timsTOF Pro

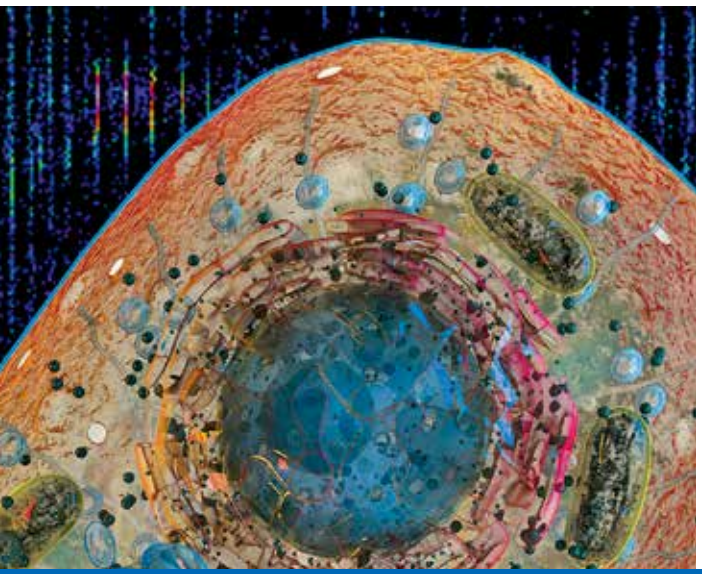
- Powered by PASEF
  重新定义蛋白组学研究新标准

TIMS-QTOF MS

Innovation with Integrity

timsTOF Pro

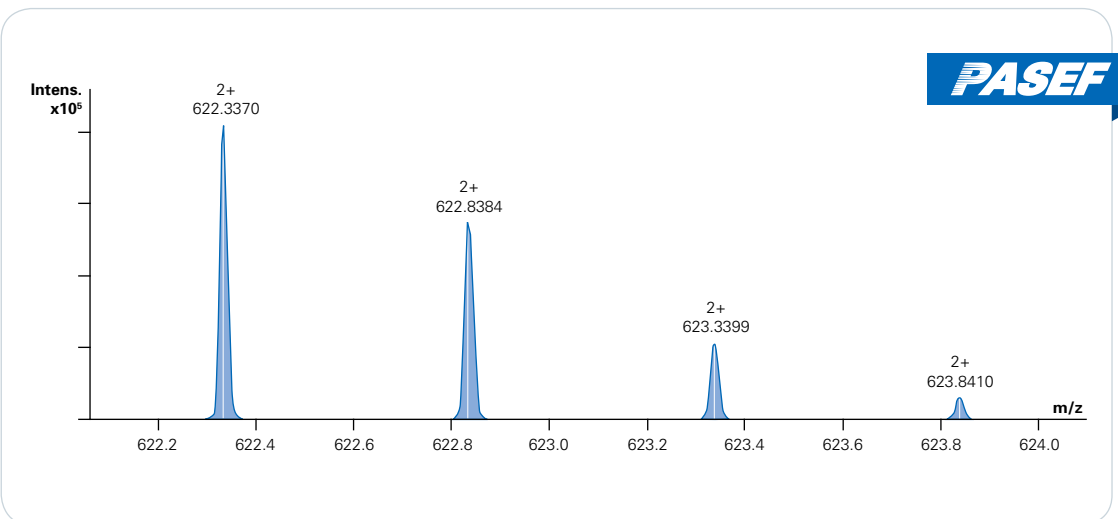
更快采集速度，更高灵敏度，树立“鸟枪法”蛋白组学研究新标准。



timsTOF Pro采用PASEF技术，带来扫描速度和灵敏度革命性提升，在提高扫描速度的同时，MS和MS/MS谱图依然保持超高分辨率，这些独特的性能，使其成为蛋白组学复杂样本深入研究的利器。

