



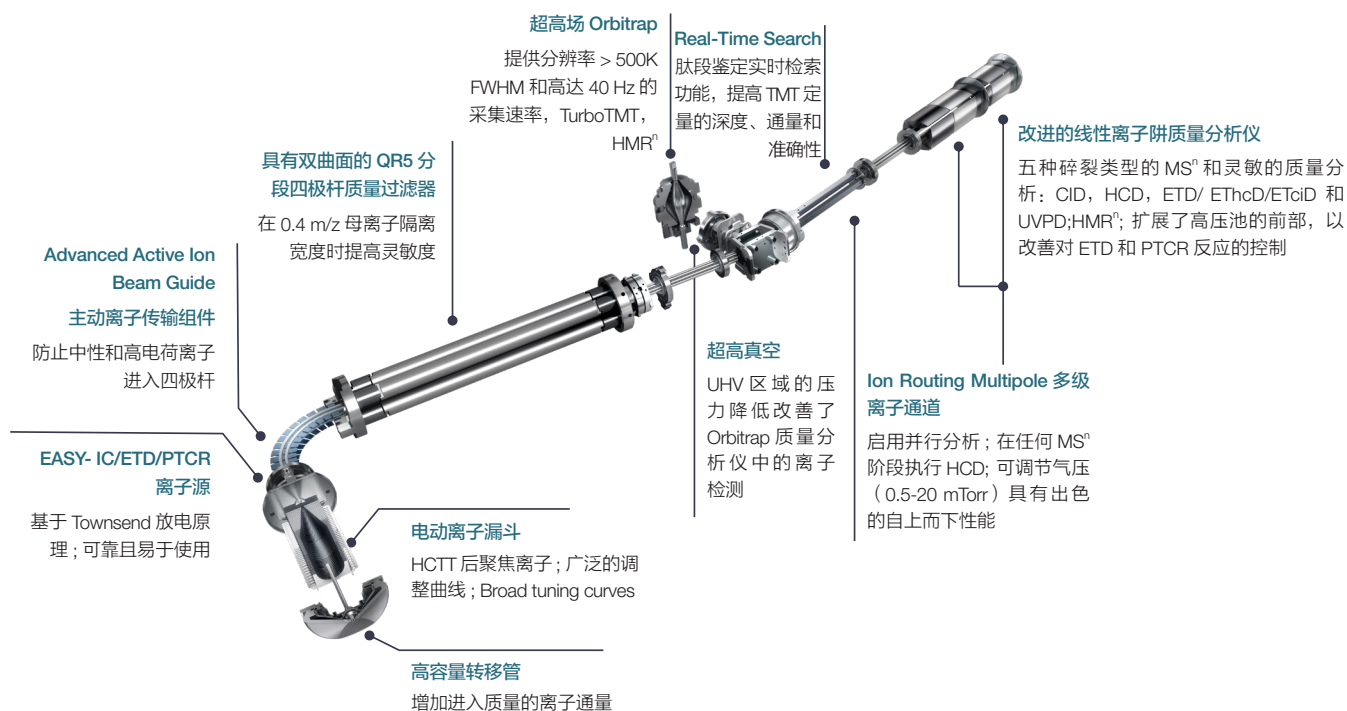
Orbitrap Eclipse™ 三合一超高分辨质谱仪

性能比尖，通用万间

ThermoFisher
SCIENTIFIC

Thermo Scientific™ Orbitrap Eclipse™ Tribrid™ mass spectrometer

是最灵敏和最多功能的 MS 系统



无与伦比的分析性能和多功能性

- QR5 分段四极杆质量过滤器具有出色的前体母离子选择性和灵敏度
- 实时检索 TMT 分析的卓越的深度和准确性
- 高质量范围 MSⁿ (HMRⁿ) 用于非变性蛋白质复合物的结构分析
- 质子转移电荷减少 (PTCR) 用于简化复杂谱图和改进自上而下的数据解释
- 与 Orbitrap Exploris 480 和 TSQ MS 的接口通用



