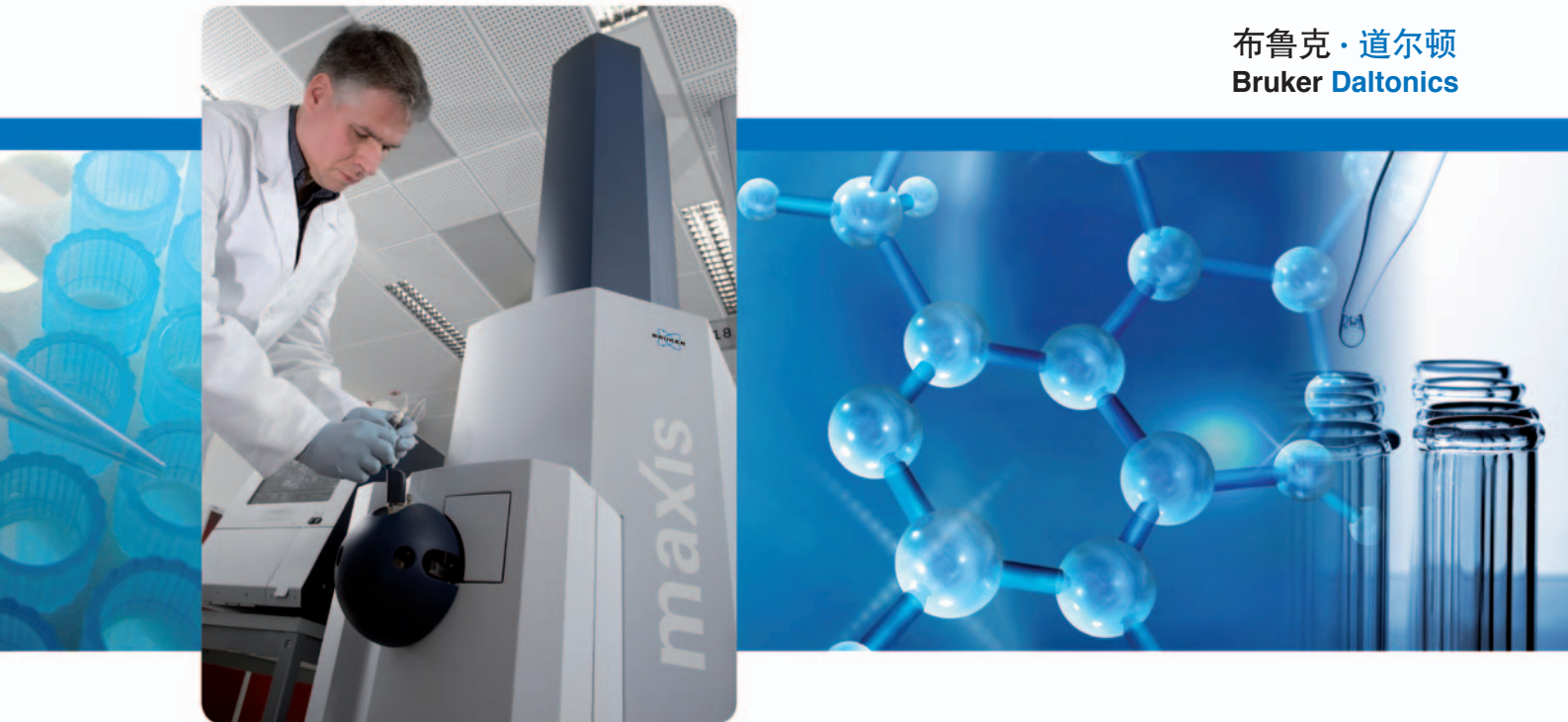




布鲁克·道尔顿  
Bruker Daltonics



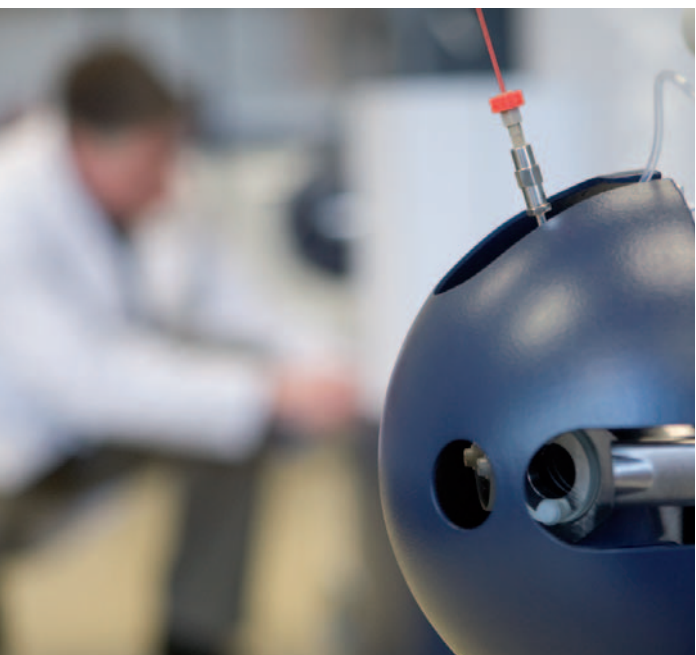
# maxis

- 信息量和速度的完美结合

think forward

UHR-TOF MS

# 满足超快速色谱需求的最高性能质谱仪



maXis 是高分辨串联质谱技术的一次革命性进展，在提供可充分利用超高压液相色谱分析的高扫描速度的同时，提供极其精确的质量数、极高的分辨率和灵敏度。

这一创新性的超高分辨技术是布鲁克公司最新的研发成果，再次证明了布鲁克·道尔顿公司在高端质谱仪研发的市场领导地位。maXis 能满足下列应用领域的未来需求：

- 小分子鉴定；
- 代谢组学；
- 定量蛋白质组学及生物标志物的发现；

现代科学研究和应用需要可靠的串联质谱数据以满足越来越复杂的样品分析要求。迄今为止，maXis 是唯一能在满足最快分析速度的色谱分析（如现代超高压液相色谱和毛细管电泳）的同时，提供最优秀的性能指标的质谱仪。



# maXis 是信息量和速度的完美结合

## 转变您的期望

maXis 将会改变您对质谱仪的期望。maXis 超高分辨飞行时间质谱集众多关键技术和性能于一身，是其它任何技术不可比拟的。

## 重新定义高性能质谱

在最高每秒 20 幅全谱谱图的采集速度下，maXis 具有超过 40,000 (FWHM) 的高分辨率和同时在一级质谱和二级质谱中达到 600-800 ppb 的高质量准确度。面对蛋白质组学、代谢组学和小分子鉴定等应用领域中复杂样品分析的挑战，除了 maXis，没有其它任何技术能提供如此可靠、确定的数据。