全新双TIMS设计
带来近100%的Duty Cycle

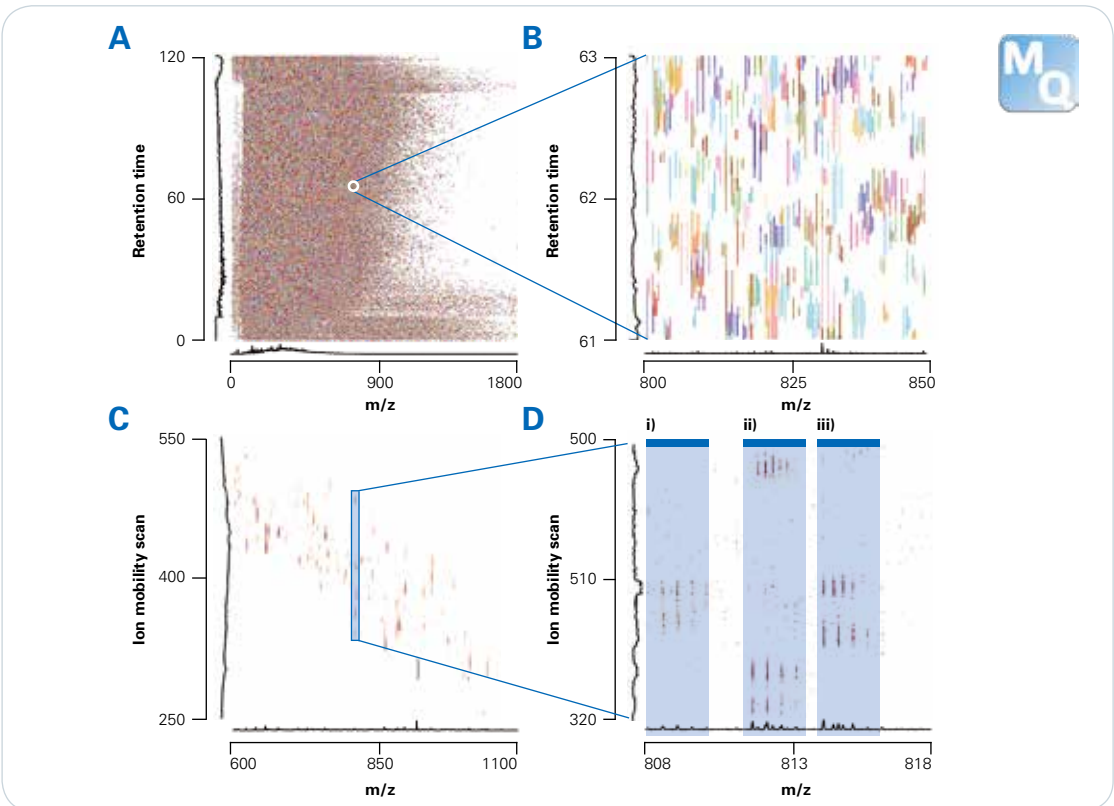
全新的双TIMS（Trapped Ion Mobility Spectrometry，捕集离子淌度谱）分析器设计，使前一批离子在第二个TIMS分析器中进行淌度分离和释放的同时，后一批离子在第一个TIMS分析器中同步进行累积，这也使离子的累积和母离子选择和碎裂能同步进行，此技术即为PASEF（Parallel Accumulation Serial Fragmentation，同步累积连续碎裂）。因此，双TIMS设计可以带来几乎100%的Duty Cycle。



分辨率不受采集速度的影响，timsTOF Pro分辨率 > 50,000

PASEF技术深度挖掘蛋白组学

PASEF技术通过对TIMS在空间和时间上的精准控制和设计，并与QTOF超高分辨能力相结合，带来无与伦比的MS/MS采集速度和灵敏度。PASEF技术带来灵敏度的极大提升，意味着可以用更低的进样量和更短的色谱梯度鉴定到更多的多肽和PTMs（Post Translational Modifications，翻译后修饰）。



TIMS的淌度分离能力：A）在MaxQuant软件中，“鸟枪法”蛋白组学数据（90 min梯度分析HeLa细胞蛋白酶解液）在MS水平呈现出的典型二维（m/z和保留时间）特征图，显示出“鸟枪法”蛋白组学数据极度的复杂性。B）在2 min时间段内，有大量的共洗脱肽段，并且这些肽段的m/z差值非常小。C）2 Da的隔离窗口不能将这些共洗脱的多肽隔离开。D）但在捕集离子淌度分析器中这些共洗脱的多肽可以被分离开。

