



AXIMA

CFR

MALDI-TOF Mass Spectrometer
基质辅助激光解吸附电离飞行时间质谱仪



AXIMA-CFR

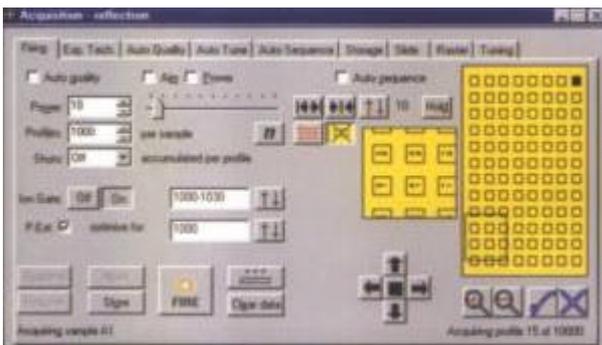
英国 Kratos Analytical 公司开发研制最新的 Axima-CFR 型基质辅助激光解吸离子化飞行时间质谱分析系统 (MALDI-TOF Mass)，应用于生物化学领域，包括蛋白质组学、组合化学、微卫星 DNA 和单核苷酸多肽性分析(SNPs)，其优越的性能价格比达到和超越了标准的要求。

AXIMA™-CFR，采用脉冲萃取技术(Pulsed Extraction)及最新开发的离子光学系统，可实现分辨率大于 10,000 Fwhm 和 10^{-12} mol 级的高灵敏度。采用 X-Y 样品靶台，适用于 96 和 384 以及自定义格式样品靶等测试的需要。标准配置的最新国际互联网数据库检索软件，AXIMA™-CFR 可强有力地支持大规模蛋白质组学分析。

AXIMA™-CFR 配置的功能强大的 LAUNCHPAD™ 系统软件包，包含 Nested-PSD™ 软件和 Kratos-On-Line-Analysis (KOLA™)软件，可强有力地支持蛋白质组学分析。尤其是 KOLA™软件是支持蛋白质鉴定软件和国际互联网检索公共数据库软件，并且搭载有评价颇佳的 Matrix Science 公司的 Mascot™ 软件用于内部网络。

LAUNCHPAD™ 系统软件包含自动质谱数据采集等多种功能，如自动定量、自动调整和 sPSD (Seamless Post Source Decay)的母离子自动选择等项功能，并且还具有多肽计算器、化合物数据库、聚合物计算器和实时分析以及仿真等多个软件。

Kratos Analytical 公司同时也提供更多的解决方案，液体样品处理装置不仅仅用于 AXIMA™-CFR MALDI 的 384 样品的自动导入，而且还可以用于其他更多的样品预处理。



AXIMA™-CFR 的特点：

- **标准配备的曲线场反射系统**
Kratos 独特设计的曲线场反射系统(Curved Field Reflectron, CFR)，可以实现 sPSD 分析，一次扫描可覆盖全质量范围，可在短时间内作成多肽、糖类和以及其他低分子化合物不间断的碎片谱图，在进行确认多肽初级结构可发挥出极大的威力。
- **高性能的离子门设计**
高性能的离子门(Ion Gate)设计，更精确和稳定地从混合物筛选母离子信号，使获得高质量的碎片离子成为可能。
- **配备 MALDI 样品靶 CCD 摄像机**
配备有 CCD 摄像机用于确认 MALDI 样品靶上的样品点，可边观察边快速并任意地设定在 X-Y 样品靶台上目标的位置。
- **高性能的激光束聚焦**
高性能集光系统用于将激光束有效地照射在样品靶上，可取得高离子回收量，并实现高灵敏度分析，尤其适合微量样品的分析。
- **高真空排气系统**
采用高真空排气系统可以获得高灵敏度。
- **高性能离子光学系统**
高性能离子光学系统使分辨率大幅提高，在覆盖宽阔的质量范围内可识别多肽至同位素程度，在谱库检索可获得高比率。
- **标准配置 1GHz 的瞬时记录仪**
在设备内部配备有 1GHz 的瞬时记录仪，可以获得最大限度的分辨率及精度。