- 每秒 20 张高分辨质谱图的采集速度，满足高速色谱分析需求；
- 在一级和二级质谱模式中都具有超过 40,000 的高分辨率；
- 高达 5 个数量级的动态检测范围，适于复杂混合样品中的痕量分析；
- 在一级和二级质谱模式中都具有亚 ppm 级的高质量准确度，保证了鉴定的高可信度；
- 具有极高的灵敏度，适于探索性研究。

maXis UHR-TOF 是一革命性的新质谱仪，其卓越的性能是布鲁克公司多年来在飞行时间质谱仪领域不断创新的结晶。



## 速度、准确度和灵敏度— 质谱应用的根本

- 可从超高效液相色谱中提取完整的定量信息；
- 具有高分辨能力，适于代谢组学和生物标志物发现中的复杂样品分析；
- 高分辨提取离子色谱 (hrEICs) 具有高选择性，特别适用于复杂混合物的定性和定量分析；
- SmartFormula 3D™ 软件与极高的质量准确度相结合，准确生成分子式的能力无与伦比，提供可靠的鉴定结果；
- 创新的 IonCooler™ 离子冷却器技术，全面提高了二级质谱灵敏度。

# ● 智能化小分子分析—— 高性能的 maXis 带来无可置疑的确定性

## 速度

只有使用最敏捷的质谱，才能充分利用超高效液相色谱的分析能力。采用超高效液相色谱，一组典型药物分子的分离仅需30秒的梯度即可分离；而对这些峰宽仅为一秒的色谱峰，maXis 提供了十幅误差小于 1ppm 全扫描谱图。

