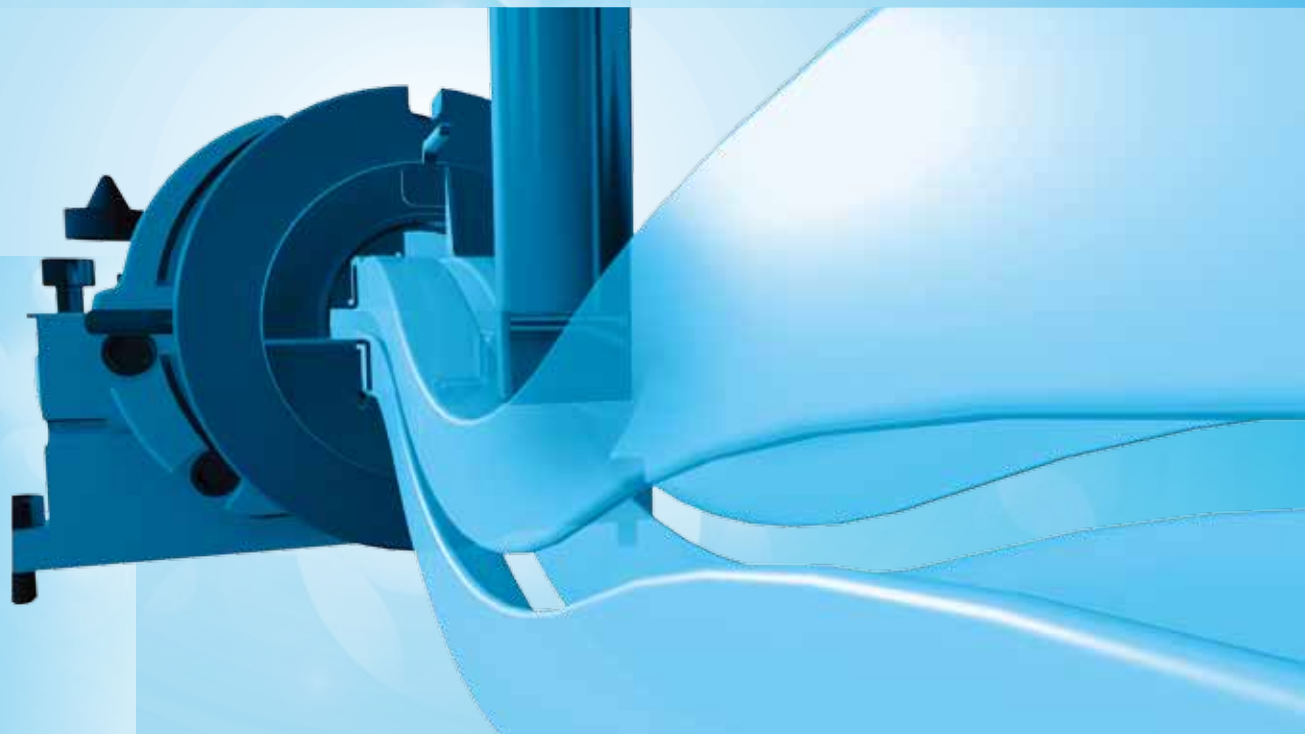


Thermo Scientific Velos Pro
离子阱 LC-MSⁿ



双压线性离子阱 加速创新

专为定量设计 • UHPLC 的速率
• 解离方式的多样性 • 快速且灵敏的 MSⁿ

Thermo
SCIENTIFIC

加速

创新

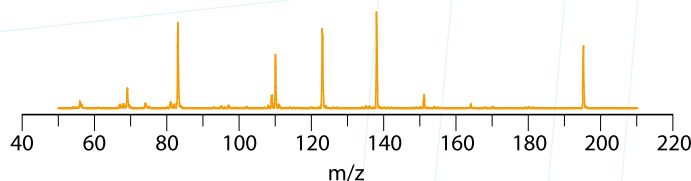
Thermo Scientific Velos Pro 是离子阱质谱仪中的领导者，为复杂样品分析提供更高性能。新型宽动态范围离散型打拿极检测系统为低丰度化合物提供顶级定性与定量分析能力，并确保每次结果的绝对可靠性。这是一款前所未有的离子阱，Velos Pro™ LC-MSⁿ 首次将 Trap-HCD（更高能量碰撞解离）与 CID（碰撞诱导解离）、PQD（脉冲碰撞能量诱导解离）和 ETD（电子转移解离）结合，解决最困难的分析挑战。其新一代的 II/G2 离子光学系统提高了它的耐用性，Velos Pro 是如今最快速、最灵敏的高性能离子阱系统。另外，通过 Thermo Scientific Orbitrap Velos Pro 或 Orbitrap ELite™ 技术的超高分辨率和质量精度可进一步提高 Velos Pro 系统的性能。