定性蛋白质组学

复杂样品, 动态范围宽



定量蛋白质组学

高通量和最准确的蛋白质组范围定量



结构生物学

蛋白质复杂结构表征



生物药物分析

蛋白质 - 药物结构解析, 杂质鉴定

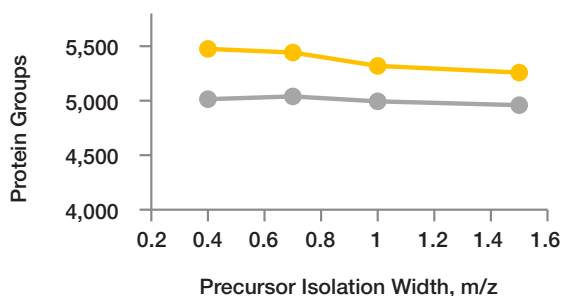
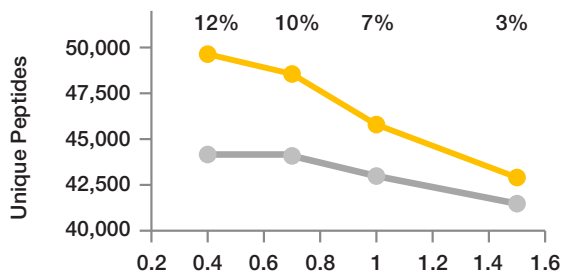


小分子结构鉴定

异构体结构表征

定性蛋白质组学

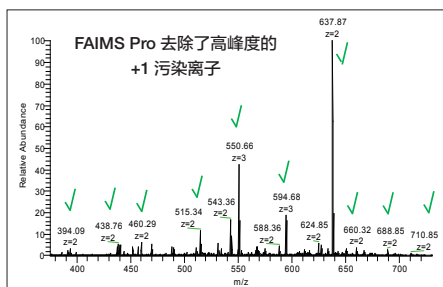
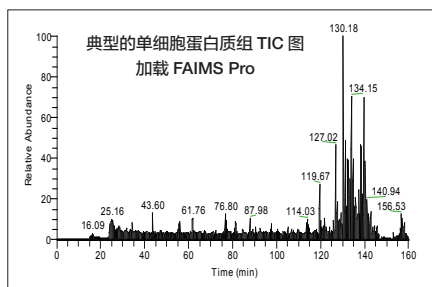
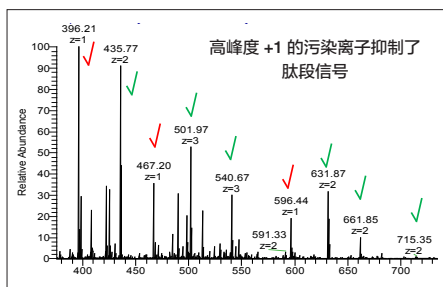
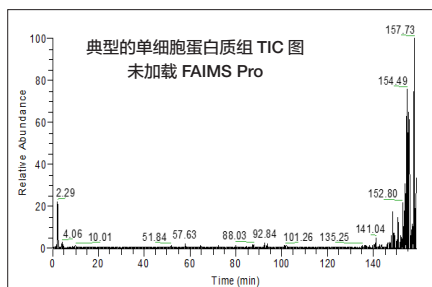
QR5 质量过滤器：在 60 分钟内可靠地鉴定出近 50,000 个 Unique 肽段



QR5 分段四极杆质量使 Orbitrap Eclipse MS 成为最灵敏的 Orbitrap 质谱仪

- 内径半径 5.25 mm (增加 30%)
- 使用 0.4 m/z 母离子隔离宽度时传输效率增加 (~2X)
- 实验细节
- 上样量 2μg K562 胰蛋白酶肽
- OTIT DDA, 梯度为 60 分钟
- Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ 2.3 软件, 标准修饰设定, <1% FDR
- 在 0.4 m/z 的隔离宽度下, MS/MS 谱图具有更高的特异性, 从而提高了 ID 鉴定效率
- 与 Orbitrap Fusion Lumos MS 相比, 肽和蛋白质多 10%

