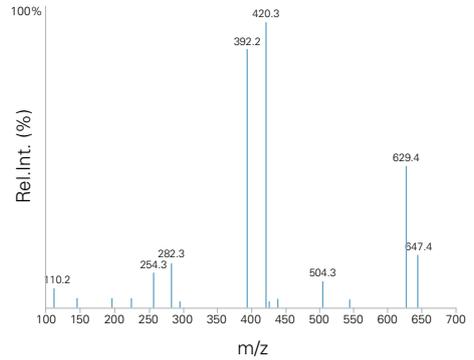
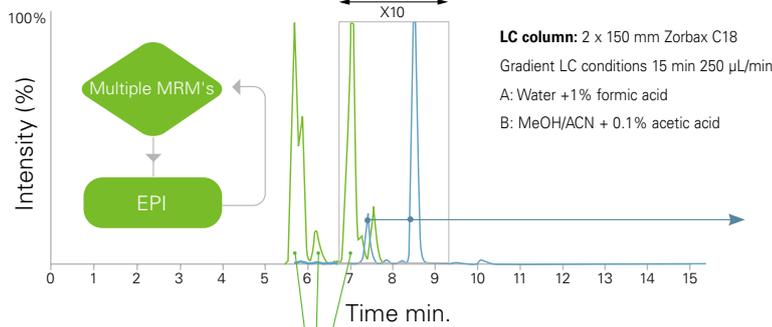
4000 QTRAP®系统可同时监控大于300对MRM离子对。为了降低根据MRM离子对鉴定出错误的代谢物，系统可根据触发MS/MS和MS³扫描产生的质谱图来确认代谢物的结构。

Six Phase I transformations yield 26 MRM transitions

Compound	(M+H) ⁺	Frag. Shift	No Shift	Frag. Shift 2	No Shift 2
Drug	631	404		376	
Hydroxy	647	420	404	392	376
Methylation	645	418	404	390	376
Dehydroxylation	614	387	404	359	376
Demethylation	617	390	404	362	376
Methylation + Hydroxylation	661	434	404	406	376
Dehydrox + Methylation	629	402	404	374	376

通过子离子扫描确定相应的母离子和子离子信息，通过设定六个生物转化模式（用户定义或代谢软件）就可自动产生26个理论MRM离子对采集方法

Hydroxylation metabolite mass chromatograms



Extracted ion chromatograms (XIC) for two MRM transitions, 647 \rightarrow 404 and 647 \rightarrow 420 of the parent drug in rat hepatocytes are displayed above. Five hydroxylation metabolites were confirmed with MS/MS. For three metabolites, shown in the green 647 \rightarrow 404 XIC, the MS/MS spectrum clearly indicates the site of hydroxylation is present in the blue box.

Comparison of EMS vs. MRM

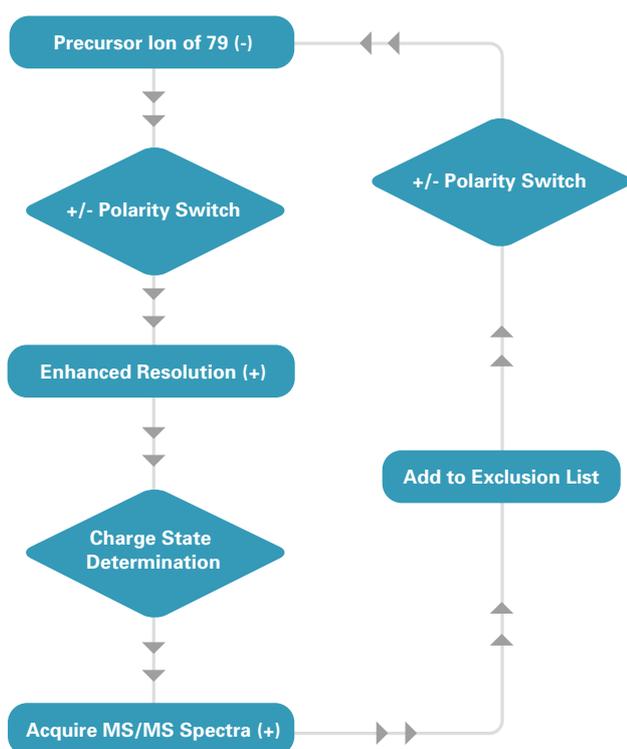
Metabolite	(M+H) ⁺	EMS	MRM
Drug	(631)	1	1
Hydroxylation	(647)	2	5
Methylation	(645)	1	3
Dehydroxylation	(614)	0	1
Demethylation	(617)	0	1
Methylation + Hydroxylation	(661)	0	1
Dehydroxylation + Methylation	(629)	0	2
Total		4	14