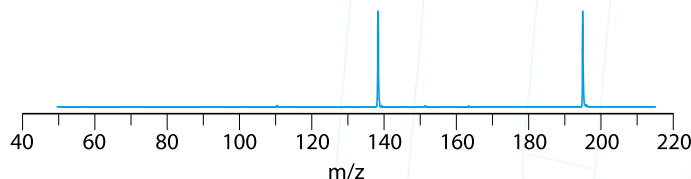
解离方式的 自由选择

Velos Pro 将离子阱技术引入新的高度：在任一级 MS^n 下可用的 CID、PQD、ETD 和如今的 Trap-HCD 功能，令 Velos Pro 成为市场上功能最全面的质谱系统。

咖啡因的 Trap-HCD 质谱图



咖啡因的 CID 质谱图

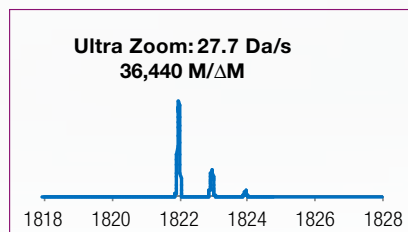
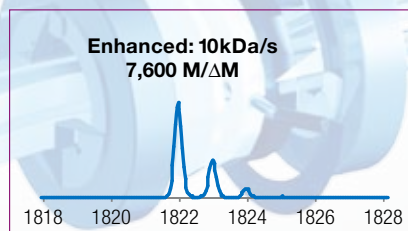
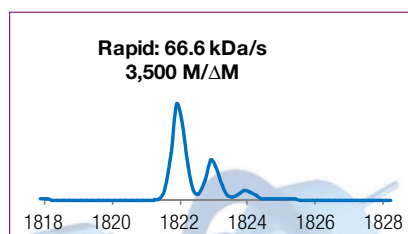
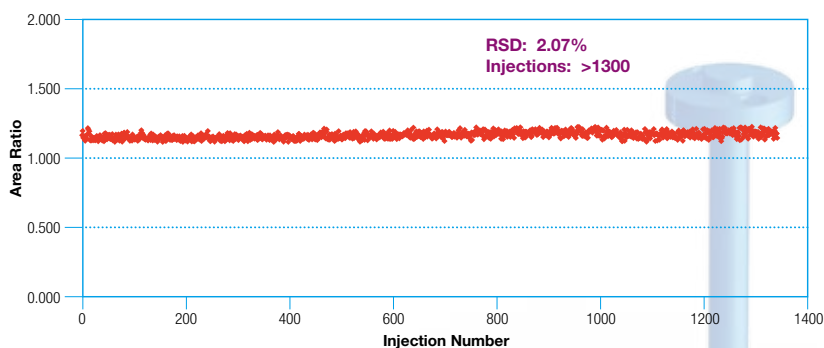


没有低质量数截止效应的类似三重四极杆的解离，目前已经在 Velos Pro 上实现。在高压八极杆中采用 N_2 碰撞母离子，调谐碰撞能量以便得到与母离子相关的任意质荷比的离子碎片。为质荷比与电荷状态归一化碰撞能量，使整个质量数范围的所有母离子都获得最佳裂解。小分子的 Trap-HCD 提供了更高能量的离子对；肽的 trap-HCD 提供了强 y 系列和 b 系列离子，以及高度特异性的亚胺离子。Trap-HCD 以及 CID、PQD 和 ETD，为 Velos Pro 的 MS^n 功能提高了性能和灵活性。

超凡灵敏度— 最高耐用性

Velos Pro 代表了最先进的离子光学设计：S-Lens 明显提高了离子电流，G2 离子光学系统在离子束路径之外为阻挡中性离子提供一种新的机理。这些特性的组合提供了最大化系统运行时间，并为最具挑战的应用程序提供最佳结果可靠性。

去蛋白血浆中 50 pg 柱上阿普唑仑和内标



速度和 选择性

革命性的 Velos Pro 是一款具有高压和低压室的优化双压离子阱。高压室提供最大化离子捕获、裂解和分离效率。低压室提供其他离子阱质谱仪所无法比拟的分辨率和扫描速率。Velos Pro 的双压离子阱技术为所有应用提供所需扫描速度：从新 Rapid Scan（快速扫描）模式的快速检测扫描到 Ultra ZoomScan（超高分辨扫描）模式的最高分辨率。

