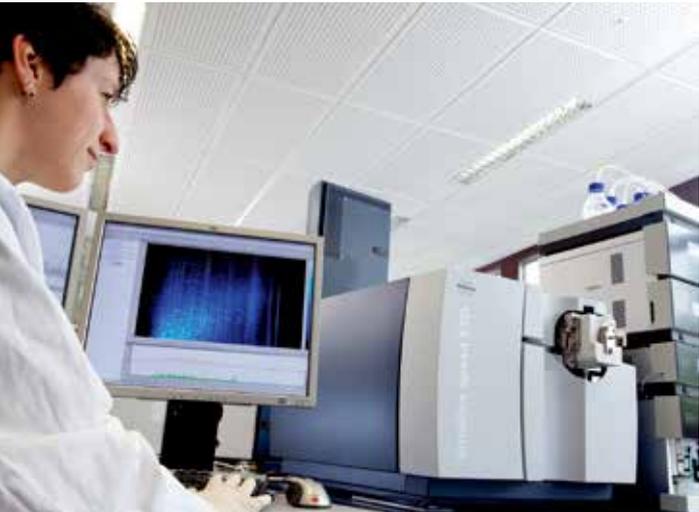




amaZon speed

- 超乎想象的性能

amaZon – 将速度转化为解决方案



amaZon speed为离子阱质谱仪在蛋白质组学和小分子应用上奠定了新的里程碑。在得到充分证明的高性能平台上，运用最新的离子阱技术,极大地提高了速度、分辨率、MS/MS效率和定量分析的重复性，从而达到无与伦比的高性能。

无与伦比的高性能来自创新

- 极短的MS/MS循环时间，最大的信息量
- 当今分辨率最高的离子阱质谱仪，在全扫描模式下，分辨率高达30,000
- 布鲁克专利的 RF发生器确保最高的质量精度
- 最佳的ETD功能：灵敏度最高、耐性最好、可靠性最佳
- 领先的双离子漏斗技术提高无与伦比的灵敏度
- 高达20Hz数据采集速度，并且实现“零时间延迟”正负模式切换
- 全新的SMART离子隔离和碎裂技术



● 加速您的成功

满足蛋白质组学的速度

- 自上而下 (Bottom-up)方法, 鉴定到更多的低丰度蛋白质
- 杰出的ETD/PTR技术, 全方位的翻译后修饰分析
- 自上而下测序 (Top-Down sequencing;TDS),最高序列覆盖率

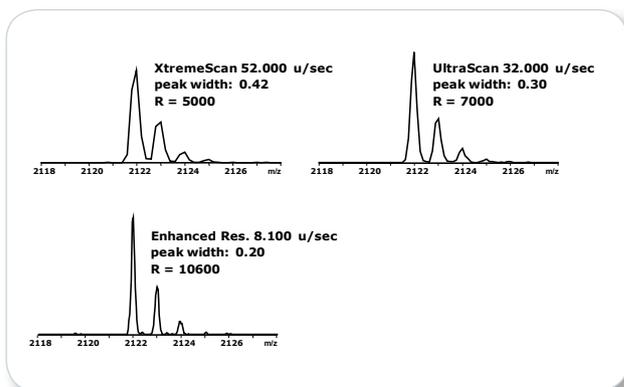
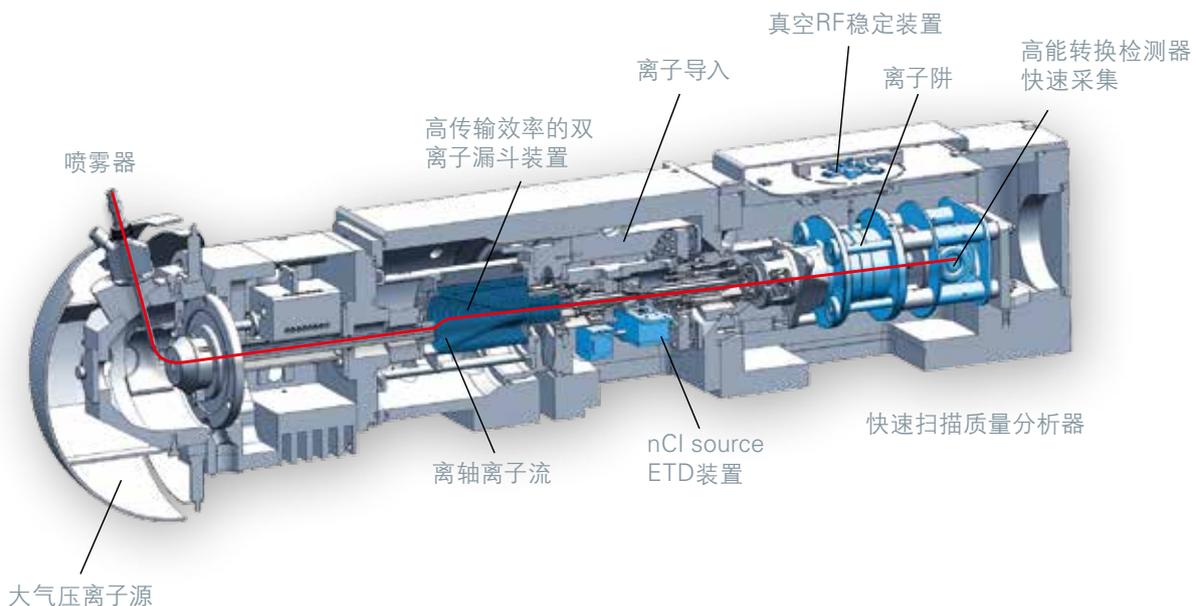
满足药物研究的速度