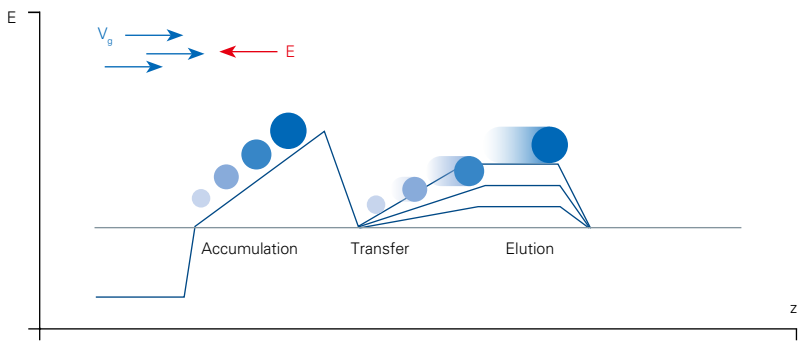
Prof. Dr. Matthias Mann, Director Department of Proteomics and Signal Transduction, Max–Planck–Institute of Biochemistry, Germany

“We now know that the peptide mixtures are still extremely complex when analyzing them in two dimensions (retention time and m/z). Adding one more dimension should in principle get us a long way ahead. In addition to the additional dimension of separation, the timsTOF Pro gives us extremely high speed and sensitivity to get deeper into the proteome and using less sample material.”

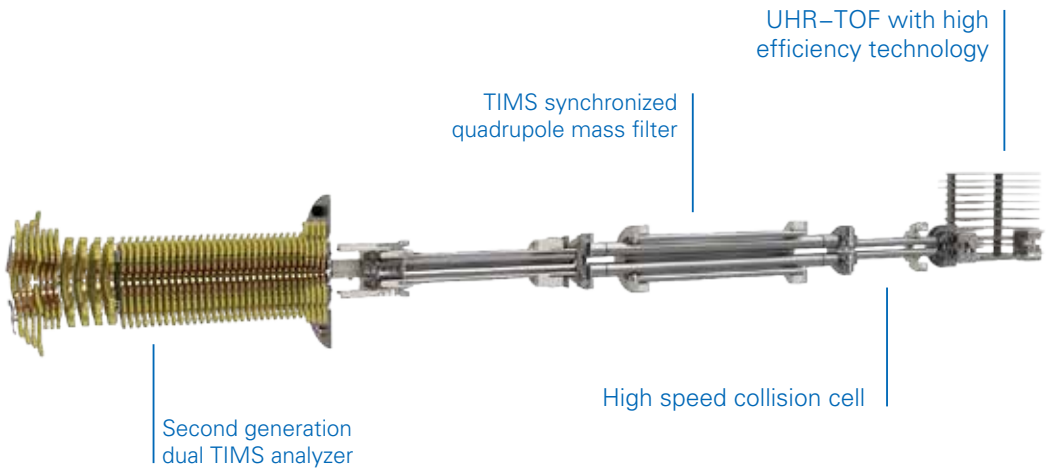
PASEF技术打破数据采集速度记录

timsTOF Pro专门为蛋白组学研究而设计，帮助科学家打破蛋白组学研究的瓶颈。采用同步累积技术，所有离子全部进入timsTOF Pro进行分析。并且，全新设计的四极杆与TIMS协同工作，能带来更高效的离子传输。高速的碰撞池和超高分辨率的TOF在高速采集中也能获得高质量的MS和MS/MS谱图。

