

布鲁克•道尔顿
Bruker Daltonics



amaZon

- 迈入离子阱的新时代

think forward

Ion-Trap MS

顶级创新技术…



amaZon离子阱质谱代表着布鲁克公司成功的技术创新。布鲁克公司是离子阱技术的领跑者，拥有球形高容量离子阱、超快速非线性离子溅出和ETD等创新性技术和专利。amaZon践行了布鲁克公司引领行业发展方向这一传统，是尖端技术与卓越性能的凝聚体。

基于布鲁克多年来离子阱质谱研发和生产的专业技术和经验，amaZon 拥有全方位的技术创新和非凡的性能表现，是新一代的离子阱质谱：

- 双重离子漏斗设计：无与伦比的离子传输效率，大大提高灵敏度；
- 超快的扫描速度，满足与超快速液相色谱联用的需求；
- 全质量范围内高分辨扫描，获得高达20,000 FWHM的分辨率。
- 最新的ETD/PTR 技术：针对多肽和蛋白的碎裂，具有高效率、高灵敏度和广泛的适用。

- “零时间”切换：正负离子模式“零时间”切换，不降低灵敏度。最高20Hz的质谱采集速度非常适合与超快速液相联用；
- 基于MSⁿ数据库，amaZon是多目标物筛查的最佳工具；

amaZon离子阱具有两大系列：

amaZon ETD：面向蛋白质组学研究
amaZon X：适合各种小分子目标物分析

amaZon系列专为蛋白质组学、代谢组学、目标物筛查和化合物鉴定等应用领域设计，是当今性能最佳的离子阱质谱。



…引领您进入新的境界

数据质量将被提升到崭新的层面

蛋白质组学

- 最高的蛋白序列覆盖率
- 翻译后修饰的位点确证
- Top-down蛋白质组学，最高的序列覆盖率
- 专业的生物信息学应用软件，全面的信息检索和数据存档

代谢物鉴定和定量

amaZon离子阱具有两大系列：

- 最快的速度，鉴定更多的同时洗脱物
- 专业的代谢物预测软件，各种色谱展现形式，代谢组学数据统计学处理
- 最大灵敏度，高稳定性，高度可信的定量结果

筛查

- 基于MS/MS图谱数据库确证目标物
- 超快速正负离子切换，检测最大数量的目标离子
- 专业的目标物分析和定量软件
- 操作简单，系统稳定、耐用

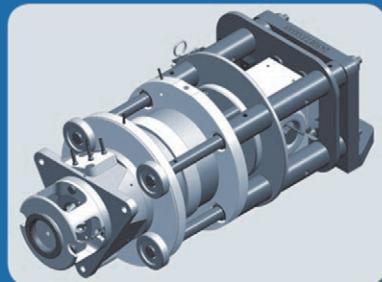
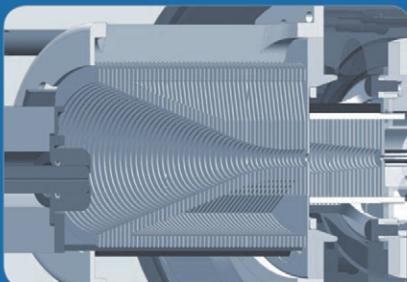
普通化学