前所未有的 定量

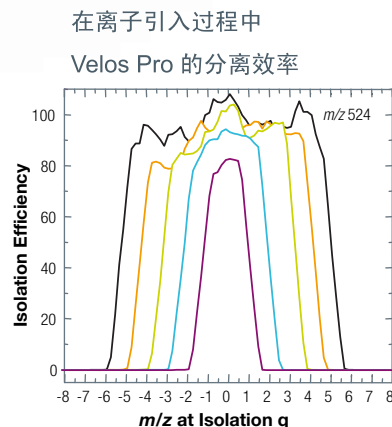
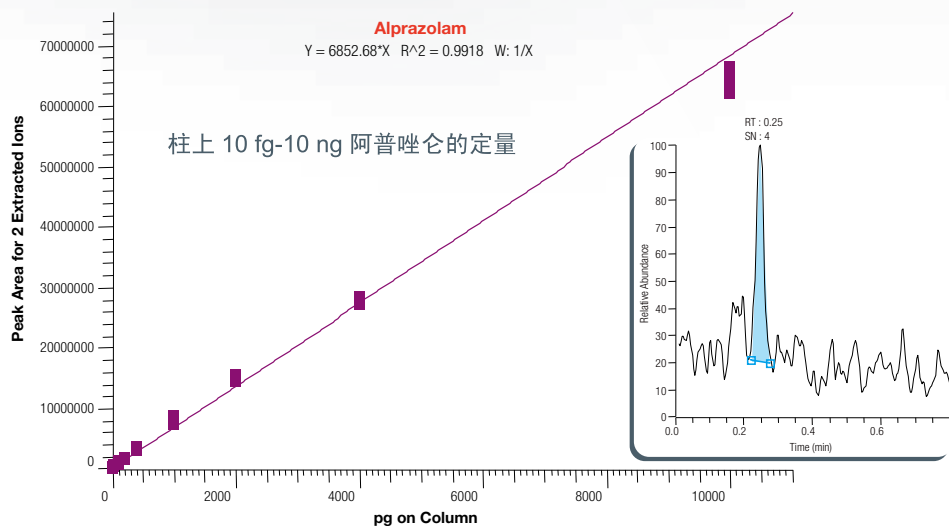
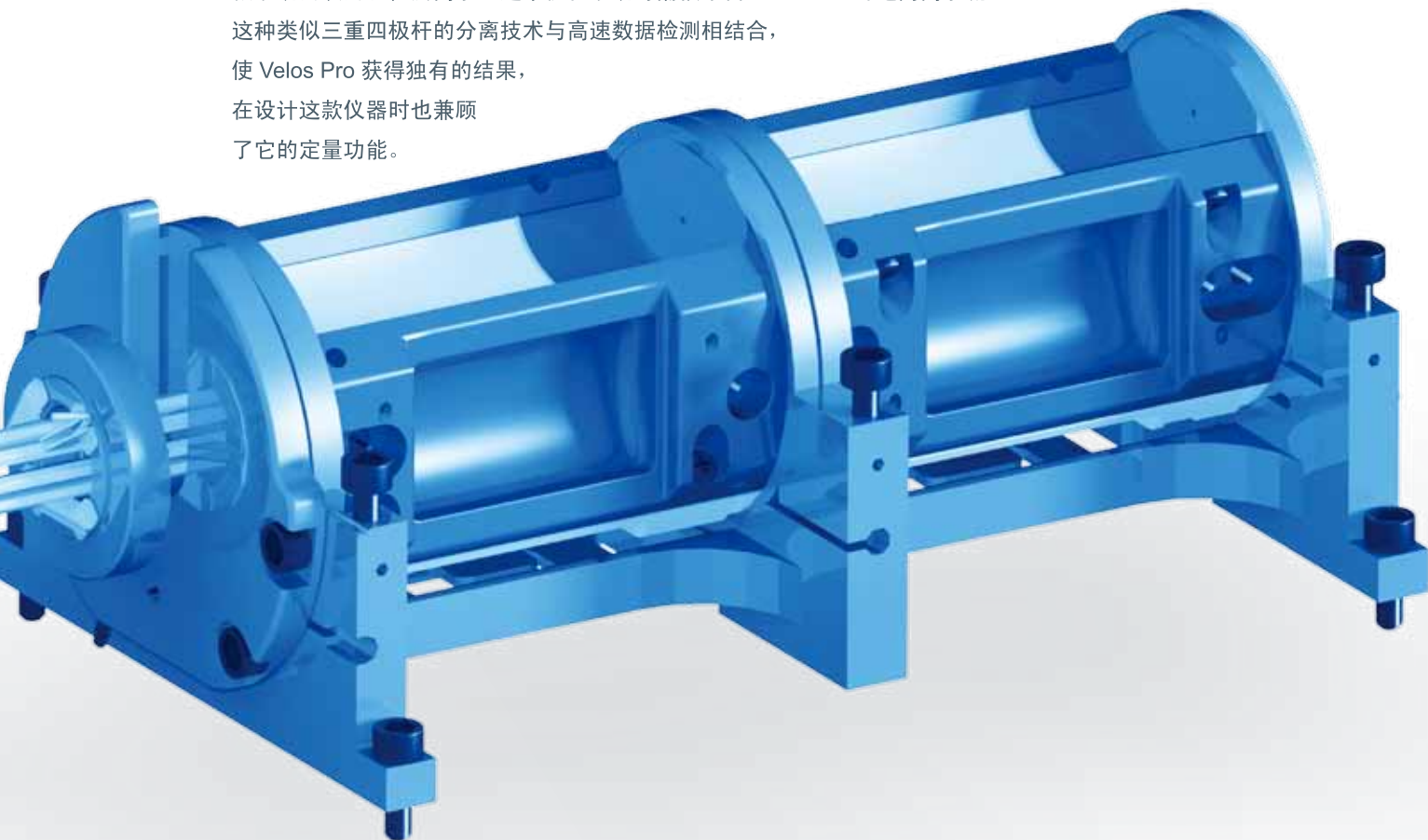
Velos Pro 模糊了传统离子阱和三重四极杆质谱性能之间的界限。双压室的第一个阱的功能类似离子引入过程中的第一个单四极杆，用于消除化学噪声并尽量减小空间电荷效应。一旦捕获了离子，专门设计的高性能离散型打拿极系统会裂解和检测离子。这个优化系统可捕获来自 Velos Pro 的超高离子流。

