

# 性能领跑者

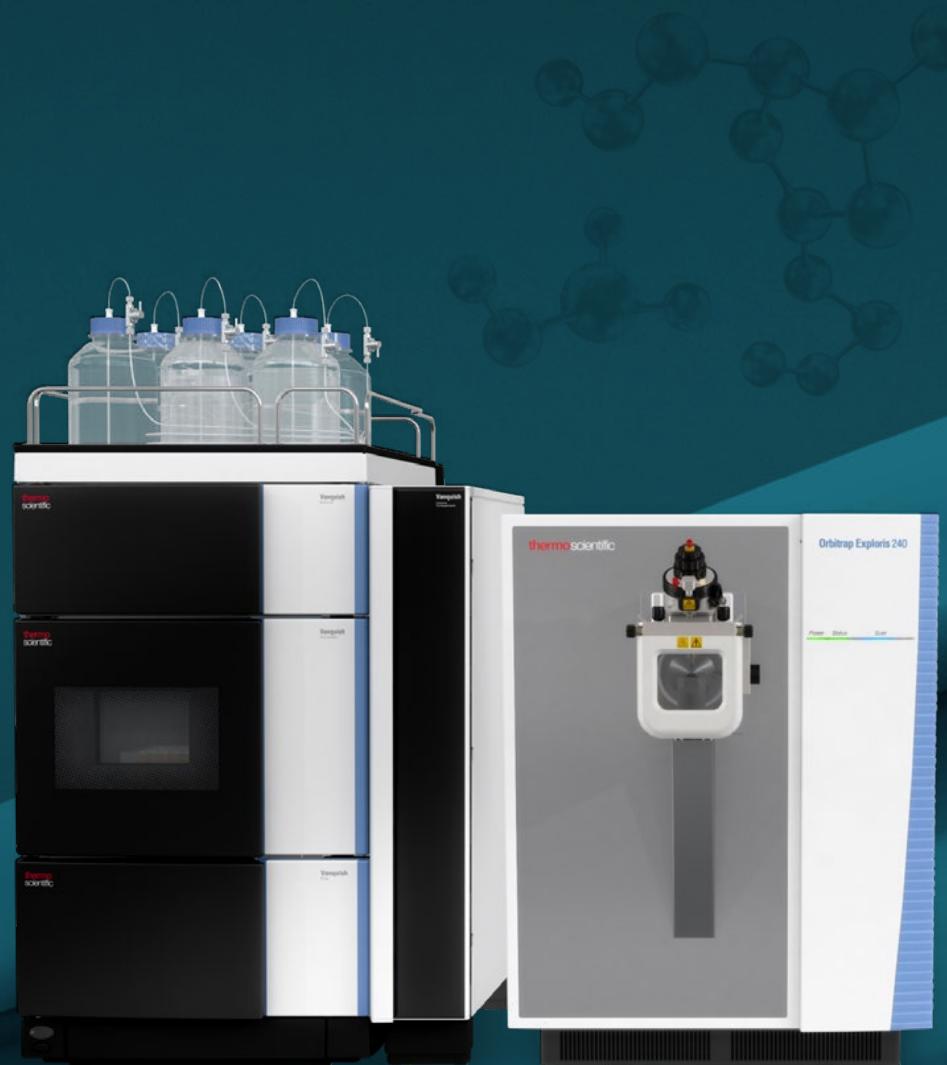
Orbitrap Exploris 240 质谱仪



# 卓越的性能

Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 质谱仪为化合物的发现和鉴定提供了领先的性能和应用通用性，其定量的精密度和准确度能帮助您得心应手地扩大规模并提升影响力。

简便的操作结合智能化的数据采集，使您能够快速获得可靠的结果。



Orbitrap Exploris 240 质谱仪与 Thermo Scientific™ Vanquish™ Duo UHPLC 系统联用

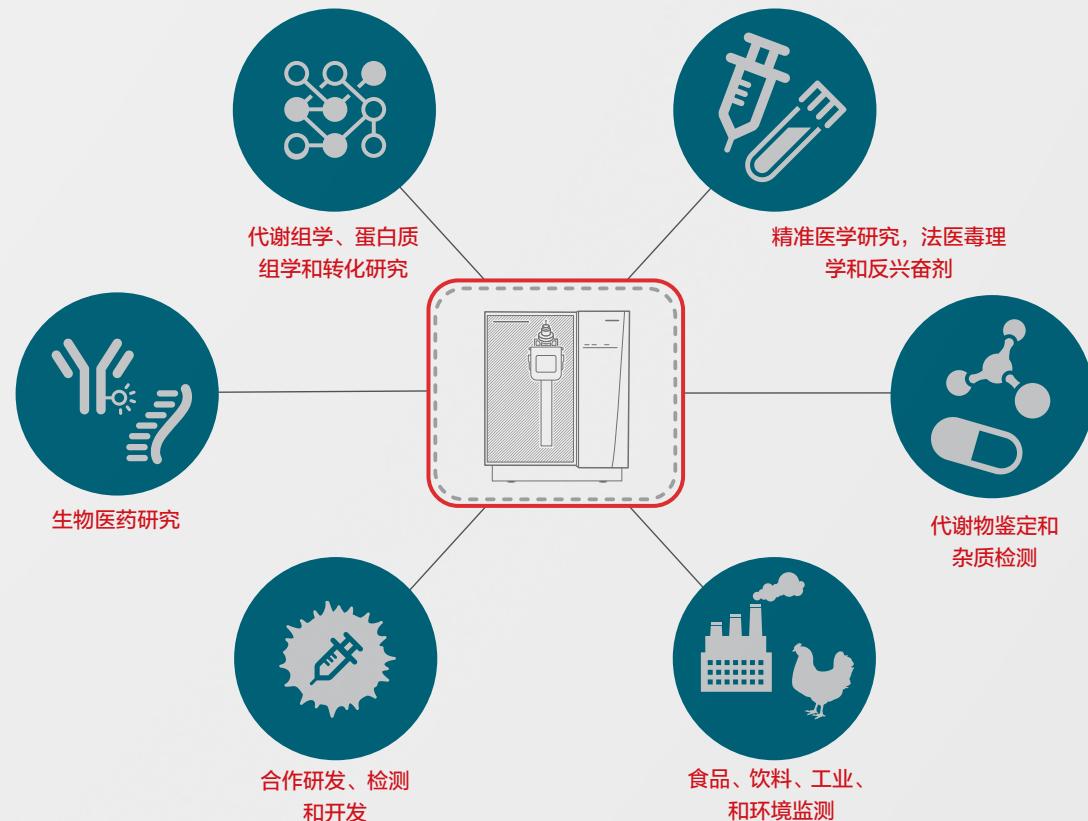
高性能 | 通用性 | 操作简便

# 整合了 20 多年经验的第四代四极杆

## Orbitrap 质谱仪

更智能的运作，高质量的结果，适合多个应用领域

可靠地鉴定小分子未知物、对复杂生物治疗药物进行全面表征、开展有效的组学研究，应对这些挑战不需要您加班加点地工作。无论您面临何种应用挑战，Orbitrap Exploris 240 质谱仪都能提供高精度、高质量的结果。



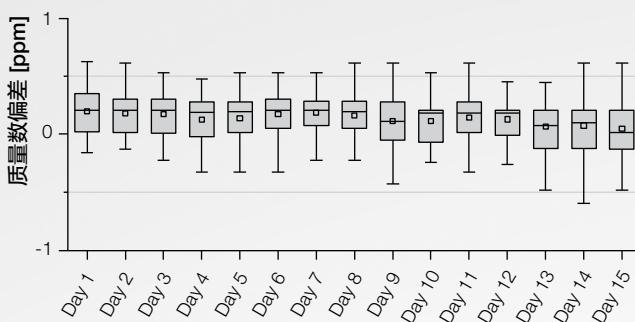
跨越多个领域的系统通用性，兼具可靠性、性能稳健性、优化的正常运行时间以及生产率。

# 卓越的数据质量提升您的科研能力

无论您在哪个应用领域从事研究或是分析多复杂的样品，Orbitrap Exploris 240 质谱仪都能提供高质量、智能化采集的高分辨率、精准质量 (HRAM) 的质谱数据，从而可靠地推动您的科学研究。