In a single 15-minute run, targeted MRM analysis significantly increased the number of identified and confirmed metabolites compared to traditional full scan enhanced MS analysis, a standard 3D ion trap scan mode.

用三重四极杆质谱独特的扫描方式，根据理论设定的MRM离子对来鉴定代谢物，用IDA触发MS/MS扫描方式可确证代谢物结构。

快速、自动工作流程在复杂蛋白样品分析中能快速鉴定PTMs

复合型4000 QTRAP®系统工作流程确保能进行自动化研究后翻译修饰（PTMs）。利用系统高灵敏的母离子扫描和中性丢失扫描功能，以及其高灵敏的线性离子阱MS/MS扫描功能，在一次进样中就可快速获得可靠的结果，如果用传统的三重四极杆串联质谱分析，可能需要多次实验才能获得。

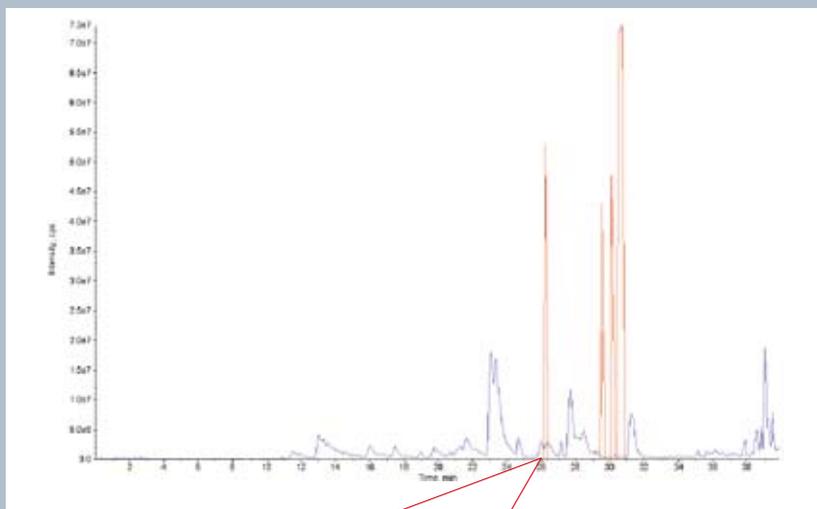


自动PTM发现流程使用了信息关联采集 (IDA)

- 在负离子电离模式下，进行m/z79的母离子扫描
- 极性切换为正电离模式下
- 正离子增强分辨扫描（ER）确定离子带电荷情况和精确质量测定
- 正离子增强子离子扫描（EPI）
- 用Pro ID软件或De novo测序方式进行数据库检索来鉴定蛋白和磷酸化位点

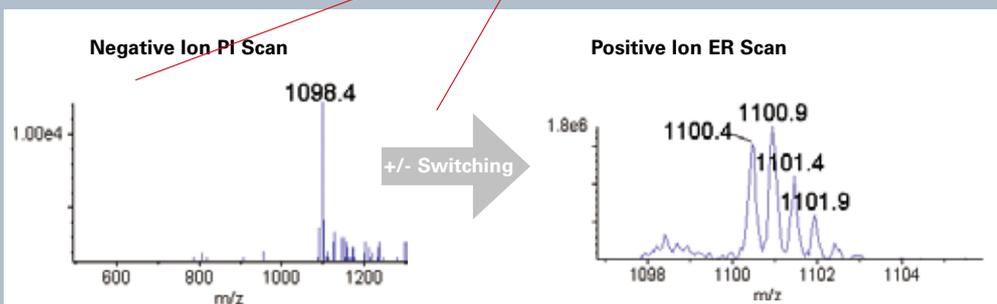
在自动化PTM工作流程中，信息关联采集（IDA）将多种高级扫描功能关起来，可鉴定磷酸化肽并定位磷酸化位点。