这种类似三重四极杆的分离技术与高速数据检测相结合，

使 Velos Pro 获得独有的结果，

在设计这款仪器时也兼顾

了它的定量功能。



从蛋白质组学样品获得最为所有水平的

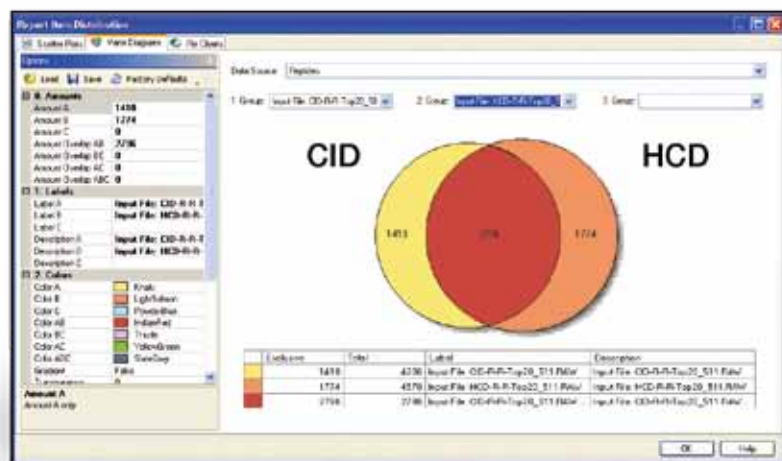
最大化识别

通常由于低丰度蛋白质的检测难度、大量的 PTMs（翻译后修饰），以及蛋白质组学的动态性质，导致复杂蛋白质组学样品的日常分析非常困难。离子阱质谱仪已经证实其快速鉴定和表征低丰度蛋白质，以及确定蛋白质相对表达水平的卓越能力。离子阱已经成为蛋白质组学实验室的一个重要工具。

