



Thermo Scientific Orbitrap Elite
组合式质谱仪



高场 Orbitrap

创造最新可能性

- 超高分辨率 • 更快的扫描速度
- 更高的灵敏度 • 互补的碎裂技术

禹重科技® ÜZONGLAB

成分分析仪器 | 表面测试仪器 | 样品前处理仪器

Thermo
SCIENTIFIC

分辨率最高、功能最多的

Orbitrap 质谱仪

Thermo Scientific Orbitrap Elite 组合式质谱仪结合了以前的双压线性离子阱质谱仪和一种新型的高场 Orbitrap™ 质量分析器，提高了 MS 和 MSⁿ 的性能和多功能性。该系统具有高于 240,000 的分辨率（FWHM）、更高的灵敏度、高扫描速度和更大的动态范围。

高场 Orbitrap 质量分析器提供超高分辨率

高场 Orbitrap 质量分析器几何学与先进的信号处理技术提供大于 240,000 FWHM 的分辨率，比先前的技术提高了 4 倍。这种超高分辨率在分析高复杂性样品和低丰度目标分析物的应用时尤其有用，如蛋白质组学、代谢组学及脂类组学等。

更快的扫描速度增强了与 UHPLC 的兼容性

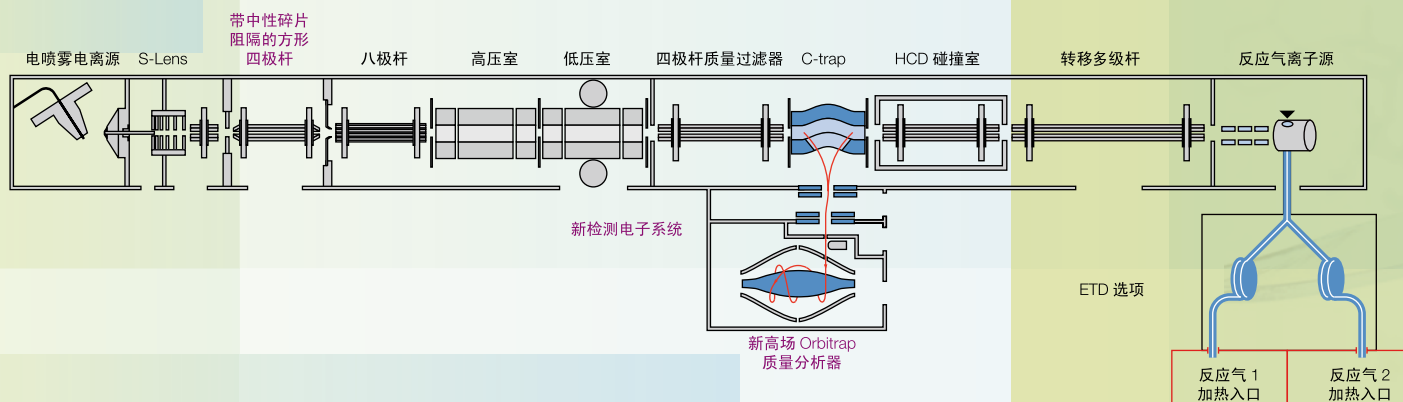
高场 Orbitrap 质量分析器几何学与先进的信号处理技术将扫描速度提高了 4 倍，使 Orbitrap Elite 系统与 UHPLC 分离技术的窄色谱峰的兼容性变得更好。

为复杂样品分析提供更高的灵敏度

新型的前置放大器电子器件提高了灵敏度。与超高分辨率相结合，为复杂样品的分析提供更全面的数据和更深入的分析结果。

多种碎裂技术选项增加了多功能性

除了传统的碰撞诱导解离（CID），Orbitrap Elite 质谱仪采用更高能量碰撞解离（HCD）技术为多种类型的样品提供更充分的解离和更高质量的 MS/MS 谱图。可选的电子转移解离（ETD）技术能够保留不稳定的蛋白质翻译后修饰。智能化的数据依赖决策树（DDDT）方法能够在一次分析中结合采用多种碎裂技术，从而显著提高蛋白质组覆盖率。