## 稳定的质量准确度

利用 Thermo Scientific™ EASY-IC™ ( 内标校正 ) 离子源和简单的单次外标校正，可在整个 40 - 6000 的质核比范围内确保亚 ppm 级别的质量精度并维持至少 5 天的时间。

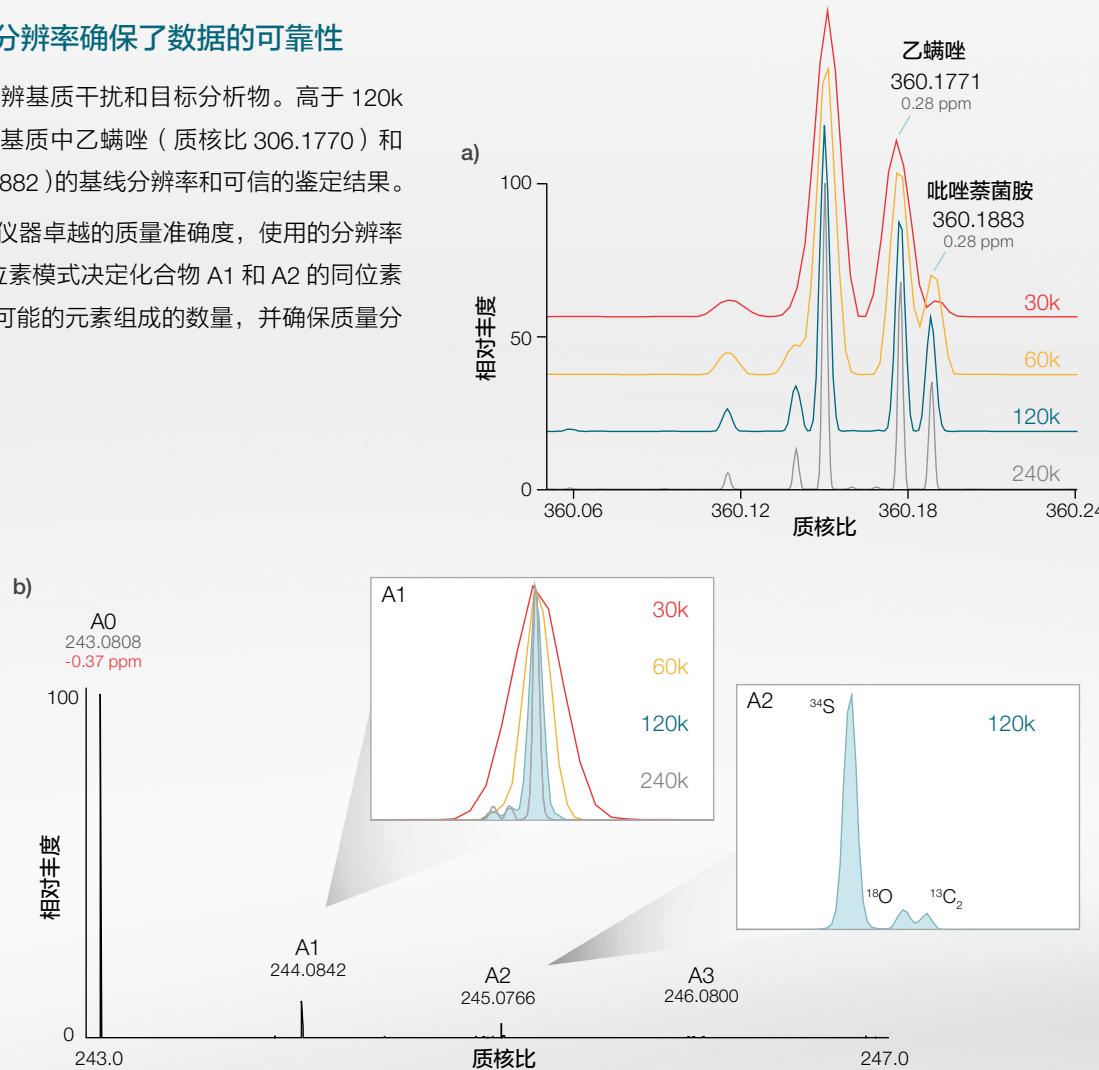


质量校正后连续 15 天，对肉 - 肌肉基质中 15 种兽药采用正 / 负离子切换模式检测的数据体现了优越的亚 -1-ppm 级的质量准确度，可为后续的鉴定、表征和定量提供高度可靠的数据。



## 优越的质量准确度和分辨率确保了数据的可靠性

- a) 仪器的高分辨率能够分辨基质干扰和目标分析物。高于 120k 的分辨率，可确保橄榄油基质中乙螨唑 ( 质核比 306.1770) 和吡唑萘菌胺 ( 质核比 360.1882) 的基线分辨率和可信的鉴定结果。
- b) 对生物素的分析证明了仪器卓越的质量准确度，使用的分辨率大于 120k 时，可利用同位素模式决定化合物 A1 和 A2 的同位素簇。结合这些性能降低了可能的元素组成数量，并确保质量分配的准确性。





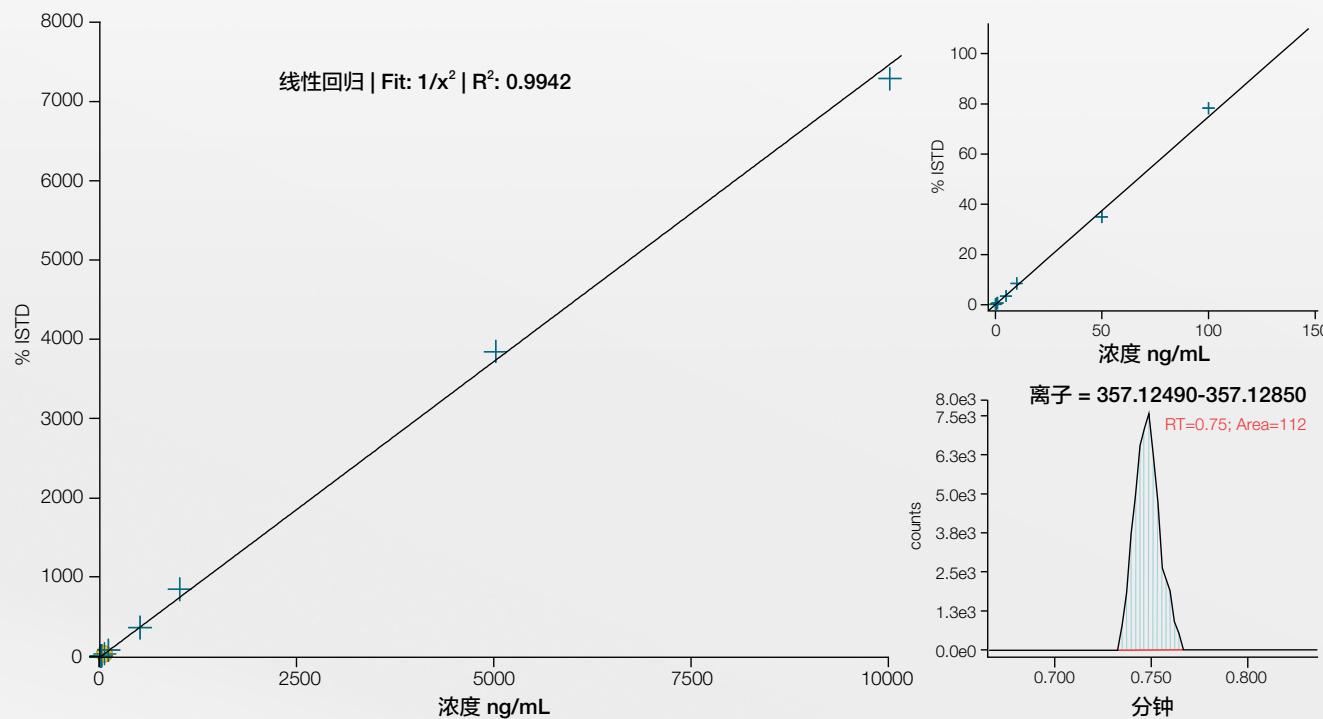
Orbitrap Exploris 240 质谱仪使用的 EASY-IC 离子源可以实现并维持优于亚 -1-ppm 级别的质量精度，这对非靶标分析来说无疑是一个新的突破；这种能力使得对未知物元素化学式的解析更加稳健可靠。