## 置信度源于质量准确度

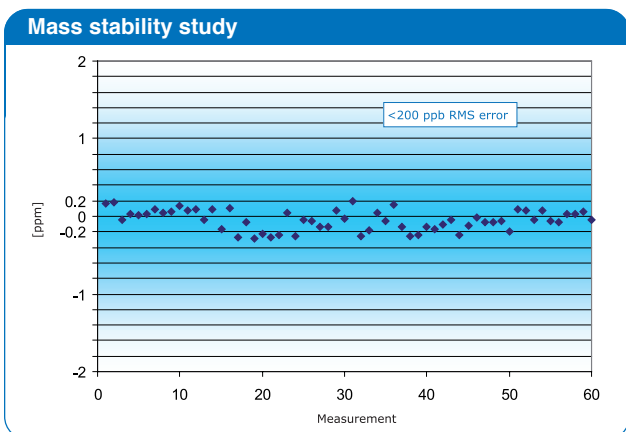
小于 1 ppm 的准确度可为许多鉴定难题提供明确的解答。

## 准确无误的 SmartFormula 3D 技术

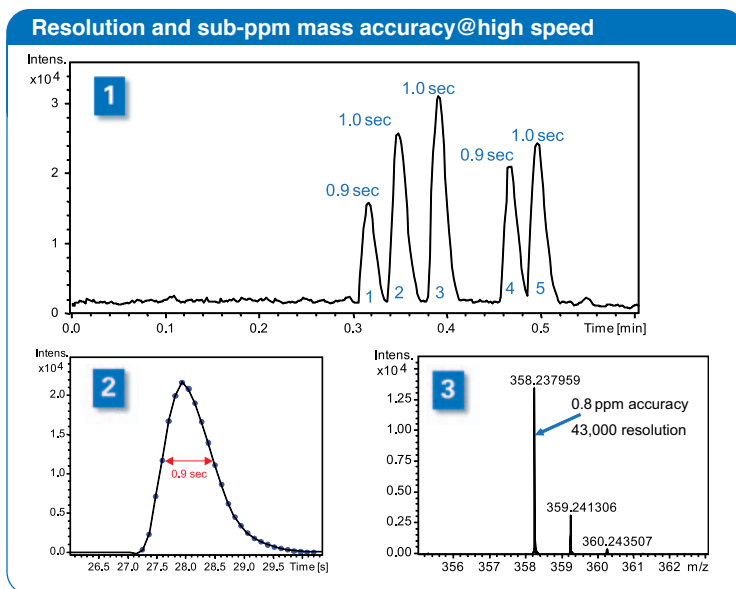
复杂混合物鉴定富有挑战性，尤其是药物中的杂质鉴定。maXis 高质量的 MS/MS 数据与布鲁克独特的从头计算确定分子式的工具 SmartFormula 3D™ 相结合，根据一级和二级质谱检测中获得的准确分子量和同位素分布模式匹配，能够快速鉴定化合物，而无需推测或数据库检索。

## 绝对的稳定性

如下述质量稳定性研究表明，采用内标校正，maXis 连续测样 60 次，质量标准误差 <200ppb

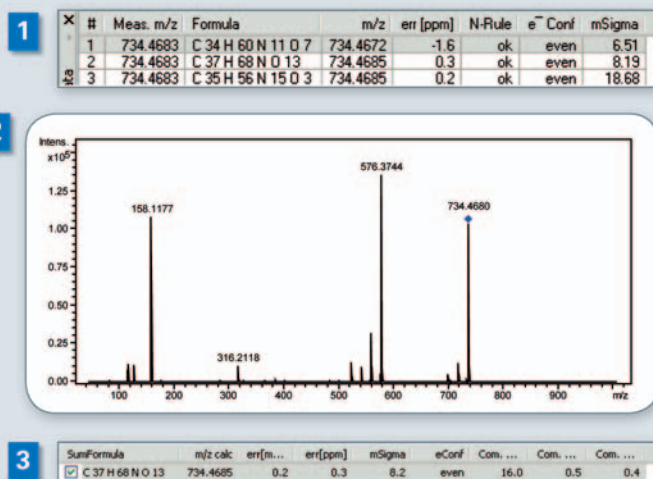


在 MS 模式下，经内标法校正，maXis 得到 <200ppb 的超高质量准确度



(1) 30 秒内分离五个化合物的基峰色谱图 (BPC)，半峰宽 ≤ 1 秒；(2) 峰 4 的高分辨离子提取色谱图 (hrEIC)，其中特意标出了该谱峰采集到的每个数据点；(3) 峰 4 的平均质谱图表明：在 10 Hz 的高采集速率下可维持高质量准确度 (0.8 ppm) 和高分辨率 (43,000)。