- 基于快速液相分离的液质联用药物定量分析
- 功能强大的软件包帮助完成代谢物鉴定和预测

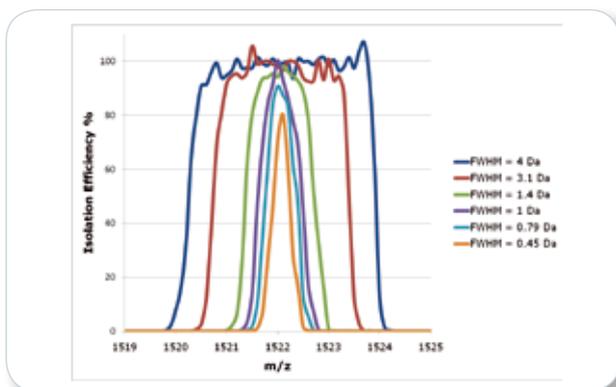
简单灵活, 适用于普通化学

- 即来即测, OpenAccess一键式软件包
- 快速MSⁿ 数据库搜索解决方案

最灵活的大气压电离源, 包括用于蛋白质组学的全新的CaptiveSpray™, APCI源和用于固体样品分析DIP源



不同扫描速度及相应分辨率。即使在最快的扫描模式 (XtremeScan) 下, 其峰宽依然低于0.5u, 足够确认2+价离子的价态



全新的快速隔离技术, 能在不损失灵敏度的情况下, 对质荷比高达1522的离子, 实现单同位素隔离。峰宽0.45 Da 的离子的隔离效率为80%。

将速度转化为蛋白组学信息

采用Bottom-up分析最大化鉴定蛋白数量

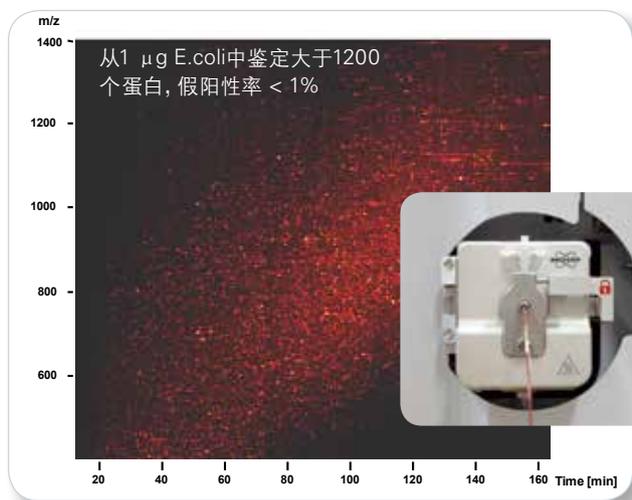
蛋白质组的复杂性还在挑战着分析技术。由于翻译后修饰的高动态范围和复杂性，需要最高的速度和灵敏度以鉴定更多的肽。amaZon speed 离子阱具有更快的二级质谱速度，创新性的快速隔离方式和SMART碎裂模式，为蛋白质鉴定树立了新的标准。通过对1 μg E.coli细胞裂解液的单针LC-MS/MS分析，可确信鉴定到>1200个蛋白。