TAKING MALDI-TOF MS

人类工程学设计

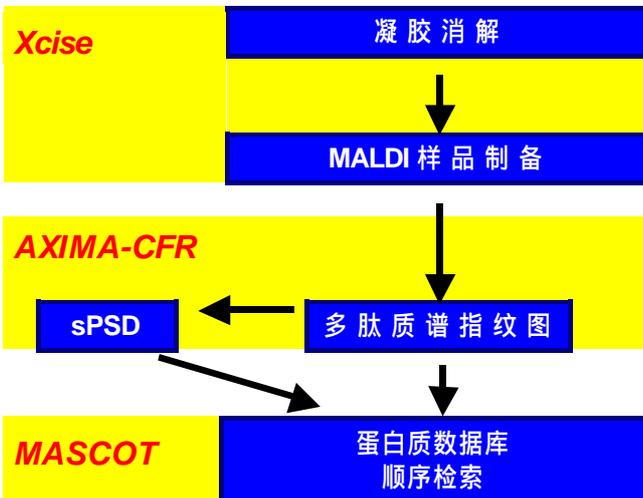


Axima-CFR 的设计组合了许多人类工程概念，具有现代工艺水平的飞行时间质谱仪，安装和维护以及维修简单和快速；立式并且带轮的机箱以及低重心设计，保证仪器的搬运和移动，实现仪器的无障碍移动；非常容易对部件进行维修和更换，并可调制调解器对仪器进行远程遥控诊断，以实现和提高维修的快速响应。

Axima-CFR 配备的抽屉式样品导入装置以及快速的真空系统，无论是分析一个或 384 个样品都非常容易。操作软件对仪器的所有功能进行全部控制。

极高的产出率

Kratos Analytical 为蛋白质组学研究提供独特的、完整的和高效的以及全自动的操作系统和系统解决方案。

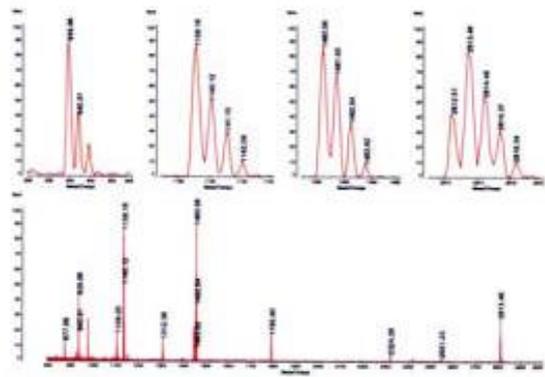


BEYOND THE STANDARD

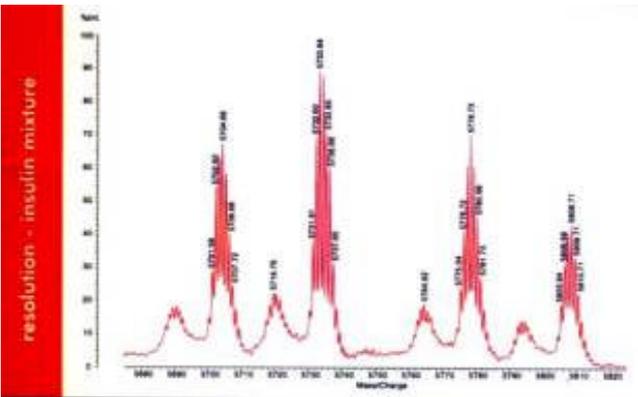
AXIMA™-CFR 是强力支持蛋白质组学分析的高性能设备

利用多肽质量指纹图对多肽进行可靠的鉴定，其取决于两个重要的因素，那就是高的分辨率和高的质量精度。在蛋白质组学方面，单同位素需要在覆盖宽阔的质量范围内，快速和容易的对于自动化和大量达到分离。