## SmartFormula 3D certainty



对于分子量较大的小分子化合物红霉素 (m/z 734)，SmartFormula 在质量准确度 <2ppm 的条件下，根据同位素分布模式匹配情况，并结合合理的元素组成和化学规则，预测了三个分子式 (1)；SmartFormula 3D 可提供准确的第三维信息。根据碎片离子的准确质量和同位素分布模式解析红霉素的 MS/MS 图谱 (2)；只有一个可能的前体离子分子式与所推测碎片离子的分子式相吻合 (3)。



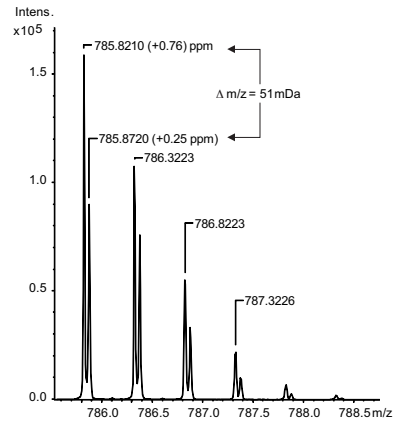
# ● 高性能 @ 高速度—— 全新高级别的蛋白质组学数据

## 分辨率

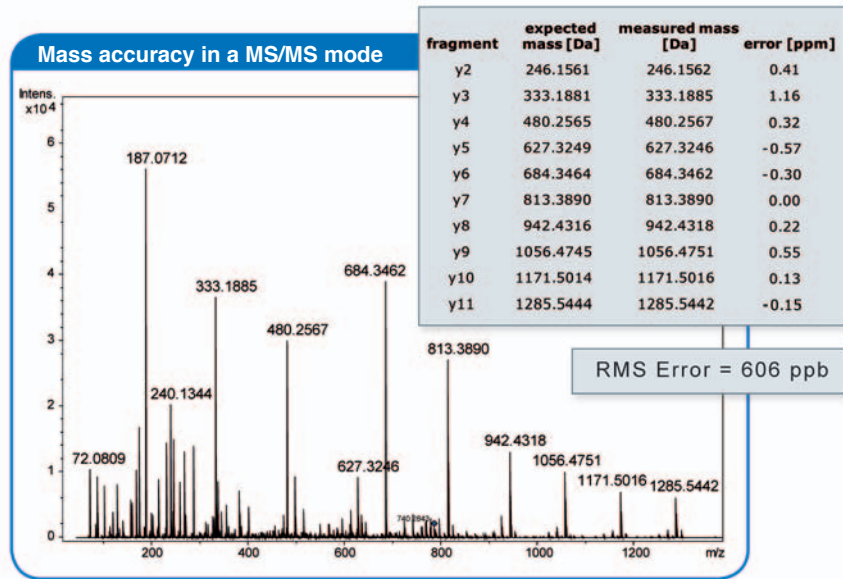
唾手可得的高于40,000 FWHM分辨率使准确分析质量非常接近的化合物成为可能，有利于深入挖掘代谢组学和发现生物标记物研究的复杂性。分子量非常接近的化合物，如多肽，即便较高的质量都可以清晰地分离。串联质谱模式下具有同样的高质量准确度的，大大提高了未知多肽从头测序 (de novo sequencing) 的可信度。