Dr. Lee Ferguson, 杜克大学土木与环境工程学院副教授

## 准确、无需优化的定量方法

从对小分子未知物的鉴定到对蛋白、肽段和生物治疗药物的应用，该仪器结合超高的质量精度和分辨率，使用全扫描或靶标数据采集模式来定量，无论样品基质的复杂性如何，您都可以获得最高的灵敏度和动态范围。

通过最少程度的操作得到可靠的样品信息，利用智能预置方法模板的多数据采集选项，能够便捷可靠地获取最高质量的数据。



对血浆中吡格列酮进行全扫描数据采集，分辨率设置为 60K，可实现从 0.1 到 10,000 ng/mL 的超过五个动态线性范围的校正数据（图中放大显示了 0.1 到 100 ng/mL 的低浓度范围的校正数据点）。高质量精度和分辨率的结合，使狭窄的提取窗口的使用增加了特异性。图示的对 0.1 ng/mL（柱上样量为 0.03 pg）的最低定量限（LLOQ）的检测，提取偏差设置为  $\pm 5$  ppm。即使在 LLOQ 中，色谱峰也有 14 个数据点，以确保定量结果的最高可信度。



# 放眼全局：蛋白质鉴定和定量

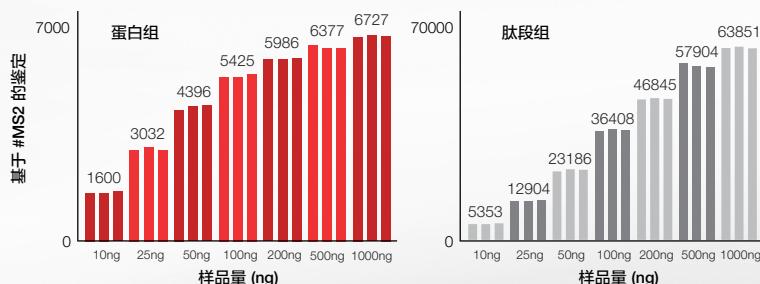
全面的蛋白质组学分析要求灵活可靠的应用方法和整合的工作流程，来实现大规模种类广泛的蛋白质组学项目的研究，同时确保快速及时的数据结果。Orbitrap Exploris 240 质谱仪具有高灵敏度、通用性及操作简便的特点，助力您在鉴定的基础上进一步探索，将复杂的生物学功能与可靠的、超一流的相对定量和靶标定量联系起来。

## 加速您的探索研究

对于寻求工业级别的质量分辨率、准确度、速度和全面的数据采集工作流程，从而扩展科研能力和通用性的科学家而言，Orbitrap Exploris 240 质谱仪是一款优质的 HRAM 解决方案，旨在加速探索研究并提供可信的生物学见解。

## 高可信度的高效蛋白质组学

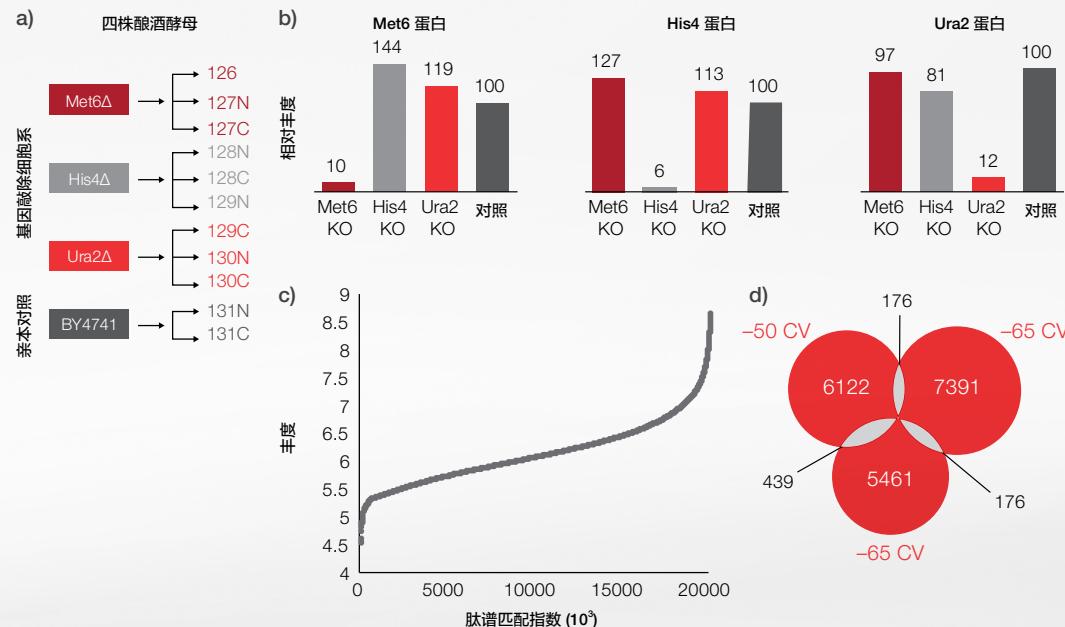
采用 90 分钟液质联用 (LC-MS) 的程序，结合 Thermo Scientific™ FAIMS Pro™ 接口在两个不同的补偿电压 (CV) 下，对 Thermo Scientific™ Pierce™ HeLa 细胞蛋白裂解液的分析结果，显示了仪器卓越的性能和应用于鸟枪蛋白质组学的超高灵敏性。



上样量从 10 到 1000ng 不等，用 MS<sup>2</sup> 鉴定的蛋白和肽组的数量，突出了 Orbitrap Exploris 240 质谱仪结合液相分馏以增加蛋白质组的覆盖率的鉴定能力。

## 利用多标增加定量通量

相比较于非标记定量方法，利用多标的 Thermo Scientific™ Pierce™ TMT11plex™ 或 TMTpro™ 16plex 同位素标记反应物结合 FAIMS Pro 接口，提高了定量性能。



a) 对对照组和三组敲除 (KO) 株进行定量分析的实验设计。

b) 每个样品的定量比例突出了 KO 组蛋白的相对丰度。

c) 肽谱匹配在五个数量级的定量动态范围内的丰度排列。

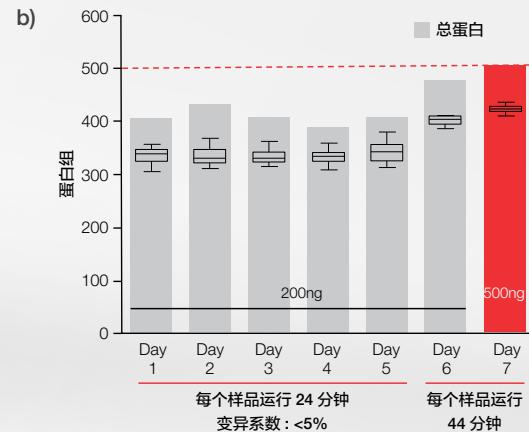
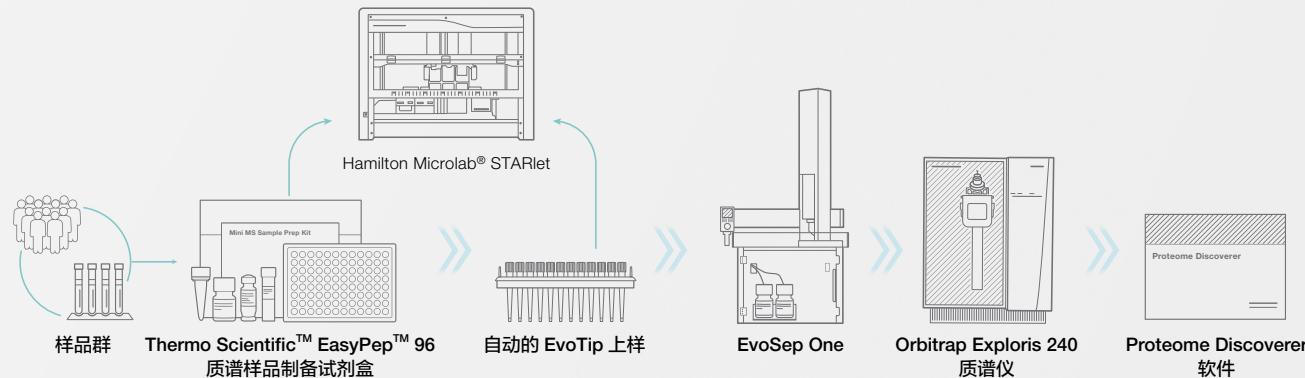
d) 利用 FAIMS Pro 接口正交性，使用一系列补偿电压 (CV)，从而改善了肽段的覆盖度。