- MS和MSⁿ模式都具有卓越的灵活性
- 多种大气压离子源（API）的选择
- 经久耐用性
- 基于网络的Open Access软件



最新的技术进展

全新的双重离子漏斗（左）设计具有高传输效率，显著提高灵敏度。新一代快速扫描质量分析器（右）具有最快的数据采集速度和分辨率。



amaZon ETD 完整表征蛋白质的有力工具

Sensitivity & speed to ID more proteins

Info	Proteins & Peptides										
Row	OK	Accession	Protein	MW _n	pI	Sim.	Score	Peptides	SC	RMSD [ppm]	Rank
1	✓	CHIB_ECOLI	60 kDa chaperone - Escherichia coli	57.2	4.7	8	1023.7 (M1923.7)	30	73.2	74.00	1
2	✓	FETU_ECOLI	Elongation factor Tu - Escherichia coli	45.3	5.2	14	1914.6 (M1914.6)	27	73.2	81.30	2
3	✓	DNAK_ECOLI	Chaperone protein dnaK - Escherichia coli	69.1	4.7	9	1570.6 (M1570.6)	28	61.3	61.29	3
4	✓	OMPA_ECOLI	Outer membrane protein F pili - Escherichia coli	38.3	4.6	1	1468.8 (M1468.8)	18	66.6	147.83	4
5	✓	PEPQ_ECOLI	Formate acetyltransferase F-p - Escherichia coli	85.3	5.6	1	1394.0 (M1394.0)	36	55.3	109.67	5
7	✓	PEPQ_ECOLI	Formate acetyltransferase F-p - Escherichia coli	82.1	5.3	1	1323.4 (M1323.4)	26	57.6	55.29	7
8	✓	MDH_ECOLI	Malate dehydrogenase (CS) - Escherichia coli	32.8	5.5	1	1215.8 (M1215.8)	1	67.9	66.36	8
9	✓	POKE_ECOLI	Phosphopyruvate kinase - Escherichia coli	41.1	4.9	6	1065.0 (M1065.0)	15	65.5	73.01	9
10	✓	ATPS_ECOLI	ATP synthase subunit beta CS - Escherichia coli	50.3	4.8	8	1023.4 (M1023.4)	24	66.5	161.93	10
11	✓	OMPA_ECOLI	Outer membrane protein A pili - Escherichia coli	37.2	6.0	2	883.3 (M883.3)	16	54.0	69.74	11
12	✓	COPF_ECOLI	Pyruvate dehydrogenase E1 component - Escherichia coli	99.6	5.4	2	971.4 (M971.4)	25	36.5	98.79	12
13	✓	ENOC_ECOLI	Endopeptidase ctp C - Escherichia coli	43.6	5.2	9	942.8 (M942.8)	14	61.1	48.08	13
14	✓	CYTC_ECOLI	Cytochrome c oxidase A - Escherichia coli	34.5	5.8	2	871.4 (M871.4)	14	67.0	122.20	14
15	✓	PEPQ_ECOLI	Formate acetyltransferase F-p - Escherichia coli	25.3	4.7	1	1394.0 (M1394.0)	26	55.3	55.29	15

从5ng大肠杆菌酶解液中鉴定出472个蛋白 (FDR1.5%)

Row	Y	P	Peptide	m/z mass	Mr calc.	t ₁ [min]	t ₂ [min]	t ₃ [min]	t ₄ [min]	Score	Peptides	Mod.	Type	Range	
462	✓	YEAD_ECOLI	Uncharacterized protein fadA - Escherichia coli	111.4	3.8	1	29.4 (M29.4)	1	1.8	452.39	413			CD	312 - 313
464	✓	YEAD_ECOLI	Uncharacterized protein fadA - Escherichia coli	126.0	5.9	1	28.3 (M28.3)	2	1.9	622.12	464			CD	421 - 422
465	✓	LDHD_ECOLI	Delta state dehydrogenase - Escherichia coli	36.5	5.2	1	28.3 (M28.3)	1	4.3	64.25	465			CD	106 - 107
466	✓	GMPB_ECOLI	D-Glutamate L7,-D-isopropylidene-D-alanyl-D-alanine amidotransferase - Escherichia coli	21.1	4.8	1	28.1 (M28.1)	1	5.8	56.58	466			CD	81 - 82
467	✓	CLPC_ECOLI	ATP-dependent Clp protease - Escherichia coli	40.3	5.1	9	27.9 (M27.9)	2	9.9	240.70	467			CD	278 - 279
468	✓	ABOB_ECOLI	Gamma-D-aminobutyryl-D-alanide - Escherichia coli	50.8	5.6	3	27.8 (M27.8)	2	8.9	240.82	468			CD	278 - 279
469	✓	ZAPB_ECOLI	Cell division protein sagf CtsE - Escherichia coli	9.6	4.5	7	27.7 (M27.7)	2	44.4	53.69	469			CD	301 - 302
470	✓	YVBD_ECOLI	Uncharacterized protein sagf CtsE - Escherichia coli	231.9	9.6	3	27.6 (M27.6)	2	16.5	54.91	470			CD	301 - 302
471	✓	YVBD_ECOLI	Protein YVBD - Escherichia coli	10.2	5.0	3	27.3 (M27.3)	1	12.5	97.25	471			CD	301 - 302
472	✓	PhoP_ECOLI	Transcriptional regulator PhoP - Escherichia coli	19.5	5.0	3	27.2 (M27.2)	1	50.03	472					