## 整体蛋白质分析

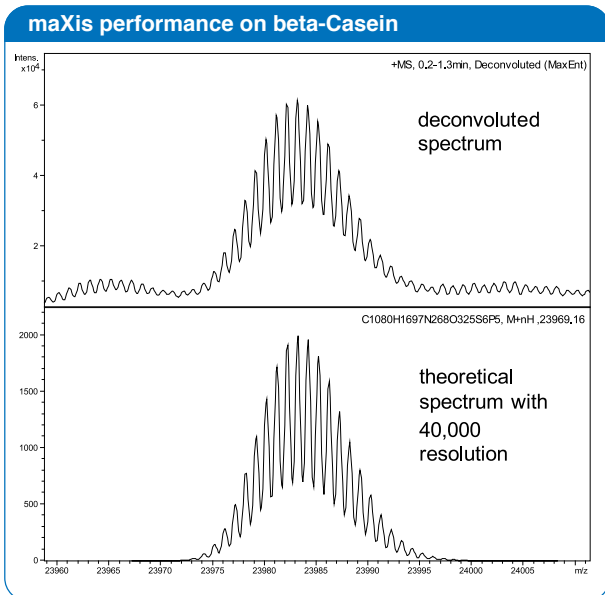
完整蛋白质分析要求在高质量范围内具有杰出的分辨能力。maXis的高分辨率、宽质量范围和高质量准确度可以对蛋白质进行精确的分析。



分辨同重异构多肽峰。质量分辨率高达50,000 FWHM。质量差仅为51 mDa的两个同重异构的多肽谱峰可以完全分离。



多肽 GluFib (2pmol/ul)的 MS/MS 图谱。



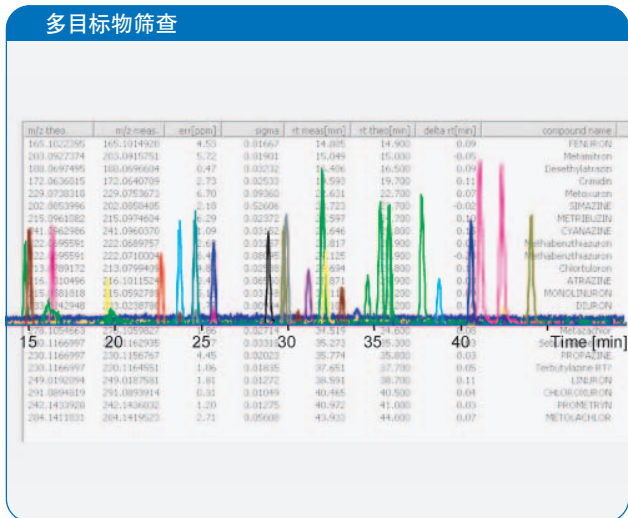
分析分子量24 kDa的酪蛋白，质量准确度  $\Delta m = 1.5$  ppm；实际测定的电荷去卷积图谱给出的同位素分布模式 (1) 与理论上模拟的同位素分布模式 (2) 吻合的非常好。