右图是 In-Gel 蛋白水解酶消化物的分析实例，单同位素在 800~3,000 Da 的范围内得到分离，内部准确度为 10ppm。



accuracy - protease digests

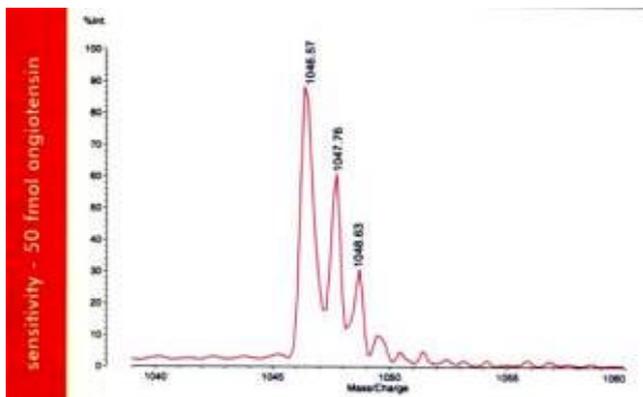


resolution - insulin mixture

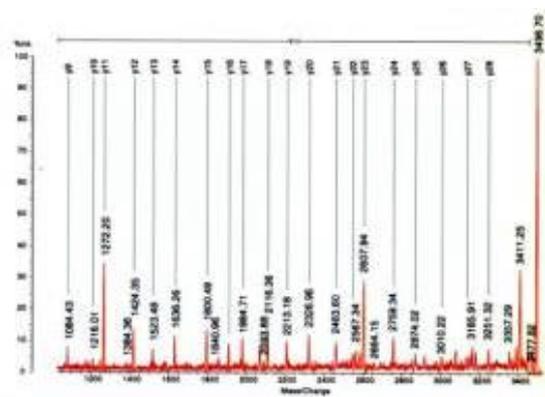
左图是胰岛素的 4 个亚基混合物的分析实例，以 100 次连续的激光照射，分辨率达到 10,000 以上。

通常蛋白质组学分析要求测定的样品量非常低，蛋白质样品往往是从凝胶和膜上的蛋白水解物，其量非常少，典型的低于 10^{-12} mol 级，强调进行高灵敏度分析。AXIMA™-CFR 不仅可以满足高灵敏度分析的要求，还可以对单同位素体分离满足高准确度的蛋白质鉴定，下图是分析 50fmol 血管紧张素的质谱图。

Kratos 独特设计的 CFR 机构可以在短时间内(大约 60 秒)产生 sPSD，取得多肽碎片数据用于蛋白质鉴定。由于所有的碎片数据几乎是同时获得，因此不需要连接多个碎片质谱图，得到的碎片数据对于大的多肽分子(质量数达 3,500 Da)就像小分子一样。这就意味着从蛋白水解酶消化物产生的全部多肽信号变为有价值的碎片信息。所以，用 sPSD 来表达重要样品所需的碎片信息是非常有效和经济的方法。质谱数据可通过 KOLA™ 软件进行数据库检索，不需要进行确定序列或在序列上作标记。这种容易产生的母离子和子离子质谱图对于从凝胶和膜上取下的蛋白质的不明确的鉴定提供非常有力的组合，如下图所示。



sensitivity - 50 fmol angiotensin



sPSD - 100 fmol insulin B chain

技术参数

样品处理：

- 全自动机械样品导入系统
- X-Y载样台(每步 4 μ m, 再现性 10 μ m), 微孔板轨迹 MALDI靶
- 无格式, 96, 384 和 1536 样品靶
- 在激光聚焦下, 由计算机软件驱动和控制靶台上的样品准确位置
- 预映软件用于扫描样品 – “灵活斑点”
- 机械泵快速的对进样区抽真空 (3 m³/h)

离子源：

- 基质辅助激光解吸离子化
- 脉冲提取(质量校正可变的延迟), 或连续提取, 软件控制
- 软件控制的可变离子提取能量 (线性: +30kV/-20kV, 反射: +25kV/-20kV)
- 标准配置的由软件选择控制的正离子和负离子操作运行方式
- 在 PSD 分析, 离子源内的气体碰撞用于增加碎片

激光器：

- 激光器: 337nm 氮气激光器, 固定焦距
- 脉冲带宽: 3 nS
- 激光能量: 300 μ J
- 最大脉冲率: 10Hz (每秒 10 次激光发射)
- 激光电源: 软件控制
- 激光倾角: 对样品接近正常

分析器：

- 线性方式飞行管长度: 1.2m
- 反射方式飞行管有效长度: 2.0m
- 在机械泵支持下, 由两台分子涡轮泵保持真空度
- 独特的弯曲场反射系统, 使 PSD 离子的生成成为一个单独的质谱
- 母离子门: 脉冲静电偏转板

检测器：

- 线性方式: 电子倍增器 (多倍二次发射极)
- 反射方式: 微通道板
- 1GHz, 8 bit 瞬时记录器, 16 bit 累加器, 512kb RAM
- 二级瞬时记录器用于实时中性检测: 125MHz, 8 bit, 64 kb RAM

图象系统：

- 单色 CCD 照机 (25x 放大倍数), 由 Launchpad™软件控制

控制及数据处理系统要求*：

- Pentium , 733MHz 以上 IBM 兼容计算机, 19" 彩色显示器 (1280x1024, 16 bit)
- 128Mb RAM, 10Gb 硬盘, 32x CD-ROM
- 4Mb 图形加速卡
- 以太网, 调制解调器和帧捕获器