# 将转化研究的发现延伸至可靠的临床实验

转化研究需要大规模的、标准化的和可再现的工作流程。Orbitrap Exploris 240 质谱仪提供高可信度大规模的血浆和组织样品群的定量蛋白质组学图谱，以支持精准药物研究和转化研究。拥有整合的、自动化的样品准备 - 清理 - 分离策略、内置的质量保证 / 质量控制程序、以及行业领先的数据处理能力，赛默飞世尔科技为加速将探索研究转化为临床应用所需的严格的相关结果提供了完整的解决方案。

## 扩展高通量蛋白分析

超高通量血浆蛋白分析 (uHTPPP) 工作流程为高通量和可再现的血浆蛋白分析提供了理想的解决方案，同时能显著缩短制备样品和数据采集的时间，从而迅速地提供结果。



a) uHTPPP 自动化样品制备工作流程具有高通量性——速度提高 4 至 12 倍——基于工作流程步骤节省了大量时间。  
b) 图示 150 次进样 (130 个样品和 20 个质控样品) 结果显示一致的、精确的血浆蛋白表征。柱状图显示了蛋白质鉴定平均数和总蛋白鉴定与定量。uHTPPP 工作流程具有高可靠性：分析 200ng 的样品，采用 24 分钟运行时间，连续六天分析结果的变异系数小于 5%。

## 更快速地提供定性和定量分析见解

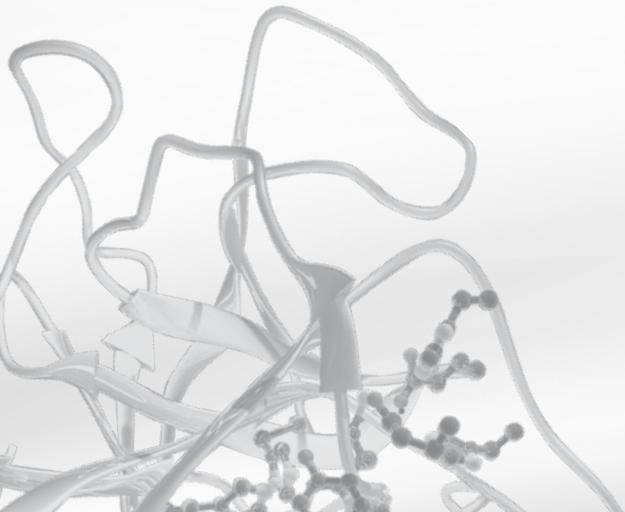
Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ 软件拥有可定制的用户友好型模板，以及从复杂的样品分析到大规模数据集的多种研究工作流程，并提供强大的数据处理和可视化功能。仅需使用一款软件包，您就可以将您的鉴定、表征和定量数据与广泛的、通用的、能够快速处理大型复杂数据集的工具集联合使用，用以提供真实可行的生物学分析见解。



# 满足生物治疗药物表征所必要的高性能需求

Orbitrap Exploris 240 质谱仪具有极高的谱图清晰度，可提供高可信度的表征，从而满足了研究和常规实验室环境中对生物治疗药物的定量和鉴定需求。

为变性和非变性条件下的完整蛋白质量分析、亚基分析、中间和自上而下的分析、以及肽段或二硫键位置确定——提供更多的谱图特征，并通过提高灵活性、速度、可靠性和操作简便性来最大化您的生产力。

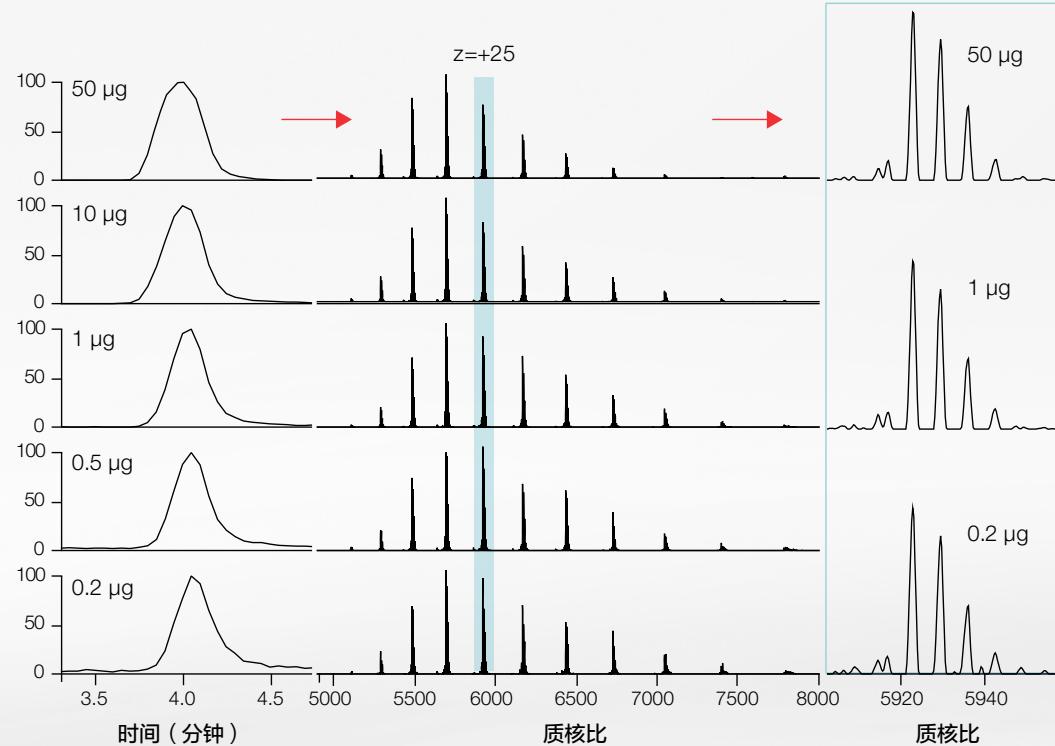


Orbitrap Exploris 240 质谱仪是高性能生物医药表征的灵活可靠的解决方案。它的天然质谱分析的灵敏度让我印象深刻。当仪器与 Vanquish Duo 超高压液相色谱系统联合使用时，可以节省柱平衡的等待时间。因此，质谱仪能不断地采集有价值的数据。Chromleon CDS 软件和它的所有功能非常了不起。该系统是支持生物制药研发和生产的分析和表征实验室的必备仪器。

Dr. Jonathan Bones, 研究员, NIBRT

## 使用更少的样品量完成可靠、高灵敏度的天然完整的质量分析

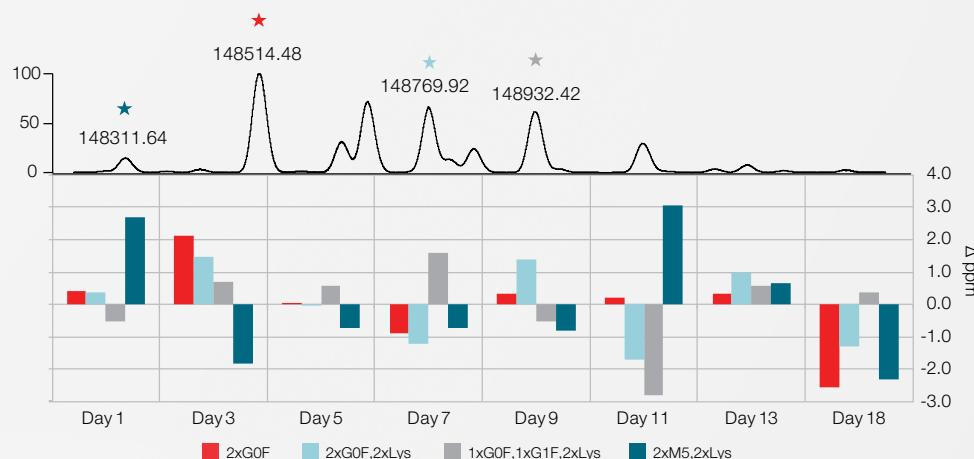
在低浓度水平分析天然完整蛋白时，基于卓越的灵敏度和质量准确度以及可靠的谱图质量，提供去卷积后可再现的、高度可信的完整蛋白质量。