## Mass accuracy in a proteomics study

OK	Accession	Protein	MW [kDa]	Scores	Peptides	SC	RMS	
✓	gi 6730181	Chain A, Crystal Structure Of C418a,C419a Mutant...	85.1	1816.9 (M:1816.9)	28	47.2		
✓	gi 15834378	chaperonin GroEL [Escherichia coli O157:H7 str. S...	57.3	1725.5 (M:1725.5)	23	62.0		
✓	gi 49258331	Chain A, E. Coli Elongation Factor EF-Tu Complex...	43.1	1528.5 (M:1528.5)	19	64.4		
✓	gi 83586951	COG4771: Outer membrane receptor for Terminate...	82.1	1476.5 (M:1476.5)	20	42.5		
✓	gi 15799694	molecular chaperone DnaK [Escherichia coli O157:...	69.1	1411.4 (M:1411.4)	22	48.4		
✓	gi 15799798	pyruvate dehydrogenase subunit E1 [Escherichia c...	99.6	1257.0 (M:1257.0)	25	33.9		
✓	gi 75237909	COG0039: Malate/lactate dehydrogenases [Escher...	32.3	1117.0 (M:1117.0)	13	74.7		
✓	gi 75230020	COG0148: Enolase [Escherichia coli B7A]	39.1	1044.4 (M:1044.4)	12	49.7		
✓	gi 15800816	outer membrane protein A [Escherichia coli O157:...	37.2	980.8 (M:980.8)	14	53.2		
✓	gi 15800432	outer membrane protein A [Escherichia coli O157:...	41.4	929.8 (M:929.8)	17	51.8		
Peptide OK	Cmpd.	m/z meas.	Mr calc.	z	$\Delta$ m/z [ppm]	Rt [min]	Scores	Sequence
✓	2331	903.1172	2706.3289	3	0.30	69.91	138.0 (M:138.0)	K.IEAGYVAVGQNAVGTDLVQWDT
✓	2458	771.3810	3081.4944	4	0.14	72.36	114.5 (M:114.5)	R.FDHHISGVNHWSPALNISQGLG
✓	2756	983.5106	1965.0095	2	-1.45	78.10	97.8 (M:97.8)	K.EISPSYIVGLSATVWDTK.N
✓	1678	662.0219	1983.0459	3	-1.03	57.47	93.0 (M:93.0)	R.GMGPENTLILIDGPKVSSR.N
✓	1773	545.6220	1633.8424	3	1.09	59.29	91.0 (M:91.0)	K.NVSLTGGVDNLFDK.R.L
✓	2635	698.0399	2091.1001	3	-1.04	75.73	88.6 (M:88.6)	R.LSIIPEYTLNLSLWQAR.E
✓	1317	937.7875	2810.3352	3	1.93	50.54	86.7 (M:86.7)	R.MKDLSSNTQALTGNTGGAIDG
✓	2944	661.3279	1980.9581	3	1.88	81.83	84.9 (M:84.9)	R.MDFAPLQSLLEAGYSR.Q
✓	1486	717.3965	1432.7674	2	-0.68	53.78	78.9 (M:78.9)	R.VNGAAGGVNIIK.K
✓	3383	1065.5412	3193.6039	3	-0.67	91.98	77.8 (M:77.8)	K.AVYKLEGLSLNIPVSETMWTI
✓	782	599.9475	1796.8190	3	0.92	40.29	77.5 (M:77.5)	K.TQADAWDINGQKQAR.A
✓	2595	894.4329	1786.8526	2	-0.76	74.97	72.6 (M:72.6)	R.TNFSLTGRLGDFEFSR.L
✓	2883	654.3306	1306.6459	2	0.60	80.64	66.9 (M:66.9)	R.DGMLAGVTFWR.N
✓	1998	643.2864	1284.5597	2	-1.16	63.58	63.5 (M:63.5)	R.TWYMSVNTHF.-
✓	780	589.8122	1177.6091	2	0.60	40.28	62.5 (M:62.5)	R.AGTGYATLPAGR.E
✓	235	492.2617	982.5084	2	0.50	29.39	52.3 (M:52.3)	K.GQVAPGETK.E
✓	2002	739.8776	1477.7413	2	-0.42	63.62	43.1 (M:43.1)	K.NVSLTGGVDNLFDK.R
✓	569	411.7221	821.4283	2	1.61	36.20	40.5 (M:40.5)	R.LYGLDK.T
✓	1782	624.6563	1870.9465	3	0.30	59.42	24.5 (M:24.5)	K.APSLQYTNFNIYLSK.G
✓	1044	416.2317	830.4498	2	-1.12	45.36	21.9 (M:21.9)	R.DVSEIR.T

对大肠杆菌溶解液的胰酶消化产物进行鉴定筛查，得到的质量准确度基本上小于1ppm，优异的质量准确度使得鉴定蛋白和定量结果的可信度明显增强。

# 令人赞叹的解决方案和软件环境



农药残留多目标物筛查：待测化合物质量误差范围小于  $\pm 1.5\text{mDa}$  的 EIC 色谱图。



可靠的定量和多目标物定性筛查技术：适用于法医毒物检测、兴奋剂监测和食品安全等分析。

TargetAnalysis™ 解决方案对复杂基质样品中多目标物同时筛查，并通过 SmartFormula 3D™ 确定多目标物的分子式。适用于高通量的农药残留、兽药残留、痕量药物（包括违禁药物、兴奋剂）和食品添加剂等检测。