Orbitrap Elite 质谱仪能够以前所未有的深度分析复杂样品，旨在帮助科学家解决蛋白质组学、代谢组学、脂类组学和代谢领域中最严峻的挑战。

Orbitrap 质谱仪性能的巨大飞跃：

Orbitrap Elite 的关键特性：

- 高场 Orbitrap 质谱仪提供更高的质量分辨率和更快的扫描速度
- 先进的信号处理技术提供更高的分辨率
- 新型 Orbitrap 镜像电流前置放大器提供更高的灵敏度
- 具备中性阻断技术的 II 代 Velos Pro 线性离子阱离子光学传输系统增强耐用性



综合性蛋白质组学 分析性能的新标准

基于 Orbitrap 技术的质谱仪是众多蛋白质组学实验室的重要分析工具。功能更强大的 Orbitrap Elite 质谱仪为多种蛋白质组学应用的性能建立了新标准。

Top-down 分析

高于 240,000 FWHM 的最大分辨率和互补的碎裂模式更好地实现 Top-down 蛋白质鉴定和表征。

PTM 分析

可用的电子转移解离 (ETD) 能够在肽骨架的裂解过程中保留不稳定的侧链结构, 更好地进行翻译后修饰 (PTMs) 分析。

蛋白质鉴定

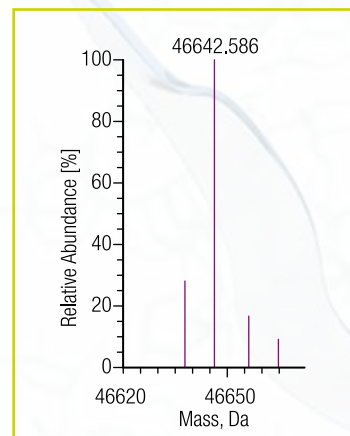
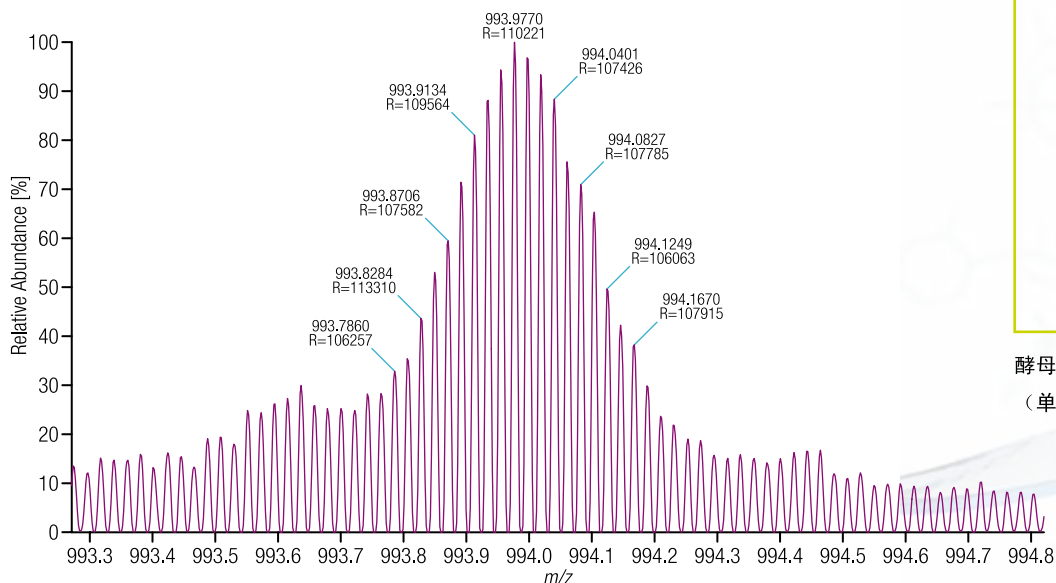
更快的扫描速度有利于从一个峰中得到更多的数据点, 结合高分辨率和优越的谱图质量, 能够在一次分析中获取更多的蛋白质鉴定结果。