FAIMS Pro 显著提升单细胞蛋白质组学鉴定深度

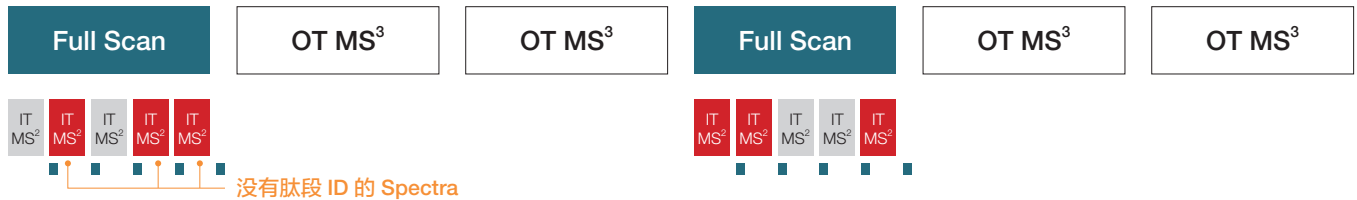


	Protein groups	
	Eclipse	Eclipse + FAIMS
1 Cells	551	829
100 cells	2109	3067

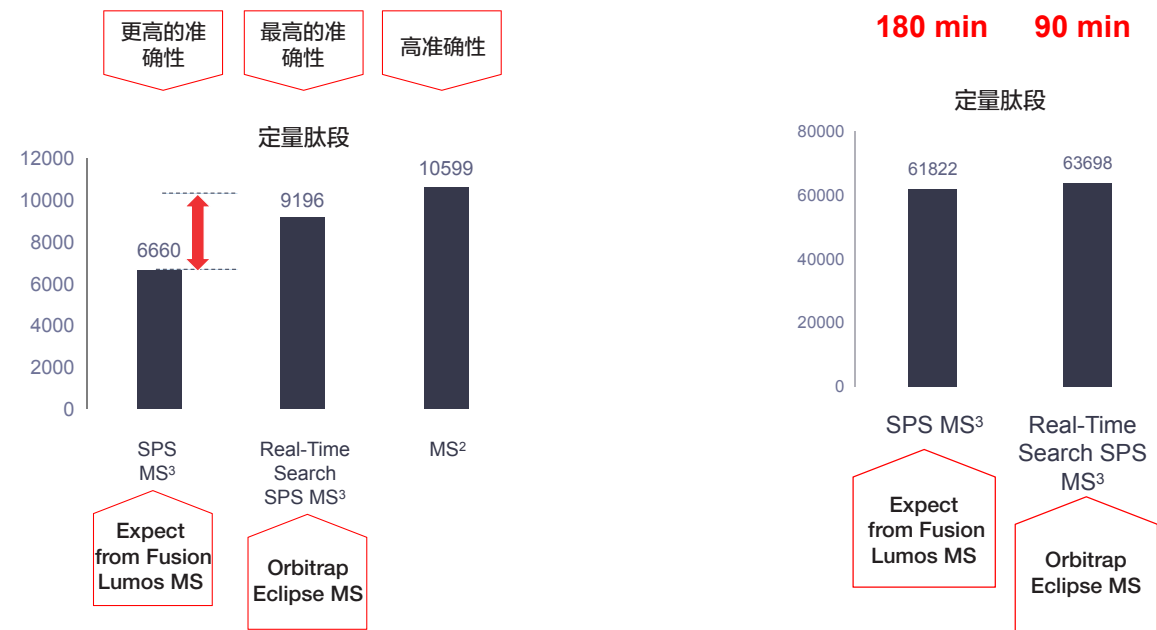
单次进样鉴定到 829 个蛋白 (只依赖 Proteome Discoverer 二级谱图匹配)