Peptides of hit #6



5ng E.Coli鉴定的蛋白质列表（假阳性率<1.5%）。Mascot 数据库检索得到472个蛋白质 (Mascot Mudpit评分, "require bold red"设置, SwissProt_56.1库, E.Coli种属, 假阳性率1.5%)。列表下面的图显示#6号蛋白的匹配多肽及其覆盖序列。底部图：列出多肽的MS/MS谱图。

通过两个连续的LC-MS/MS分析，增加鉴定多肽的数量：将#1号分析中找到的所有多肽输入到排除列表中，可在第二个分析中鉴定出更多低丰度多肽。

amaZon ETD 适用于最具挑战性的蛋白质分析。amaZon ETD 卓越的性能如高灵敏度、二级图谱的高采集速度和新一代的ETD/PTR，远远超越普通离子阱的定义范畴，在所有离子阱中独占鳌头。

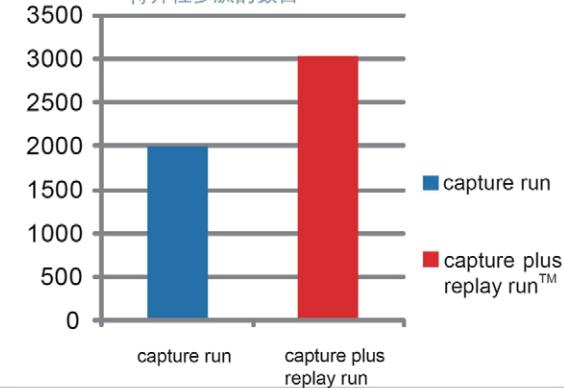
从低丰度样品中获得高置信度的蛋白质鉴定

高灵敏度和超快的MS/MS速度，使得amaZon ETD 能够从复杂蛋白质样品中提供最多的鉴定蛋白质的数量：仅用5ng E.Coli细胞裂解液样品，经过一个90分钟LC-autoMS/MS分析，可确信鉴定到超过470蛋白质（假阳性率为1.5%）。

为了鉴定低丰度多肽，amaZon 的高灵敏度允许用户选择丰度非常低的多肽进行MS/MS分析。在本实例中，我们将50ng E.Coli 一分为二，amaZon ETD 从在第一次分析中鉴定到大约2000个离子，分数>25的非冗余多肽。然后将这些多肽加入到一个排除列表中对另一半裂解液样品进行第二次分析，可从同一样品中额外鉴定到1000多个低丰度多肽。

鉴定低丰度蛋白

特异性多肽的数目



● 蛋白质分析中最前沿的革新

翻译后修饰基团的鉴定

结合Bottom-Up和Top-Down技术，详细表征蛋白质结构信息

整体蛋白质的ETD/ PTR分析

装有CID和当今最有效的ETD/PTR模块的amaZon ETD 既能进行bottom-up蛋白质鉴定，又能对整体蛋白质进行top-down蛋白质组分析。高分辨扫描速度获得的高质量数据可以得到置信度高的鉴定结果。宽质量范围使得离子阱质谱仪仪器可从蛋白质中见到最大数量的碎片离子，继而获得高序列覆盖率。