卓越的动态范围

UPS-2是一种含有48个蛋白质的混合标准品，浓度范围跨越6个数量级。amaZon speed可以通过单针进样鉴定超过5种浓度范围的蛋白。

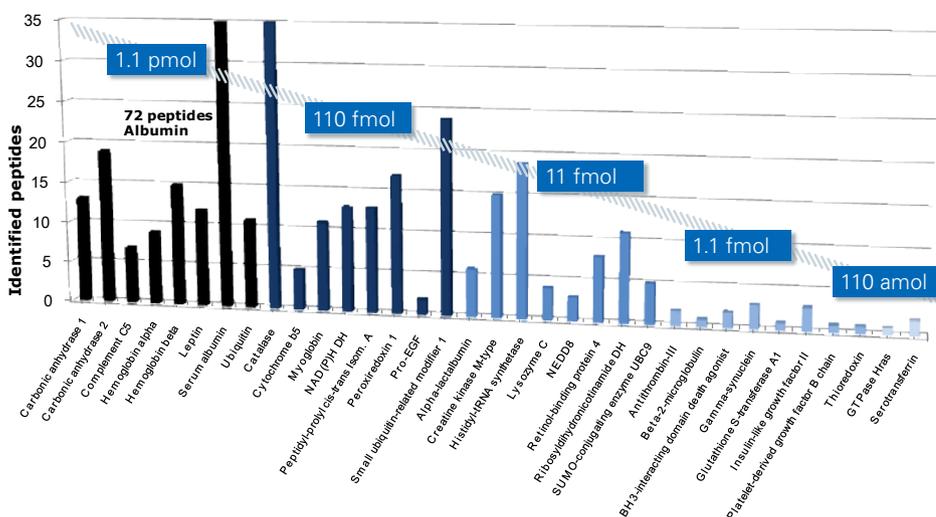
通过CaptiveSpray™ 实现高效、稳定和高序列覆盖率的分析

amaZon speed配备了高传输效率、稳定耐用Captivespray源，为Bottom-up研究提供了最高的性能和重现性。

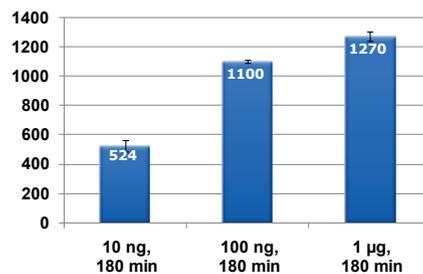


1 μg E.coli细胞裂解液样品的指纹图，采用25cm色谱柱，3h梯度纳升UHPLC分离，配备Captivespray离子源的amaZon speed ETD质谱系统检测。

鉴定超过5种浓度范围的蛋白混标UPS-2



鉴定蛋白数目

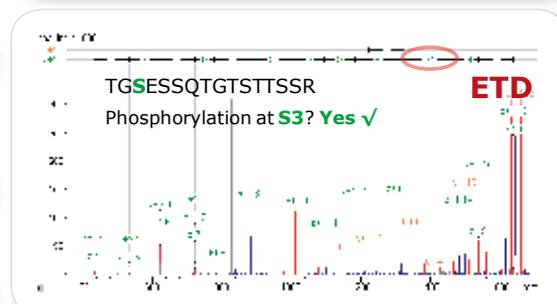
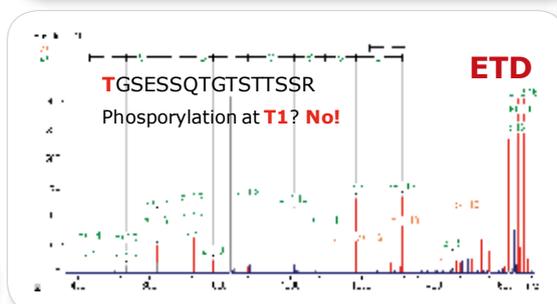
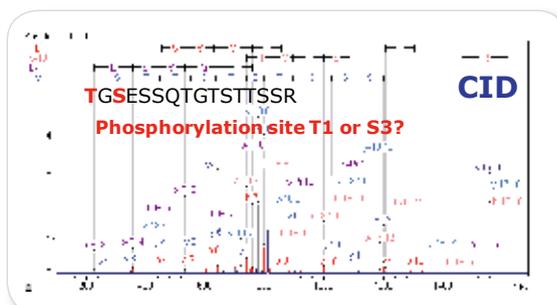
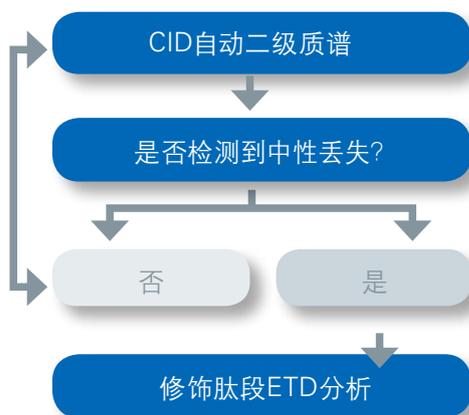


E.coli细胞裂解液中鉴定蛋白的数目 (三次试验平均结果)

