



陕西师范大学
SHAANXI NORMAL UNIVERSITY

研究生教育教学改革研究项目
(研究生优质课程项目)

生物实验室安全及大型仪器应用

液相色谱-质谱技术

主讲教师 刘清梅

生命科学学院实验教学中心





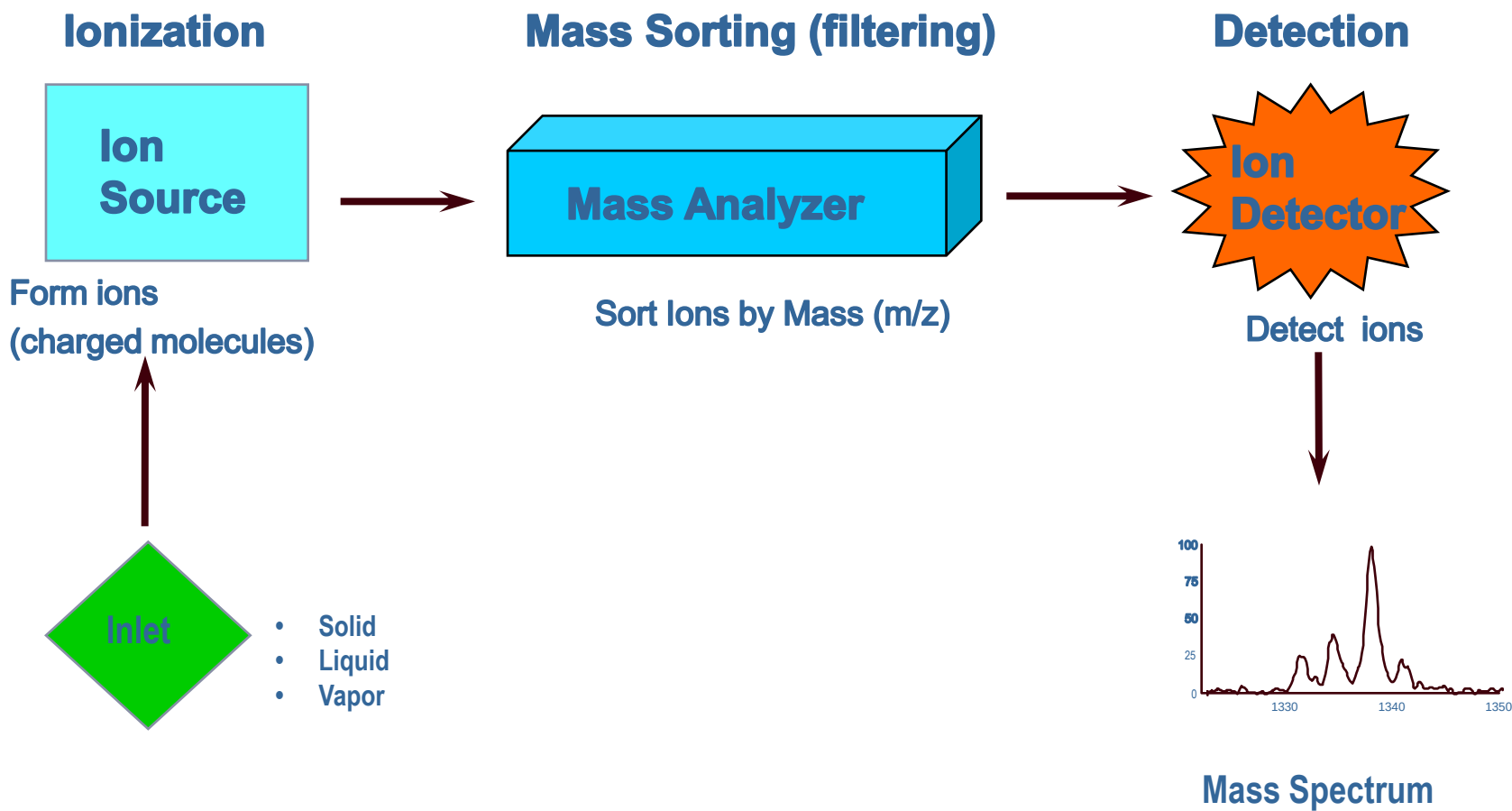
主要内容

- 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱
 - 液相色谱-电喷雾-串联质谱
 - 肽质量指纹谱鉴定蛋白质技术
 - 串联质谱数据鉴定蛋白质技术
-