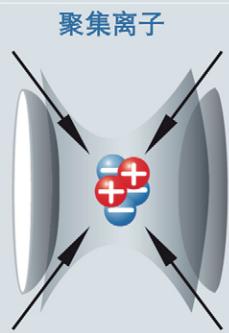
修饰多肽的ETD分析

amaZon ETD 可确定任何种类的蛋白质修饰。甚至可对蛋白质和多肽的多种修饰同时进行监测。

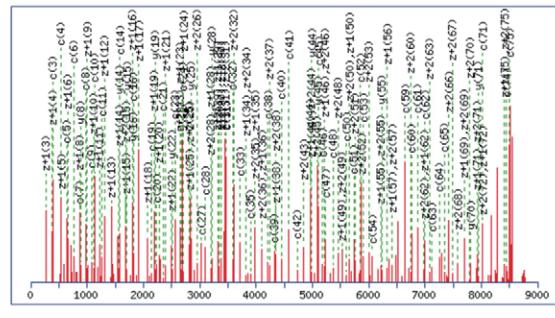
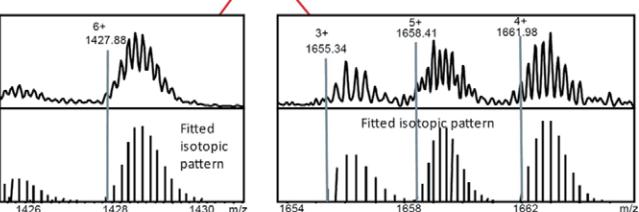
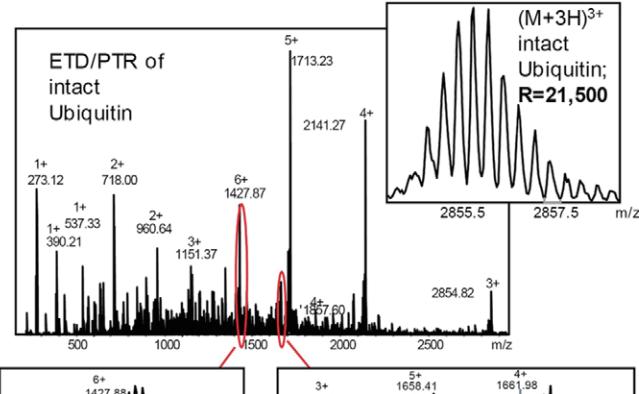
使用amaZon进行高分辨整体蛋白质鉴定。插图显示一个分辨率R=21,500的3价泛素前体离子(分子量8565Da)。在最高分辨率扫描模式下，ETD/PTR可轻松分辨高达6价的碎片离子。布鲁克公司专利的峰识别技术(SNAP IITM)允许单同位素碎片质量的高置信度测定。去卷积后显示了整个泛素序列(下面是Mascot结果)。

球形离子阱最适合ETD/PTR

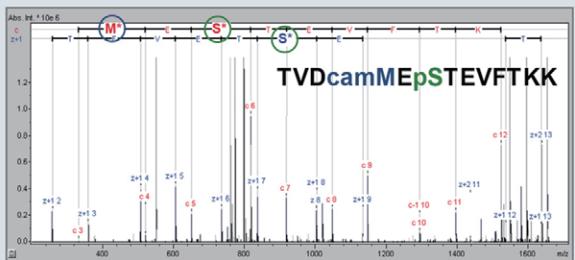
- 负离子进入阱时直接发生ETD反应
- 正离子与负离子被压缩在阱中心的同一球形空间：离子与离子之间最大程度的相互作用给予多肽最有效的ETD碎裂



Top-down analysis of intact proteins



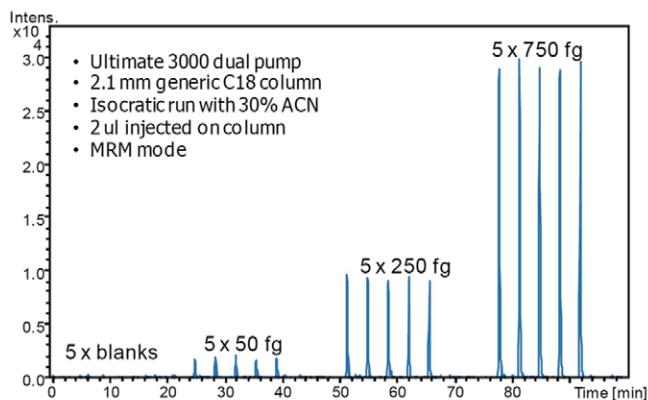
Untargeted elucidation of protein modifications



纳升液质联用分析，保留时间为11.8分钟的一个三价酶解多肽的ETD MS/MS图谱。不仅鉴定了蛋白质在S158的磷酸化位点，而且还发现了S158位点附近的蛋氨酸(M156)在样品制备过程中引入的酰胺甲基化。