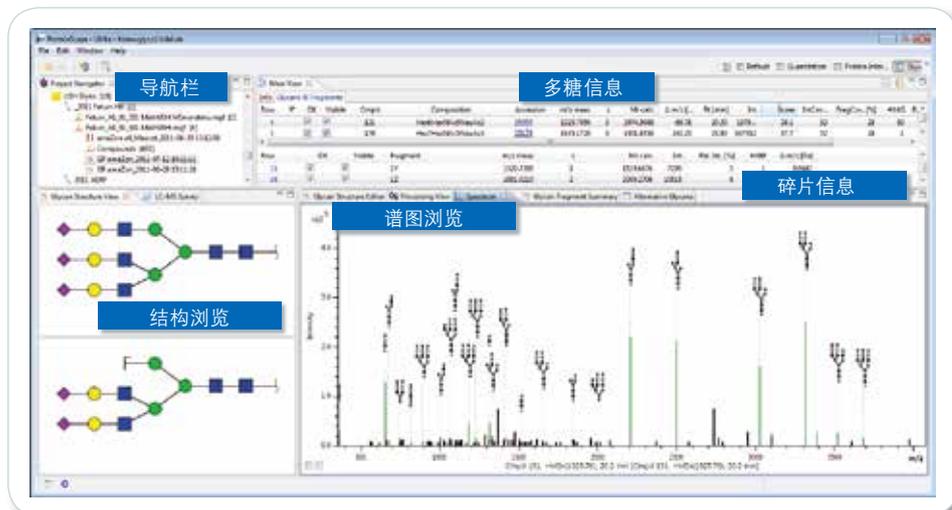
● 得到完整信息：PTM分析

完整的PTM分析

许多蛋白质的功能是通过可逆的翻译后修饰 (PTMs) 调控的, 如磷酸化。在PTM分析中, 蛋白鉴定和修饰位点的确定都是十分重要的。ETD方法适合分析在生物学上具有重要意义PTMs。与CID相比, ETD保留了修饰后肽的骨架结构, 可以确定修饰位点。采用经市场验证的ETD技术, amaZon speed是最灵敏和可靠的PTM分析工具。



人类来源蛋白IF4B中多肽TGSESSQT-GTSTTSSR (m/z 827.43 (2+)) 的CID和ETD谱图, 该多肽包含11个潜在的磷酸化位点。与CID相比, ETD可以确定磷酸化位于3位丝氨酸。



多糖分析

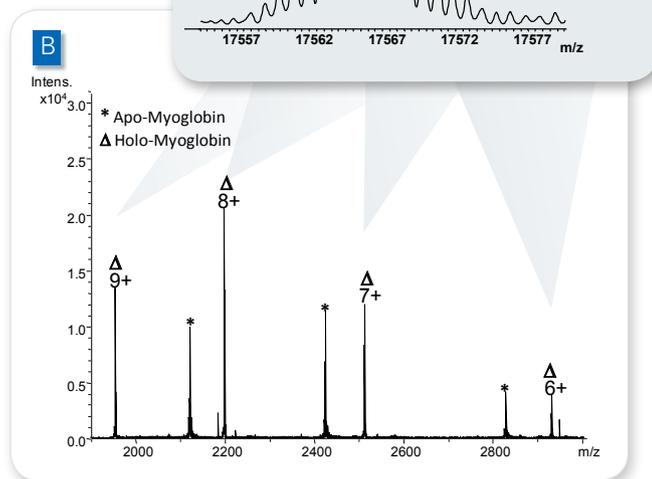
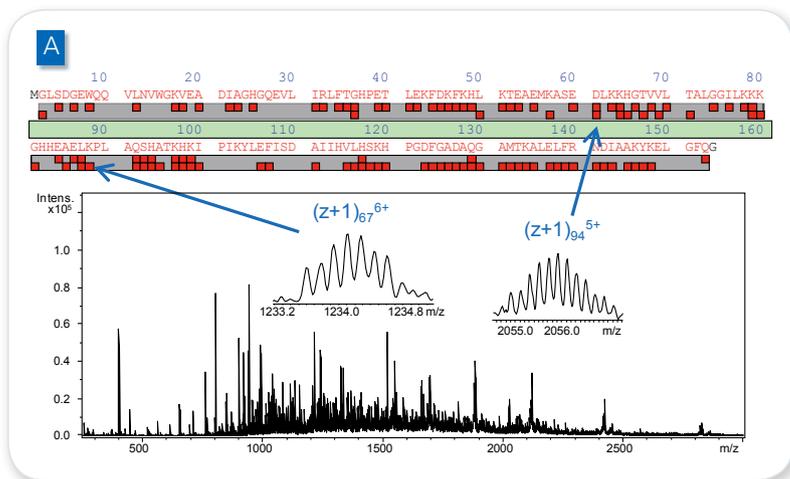
多糖分析是现代质谱法的难点之一。布鲁克创新专利技术GlycoQuest™ 多糖数据库搜索引擎, 作为ProteinScaper生物信息学软件包的功能之一, 为amaZon离子阱采集的数据提供多糖结构和相关鉴定工作的简单易用的检索服务。