利用尺寸排阻色谱 (SEC) 质谱分析从 50 - 0.2 μg 柱上样量的曲妥珠单抗，使用 Thermo Scientific™ BioPharma 选配项，可扩展仪器的质量范围至质核比 8000Da (左图)。与变性条件相比，完整的非变性分析 (中图) 降低了谱图数据的复杂性。即使在样品上样量低的情况下，也能获得一致的糖形态分布 (右图)。由于操作简单，天然质谱分析成为一种常规的质谱分析手段。

## 日常去卷积且稳健完整的质量准确度

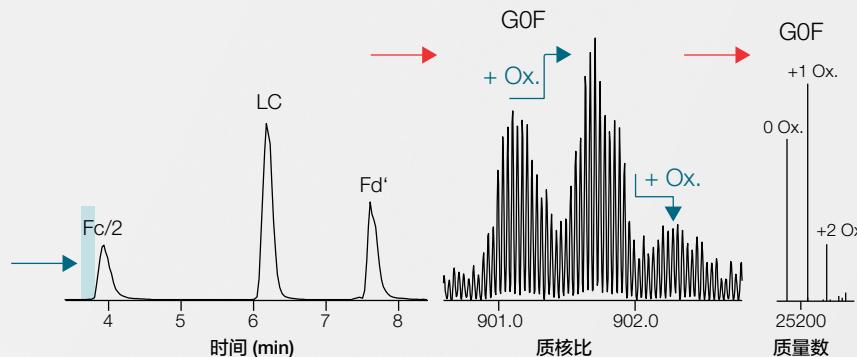
质量数稳定性对于糖型鉴定的可信度和修饰的发现至关重要。对全质量范围（包括 BioPharma 选配项的可扩展的质量范围）的单次校正，可轻松获得长时间的质量精确度，从而确保了稳健卓越的生物医药表征。



在变性条件下，英夫利昔单抗的复杂糖型分布清晰可见（顶部）。在超过 18 天的监测中，四种最高丰度的糖型的质量数的稳定性，体现了去卷积质量数卓越的质量准确度。

## 轻松地鉴定痕量的过程修饰

高灵敏度、准确的单同位素质量测定、无与伦比的谱图清晰度，能确保在完整和亚基上对翻译后修饰的快速可靠的鉴定。



（左图）前边突出显示部分为易普利姆玛亚基分离的色谱图。边缘显示含有少量内源性的 Fc/2 GOF 亚基的单氧化和双氧化糖型（中图）。在 BioPharma Finder 软件中使用 Xtract 算法确定的去卷积结果显示了未被氧化的、单氧化的和双氧化的 GOF 糖型。



## 简化的蛋白表征分析

全面的、优化的工作流程助力快速的数据解析。Thermo Scientific™ BioPharma Finder™ 软件具备功能强大的算法，为生物治疗表征分析提供易于解读的结果。



## 合规的蛋白监控和定量

采集、蛋白监控和完整的质量去卷积都在合规的 Thermo Scientific™ Chromeleon™ 色谱数据系统（CDS）软件中执行，确保了数据的完整性和安全性。如需进一步调查研究，只需单击即可导出数据，以使用 BioPharma Finder 软件进行分析。

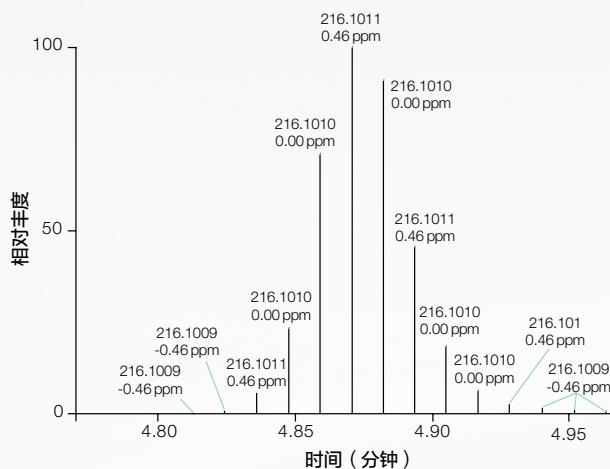
# 为广泛的小分子应用提供完全可信的结果 不局限于样品的复杂性和动态范围

无论在何种应用中，完全可靠的定性定量数据对做出决策都至关重要。

质谱数据的绝对可信度能快速提升生产力并实现您的实验目标。

## 完全可靠的单次扫描质量准确度

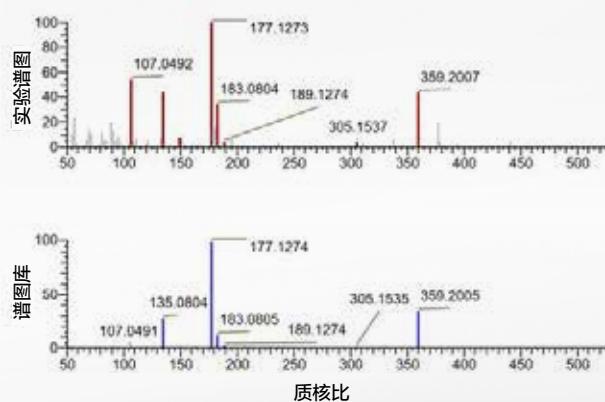
不同扫描间质量的准确度和稳定性，能为化合物的赋值提供更高的可信度，即使在低丰度并且使用狭窄的提取窗口时，也能提高化合物定量的特异性和准确度。



如上所示，对于阿特拉津（质核比 216.1010），每个数据点的质量偏差都在  $\pm 0.5$  ppm 范围内，并且无论峰值强度如何都能保证较高的分辨率。这种性能为可靠的数据分析提供了基础，而不需要对多次扫描获得的数据进行平均取值。

## 谱图确认的快速筛查

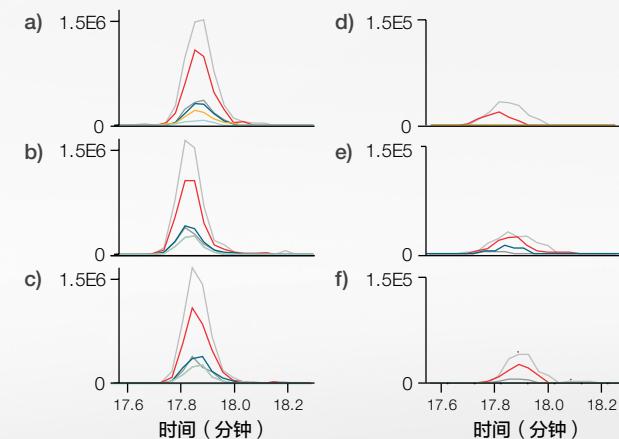
在进行靶向筛查时，稳定的亚 ppm 级的质量准确度能为母离子鉴定提供高水平的可信度，结合使用快速扫描和高质量碎片库（例如 Thermo Scientific™ mzVault™ 谱图库），可进一步确保实验结果的可靠性。



以上数据显示了数据非依赖采集分析橄榄油中的农药残留。在浓度为 1 ppb 的情况下，可观察到依芬普斯的  $MS^2$  实验谱图与谱图库之间具有良好的碎片匹配。