amaZon X 鉴定小分子

Unequaled sensitivity



利血平多次进样，上样量50-750fg。最低上样量50fg的信噪比(S/N)大约40:1。

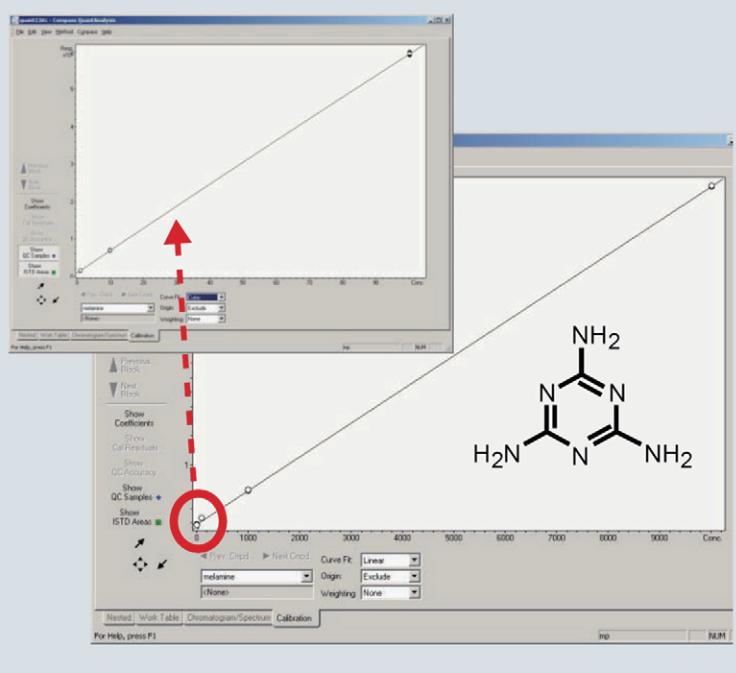
创新性的离子漏斗传输技术提供无与伦比的高灵敏度

amaZon X 是扫描速度最快，最灵敏的MS和MSⁿ质谱仪，可用于化合物、代谢物、合成产物等小分子的结构分析。分析的样品量非常低时，仍然能够得到很好的信噪比和重现性。

适合定量分析的宽动态范围

amaZon X 宽动态范围的定量分析能力，能够满足几十甚至几个ppb的低浓度范围的测定。完全可以用于分析食品和药物中的杂质等。

Four orders of magnitude dynamic range



三聚氰胺上样量在1ppb-10ppm之间，动态范围高达四个数量级。LC/MS分析时间仅为5分钟，定量结果具有非常好的线性。分析条件：黛安公司U3000液相色谱，Acclaim Mixed-Mode WAX-1 色谱柱(2.1 x 150 mm, 5 μ m)；柱温30°C，HILIC操作模式；上样量10ul，流速300 μ L/min。

● 速度更快

快速扫描且正负模式切换“零时间延迟”

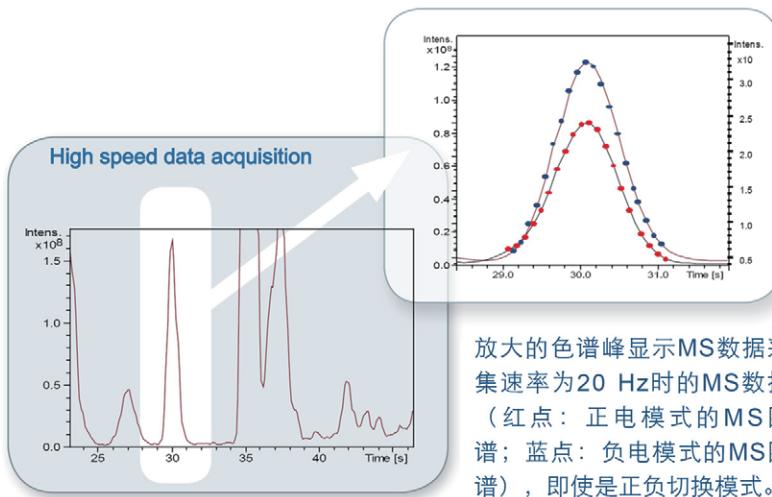
新型的电子组件和改进的离子传输系统，提供极快的正负模式切换速度和极快的数据采集速度，并且不损失灵敏度。在MS模式下，甚至在正负模式切换的同时，采样速度高达20Hz。同时采用MS/MS模式，至少三个±MS和MS/MS的循环可以适应UHPLC色谱峰的数据采集。

专业的软件模块能够有效地获取小分子结构信息

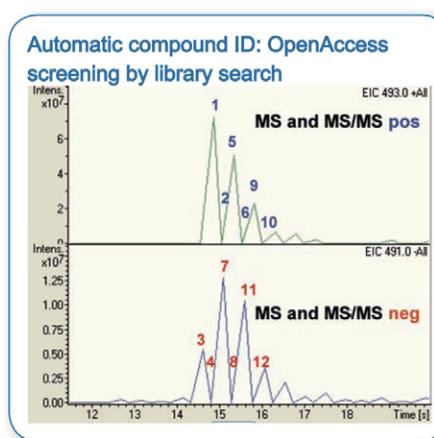
- 代谢物工具软件MetaboliteToolsTM用于内源和外源性代谢物的鉴定
- ACD Lab MS ManagerTM软件用于结构分析和分类
- Compass Security Pack适用于法规遵循环境；Compass OA/QC：为使用者提供以网络为基础的LCMS使用指南
- 基于网络的Open Access软件amaZon X宽动态范围的定量分析能力，可以用于分析食品和药物中的杂质。