定量蛋白质组学

不论是全扫描 MS 还是 MSⁿ, Orbitrap 质谱仪出色的分辨率和选择性都增强了相对定量分析的性能, 例如使用稳定同位素标记或同量异序质量标记的分析。

完整蛋白质分析

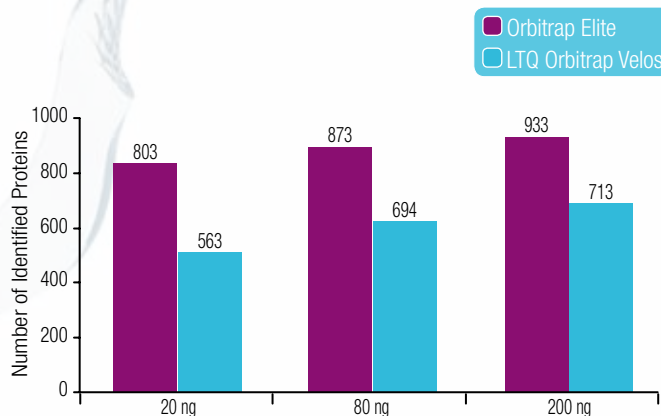
酵母烯醇酶的 47+ 电荷态显示了在 m/z 为 1,000 时高于 100,000 FWHM 的分辨率图



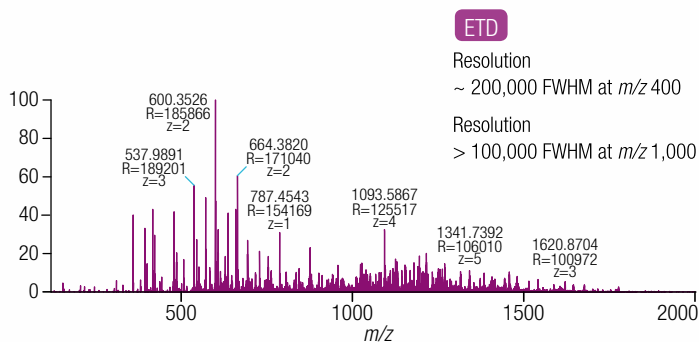
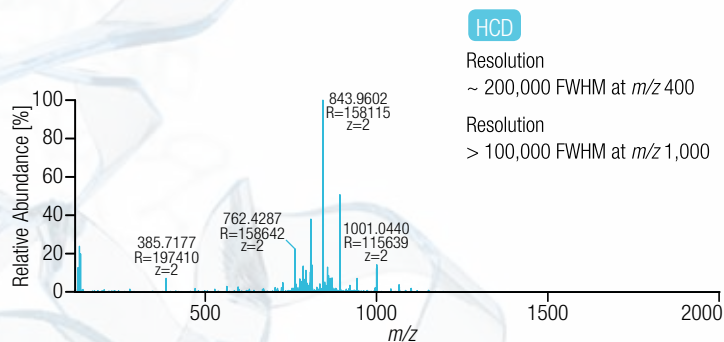
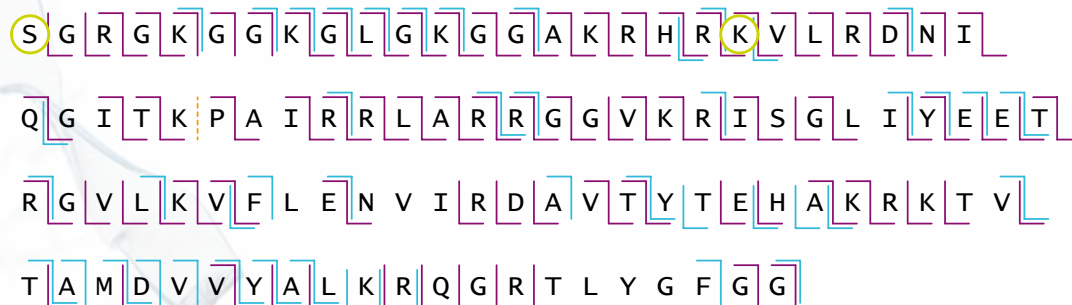
酵母烯醇酶的去卷积谱图
(单一同位素质量数 46642.214 Da)