## 筛查数以百计的化合物

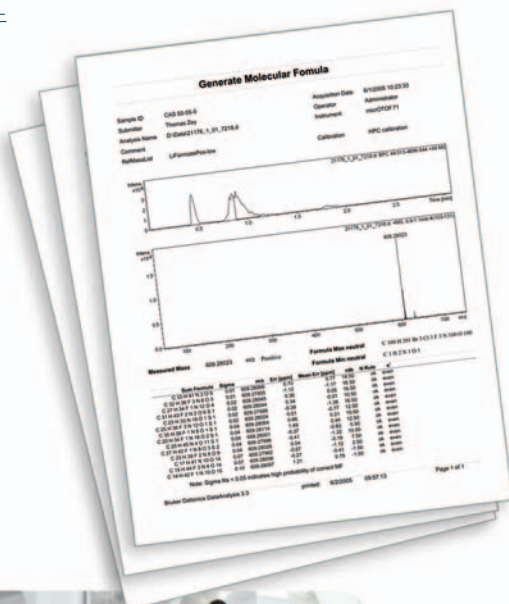
多目标物筛查解决方案仅需一次液相色谱-飞行时间质谱 (LC/ESI-TOF) 测试分析，即可利用准确质量和真实同位素分布模式的信息以及相应数据库搜索，对大量的待测化合物进行筛查和鉴定。其可信度和重现性远远优于其它任何液质联用系统。采用 TargetAnalysis™ 进行高通量多目标物筛查，如尿液中的药物和代谢物监测、食品安全分析、法医毒理学和环境分析，可明显缩短复杂样品的测试分析时间。

## 自建数据库

用户可以通过专门的软件 TargetAnalysis™ 自行建立与其应用领域相关的准确质量数据库。独特的高分辨提取离子色谱 (hrEICs) 技术将误差限制在  $\pm 1.5\text{mDa}$ ，能够大大减少化学背景的干扰并且增强结果的专一性。

## 未知物的鉴定

与三重四极杆常用的多反应监测模式 (multiple reaction monitoring, MRM) 不同的是，TargetAnalysis 的工作路线具备提供完整分子的质谱信息和相关目标物数据库的特点。因此，可以用计算机数据分析的方法对未知物进行筛查和鉴定。



## 多目标物筛查和未知物鉴定的结合：

- 多目标物筛查（可同时筛查数百个目标物）
- 全样品信息的收集
- 未知物的二级质谱鉴定

## ● 功能强大的配件

### 化学分子式测定

Compass OpenAccess™为化学分子式测定、确认和常规液质分析提供了开放式的自动化液质联用系统。

基于客户端/服务器 (Client/Server) 的软件系统可以为所有客户，尤其是实验室化学工作者提供多层次的分析体验，无论您是否具有仪器分析的经验，都可以从中获得有益的帮助。

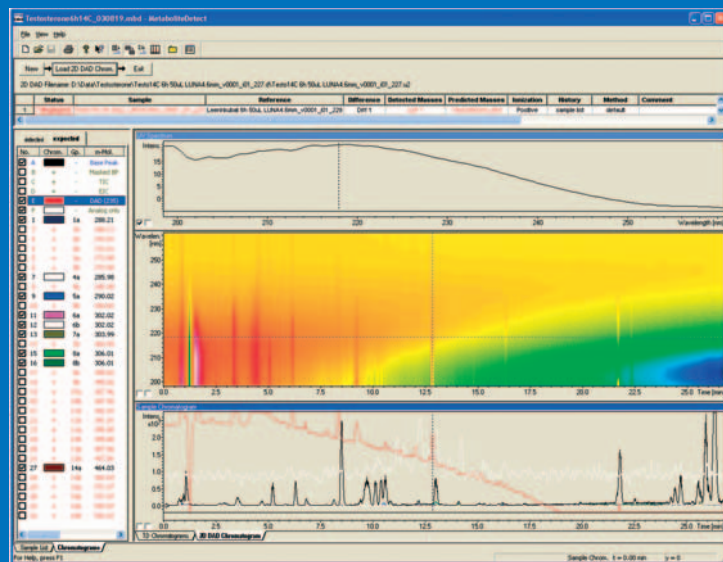
### 代谢组学研究

代谢谱研究将生物标志物发现研究提高到代谢组学的水平，它所提供的代谢谱是反映生理过程终点状况的重要指标。ProfileAnalysis使maXis成为营养学、药理学和临床研究的利器。

### 代谢物鉴定

得益于先进的eXpose™算法和maXis优异的性能，MetaboliteTools™成为代谢物和小分子检测和结构预测的有力工具，可以对批量样品进行详细的结构分析，既可以根据药物结构预测其可能的代谢产物，又可以从液质数据中挖掘已有代谢物的相关信息。