ETD/PTR 用于自上而下(Top-down)的蛋白鉴定

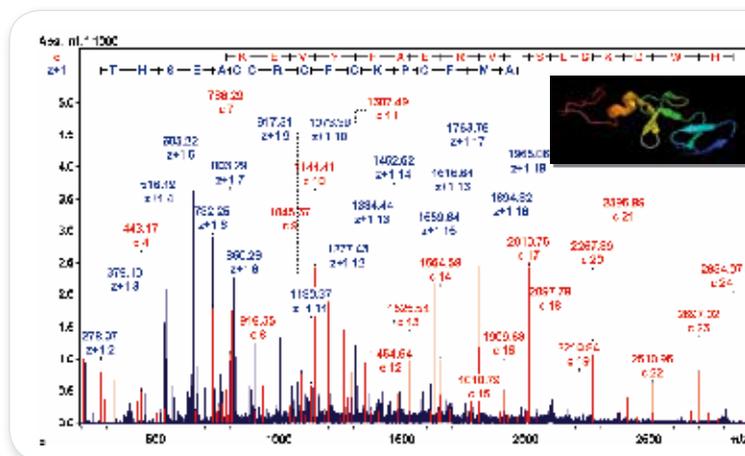
ETD/PTR无与伦比的二级质谱性能用于自上而下的蛋白鉴定

完整蛋白的自上而下序列测定需要高质量的二级质谱。ETD和PTR技术的强大结合，可以生成多电荷的碎片离子，并可对碎片离子的电荷数目进行控制。在amaZon speed的最大分辨率模式下，可以对大于16kDa的完整蛋白进行同时包括N-端和C-端的序列分析，如图中所示，肌红蛋白的鉴定序列覆盖率为98%（Mascot TDS数据库搜索结果）。

带6-9个电荷的肌红蛋白质谱峰，去卷积后的分辨率为32,000，这结果再次证明了amaZon speed在最大分辨率模式无与伦比的性能。



(A) Mascot TDS数据库搜索结果对序列的标注。马心肌红蛋白自上而下的ETD二级谱和PTR质谱。内插图显示了ETD碎片离子优异的分辨率；
(B) 肌红蛋白的电荷数在质子转移反应 (PTR) 下发生了变化。在最大分辨率模式下， $[M+8H]^+$ 、 $[M+9H]^+$ 能清楚分辨。



自上而下鉴定MALDI成像技术发现的生物标志物

结合自上而下的鉴定策略，布鲁克可为生物标志物的发现和鉴定提供整体解决方案。流程包括MALDI的组织成像，统计工具发现差异蛋白，并通过amaZon离子阱的ETD/PTR鉴定这些差异蛋白。图中所示为HER2阳性乳腺癌组织中发现的生物标志物CRIP1蛋白的鉴定结果。