同步累积

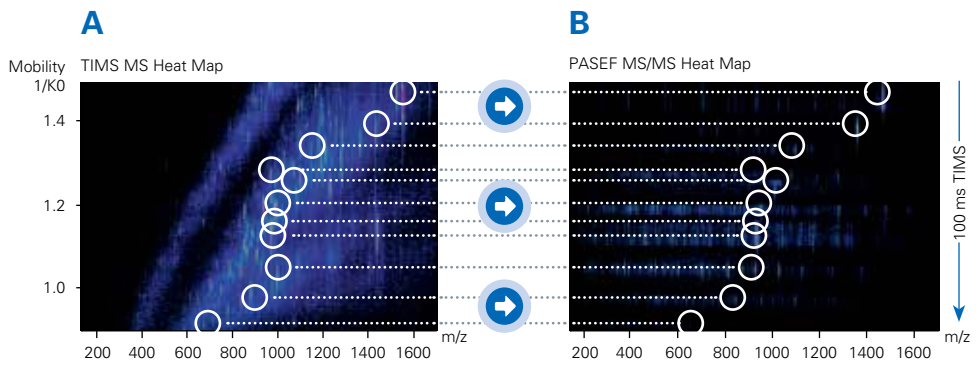


专为蛋白组学研究优化设计



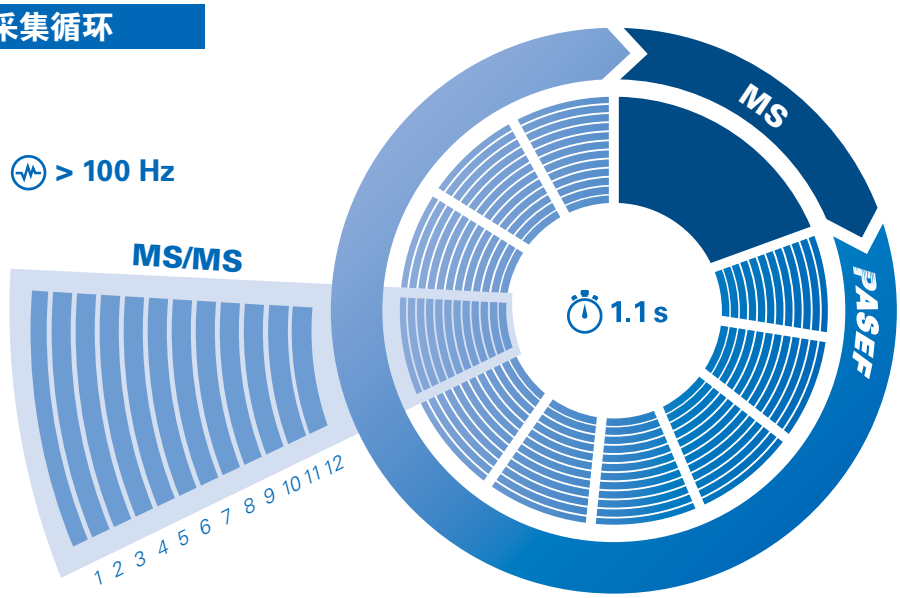
timsTOF Pro构造示意图：所有的离子传输部件经过优化设计以增强在蛋白组学应用中的性能，包括全新四极杆能与TIMS分析器协同工作实现在时间上的精准控制，采用速度更快的碰撞池，带有高效温度控制系统的飞行管。

时间聚焦



PASEF采集基本原理：多肽离子在TIMS中进行淌度分离和释放（~100 ms）然后在检测器中进行检测，产生TIMS的MS热图（A）；在PASEF采集MS/MS谱图（B）时，经TIMS分离的多肽离子进入四极杆中进行隔离并选择母离子，母离子选择过程是在离子释放的过程中同步进行。最后母离子和碎片离子根据淌度值进行对齐。

PASEF采集循环

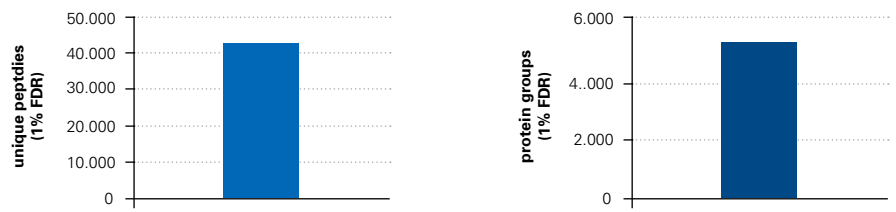


PASEF循环时间：母离子选择与TIMS中离子的释放同步进行，在100 ms离子释放时间内，平均可以选择12个母离子进行碎裂，智能的软件可以对低丰度的母离子进行多次选择并碎裂。