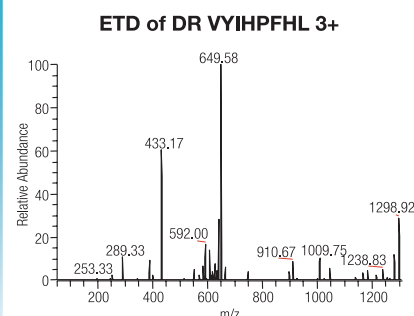
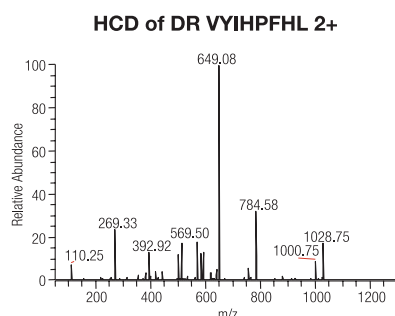
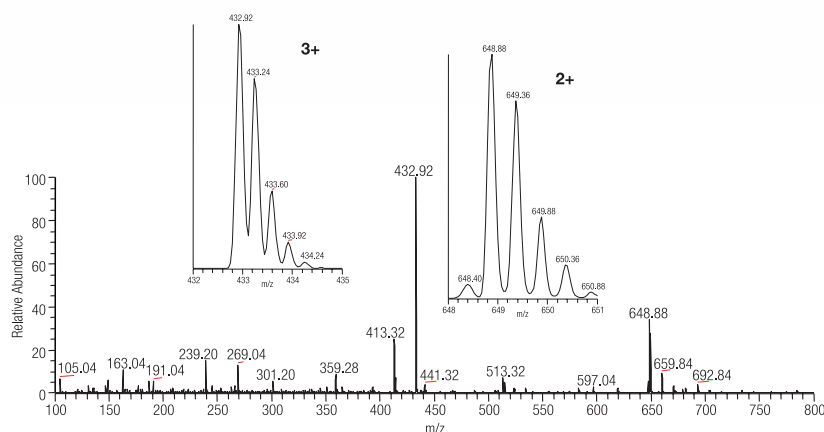
Velos Pro 基于其提高的采集速率、MSⁿ 能力、低丰度离子的选择性积累和创新裂解方式 HCD，使得蛋白质组学样品的鉴定进入新的水平。HCD 使用户能够检测低质量数碎片离子，例如亚胺离子，从而提高了肽分析中的结果可靠性和鉴定数量。

最大化覆盖

为了对一个蛋白质进行完整测序，包括其特定位点的翻译后修饰，需要在一个实验中检测尽可能多的肽。多种裂解方式的应用，例如 HCD（更高能量碰撞解离）、CID（碰撞诱导解离）和 ETD（电子转移解离），实现了这一目标。一个基于所有离子阱的 HCD/ETD 决策树已经在 Velos Pro 上实现，为目标蛋白提供了最大化的覆盖和表征。



来自 Thermo Scientific Proteome Discoverer 1.3 软件的 Venn 图显示由 HCD 和 CID 鉴定的 *C. elegans* 肽



全扫描质谱图以及带两个电荷母离子的 HCD 谱图（左下）和带三个电荷母离子的 ETD 谱图

多信息

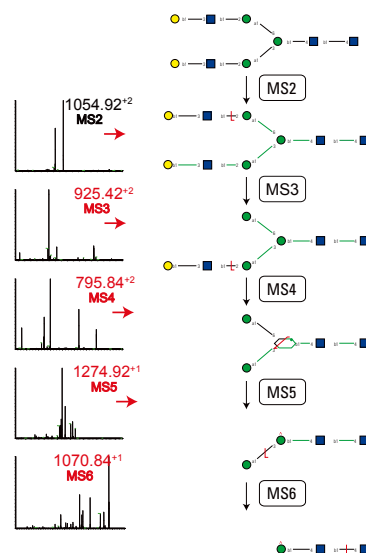
目标化合物

最大化结构表征

质谱仪已经凭借其灵敏度和分析复杂混合物的能力成为多糖结构解析的最强大的工具。离子阱质谱仪的多级裂解 (MS^n) 能力是多糖结构解析的一个重要工具，因为它可确定结构的不均一性和同分异构体的差别。一般需要 6 或 7 级裂解 (MS^6 或 MS^7) 才能区分潜在的多糖结构同分异构体。

TMT 标签的相对定量

串联质量标签 (TMT) 和其他同量异序标签技术是基于裂解时低质量数报告离子的释放，可同时鉴定和定量肽离子。 MS^3 和 PQD (脉冲碰撞能量诱导解离) 方法都是这些技术的非常成熟的线性离子阱应用。Velos Pro 线性离子阱质谱仪提供了一种新选项。更高能量的碰撞诱导解离 (HCD) 使用一个高压的只有 RF 的八极杆，这是一个类似三重四极杆的裂解方法，可产生高强度的报告离子，从而提高定量的精确性。