## 为前沿的临床研究提供领先的性能

血浆样品的复杂性为蛋白定量和变化的鉴别带来了挑战，特别是对低丰度蛋白，例如 beta- 肌动蛋白（一种在白细胞和血小板中发现的低丰度蛋白）。



利用低离心力 (a-c) 和高离心力 (d-f) 从血浆中去除 beta- 肌动蛋白 ( $\times 40$  倍低的相对浓度) 的数据结果，证实了 Thermo Scientific™ Orbitrap™ 技术在解决这一分析难题方面的准确度、灵敏度和分辨率。

## 适用于所有代谢组学工作流程的同一解决方案

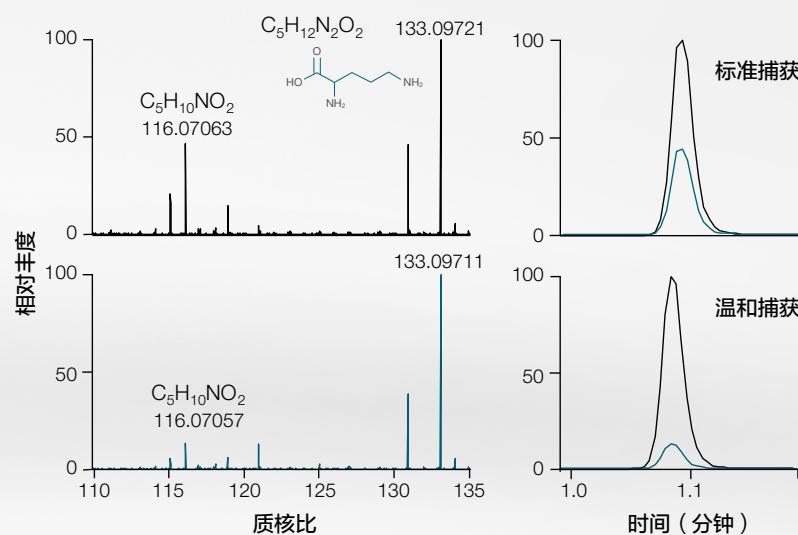
只需一台质谱仪，即可对无靶标、半靶标、靶标和稳定同位素标记的代谢组学实验的相对和绝对定量分析提供有价值的分析见解。结合 Thermo Scientific™ AcquireX™ 智能数据采集工作流程采集更多有意义的数据，Orbitrap Exploris 240 质谱仪日复一日地为各种大小规模的研究重新界定通用性和结果的即时可得性。



用单击校正和预置的方法模板，为综合范围的代谢组学工作流程提供高质量的数据。

## 利用温和捕获增加化合物注释的可信度

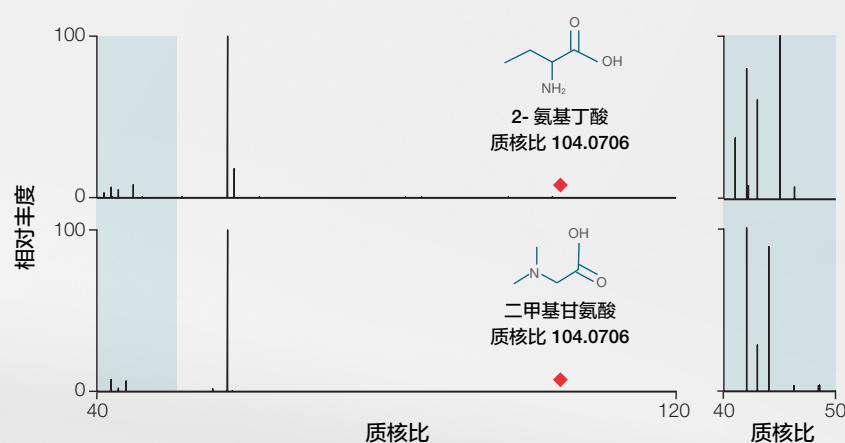
用温和捕获来减少随机的  $MS^1$  的母离子解离来避免代谢物注释错误。



在上方的  $MS^1$  谱图中发现的鸟氨酸的质核比为 116.0706，其产物离子可能被误认为是脯氨酸，因为它们具有相同的精确质量。与标准捕获相比（顶部），当使用温和捕获时，碎片离子的强度显著降低（底部）。

## 用扩展的低质量数范围来优化鉴定

扩展的低质量范围低至质核比 40，能够检测到更多的碎片离子，增加小分子鉴定的可信度。



扩展的低质核比范围使异构体的鉴定更为可信。对于鉴定 2- 氨基丁酸（顶部）和二甲基甘氨酸（底部），有 5 个额外的碎片离子被检测到，能可信地区分这两个结构异构体。

# 轻松采集更多有意义的高质量数据

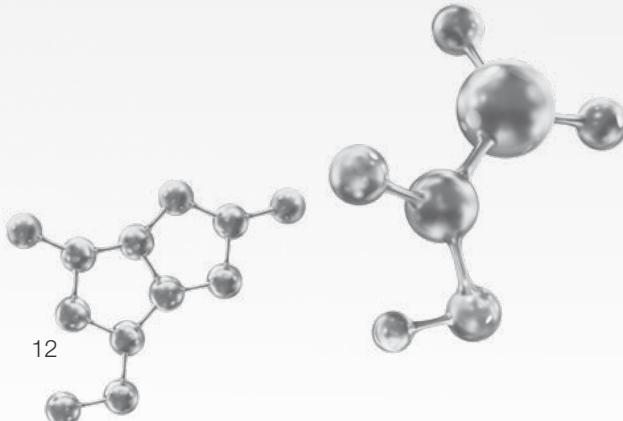
在小分子分析中，要求采集可靠的高质量的 MS 和  $MS^2$  质谱图数据来成功鉴定化合物及其表征。然而，面对复杂的样品，从背景基质中采集到的不相关的数据，会限制数据依赖采集和数据非依赖采集策略的应用。利用可靠的 AcquireX 智能数据采集策略，可以采集到更多有意义的高质量  $MS^2$  质谱数据，通过最小化手动实验设置和简化后续的数据解析流程，来提高谱图解析的效率。

## 采集“全部有用信息”所面临的挑战

AcquireX 智能数据采集策略可最大化数据依赖采集（DDA）的效率，助您解锁数据的真正价值。

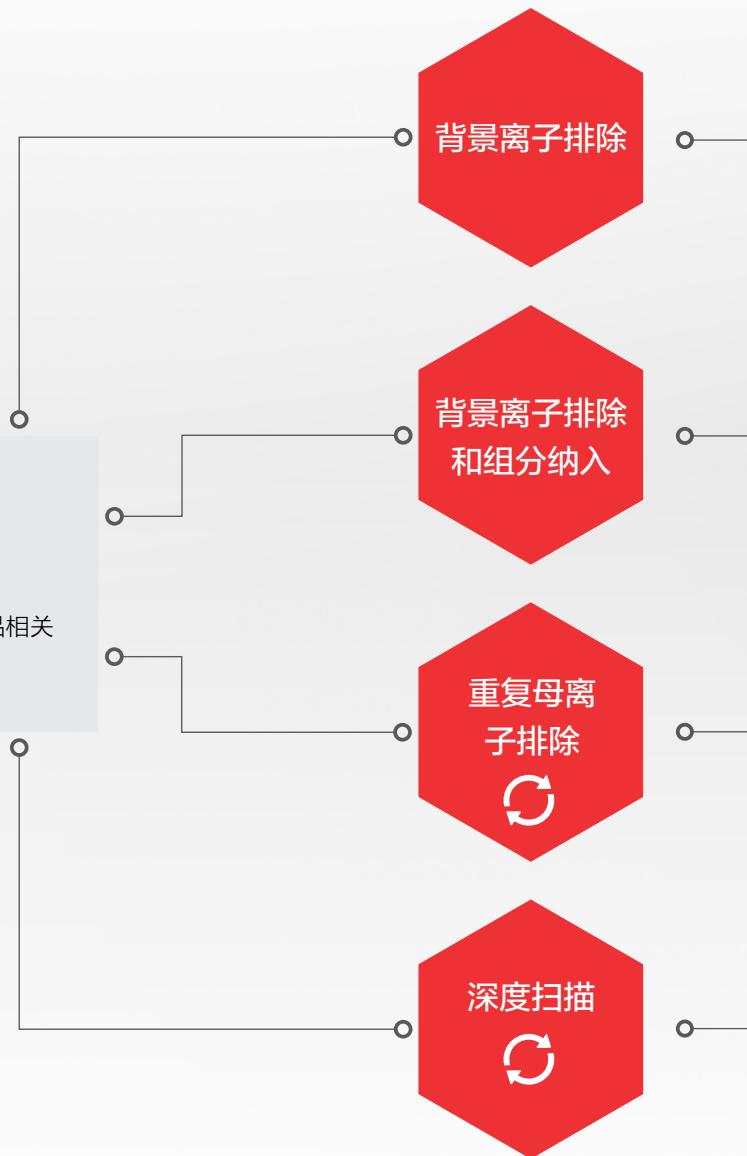
**数据依赖采集（DDA）** 利用一个狭窄的隔离窗口分离单个母离子，生成易于解析的碎片谱图。然而，低丰度离子可能可能会被漏掉。