timsTOF Pro为“鸟枪法”蛋白组学带来更高的灵敏度

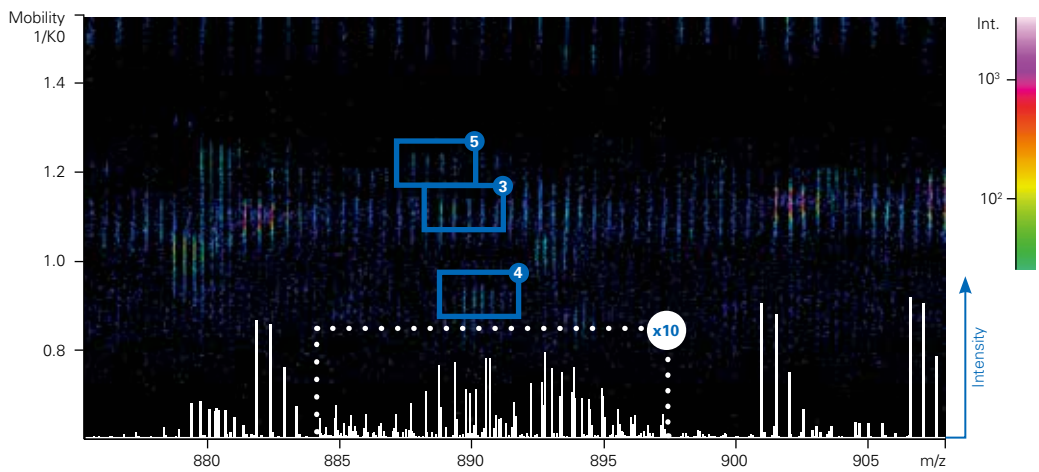
基于质谱技术的蛋白组学研究方法已经成为蛋白组学研究的主要手段。但由于生物样品的高度复杂性和宽的动态范围，要实现真正的全覆盖蛋白组学研究依然很困难，在如此低的进样量下还要对复杂的PTMs进行鉴定和定位也有很大挑战。得利于灵敏度的大幅提高，timsTOF Pro能利用更低的进样量（<1ug），得到更深度的蛋白组学覆盖，并且可以降低样品制备的成本，这对样品量非常有限的临床蛋白组学研究将非常有效。并且由于淌度带来的额外一维分离（淌度分离），能得到背景更干净的MS/MS谱图。

更低的进样量，更深的蛋白组学覆盖。



常规LC–MS方法1/10的进样量能得到更好的蛋白覆盖深度：利用90 min的梯度，对200ng HeLa细胞蛋白酶解液进行分析鉴定到的专属肽段（Unique Peptide）和蛋白（Protein Groups）数目。

TIMS带来更高专属性和灵敏度

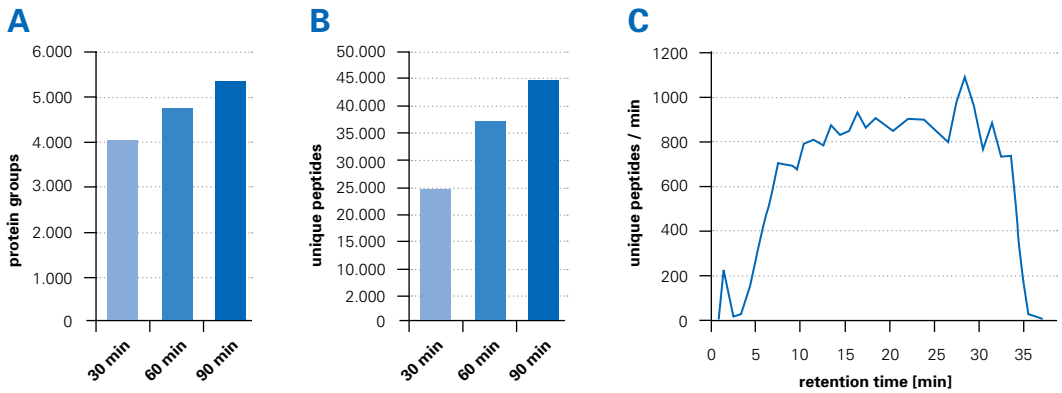


timsTOF Pro提高的谱图质量：目前大部分LC–MS方法只能提供两维的分离（保留时间和m/z），但这不能将蛋白组学样品中常见的m/z差值非常小的共洗脱多肽（如白色质谱图）分离开，利用TIMS，因为增加了一维淌度的分离，这些多肽就可以被清楚地分离开，从而产生专属性更高的MS/MS谱图。低丰度的多肽能被多次选择并碎裂，从而带来灵敏度的提升，低丰度的多肽被鉴定的概率也随之提高。