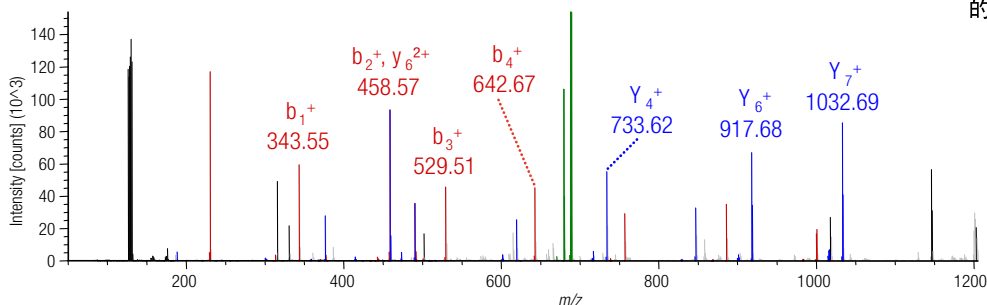
使用 Velos Pro 的 LC- MS^n 功能鉴定包含 9 个单糖的糖链的 MS^n 谱图和糖链结构示意图

Trap-HCD TMT 实验结果

肽谱图匹配	4363
肽定量	3269
可定量百分比	75%
平均蛋白质水平变异系数	2.5%

在 12 个蛋白质混合物中每个蛋白质的平均变异系数以及 trap-HCD 裂解的鉴定数量

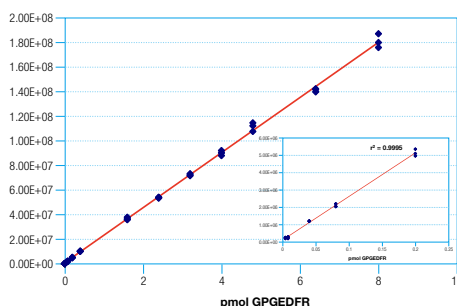
ITMS, HCD, $z=+2$, Mono $m/z=688.02769$ Da, $MH+=1375.04810$ Da, Match Tol.=1.2 Da



TMT 6-plex 标记的蛋白消化液的样品 HCD MS^2 质谱图

利用 AQUA™ 肽的绝对定量

绝对定量策略，如 AQUA，主要是利用目标肽及其采用稳定同位素氨基酸标记的类似物的 MS^2 检测。Velos Pro 双压线性离子阱具有超快扫描和多种裂解技术，在多个浓度水平数量级范围内，即使是复杂基质中，也能提供精确定量。



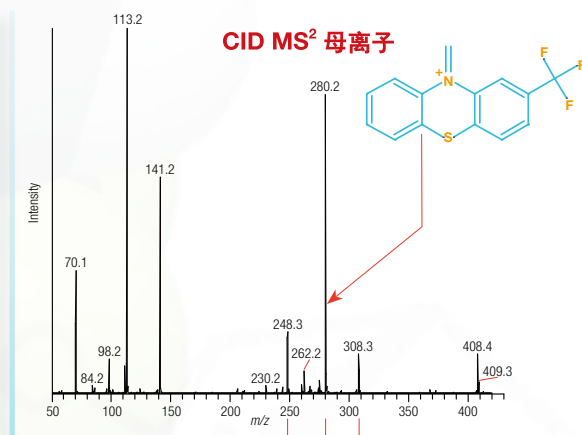
峰面积 vs 浓度变化四个数量级的 GPGEDFR 进样量。在普通人脑脊髓液中加标 GPGEDFR。

复杂药物代谢组学样品的 综合鉴定和定量

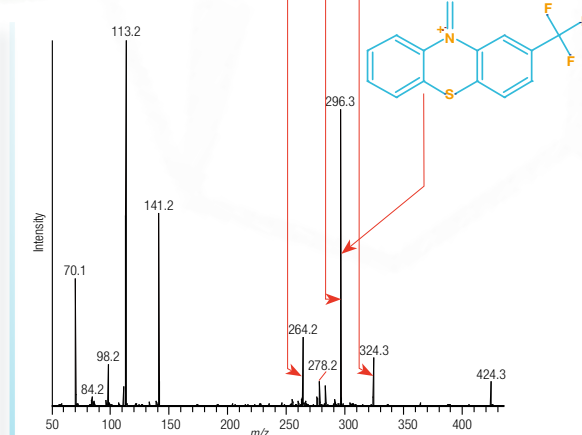
最高生产率

药物代谢物的表征在药物研发中起着关键的作用。必须在体内外实验的一系列各种浓度的生物基质中鉴定出母体药物及其代谢物。Thermo Scientific MetWorks 和 Mass Frontier 软件在配合 Velos Pro 使用时，为生物基质中的药物及其代谢物的鉴定、表征和定量创建一个强大、灵敏和集成的工作流程。