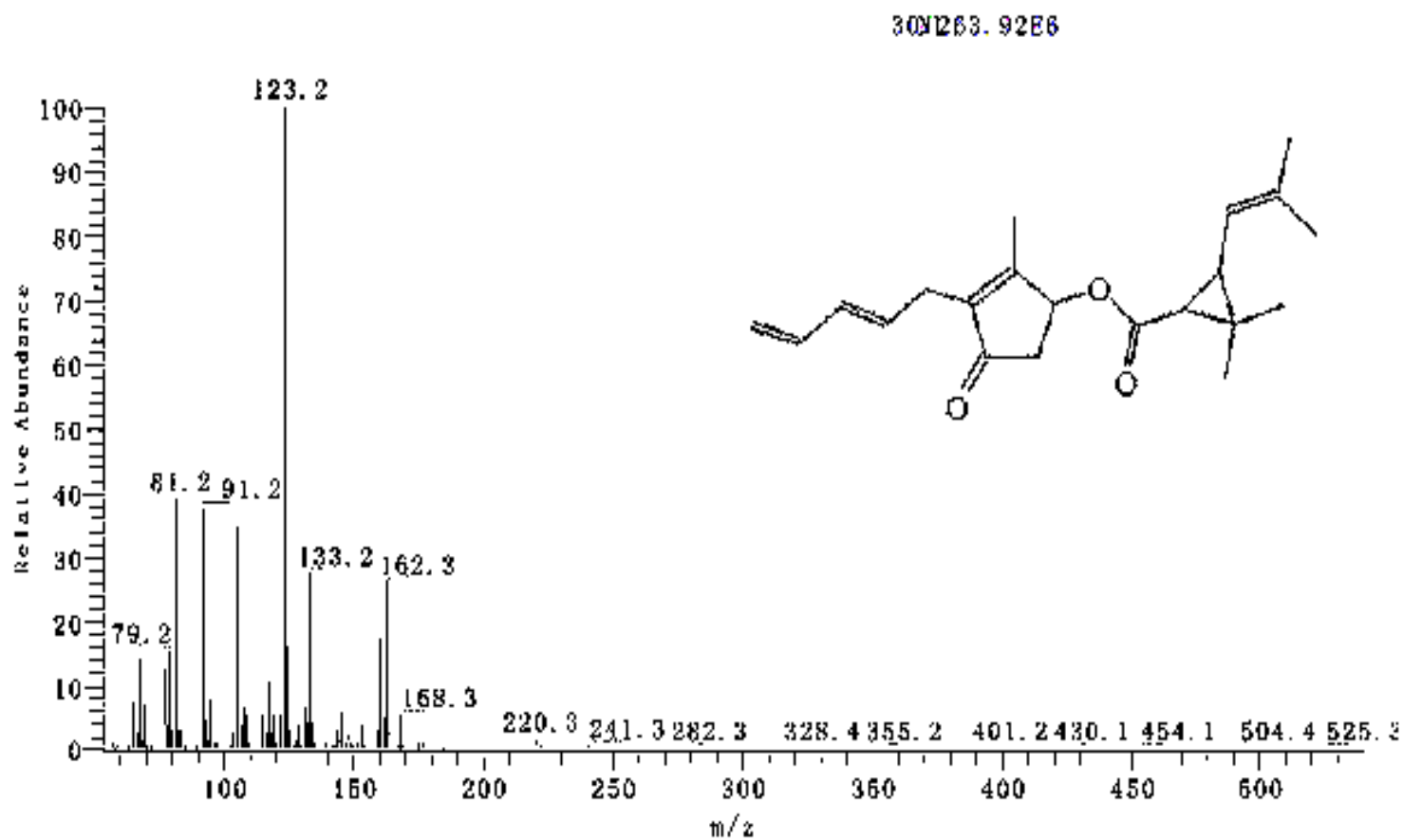
质谱的概述

- ❖ 基本原理：样品分子离子化后，根据离子间质荷比（ m/z ）的差异来分离并确定样品的分子量
 - ❖ 还可根据碎片特征进行化合物的结构分析
-



质谱图

相对
浓度
RI



m/z



质谱技术发展过程

20世纪初

J.J. Thomson制成第一台质谱仪
主要是用来进行同位素测定和无机元素分析

20世纪40年代

开始用于有机物分析

20世纪60年代

出现了气相色谱-质谱联用仪
成为有机物分析的重要仪器

20世纪80年代

质谱新技术：电喷雾电离源，大气压化学电离源
液相色谱-质谱联用仪
感应耦合等离子体质谱仪

Sir Joseph John Thomson - 1906年诺贝尔物理奖

主要贡献：气态下离子导电的理论和实验探索

Frederick Soddy - 1921年诺贝尔化学奖

主要贡献：使我们对放射活性物质的认识大大提高，另外他对同位素的起源和性质也作了出色工作。

Francis William Aston - 1922年诺贝尔化学奖

主要贡献：使用质谱方法大规模的研究非放射性元素的同位素；提出整数规则。

Hans G. Dehmelt and Wolfgang Paul - 1989年同获诺贝尔物理奖

主要贡献：开发了离子阱质谱技术。

Robert F. Curl Jr. & Sir Harold W. Kroto & Richard E. Smalley - 1996年分享诺贝尔化学奖

主要贡献：使用质谱发现富洛伦尼斯（C₆₀-C₈₀，足球烯）

John Fenn and Koichi Tanaka with Kurt Wuthrich - 2002年分享诺贝尔化学奖

主要贡献：发展了可用于分析生物大分子的软电离方法。

2002年诺贝尔化学奖得主：



John B. Fenn



Koichi Tanaka



Kurt Wüthrich

“发明了对生物大分子进行确认和结构分析的方法”