PASEF技术带来更高的分析通量和更高的PTMs鉴定率

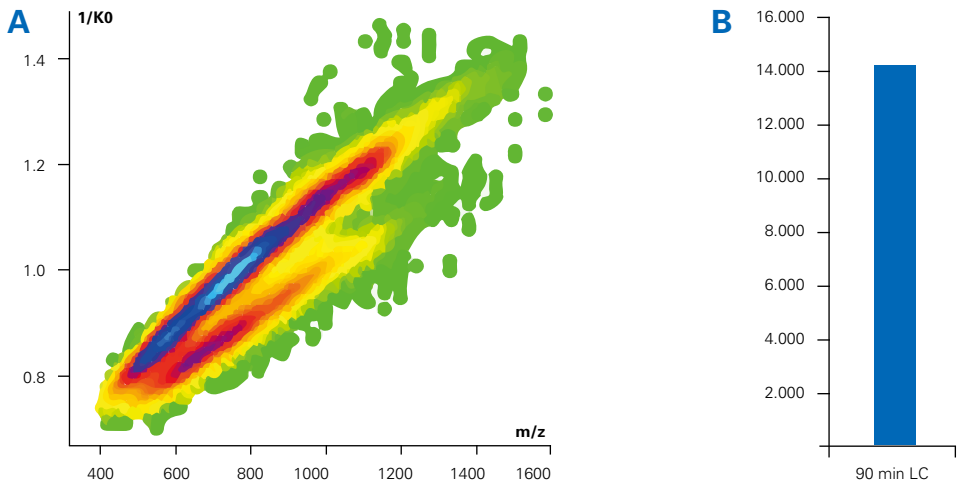
由于timsTOF Pro采用的PASEF采集技术在带来高的数据采集速度同时，不牺牲灵敏度和分辨率，所以蛋白组学分析可以进行得更快，样品的分析通量也随之提升。并且PTMs在TIMS中更容易被分离开，所以PTMs的鉴定率大大提升。

更短的色谱梯度，更深的蛋白覆盖度



更短的色谱梯度带来更深的蛋白覆盖: 用不同的色谱梯度（30 min, 60 min, 90 min）对100ng HeLa细胞蛋白酶解液进行分析，A图为鉴定的蛋白（Protein Group）数目，B图为鉴定到的专属肽段（Unique Peptides）数目，结果显示出高的蛋白覆盖深度和灵敏度。C图为每分钟鉴定到的专属肽段的数目（最大每分钟可以鉴定到1100个专属肽段）。

更高的磷酸化肽段鉴定数目



深度磷酸化蛋白组学分析: A图为90 min色谱梯度分析磷酸化多肽的密度热图（图中只显示出多电荷母离子，单电荷在数据采集时被排除）。B图为利用90 min的色谱梯度和常规LC–MS分析1/10的进样量鉴定到的磷酸化肽段的数目（鉴定到约14000个磷酸化肽段）。

timsTOF Pro

Specificity
Sensitivity
Speed

The New Standard for Shotgun Proteomics

PASEF

BRUKER

Prof. Dr. Jürgen Cox, Group Leader Computational Systems Biochemistry, Max–Planck–Institute of Biochemistry, Germany

"We have been impressed with the quality of the data that we`ve seen and therefore we expect that the performance of the timsTOF Pro with the PASEF technology will make it very popular among proteomics researchers."

timsTOF Pro采用的专利技术列表

TIMS cell (BIL 031/08), Title: "Apparatus and method for parallel flow ion mobility spectrometry combined with mass spectrometry", Issued: US7838826B1; US 8288717B2

Temporal Zoom, IMEX (BDAL 293/11), Title: "Spectrum Acquisition Modes For Ion Mobility Spectrometers Using Trapped Ions", Issued: US8766176B2; GB2490387B, Pending: DE102012004398A1

Spatial Zoom (BRE 399/15, BRE 404/15), Title: "Spatial zoom mode for accumulative trapped ion mobility spectrometry", Issued: US9304106B1; US9546980B1, Pending: EP3054475A1; EP3165913A1; US20170125234A1; CN105869980A; CN107039231A

Parallel Accumulation TIMS (BRE 398/15), Title: "Trapping ion mobility spectrometer with parallel accumulation", Issued: US9683964B2, Pending: EP3054473A1; CN105869983A

Parallel Accumulation – Serial Fragmentation, PASEF (BRE 405/15), Title: "Acquisition of fragment ion mass spectra of ions separated by their mobility", Pending: EP3165914A1; US20170122906A1; CN107037170A

布鲁克质谱

产品详情

仅用于研究，不能用于临床诊断。

布鲁克公司
网址: www.bruker.com
服务热线: 800–819–0181
400–619–8961
咨询邮箱: marketing.bdal.cn@bruker.com

www.bruker.com

布鲁克（北京）科技有限公司
北京市海淀区西小口66号中关村东升科技园B区B–6号楼C座8层
邮编: 100192
电话: (010)58333000
传真: (010)58333299

上海办公室
上海市闵行区合川路2570号1号楼9楼
邮编: 200233
电话: (021)51720800
传真: (021)51720880

广州办公室
广州市天河区中山大道中439号天银商贸大厦17楼1711–1716室
电话: (020)22365885
传真: (020)22365886

Bruker Daltonics is continually improving its products and reserves the right to change specifications without notice. © BDAL 05–2018, 1854883