实时检索提高 TMT 分析的深度， 通量和准确性

Real-Time Search SPS MS³: 4 肽段定量



■ 实时搜索事件需要几毫秒，与 ITMS² 并行运行



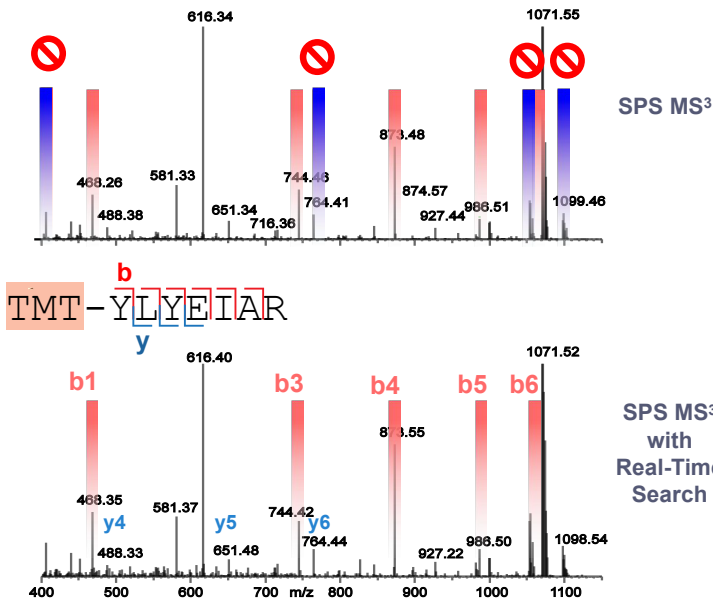
实时检索增加了 SPS MS³ 定量的肽数量

- TKO 标准品：使用实时检索，与传统的 SPS MS³ 实验相比，多定量 38% 的肽段，接近经典 MS² 实验的结果
- 对于因通量问题而未采用 SPS MS³ 工作流程的实验室，使用实时检索的新方法提供了强大的替代方案。

实时检索达到 SPS MS³ 的结果只需要一半的时间

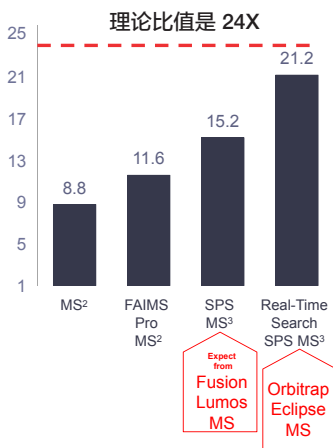
- 对于已经采用 TMT SPS MS³ 工作流程的实验室，实时检索将提高您的通量（2 倍）
- 此处显示的结果是标记为 10 重（3-3-4）生物重复的三种人细胞系的样品

实时检索提高了 SPS MS³ 实验的定量准确性



使用正确的 MS³ 碎片 实时检索：一个真实的数据示例

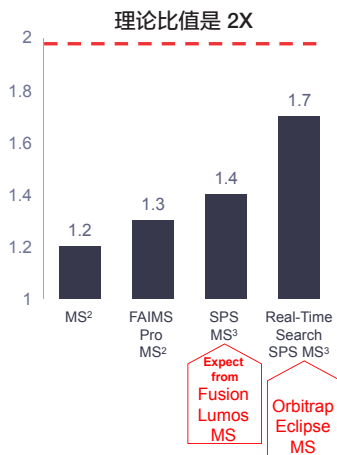
- 我们正在比较所示 BSA 肽的 MS² 谱
- 标准 SPS MS³-9 个离子
 - 5 个正确的 TMT 标记碎片
 - 4 个未标记或污染的碎片
- 实时检索 SPS MS³
 - 5 个正确的 TMT 标记片段 (b- 离子)
 - 系统排除未标记和未标识的片段
- 这导致 TMT 报告离子的更高特异性, 改善定量准确性



大的比值

- 预期比值为 24 倍
- 显示了 6 种蛋白质的平均比值
- MS² 提供最不准确的结果
- FAIMS 在一定程度上改善了 MS² 的结果
- 实时检索的结果可以最准确地衡量变化幅度

对于每个 TMT 通道, 将 4-100pmol 的 6 蛋白质酶切肽段加入到 40μg HeLa 酶切肽段中, 然后进行标记, 得到掺入比例为 2-24 的掺入标准品。此处仅显示预期的比值为 24 的结果。