**数据非依赖采集（DIA）** 将给定的母离子质量窗口内的所有母离子（包括背景离子）碎片化，再通过去卷积将复杂的碎片谱图与其母离子产生的碎片重新关联起来。



## AcquireX 智能数据采集工作流程

四个独一无二的实验流程为更多的样品相关的化合物生成有意义的  $MS^2$  质谱图。



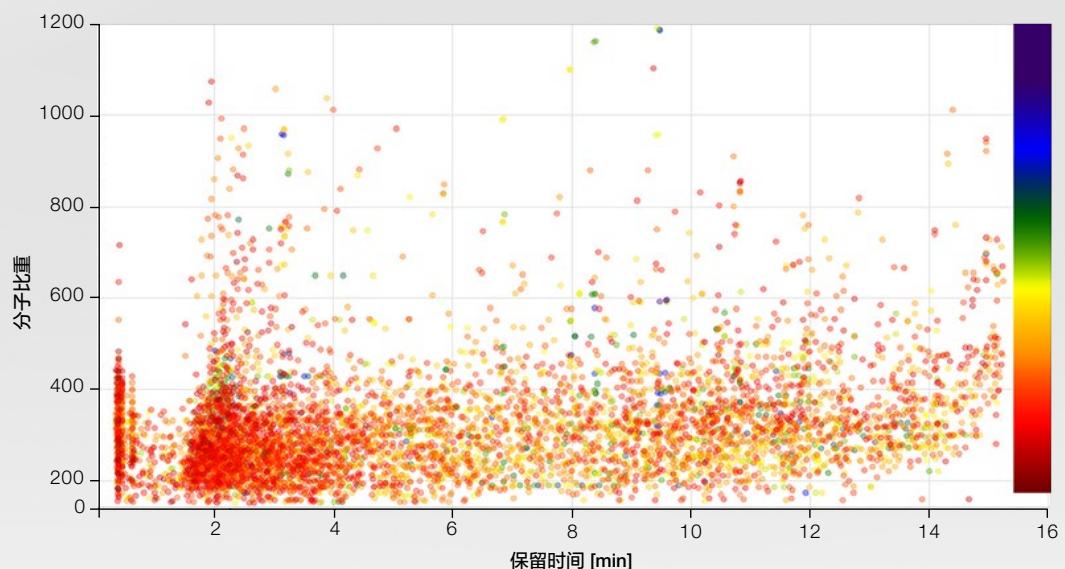


“利用深度扫描 AcquireX 工作流程，只需几次进样就可为所有检测的样品特定的化合物采集到高于 90% 的 MS<sup>2</sup> 质谱图覆盖率，从而对数据非依赖采集（non-DDA）的 MS<sup>2</sup> 的需求就降低了。即使是在复杂的基质中，相较于采集所有化合物的碎片，AcquireX 工作流程为碎片谱图提供了确定性。”

Dr. Lee Ferguson, 杜克大学土木与环境工程学院副教授

- 利用最大化仪器工作周期并通过自动生成排除离子列表来避免碎片化背景离子和不相关的样品峰。
- 通过从基质样品生成一个离子纳入列表，重点关注与样品相关的色谱峰，并通过优先考虑分子的离子来进一步减少未提供信息的碎片谱。
- 为所有小分子化合物获取详尽的碎片信息，同时避免在多次反复进样过程中因使用自动排除列表对同一个离子进行两次碎片化。
- 智能排除背景离子，并对样品相关化合物全面碎片化，通过反复进样来采集最终的样品全信息。

### 三针进样可得到大于 90% 的 MS<sup>2</sup> 覆盖率



使用深度扫描 AcquireX 智能数据采集工作流程来分析河水中出现的污染物（例如 PFAS），从三次进样和 15 分钟梯度的混合样品中检测到的大约 7000 种化合物中，有超过 90% 的 MS<sup>2</sup> 数据。相比之下，标准的 DDA 实验产生的 MS<sup>2</sup> 谱图覆盖率不足 60%，而对样品相关化合物的碎片化的特异性更低（样品中的大多数化合物为低丰度化合物）。由于获取的 MS2 数据可用于分析更多的化合物，因此不需要重新进样就可以进行回顾性数据分析。

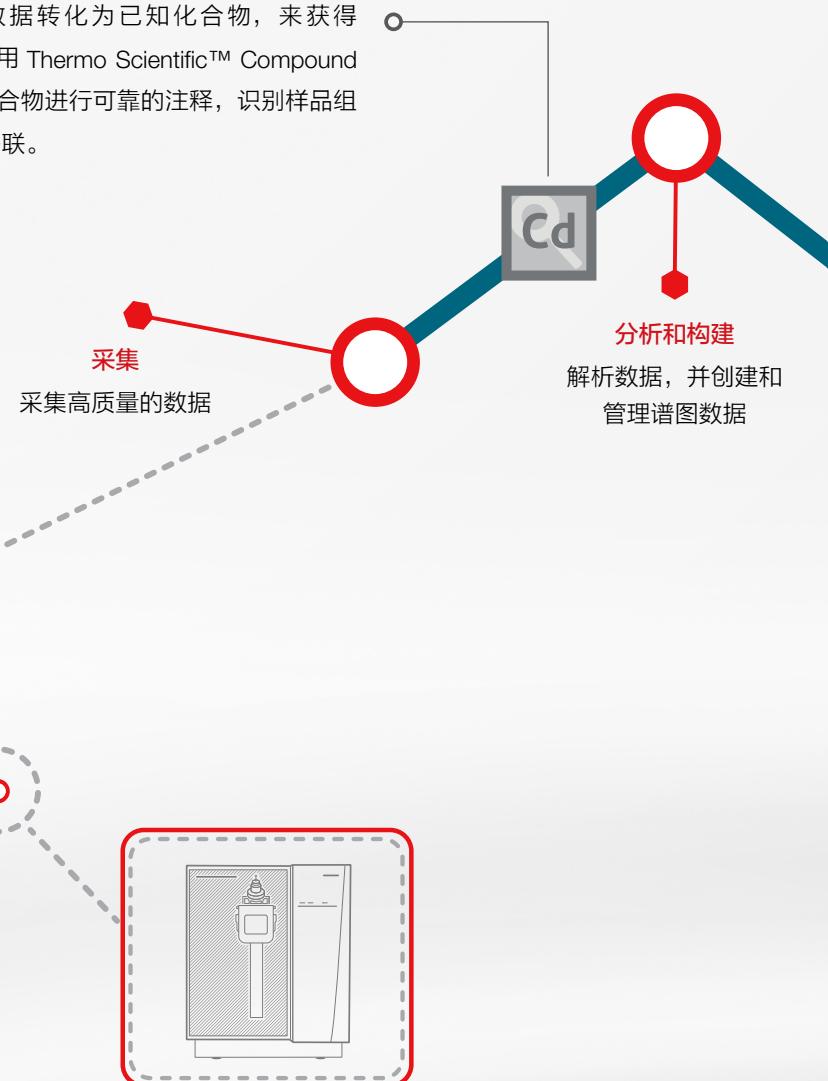
# 简化小分子探究的途径

功能强大的软件工具将小分子未知鉴定和表征与筛选和定量相关联。当您获得了全面的、高质量的 MS 和 MS<sup>2</sup> 数据后，相关的软件系统就会依照设计快速生成高可信度的生物学注释。