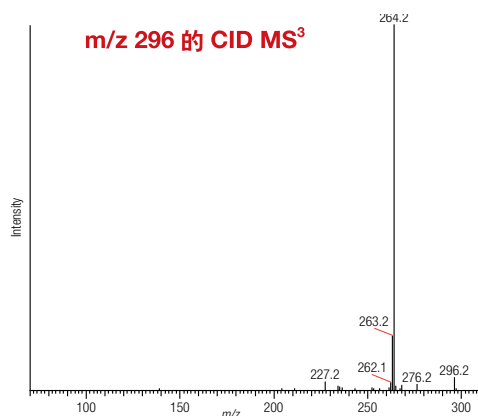
通过三氟拉嗪及其代谢物的裂解和解析可以观察到 MS^n 功能，这些物质包括多个氧化代谢物。HCD 裂解的 MS^3 数据提供了有用的诊断碎片，而在 CID 模式的 MS^3 扫描中却没有观察到这些碎片。



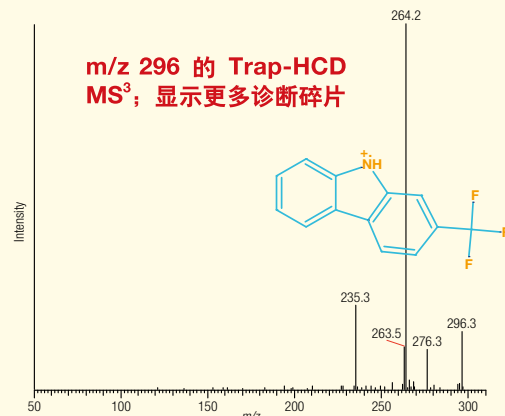
CID MS^2 羟基化代谢物

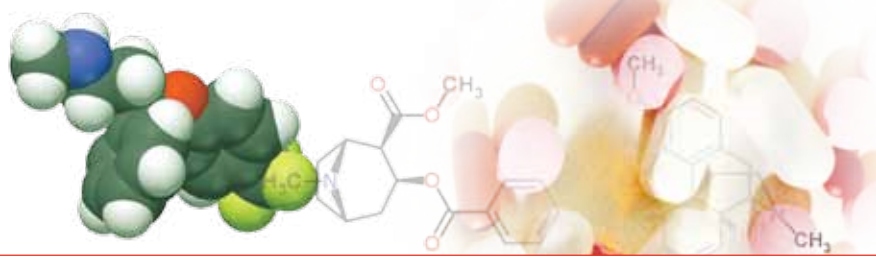


m/z 296 的 CID MS^3

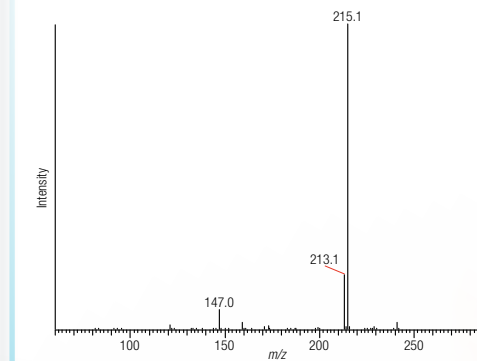


m/z 296 的 Trap-HCD MS^3 ; 显示更多诊断碎片

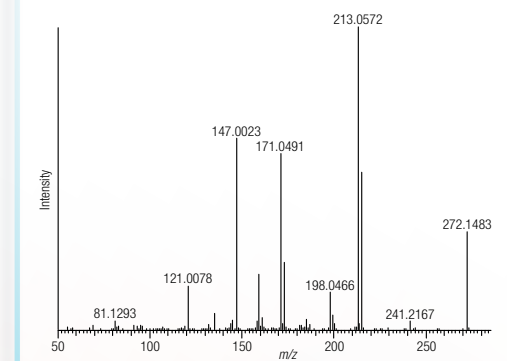




CID MS² 美沙芬



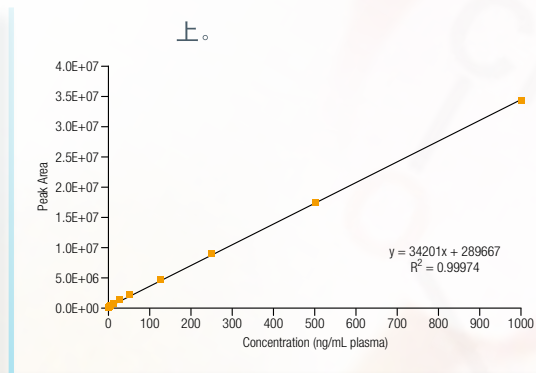
Trap-HCD MS² 美沙芬



最高性能

Velos Pro 提高的灵敏度有助于体内外研究中代谢物的定量和定性分析，其更快的扫描速率也能在更短的色谱运行周期内采集更多的 MSⁿ 谱图。由于在任一级 MSⁿ 下可以利用一系列裂解技术，研究人员能够为定性代谢分析和表征构建更高品质的离子树。Data Dependent（数据依赖）采集与 Dynamic Exclusion（动态排除）的结合，为预测的以及未预测的代谢物分析提供了一种方法学。

由于具有各种不同的裂解技术，研究人员可以根据分析需求进行选择。对于美沙芬的定量，CID 产生的 MS² 质谱图具有一个强离子，适合于定量分析所需的灵敏度，而 HCD 裂解质谱图中信号强度却分布于多个 MS² 离子上。



Thermo Scientific 应用软件

将数据转化为有用信息

Xcalibur™ 数据系统

稳定的操作平台

Thermo Scientific Xcalibur 软件是一个控制所有 Thermo Scientific 质谱系统的多功能且使用简便的数据系统。Xcalibur 软件的主页通过仪器设置、序列设置和数据采集方便用户操作。XReport 软件包采用拖拉式功能简化了定制报告过程。

Proteome Discoverer 软件

适合蛋白质科学家的质谱信息学平台

Thermo Scientific Proteome Discoverer 软件是一个基于工作流程的蛋白质组学数据处理软件，用于深入解析复杂的 LC-MSⁿ 数据组。这个软件还可以解析来自各种裂解技术（CID、HCD、IRMPD、ETD 和 ECD）的数据，进一步提高肽和蛋白质鉴定的可靠性。多个检索算法的选项提高了分析灵活性，而且可以把结果整合到一个报告中更易于用户解读。

ProteinCenter™ 软件

从数据组到有意义的生物学

Thermo Scientific ProteinCenter 是一个基于网络的数据解析工具，帮助科学家在数分钟内比较和解析数据组。这个软件利用一个定期更新的包含超过 1 千万非冗余蛋白质的综合蛋白质序列数据库，以进行过滤、分类和统计生物信息学分析。

Pinpoint 软件

加速生物研究中的目标蛋白质定量