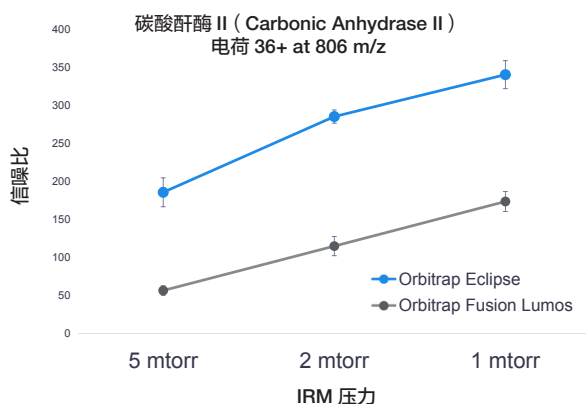


微小变化

- 预期比值是 2 倍
- 显示了 6 种蛋白质的平均比值
- MS² 提供的结果最不准确, 因此很难确定更小的变化
- SPS MS³ 稍微挽救了准确性
- 具有实时搜索的 SPS MS³ 的结果是最准确的, 使得能够检测到更小的变化。

对于每个 TMT 通道, 将 4-100pmol 的 6 蛋白质酶切肽段加入到 40μg HeLa 酶切肽段中, 然后进行标记, 得到掺入比例为 2-24 的掺入标准品。此处仅显示预期的比值为 2 的结果。

增强 top-down 分析

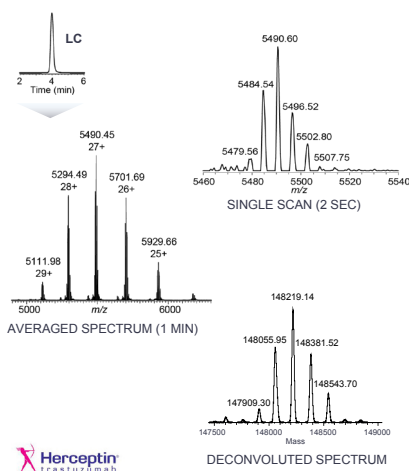


直接输注 100 fmol / μ L 碳酸酐酶 II (牛)

增强型真空技术 提高完整蛋白质的 S / N

- 中间 (5 mTorr) 和超低 (1mTorr) IRM 压力与 Orbitrap Fusion Lumos MS 相比 S/N 提高 2-4 倍
- 重新设计的硬件用于更好的抽 OT 区域真空; Orbitrap 质量分析仪的压力较低
- IRM 中的可调压力为 0.5-20 mTorr, 可对包括非变性复合物在内的完整蛋白质进行最佳分析

新 HMRⁿ 选项分析非变性单克隆抗体



SEC-LC/MS 分析非变性 Hecercptin[®]

- Herceptin[®] 的五种主要糖型均以其非变性的形式以高质量高准确度进行了完美分辨和测量

糖型	平均分子量 (理论)	平均分子量 (测定)	质量偏差 (ppm)
G0, G0F	147910.06	147909.30	5.1
G0F, G0F	148056.20	148055.95	1.7
G0F, G1F	148218.34	148219.14	5.4
G1F, G1F	148380.48	148381.52	7.0
G1F, G2F	148542.63	148543.70	7.2

Top-down HMRⁿ 单克隆抗体的自上而下分析

```

N D L I Q M R I Q S P L S I S I S I S I V G D R I V I T I T I R A 25
26 S Q D V N I T A V A W Y Q Q K P I G K A I P K L L I Y S 30
53 A S F L Y S G I V I P S I R F I S I G I S I R I S I G T I D F T L I T I 75
74 S L I Q P E I D I F I A I T Y I Y I Q Q I H L V I T I P I P I T I F I G I Q 100
101 G I T K I V I E I I K I R I V I A I A P I S V I F I F I P I S I D I E I Q L 125
126 K I S I G I T I A I S V I V I L L N N F Y P R E A I K V Q W K I V 150
151 D N A L Q S I G I N S Q E I S V T E Q I D S I K I D S T I Y I S I L 175
176 S S T I L T L S K A D Y E K H K V Y I A I E I V I T I H I Q G 200
201 L S I S P I V I T I K I S I F I N I A I G I E I C C