*. 计算机性能会随时改进

软件：

- Launchpad™: 在 Window®98 或 NT4.0 下运行
- 自动生成数据优化软件
- 化学品理论质量数测定的计算
- 多肽序列测定和数据处理的计算(包括理论的 PSD 碎片质量)
- 母离子门自动设置和 PSD 质谱采集软件
- 由 PSD 质谱多肽序列的自动解释软件
- 简化多肽序列的 PSD 质谱的 Nested PSD™软件
- 用于“灵活斑点”鉴定的扫描软件
- 样品编排编辑功能
- 样品扫描编辑功能
- 接入国际互联网和局域网(Mascot™, Martrix Science)的 KOLA™软件, 用于蛋白质鉴定的数据检索引擎

规格：

- 外形尺寸: 0.7m(W) x 1.92m(H) x 0.85m(D) (要求背后距墙最少 100mm)
- 重量: 325kg, 不包括数据处理系统

安装要求：

- 主机电源: 207 ~ 253VAC, 50/60Hz, 1000VA, 单相
- 净化的, 稳定和连续的电源, 利于稳定操作
- 计算机电源: 220 ~ 240VAC/50Hz, 1.0A, 单相
- 显示器电源: 220 ~ 240VAC/50Hz, 0.6A, 单相
- 运行温度: 室温 15 ~ 30
- 相对湿度: 80%, 21
- 安装面要求抗震动, 稳定, 平整和承受能力

性能参数

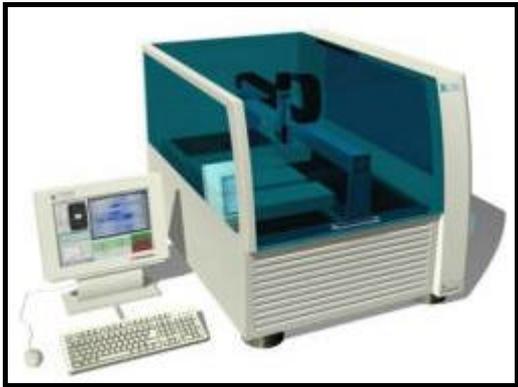
质量范围 (Da, 道尔顿)	线性方式: 1 ~ 500,000, 反射方式: 1 ~ > 12,500
质量分辨率	线性方式: > 4000 Fwhm (氧化胰岛素 B 链, 100 fmol/ μ l) 反射方式: > 10,000 Fwhm (氧化胰岛素 B 链, 100 fmol/ μ l) PSD: 碎片同位素分辨率 (pro(14)-arg)
精确度	线性方式: < 50 ppm, 内标法, < 500 ppm, 外标法** 反射方式: < 10 ppm, 内标法, < 250 ppm, 外标法** PSD: 0.02%母离子
母离子分辨率	1 in 70 (例如: \pm 7 Da@ 1,000 Da)
灵敏度	线性方式: 500 fmol/ μ l (牛血清白蛋白), 10 fmol/ μ l (氧化胰岛素 B 链) 反射方式: 10 fmol/ μ l (氧化胰岛素 B 链) PSD: 100 fmol/ μ l (氧化胰岛素 B 链)