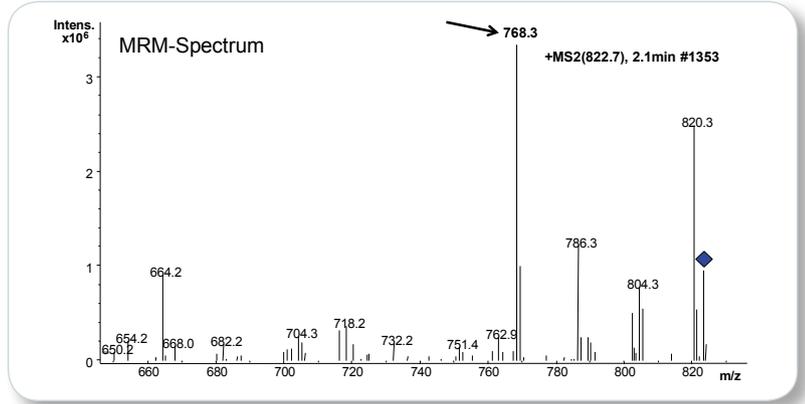


快速定量性能

加强药物疗效监测 (TDM) 的效率

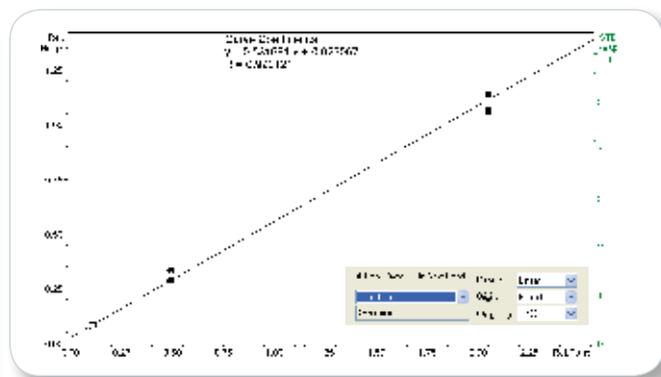
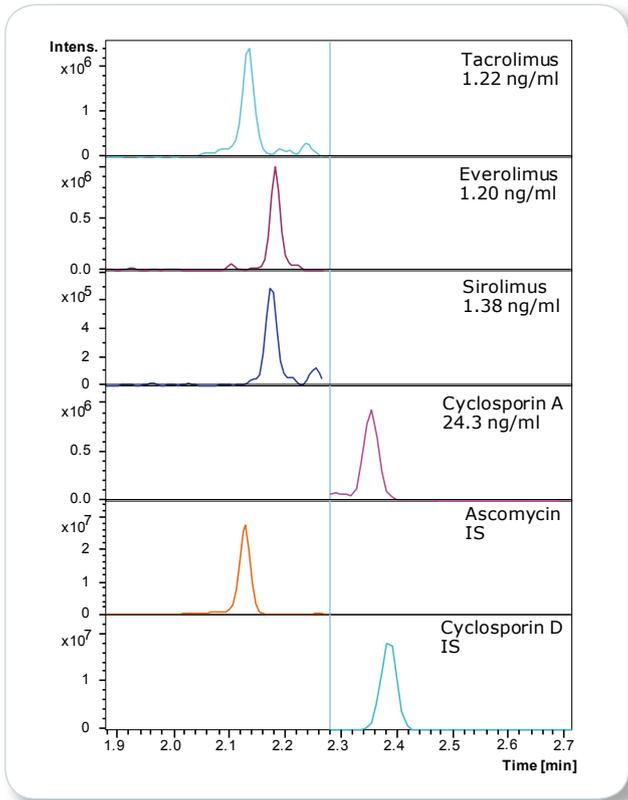
之前,可靠的常规定量分析多采用三重四极杆类的仪器。现在, amaZon speed MRM 模式速度和重现性的提高,可为复杂基质背景中目标化合物的定量分析提供快速而可靠的数据。

图中所示的是MRM模式下4种免疫抑制剂药物的定量分析结果。药物疗效监测的样品直接来自临床并转移到amaZon speed 系统测试,包括标准品,对照品和病人样品。SmartFrag™软件保证了高度重复的二级质谱质量。常规测试对照品的平局CV值小于10%并具有极好的灵敏度。分析具有高通量,图谱采集速度为14Hz,采用UHPLC, 3.5min梯度。



他克莫司标准品在最低浓度点1.2ng/mL下的全扫描二级质谱图,碎片离子m/z 768用于定量分析。与三重四极杆类仪器不同, amaZon speed中可以合并多个碎片离子用于定量。

药物疗效监测在临床中的标准	
目标	他克莫司, 西罗莫司, 依维莫司, 环胞素A
基质和样品制备	全血, 用MeOH/ZnSO4沉淀蛋白
所需定量限	1 ng/ml (他克莫司, 西罗莫司, 依维莫司) 24ng/ml (环胞素A)
所需线性范围	1-22 ng/ml (他克莫司, 西罗莫司, 依维莫司) 24-472 ng/ml (环胞素A);
时间	梯度: 3.5min; 样品分析时间: 4.5min;



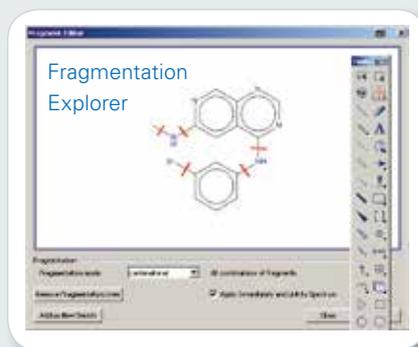
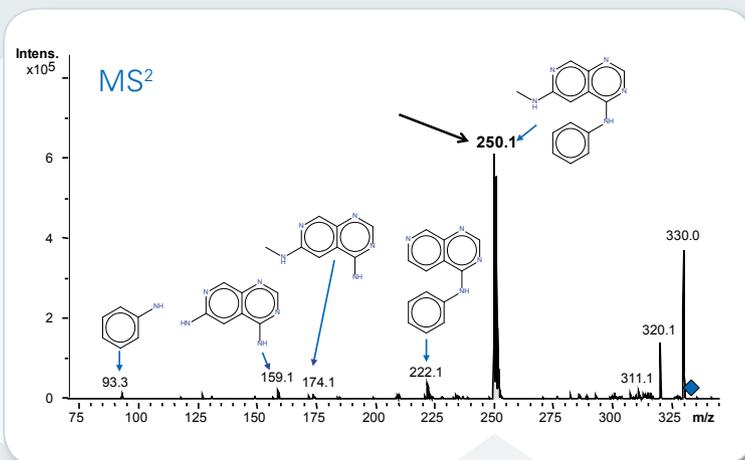
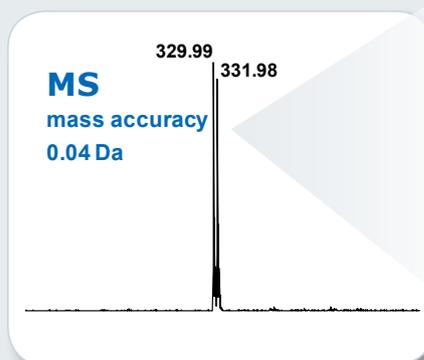
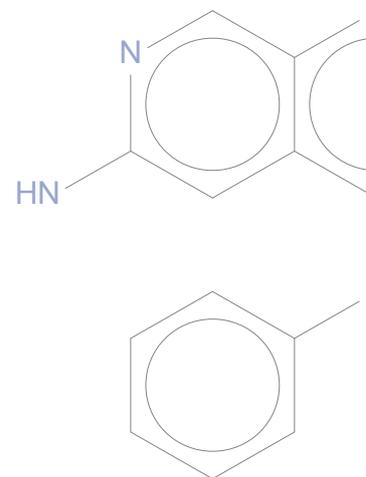
上图是他克莫司的定量标准曲线,线性范围覆盖整个临床常规定量分析需要,线性系数R=0.991。