```

```

N E V Q I L I V I E I S I G I G I L I V I Q P G I G S I L R I L I S I A A S 25
26 G F I N I K I D T I Y I H W I V R Q A I P I G K G L E W V A R 50
53 I Y P T N I G Y T R I Y A D I S V K I G R F T I S A D I T S 75
74 K I N T A Y L Q M N S L R A E D T A V Y Y I S I R W I G 100
101 G I G I F I Y I A I M I O I Y I W I G I G I T I L I V I T V I S I S I S I T I K I G 125
126 P I S I V I F I P I L I A I P I S I S I K S T S G G T A A L G I L V K I 150
151 D Y F P E P V T V S W N S G A L T S G V H T F P A 175
176 V L Q S S G L Y S L S S V V T V P S S L G T Q T 200
201 Y I I N V N H I K I P S I N I T I K I V I D I K I K V I E I P I K S I C D K 225
226 T H T C I P I P C P A P E L L G G P I S V I F I L I F P I P K P 250
251 K I D T L M I S I R T P E V T I V V V D V S H E D P 275
276 V K F N W Y V D G V E V H N A K T K P R E E Q Y 300
301 S Y T R V V S V L T V L H Q D W L N G K E Y K 325
326 V I S I N I K I A I L I P I L I E I K I T I S I K I A I G I Q I P I R I E I P I Q 350
351 V I T I L I P I S I R I E I M I T I K I N I Q V I S I L T I L V K G F 375
376 Y P S D I A V E W E S I N G Q P E N N I Y K I T I P I K 400
401 L D S D G S F F L Y S K L T V D K S I R W Q Q G N I V 425
426 F S I S I V M H I E I L I L I N I H I V I T I Q K S L S L S P G C

```

Light Chain
57%

Heavy Chain
36%



单个实验中的高序列覆盖率

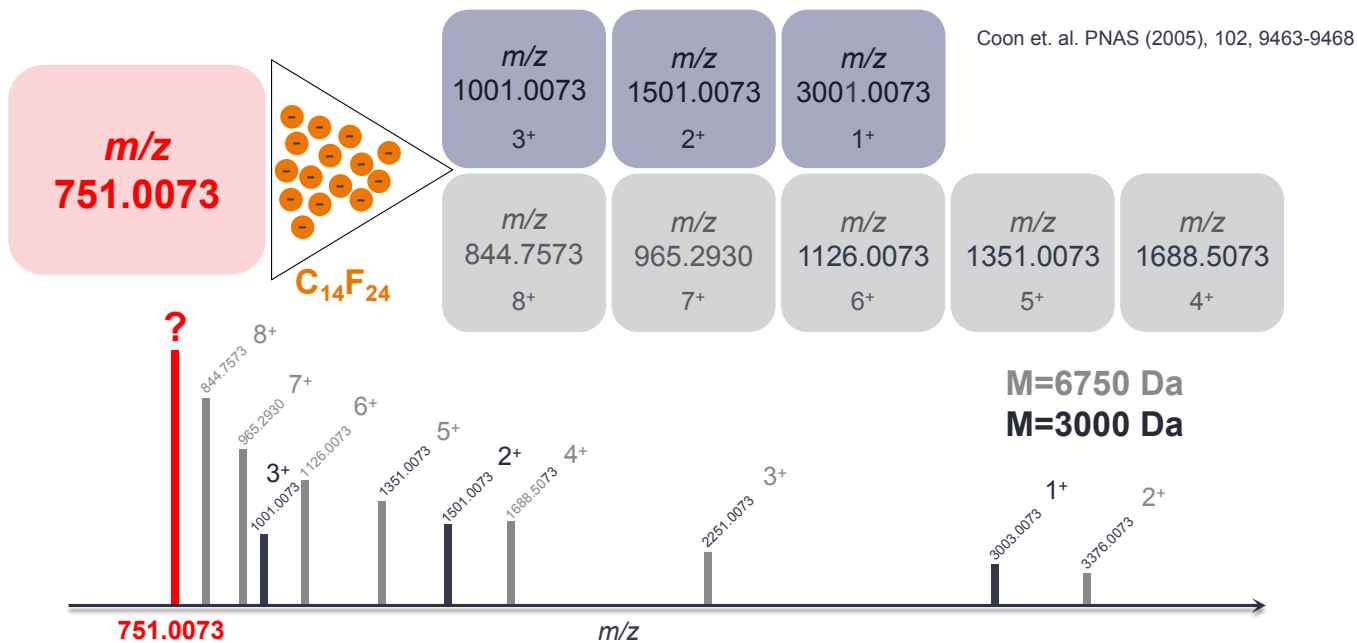
- 合并 ETD, EThcD, UVPD 和 HCD 结果
- 轻链序列覆盖 57%
- 重链序列覆盖 36%
- 完整 IgG 的序列覆盖为 43%, 质量偏差 3.7 ppm RMS