利用 Orbitrap Elite 组合式质谱仪进行完整酵母烯醇酶 (46.64 kDa) 分析能够获得具有出色分辨率的分析结果, 为蛋白质组学应用建立了新标准。

Orbitrap Elite 具有出色的分辨率和谱图质量以及更快的扫描速度，即使样品量很少也能增加复杂样品分析中蛋白质组的覆盖率。这里列举了采用 Thermo Scientific Pierce 串联质量标记的大肠杆菌蛋白质组分析结果，结果表明，相对于已经非常出色的前一代 Thermo Scientific LTQ Orbitrap Velos 组合质谱仪，Orbitrap Elite 的性能又更进一步。



Top-down analysis



组蛋白 H4 分析结果显示了 Orbitrap Elite 质谱仪 HCD 和 ETD 碎裂技术的互补性。在一次分析中组合使用 HCD 和 ETD 相对于单独使用这两种技术，显著提高了序列覆盖率。

为代谢和代谢组学研究提供一个 全面解决方案

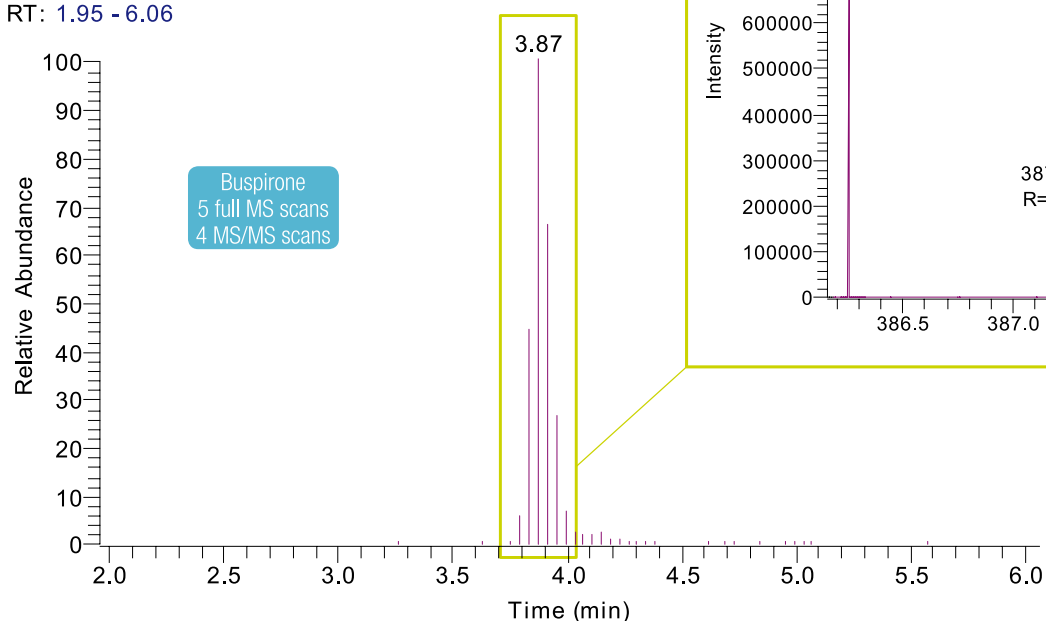
Orbitrap Elite 质谱仪提供大于 240,000 FWHM 的最高分辨率，能够全面检测样品组分并将其从复杂的基质组分中区分出来。更高的灵敏度确保检出生物样品中更多的代谢产物。高质量 MSⁿ 谱图树为代谢产物的鉴定和修饰点的定位提供了大量的结构信息。增强的耐用性可以进行每周 7 天，每天 24 小时的不间断操作。