Thermo Scientific Pinpoint 软件有助于从早期的生物标志物发现过渡到大规模的假定生物标志物的定量确认和一般定量蛋白质组学。

MetWorks™ 软件

简化复杂代谢组学数据的解析

Thermo Scientific MetWorks 软件能够同时检索一个或多个母体药物的修饰，并解析简单到复杂的同位素分布，以及未预测或低丰度的代谢物。

Mass Frontier™ 软件

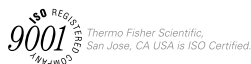
从谱图到结构的可靠路径

Thermo Scientific Mass Frontier 软件可以通过化学智能的谱图注释、最先进的裂解预测以及无与伦比的谱图和裂解机理知识管理来进行可靠的结构解析。

SIEVE™ 软件

基于 LC-MS 数据组比对的差异表达分析

Thermo Scientific SIEVE 软件通过多个 LC-MS 数据组的比较，为蛋白质、肽或代谢物提供非标记的半定量差异表达分析。这是一个可分析代谢组学或生物标志物发现实验数据的强大统计工具。



www.thermoscientific.com/velospro

©2011 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved. TMT is a registered trademark of Proteome Sciences plc. Mass Frontier is a trademark of by HighChem Ltd. ProSightPC is a trademark of the University of Illinois at Urbana-Champaign. AQUA™ Peptide is a trademark of Sigma. All other trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific Inc. and its subsidiaries. Specifications, terms and pricing are subject to change. Not all products are available in all countries. Please consult your local sales representative for details.

上海
上海浦东
新金桥路27号6号楼
邮编：201206
电话：021-68654588
传真：021-64457830

北京
北京东城区安定门内大街28号
雍和大厦西楼F座7层
邮编：100007
电话：010-84193588
传真：010-66210845

广州
广州市东风中路410-412号
时代地产中心3001-04室
邮编：510030
电话：020-83145188
传真：020-83145288

服务热线
800 810 5118
400 650 5118
analyze.cn@thermofisher.com
www.thermo.com.cn

Thermo
SCIENTIFIC
Part of Thermo Fisher Scientific