在 50mM 醋酸铵中直接输注非变性 Herceptin[®] mAb (148 kDa)。在离子阱中分离出 27+ 的 5,500 m/z, 并使用 ETD, EThcD, UVPD 和 HCD 进行碎裂。用 R 240'000 @ 200 m/z 获得 MS/MS 谱图。使用 Biopharma Finder 4.0 软件使用 S/N 10 和 10ppm 质量偏差进行数据处理。

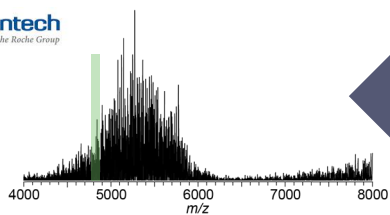
Proton Transfer Charge Reduction (PTCR)

质子转移电荷降低

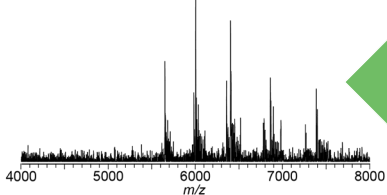
电荷减少揭示了两种不同化合物的电荷状态分布



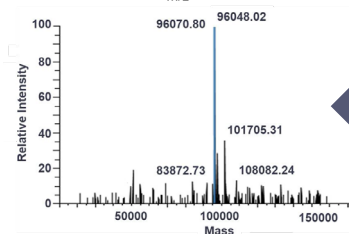
Genentech
A Member of the Roche Group



原始的 MS 谱图
去唾液酸化的细胞
因子 -Fc 融合蛋白



PTCR MS²:
PTCR of 80 amu
质量窗口 m/z 5677-5757



去卷积结果

Cytokine-Fc fusion protein



- 非变性质谱降低了谱图的复杂性, 但不足以产生可解释的质谱图
- 非变性质谱与 PTCR 电荷减少结合使得细胞因子 -Fc 融合蛋白在预期质量下解卷积

平均分子量 (测定值)	相对峰度	电荷分布
96048.02	100	14-17
96070.80	53.65	14-17
101705.31	51.10	14-18
83872.73	12.48	13-15

赛默飞世尔科技

上海

上海市浦东新区新金桥路27号3,6,7号楼
邮编 201206
电话 021-68654588*2570

生命科学产品和服务业务

上海市长宁区仙霞路99号21-22楼
邮编 200051
电话 021-61453628 / 021-61453637

北京

北京市东城区北三环东路36号环球贸易
中心C座7层/8层
邮编 100013
电话 +86 10 8794 6888

广州

广州国际生物岛寰宇三路36、38号合景
星辉广场北塔204-206 单元
邮编 510000
电话 020-82401600

成都

成都市临江西路1号锦江国际大厦1406 室
邮编 610041
电话 028-65545388*5300

沈阳

沈阳市沈河区惠工街10号卓越大厦3109 室
邮编 110013
电话 024-31096388*3901

武汉

武汉市东湖高新技术开发区高新大道生物园路
生物医药园C8栋5楼
邮编 430075
电话 027-59744988*5401

南京

南京市中央路201号南京国际广场南楼1103室
邮编 210000
电话 021-68654588*2901

西安

西安市高新区科技路38号林凯国际大厦
1006-08单元
邮编 710075
电话 029-84500588*3801

昆明

云南省昆明市五华区三市街6号柏联广场写字
楼908单元
邮编 650021
电话 0871-63118338*7001

欲了解更多信息，请扫描二维码关注我们的微信公众账号

赛默飞世尔科技在全国有共21个办事处。本资料中的信息，说明和技术指标如有变更，恕不另行通知。



赛默飞
官方微信



赛默飞色谱
与质谱中国

热线 800 810 5118
电话 400 650 5118
www.thermofisher.com

ThermoFisher
SCIENTIFIC