四种免疫抑制剂药物在定量最低浓度点的提取离子流色谱图 (EICs),即使在临床所需最低浓度点,如他克莫司在1.2ng/mL,信噪比仍然大于360。因此,最低的定量限会更低,这远低于临床所需的最低浓度。血样经过蛋白沉淀,上清液直接进行UHPLC分析。子囊霉素和环胞素D作为定量的内标。

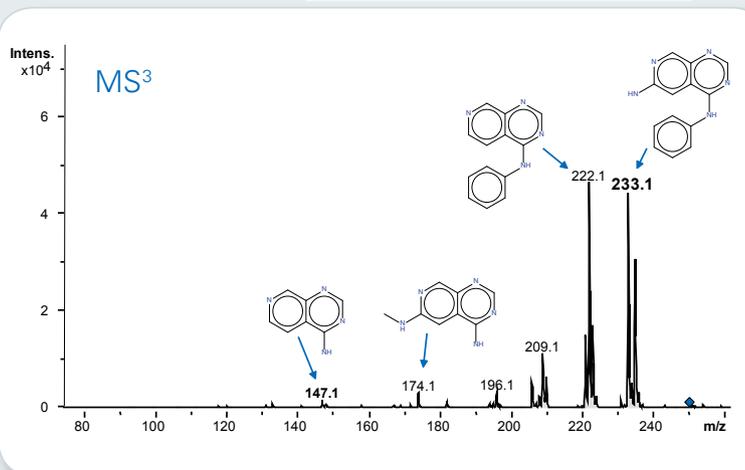
结构确证和代谢物鉴定

功能强大的软件支持基于多级质谱的结构分析

代谢产物的鉴定及结构确证是药物研究与开发过程中的重要一环。有机化学中合成产物的结构确证也是合成过程监控的重要手段。amaZon speed离子阱快速灵敏的多级串联质谱碎裂能力，辅以包含FragmentExplorer™功能的强大软件，使之成为化合物结构确证的理想工具。布鲁克的Metabolite Tools™代谢物分析软件包可以进行药物代谢产物的预测和检测并鉴定新化合物。



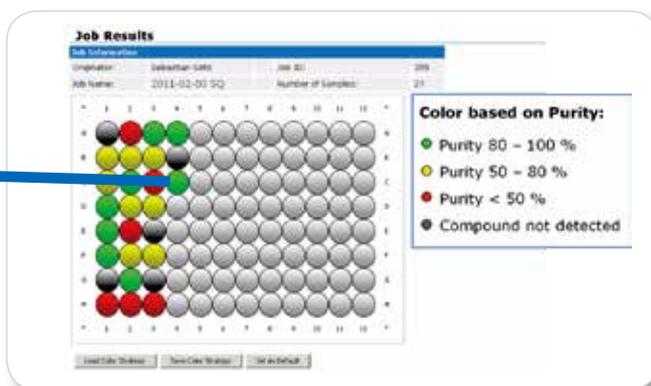
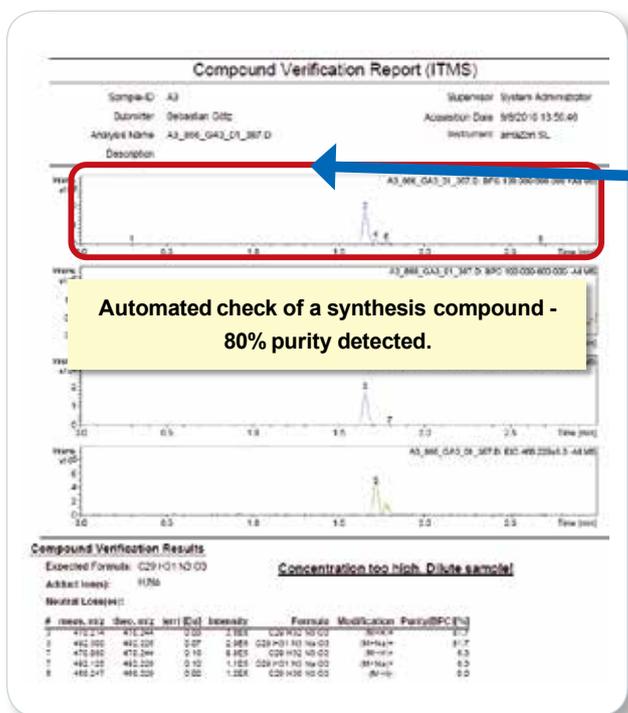
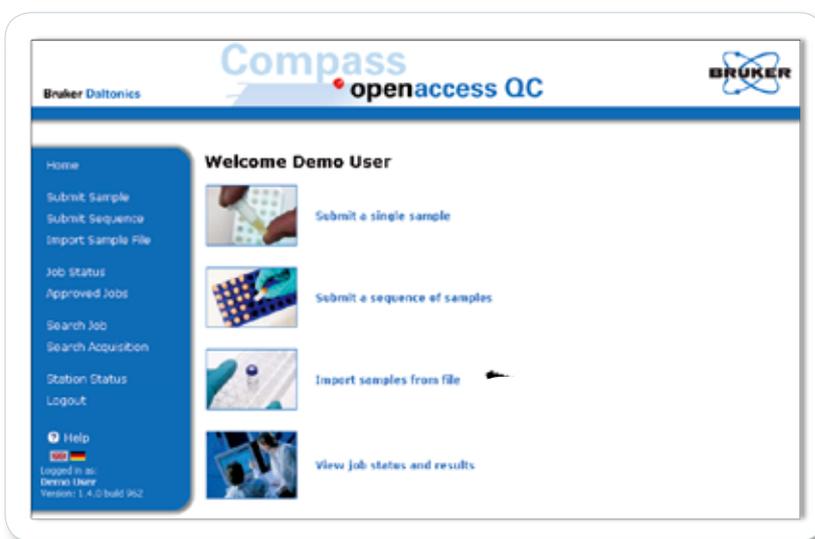
多级串联质谱确认化合物结构。
FragmentExplorer™ 软件证实化合物的预期结构，对质谱数据进行完整解析。