- 利用模板驱动的数据处理流程可简化定性和定量数据分析
- 可访问世界领先的质谱碎片库来鉴定化合物
- 将探索研究的发现无缝地应用到日常测试
- 符合法规需求的同时，Chromeleon CDS 软件可高效率地实现质谱定量和靶标筛选。

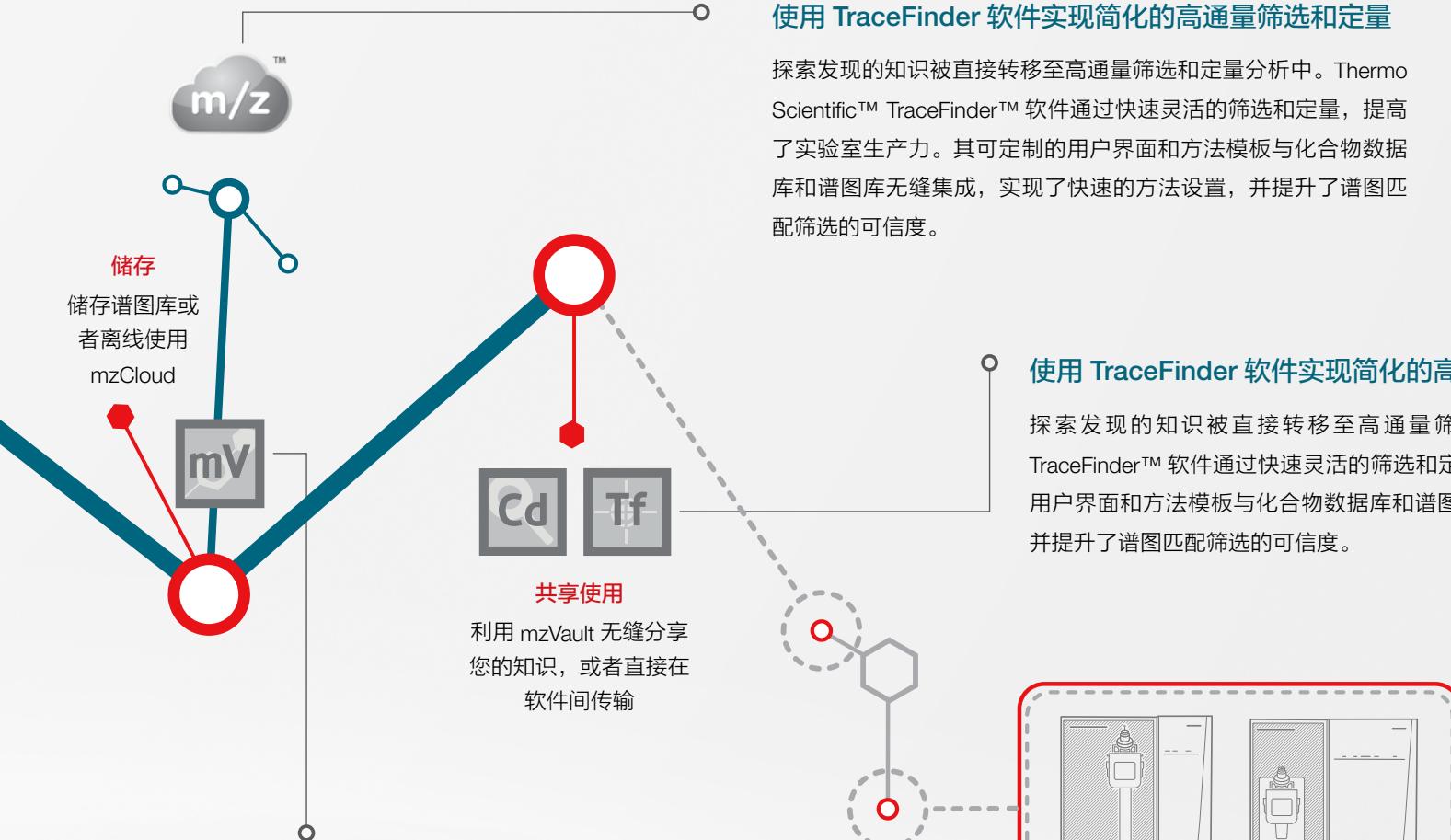
## 使用 Compound Discoverer 软件获得从样品到结构的深入注释

通过将高质量的 MS 和 MS<sup>2</sup> 数据转化为已知化合物，来获得对数据更深入的注释。使用 Thermo Scientific™ Compound Discoverer™ 软件，可轻松对化合物进行可靠的注释，识别样品组之间的差异以及与生化途径的关联。



Compound Discoverer 软件可完成原先需要手动操作的大部分内容，其广泛的处理工具套件、统计分析和化学智能软件算法有助于减少主观性，并消除耗时或无附加值的步骤。总的来说，这些方法节省了我们大量的时间——根据研究的复杂性或紧迫性，通常可以节省几小时至几天的时间——最终有助于推动代谢物的鉴定过程，并及时支持药物项目的决策。”

Dr. Dan Weston, 副主任, DMPK, Syngenta Discovery



## 存储您的研究信息并通过 mzVault 谱图库离线访问

### mzCloud 谱图库

您可以离线访问和搜索 mzCloud 质谱图库中的 MS<sup>2</sup> 信息，或使用 mzVault 质谱图库管理您的专有谱图库。也可以利用 mzVault 谱图库来存储质谱信息，并将其分享至赛默飞世尔科技的其他定性和定量软件应用程序。

## 使用 TraceFinder 软件实现简化的高通量筛选和定量

探索发现的知识被直接转移至高通量筛选和定量分析中。Thermo Scientific™ TraceFinder™ 软件通过快速灵活的筛选和定量，提高了实验室生产力。其可定制的用户界面和方法模板与化合物数据库和谱图库无缝集成，实现了快速的方法设置，并提升了谱图匹配筛选的可信度。

### mzCloud 谱图库



## 使用 Chromeleon CDS 软件提高生产力和满足合规性

为满足法规的要求，Chromeleon CDS 软件提供了卓越的质谱数据处理功能和用于定量、靶标筛查、以及蛋白和肽段分析的自动功能。除了可以操控多于 25 种 Thermo Scientific™ 质谱仪器之外，Chromeleon CDS 软件还提供了广泛的、用于企业环境中的超过 525 款色谱仪器（LC、IC 和 GC）的多生产商远程连接控制。

数据质量

蛋白质组学和转化研究

生物医药

代谢组学和小分子

ACQUIREX 智能数据采集

软件的连接性



## 基于网络的 Almanac 监控和管理

与您的科研活动保持同步。了解 Thermo Scientific™ Almanac™ 应用如何最大化您的仪器产出。

[thermofisher.com/almanac](http://thermofisher.com/almanac)



## 技术和在线支持：发挥您的仪器的最佳性能

我们的目标是帮助您保持仪器的最佳运行状态。无论您需要仪器手册或购买备件、提交维修请求、还是查看您的保修或服务合同的状态，我们都将为您提供所需的每一项服务。

[thermofisher.com/technicalresources](http://thermofisher.com/technicalresources)



## 保护您的投资：无与伦比的实验室服务

Unity™ Lab Services 为您提供了集成实验室服务、支持和供应管理的一站式服务。

我们为您提供灵活的定制服务和经验丰富的世界级服务专家，满足您实验室的各种需求。

我们提供一系列完整的服务和支持解决方案，旨在帮助您提高生产力、降低整体购置成本、并确保整个实验室的高性能运转。

[unitylabservices.com](http://unitylabservices.com)

赛默飞世尔科技数据采集软件

[thermofisher.com/InstrumentControl](http://thermofisher.com/InstrumentControl)

赛默飞世尔科技数据处理软件

[thermofisher.com/DataProcessing](http://thermofisher.com/DataProcessing)



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](http://www.thermofisher.com)

**ThermoFisher**  
SCIENTIFIC