## Metabolite ID User Interface



### 蛋白质组学筛查和深度分析

BioTools™、WARP-LC™和ProteinScope等为基于质谱的蛋白质组和蛋白质分析提供了独特的软件构架，帮您从质谱图中发现科学真知。混合蛋白质非标记定量解决方案ProteomeQuant™用于发现、鉴定和追踪调控蛋白，可以通过差异蛋白质组分析，在复杂混合生物系统中发现潜在的生物标记物。

### 统一的软件环境

布鲁克·道尔顿所有生命科学仪器共用的统一的Compass软件平台整合了仪器控制、数据采集、数据分析和结果解析的全过程，大大加速了研究进程并提高工作效率。

### 法规顺应性

Compass Security Pack™，支持FDA和EU法规认证所需的所有必需功能，包括电子签名、审计跟踪、用户管理、结果溯源和系统断电保护等。

## ProteinScope Quantitation Result

Accession	Protein	MW [kDa]	Score	No. Peptides
gI229552	75kD alpha albumin	66.1	445.7	7
gI78566340	ovalbumin (Gallus gallus)	42.9	298.7	1
gI7789942	parvalbumin (Zenaidura macroura) isoform 1 (56.6kD)	42.7	183.1	3

20A albumin

# 技术性能

## 先进的技术

- 前所未有的超高分辨率飞行时间质谱技术 – UHR-TOF
- 卓越的质量准确度、分辨率和扫描速度；三个指标同时达到，不损失其一。
- 双离子漏斗设计
- SmartFormula 3D – 准确质量和真实同位素分布模式 (TIP™) 的创新性结合
- 超稳定的质量准确度和宽动态范围
- 离子冷却 (IonCooler™) 技术，提供 MS/MS 全扫描的质量
- 大小：800 X 1320 X 2850 mm；重量：500 kg

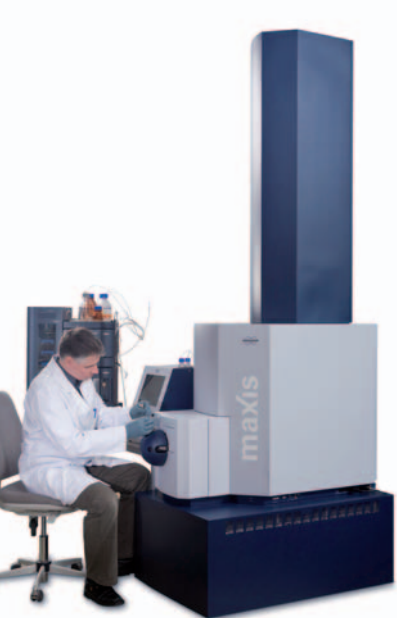
## 可选离子源

- APCI 大气压化学电离源
- ESI/APCI 复合源
- APPI 大气压光电离源
- 在线、离线纳升喷雾源
- CE/MS 毛细管电泳质谱联用接口，采用接地的 ESI 喷针
- 可与 GC 直接相连的接口

## Compass 软件和应用软件包

- 集成 LC-MS/MS 控制软件 and 数据处理软件，包括 SmartFormula 3D 模块
- MetaboliteTools™ 软件，用于代谢物鉴定
- TargetAnalysis™ 软件，应用于多目标物高通量筛查
- BioTools™/RapiDeNovo™ 软件，用于蛋白质数据解析
- ProteinScope™ 数据库系统，用于蛋白质组项目管理
- ProfileAnalysis™ 软件，用于代谢组学
- Compass OpenAccess™：开放仪器平台管理软件

支持下列厂商的液相和进样系统：布鲁克 EASY-nLC、Advion 的 TriVersa NanoMate、安捷伦、戴安、VWR/日立、沃特世(包括 UPLC)和 CTC (LEAP)自动进样器



### 布鲁克·道尔顿公司

网 址：www.bdal.com.cn

www.bdal.com

电子邮件：ms@bruker.com.cn

服务热线：800-810-2325

### 北京办事处

北京市海淀区中关村南大街 11 号

光大国信大厦 5109 层

邮编：100081

电话：(010) 68474095/4093

传真：(010) 68474109

### 上海办事处

上海市徐家汇路 430 号

电力大楼 311 室

邮编：200025

电话：(021) 64727973/7997

传真：(021) 64720667