● OpenAccess

无需看管的开放式多用户环境下解决方案

用户不需要培训, 通过Compass OpenAccess OA/QC软件就可以得到有价值的液质联用数据。这是一个基于网络的客户端服务器系统, 提供一键式解决方案, 可以自动进行质量控制 (QC)、重组蛋白的分子量确认和自动数据库检索等。直观的图形用户界面, 加上amaZon离子阱的灵活性和快速性, 使之成为多用户的工业、临床和教学实验室的理想选择。



Compass OpenAccess 软件可以通过直观自动的工作流程, 引导用户完成高质量数据采集所需的所有步骤, 并以MTP格式显示合成化合物纯度检查等分析结果, 还可以定制的格式产生包含所有信息的PDF报告, 并通过电子邮件自动发送到相关人员。

技术指标

技术推动解决方案

- SmartFrag™ 得到可重现的串联谱图和可信的搜库结果
- 零延迟的快速正负切换 (Zero Delay Alternating™), 同时保持高达 20Hz 的采集速度, 支持UHPLC的应用
- 双离子漏斗保证了宽质量范围内的极高灵敏度
- 专利的SmartCC™ 保证了最佳的离子储存
- 智能的离子隔离和碎裂功能
- 全景式碎裂 (PAN) 消除了CID碎裂时的1/3效应

串联质谱模式

- 数据依赖式自动多级串联扫描
- 支持Metabolite Tool和ProteinScape软件所得出的优先质量列表扫描
- 计划质量列表扫描支持正负离子模式下的二级和三级扫描
- 中性丢失扫描用于目标化合物和翻译后修饰的分析 (ETD裂解)
- 多反应监测 (MRM) 扫描用于药物定量
- 所有扫描模式下均能实现手动 11 级串联, 用于结构分析
- 高效灵敏的ETD/PTR用于PTM和Top-down蛋白质测序

离子源

- ESI、APCI、APPI大气压电离源
- DIP源用于固体和液体样品的直接分析
- CaptiveSpray: 稳定可靠的即差即用式纳喷/毛细管ESI源, 流速范围50-5000nl/min
- Advion Triversa nanoMate离线纳喷源
- 智能的接地喷针CE-MS源

软件与解决方案

- ProteinScape蛋白质组学项目管理软件, 新增添GlycoQuest多糖数据库和搜索引擎
- RapiDeNovo用于蛋白质的从头侧序
- Metabolite Tool用于代谢物的预测和鉴定
- ProfileAnalysis用于代谢组和蛋白质组的统计学比较
- Compass OpenAccess客户服务器, 用于开放式管理
- Compass Security Pack法规遵循
- ACD/MS管理器用于结构分析与分类

仅用于研究, 不能用于临床诊断。

● 布鲁克 www.bruker.com

服务热线: 800-819-0181
400-619-8961

咨询邮箱: marketing.bdal.cn@bruker.com



布鲁克质谱
官方微信