在负离子模式下，高灵敏度的m/z79母离子扫描可确定能被磷酸化的多肽离子；丰度最大的质谱碎片离子被自动切换到正离子模式下进行扫描；增强分辨扫描（ER）可确定质谱碎片的带电荷情况，并能指定一精确同位素质量；随后对这些离子进行增强子离子扫描（EPI），就能获得这些离子的二级质谱碎片，用这些质谱碎片离子来确证肽序列和磷酸化位点。

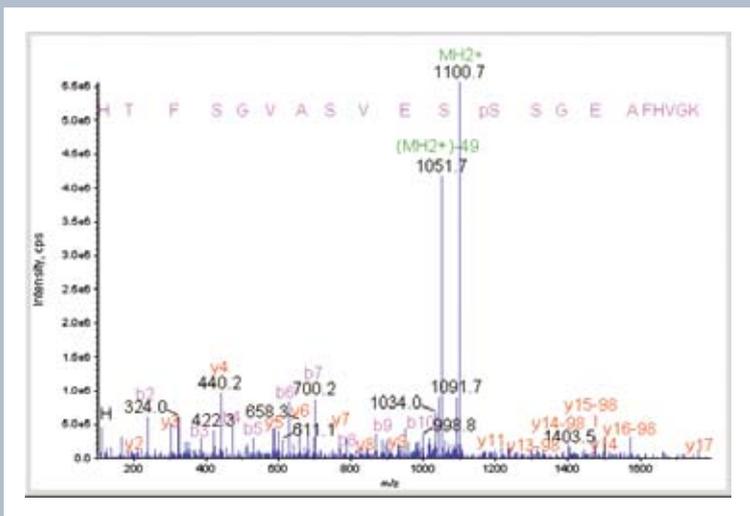


在4000 QTRAP®系统用其独特的自动化PTM发现工作流程分析还原和烷基化标准糖蛋白（胎球蛋白）的胰蛋白酶水解产物。

负离子模式下的母离子扫描（PI）（红色TIC图）和正离子模式下的全扫描（蓝色TIC图）的数据说明母离子扫描有很好的特异性，并且能很好地鉴定磷酸化肽。



最大丰度的母离子扫描色谱峰将自动切换为增强分辨扫描，IDA能自动识别哪些离子进行极性切换扫描，并能给出相应的精确同位素。左图中，在负离子扫描模式下，用母离子扫描方式找到一质荷比为1098.4的质谱离子，然后切换至正离子模式下进行增强分辨扫描，检测出一组精确质量同位数的质谱离子，从中可以知道质荷比为1100.4的离子是一带二个电荷的离子。



由母离子扫描确认的每一个质谱离子再进行灵敏的增强子离子扫描，就可获得相对应的质谱碎片离子，这些碎片离子通过BioAnalyst™软件和Pro ID软件分析，就可确认磷酸化肽的蛋白质归属，同进也就确认了磷酸化位点。