全自动的MS/MS数据检索，快速筛查毒物、违禁药物等

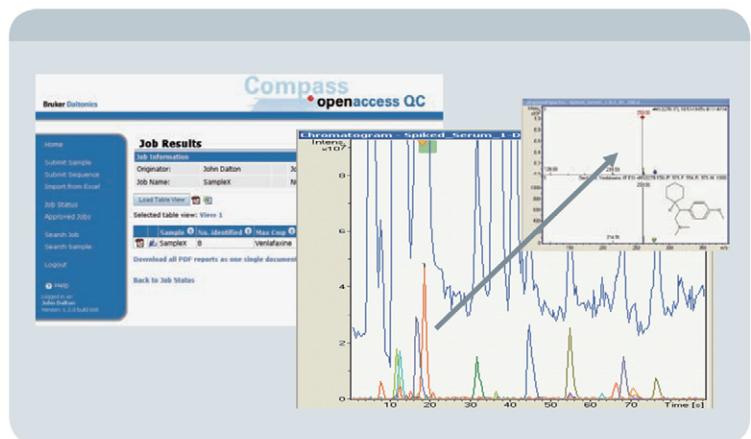
amaZon系列离子阱产生高水平的msn筛查结果。通过快速的UHPLC auto-MS/MS测定和图谱检索，可以可靠地鉴定被测化合物。布鲁克公司的Compass OA软件支持用于常规筛查分析的简单的点击鼠标实验流程。



放大的色谱峰显示MS数据采集速率为20 Hz时的MS数据（红点：正电模式的MS图谱；蓝点：负电模式的MS图谱），即使是正负切换模式。



UHPLC分离的药物化合物的提取离子色谱图（EIC）。放大的UHPLC色谱峰（半峰宽约1秒钟）：#1和2为正离子的MS和MS/MS，#3和4是负离子的MS和MS/MS。三个正负切换MS和MS/MS循环在如此窄的UHPLC色谱峰上实现，总共采集到12个MS和MS/MS图谱。



加入8种抗忧郁药物的血浆样品经1.5分钟UHPLC超短梯度分离。autoMS/MS数据采集，所得到的MS/MS图谱经图谱数据库检索，成功鉴定了8个加入组分。插图显示#1化合物的实验测定图谱与数据库图谱的匹配。完整的分析过程可以通过使用Compass OA软件，在OpenAccess的环境中通过轻松点击鼠标完成。

技术指标



超高性能的高容量离子阱与最新的离子漏斗式传输技术

- SmartICC™专利技术优化离子储存功能
- 分辨率、扫描速度和质量范围无可匹敌的完美组合，无论是MS还是MS/MS模式
- 正负离子在线数据采集，正负模式无延迟切换。
- SmartFrag™为成功的谱库检索提供了高重现性的二级质谱图
- 全景解离(PAN)不受常规离子阱1/3低质量范围限制的CID解离技术
- 电子转移解离(ETD)和质子转移反应(PTR)碎裂形式

扫描模式

- 在所有扫描模式下，可以手动完成高达11级质谱(MS^n)
- 自动 MS^n 实验，在MS模式下最多可选择30个前体离子，在每级多级模式下最多可选择5个碎片离子作为前体离子
- 中性丢失扫描，用于蛋白质修饰确认
- MS/MS和MS³模式下多反应检测(MRM)

数据依赖实验

各种类型的数据依赖实验，包括从MetaboliteTools和PROTEINEER得到的首选质量列表的自动反馈实验。

可选离子源：

电喷雾离子源，大气压化学电离源，大气压光电离源，复合离子源，HPLC-Chip, Advion Triversa NanoMate, 在线/离线纳升喷雾离子源，通过接地的ESI喷针和毛细管电泳联用的CE-MS接口

可选软件：

- MetaboliteTools™代谢产物鉴定
- BioTools™/RapiDeNovo™蛋白质数据解析
- ProteinScape™蛋白质组项目管理数据库系统
- ACD/MS Manager™结构分析和分类软件
- Compass Security Pack™ 法规遵循
- Compass OA/QC：为使用者提供以网络为基础的LCMS使用指南

布鲁克•道尔顿公司

网 址：www.bdai.com.cn

www.bdai.com

电子邮件：msc@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室

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