无与伦比的性能

Orbitrap Elite 质谱仪在高灵敏度下进行超高分辨率分析的同时也不会损失速度和 MSⁿ 的性能。

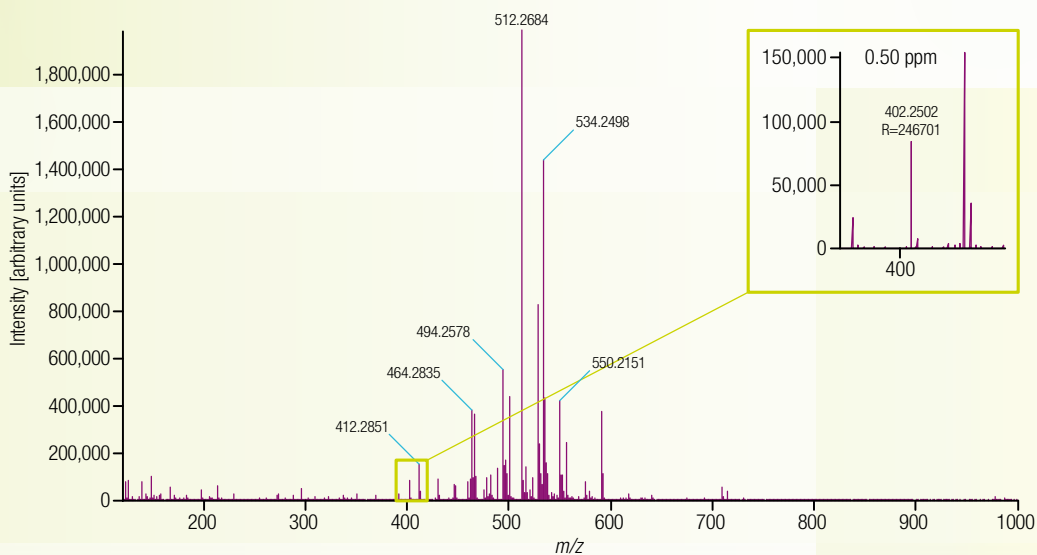
- 在同位素示踪实验中分辨出同量异位组分和同位素的精细结构
- 快速扫描和高分辨率提高了定量测试精密度和可信度
- MSⁿ de novo 结构解析有助于在一个 UHPLC 时间标度内鉴定新型代谢物
- 分析复杂生物基质中低浓度脂类和代谢产物时所需维护更少、效率更高

RT: 1.95 - 6.06



即使在获得 MS 和 MS/MS 数据时，Orbitrap Elite 的高扫描速度也能够对窄 LC 峰提供出色的覆盖率。丁螺环酮的分析显示了全扫描的数据采集，在 1 Hz 分辨率达到 250,000。在峰流出的过程中总共进行了 9 次扫描：5 次 MS 全扫描和 4 次 MS/MS 扫描。

丁螺环酮氧化代谢物的高分辨准确质量数全扫描 MS 谱图



即使在复杂的胆汁基质中，Orbitrap Elite 也可以提供准确的质量数检测。如图所示，在多种胆汁基质成分流出的窗口中，系统仍然检测到丁螺环酮氧化代谢物，绝对质量偏差为 0.5ppm。

代谢和代谢组学的全面解决方案

代谢

Thermo Scientific MetWorks 和 Thermo Scientific Mass Frontier 软件能够利用从 Orbitrap Elite 获得的超高分辨率、准确质量数据简化外源性化合物的代谢轮廓分析和鉴定。MetWorks™ 软件整合了 LC/MSⁿ 分析进行代谢物鉴定的数据采集、处理和报告过程，并提供对已知和未知代谢物进行深入数据分析的工具。Mass Frontier™ 软件具有自动裂解预测，以及 MSⁿ 谱图树智能化学注释功能。另外，其 Fragment Ion Search (FISh) 碎片离子检索功能可实现生物转化的自动定位。