▼ Fragments [Precursor MW = 2198.7863, Charge = 1] 45 of 147 matched - 31%

X H: HTFSGVASVESVDSGGEAFHVGK [OH] 0.1771 Ion charge: 1

	Residue	Mass	Intronium	a	a-H8O	b	b-H2PO4	y	y-H2PO4
1	H, His	137.0589	776.6753	776.6753	93.0447	130.0662	40.0893	2199.9707	2101.9930
2	T, Thr	101.0477	74.0600	211.1190	194.0924	239.7739	141.1370	2062.9117	1964.9348
3	F, Phe	147.0684	120.0808	358.1874	341.1608	386.7823	288.2054	1961.8641	1863.8872
4	S, Ser	87.0320	60.0444	445.2194	428.1928	473.2143	375.2374	1814.7956	1716.8188
5	G, Gly	57.0215	30.0336	502.2409	485.2143	530.2358	432.2569	1727.7636	1629.7867
6	V, Val	99.0684	72.0808	605.3093	584.2927	629.3042	535.3273	1670.7422	1572.7653
7	A, Ala	71.0371	44.0495	672.3464	655.3198	700.3473	602.3644	1577.6737	1473.6968
8	S, Ser	87.0320	60.0444	759.3784	742.3518	787.3733	680.3964	1500.6366	1402.6597
9	V, Val	99.0684	72.0808	858.4468	841.4203	886.4417	788.4648	1413.6046	1315.6277
10	E, Glu	129.0426	102.0550	967.4934	970.4629	1015.4843	917.5074	1314.5362	1216.5583
11	S, Ser	87.0320	60.0444	1074.5214	1057.4948	1102.5164	1004.5395	1195.4936	1097.5167
12	J, PheS	166.9984	140.0107	1241.5198	1224.4933	1269.5147	1177.5378	1098.4816	1000.4947
13	S, Ser	87.0320	60.0444	1328.5518	1311.5253	1356.5468	1258.5699	937.4632	833.4863
14	G, Gly	57.0215	30.0336	1385.5733	1368.5468	1413.5682	1315.5913	844.4372	746.4543
15	E, Glu	129.0426	102.0550	1514.6159	1497.5893	1542.6108	1444.6339	787.4097	689.4328
16	A, Ala	71.0371	44.0495	1585.6530	1568.6265	1613.6479	1515.6710	658.3677	560.3902
17	F, Phe	147.0684	120.0808	1732.7214	1715.6948	1760.7163	1662.7394	587.3300	489.3531
18	H, His	137.0589	776.6753	1669.7803	1652.7538	1697.7752	1799.7984	440.2616	342.2847
19	V, Val	99.0684	72.0808	1968.8487	1951.8222	1996.8437	1898.8668	383.2927	285.2258
20	G, Gly	57.0215	30.0336	2025.8702	2008.8437	2053.8651	1955.8882	264.3343	166.1574
21	K, Lys	128.0950	101.1073	2153.9652	2136.9386	2181.9601	2083.9832	147.1120	49.1359

用BioAnalyst™软件进行离子的匹配分析。实验检测的质谱碎片离子与理论质谱碎片离子进行匹配分析比较，包括多肽从b端和y端丢失磷酸的具有磷酸化特征的信息。

生物标志物验证与确认的新方法： MIDAS Workflow

生物标志物 (Biomarker) 的发现是一个复杂而漫长的过程。在此研究过程中可能会面临各种困难与挑战。其一，蛋白质类生物标志物在体内变化不大，难于检测。通常不是有和无的变化，而仅是体内浓度发生相应改变，这种变化量基本上都小于10倍，通常在5倍变化量以内；其二，个体之间，甚或于同一个体的不同批次样本之间，存在本底差异，难于区分。实验证明，临床样本之间的差别大于动物样本，而动物样本差异大于细胞培养样本；其三，最有效的标志物通常浓度很低，而样本量也有限，所以要求分析手段必须具备极高灵敏度；最后，生物体内变化极其复杂，即使获得有很好灵敏度与特异性的单个标志物，要想通过设定此单个标志物的精确阈值来标定某一生理状态仍然非常困难。所以，通常生物体某一生理状态需由多个标志物共同标定，而非单一标志物可完成。

一般来说，生物标志物的发现包括鉴定 (Discovery)，验证 (Verification)，确认 (Validation) 三个步骤。而后，再进入临床检验等更深入的阶段。鉴定步骤可以通过生物质谱仪与蛋白质差异表达定量等相关技术完成。但由于Biomarker必须具备广泛的代表性与标志性，所以验证与确认步骤的样本量通常是鉴定阶段的数十至数百倍，因此，验证与确认Biomarker的技术方法需满足四个要点 (4S要点)：速度快 (Speed)，特异性高 (Specification)，灵敏度高 (Sensitivity)，具有统计学意义 (Statistics)。而目前常规的Western Blot或ELISA方法，由于成本高，速度慢，特异性抗体制备