** 基于来自于在 384 样品靶上的校正, 在位置上下一个样品的测量(例如: 9mm 距离)

AXIMA 仪器范围是在 Kratos 质量管理体系(Quality Management System)和电气安全标准证书(CE)的要求标准下设计和制造的。

AXIMA™-CFR 的选择附件：

Xcise 型全自动样品前处理装置：

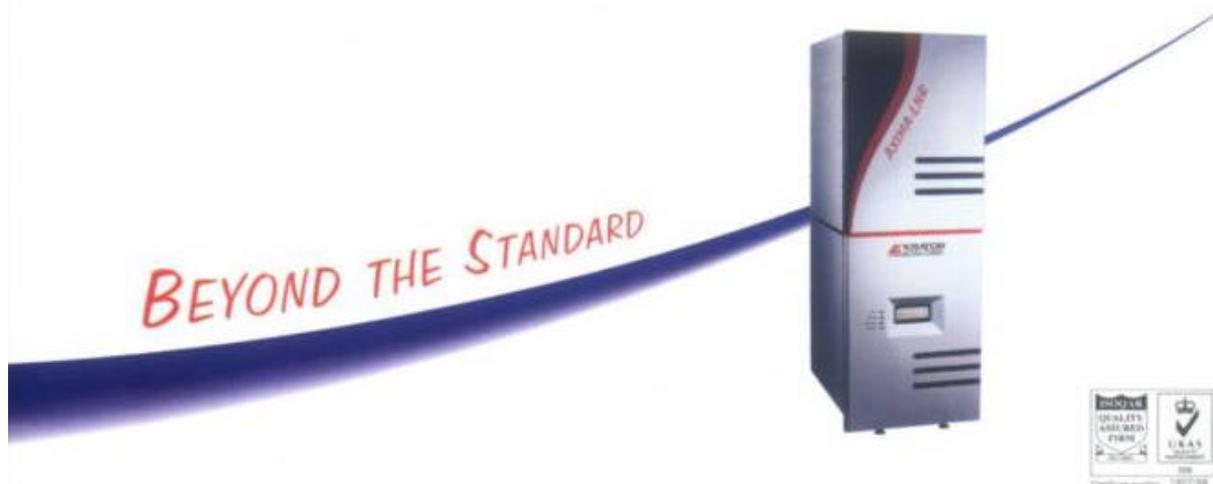
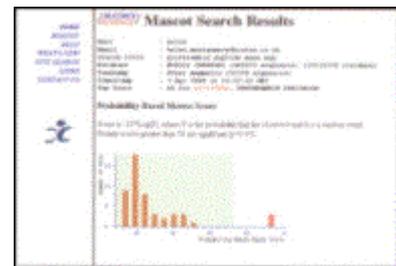


岛津制作所最新开发的 Xcise 型全自动样品前处理装置是专门为 MALDI-TOF 的自动化操作而配套的，用以蛋白在经电泳分离后，凝胶的处理和割切，其主要性能包括：

- 获得绝对亮度值的高分辨率的凝胶图象，可以方便的和精确的与其它方式获得的凝胶图象进行比较
- 强有力的图象分析软件，可以进行“趋势分析”和对在凝胶上的不同蛋白进行精确的比较
- 即使对于非常困难的凝胶，图像分析软件均可以自动的和准确的挑选蛋白斑点而不需要参考标记，斑点的编辑非常简单和灵活。挑选的斑点可以被转移到微孔板或多孔板
- 精密的 XYZ 方向动作控制，驱动液压操作转移工具挑取蛋白斑点并将其转移到 96 微孔板上
- 安装在动作控制架上的 8 道移液装置完成凝胶上蛋白的消解，加入清洗液和胰蛋白酶；多肽的浓缩和向 MALDI-TOF 样品板的转移和相关试剂的加入

Mascot™ 数据库检索软件：

Mascot™ 最新一代数据检索软件，支持互联网检索和保密检索。各种各样的软件模式，可以进行母质谱信号(蛋白水解酶消解)或碎片数据(sPSD)对原蛋白质进行检索鉴定。为了加强对蛋白质的检索鉴定，Mascot™ 不需要建立分别的多肽质谱数据，就可直接采用任何蛋白质序列数据库(如：SWISS_PROT 或 MSDB)或核酸序列数据库(如：NCBI 或 dbEST)。



日本岛津制作所生命科学仪器部

吉诺思愿与所有同仁们携手并进，开创未来！

北京总公司 北京市海淀区花园路 6 号 北京应物会议中心北楼 131 室 电话：(010) 82034498, 82034497 传真：(010) 82034493 邮政编码：100088 电子信箱：info@geno-tech.com.cn	上海分公司 上海市北京西路 1399 号 建京大厦 11 层 C02 室 电话：(021) 62890847, 62891803 传真：(021) 62477927 邮政编码：200040 电子信箱：shanghai@geno-tech.com.cn	广州分公司 广东省广州市北较场横路 12 号 广东物资大厦 807 室 电话：(020) 83836532, 83824053 传真：(020) 83863679 邮政编码：510050 电子信箱：guangzhou@geno-tech.com.cn	成都办事处： 四川省成都市盐道街 20 号 成都美华商务楼 16-19 室 电话：(028) 6726918, 6726828 传真：(028) 6726968 邮政编码：610016 电子信箱：chengdu@geno-tech.com.cn
免费咨询电话：800-810-0977		公司网站：http://www.geno-tech.com.cn	