代谢组学

Thermo Scientific SIEVE 和 Mass Frontier 软件利用从 Orbitrap Elite 获得的超高分辨率、准确质量的数据对内源性代谢产物进行综合的分析。SIEVE™ 软件能够发现多个样品组之间具有可复制差异的组分。优化的组分检测功能大大降低了化学背景和多余信号引起的假阳性结果。SIEVE 软件通过检索本地和基于 web 的数据库得到确定的鉴定结果。Mass Frontier 软件通过解析 MSⁿ 谱图对已知组分进行确认，也能够对未知组分提供 de novo 结构解析。

应用软件将数据转化为 有用信息

Thermo Scientific Xcalibur 数据系统

稳定的操作平台

Xcalibur™ 软件是一个多功能、操作简便的数据系统，可以控制所有 Thermo Scientific 的质谱系统。Xcalibur 软件的主页包括仪器设定、序列设置和数据采集功能，方便用户操作。

Xtract

Xtract 软件能够对完整蛋白质分析和从 top-down 分析中得到的复杂的 MS/MS 谱图中同位素分辨的数据进行去卷积。

Thermo Scientific Proteome Discoverer 软件

为蛋白质研究者提供质谱信息平台

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。

Thermo Scientific ProSightPC 软件

ProSightPC™ 软件可以用来解决 top-down 和 middle-down 蛋白质组学研究策略的特殊要求。多电荷、完整蛋白质的碎片谱图极其复杂。软件对从 Orbitrap Elite 质谱仪得到的高分辨率、准确质量的数据进行处理，以得到中性碎片质量数的列表并与蛋白质组数据库进行对照从而鉴定和表征蛋白质。

Thermo Scientific ProteinCenter 软件

揭示有意义的生物学信息

ProteinCenter™ 软件是一个基于网络的数据解析工具，帮助科学家比较和解读蛋白质组学数据，快速便捷地提取有意义的生物学信息。它可以帮助用户进入一个涵盖 20 多个公共数据库的数据库，这个软件还包括了所有历史数据。

Thermo Scientific Pinpoint 软件

帮助蛋白质组学定量分析

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。Pinpoint 软件简化了目标定量方法的建立，它帮助研究者利用从早期发现实验中采集的数据。该软件可自动完成前期方法开发的许多工作。它可以对前期数据进行采集和分析，然后将这些数据分析结果用于优化方法。

SimGlycan™ 软件

预测多糖和糖肽的结构

SimGlycan 软件能够分析质谱数据以预测多糖和糖肽的结构。它将实验得到的 MS/MS 数据与其自带的理论碎片数据库进行比对，生成一个可能的结构列表。每个结构的得分反映出它与实验数据的匹配程度。软件也为可能的多糖和已鉴定的糖肽提供附加的生物学信息。

Thermo Scientific MetWorks

药物代谢软件

简化复杂代谢数据的解析

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

Thermo Scientific Mass Frontier

谱图解析软件

从谱图到结构的可靠路径

通过化学智能谱图注释、先进的碎裂预测和无与伦比的谱图及碎裂机理知识的管理，Mass Frontier 软件能够提供可靠的结构鉴定结果。

Thermo Scientific SIEVE

差异表达软件

基于 LC-MS 数据库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。

禹重科技® UZONGLAB

成分分析仪器 | 表面测试仪器 | 样品前处理仪器

上海市闵行区春申路2525号芭洛商务大楼

电话：021-8039 4499 传真：021-5433 0867

上海|北京|沈阳|太原|长沙|广州|成都|青岛|香港

全国销售和售后服务电话：400-808-4598

邮编：201104, China

邮箱：shanghai@uzong.cn

更多信息请访问：www.uzong.cn

Thermo
SCIENTIFIC

Part of Thermo Fisher Scientific



了解我们



微信公众号