难度大等技术难题，很难在进行大批量样本验证与确认阶段中发挥主要作用。因而需要新的技术完成此项工作。

美国AB SCIEX公司充分认识到生物体标志物验证与确认工作的重要性，复杂性和广大研究人员的迫切需求，在此一领域投入巨大资源，结合QTRAP®系列质谱系统的独特功能与扫描模式，创造性的开发出MIDAS (MRM Initiated Detection And Sequencing) 技术方案，在满足4S要点的基础上，精确，快速，简便的完成大样本量的生物标志物验证与确认工作。

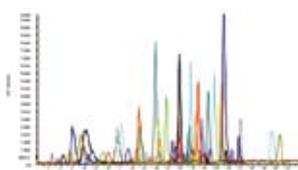
其它各类技术方法 (包括蛋白质组学相关技术，基因组学相关技术，各类已发表文献等) 鉴定的具有潜在生物体标志物性质的蛋白质或基因，只需知道该分子的基因序列或氨基酸序列，就可应用MIDAS方法进行大批量样本的分子验证与确认工作。其主要工作模式如下：将分子的基因或氨基酸序列输入MIDAS Designer软件的序列框，设定相关参数后，软件自动构建MRM扫描模式所需要的母/子离子对的排列。而后，4000 QTRAP®质谱仪通过MRM扫描模式对大批量的样本监测是否有此母/子离子对排列的出现。如若信号出现，证明此分子在样本中存在，仪器将自动切换至MS/MS扫描模式，确定此母离子的碎片离子信息，并再次鉴定并确认该分子的结构。如若在MRM扫描工作中，未发现预期的母/子离子对出现，说明该分子在此样本中不存在。

使用NanoSpray®离子源配合4000 QTRAP® LC/MS/MS进行MIDAS检测。MIDAS技术流程如下图所示。

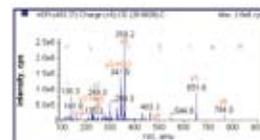
蛋白质序列

Q1	Q3	Sequence
537.3	488.3	IPQVITTK
545.2	496.2	MRMDAVVT
571.8	522.8	NFAVSAANR
617.3	568.3	SEPSPPDR
635.8	586.8	KNFAVSAANR
642.3	593.3	THSDVEALNK
651.8	602.8	ISSGALDQDK
677.8	628.8	IGTRMDEK
696.8	650.8	LFQVASTQMK
706.3	657.3	THSDVEALNK
708.4	660.4	NFAVSAANRFK

多肽MRM母子离子对



质谱检测和定量



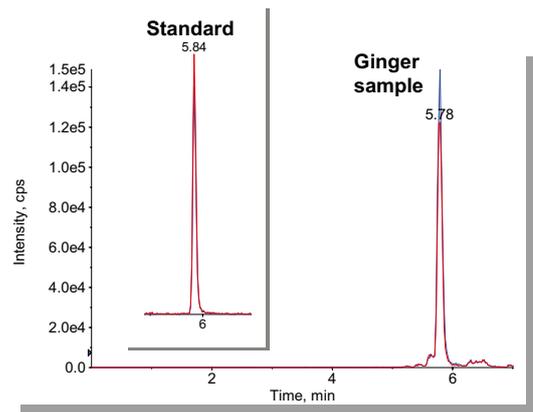
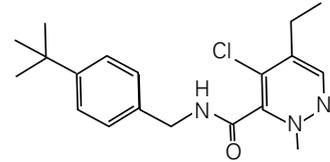
确认和测序

MRM引导的MIDAS工作流程图，所有预期的胰酶酶切蛋白质所产生的多肽通过MRM扫描模式监测，验证其是否存在，一旦信号被检测到，仪器会立刻自动切换到高灵敏度MS/MS采集，从而确认蛋白质的真实性

食品安全分析实例

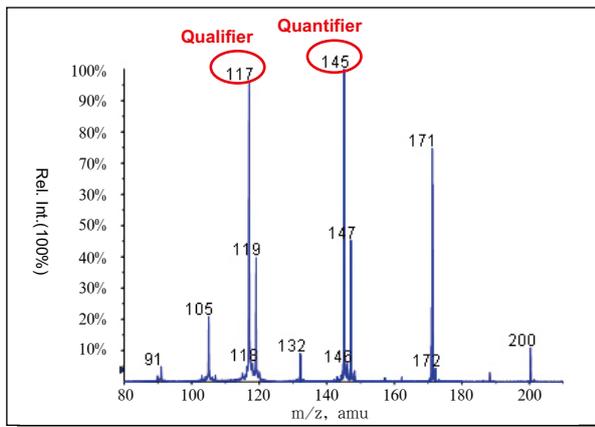
鲜姜样品中农药吡螨胺的确认和定量分析

- 计算浓度为 0.29 mg/kg
- 最大允许残留浓度 = 0.05 mg/kg
- 标样的平均离子比率(MRM) = 0.850 (RSD=8%, n=7)
- 鲜姜样品的离子比率(MRM) = 0.909
- 标准样品的保留时间在 5.84 到 5.87 min 之间(SD=0.01 min, n=7)
- 鲜姜样品的保留时间为 = 5.78 min
- 进一步确认是非常有必要的，因为在鲜姜样品中以前从来没有报导过发现吡螨胺农药的存在！

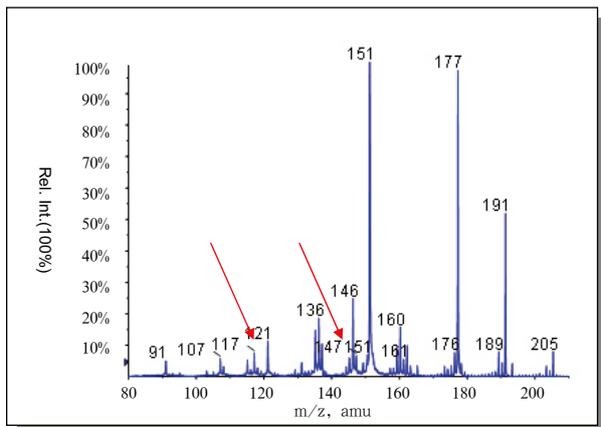


- 吡螨胺的M+1=334，用ESI⁺电离方式
- 通过API 4000 Q TRAP®系统的MRM-IDA-EPI增强子离子扫描方式，就可确认鲜姜中的色谱峰是否是吡螨胺

标准品中色谱峰的EPI质谱图



鲜姜样品中色谱峰的EPI质谱图



结论：通过线性离子阱的增强子离子扫描数据就可确认鲜姜样品中的色谱峰不是吡螨胺，虽然其色谱峰的保留时间和MRM离子对比率非常相似；这也说明当样品基质非常复杂时，即使用串联质谱的MRM方式进行分析，也会带来严重的干扰。

“可立快” (Cliquant™) 特点:

第一家专用于食品安全和环保领域的质谱中文软件



- 完全符合国际法规要求
- 完整的实验方法学—从样品处理方法到结果
- 简单的鼠标点击即可得到准确结果
- 数据安全性保护 / 身份识别
- 方法可扩展性
- 一目了然的报告格式
- 让初学者可以达到专家级的结果!!!

AB SCIEX中国公司

北京分公司

地址: 北京市朝阳区酒仙桥路14号
兆维大厦1001室

电话: 010-58081388

传真: 010-58671950

邮编: 100016

上海分公司及亚太区应用支持中心

地址: 上海市田林路888号
科技绿洲一号楼102室

电话: 021-24197200

传真: 021-24197333

邮编: 200233

广州分公司

地址: 广州市体育西路109号
高盛大厦15C室

电话: 020-85100200

传真: 020-38760835

邮编: 510620

免费服务热线: 8008203488

网址: www.absciex.com

www.absciex.com.cn

最新的线性离子阱 串联四极杆质谱技术的特点

如果你从事蛋白组学、药物发现或药物开发研究, 美国AB SCIEX公司的4000 QTRAP®线性离子阱三重四极杆串联质谱系统能使您的工作更加高效, 提供的数据更加可靠; 不仅如此, 还可极大地扩展您的研究领域。

要想获取更多信息请登录美国AB SCIEX公司的网站:

www.absciex.com

www.absciex.com.cn