质谱分析法

核磁共振分析法

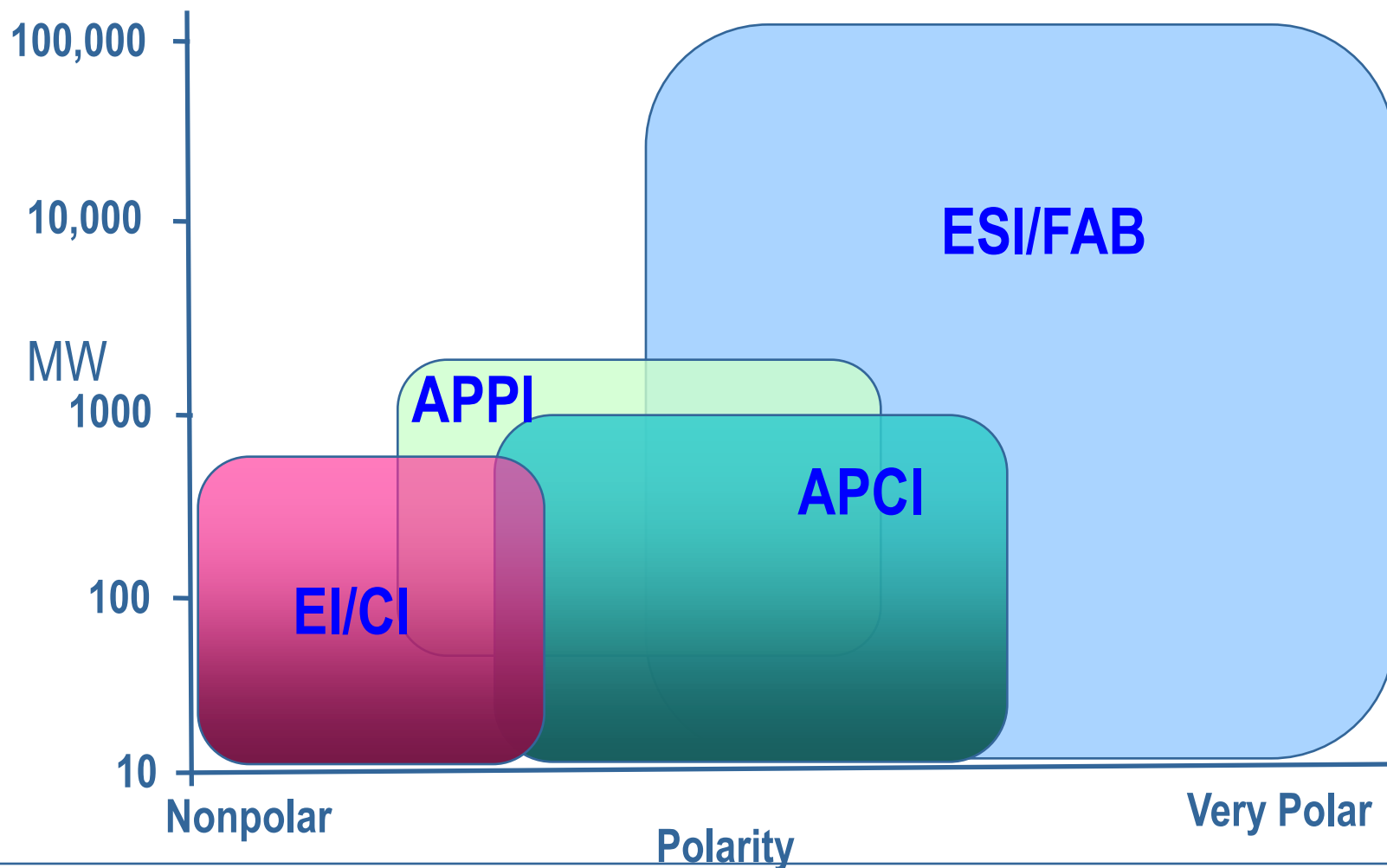


离子源 (Ion source)

❖ 质谱仪的离子源种类主要有:

- 电子电离源(Electron Ionization EI)
 - 化学电离源(Chemical Ionization , CI)
 - 快原子轰击源 (Fast Atomic bombardment, FAB)
 - 电喷雾源(Electron spray Ionization, ESI)
 - 大气压化学电离源(Atmospheric pressure chemical Ionization, APCI)
 - 大气压光学电离源 (Atmospheric pressure photoionization, APPI)
 - 基质辅助的激光解吸电离源 (MALDI-TOF)
-

每一种电离方法都有一定的分子量检测范围



- **MALDI-TOF MS:** 基质辅助激光解吸/电离飞行时间质谱 (Matrix-assisted laser desorption/ionization time of flight mass spectrometry)
 - **ESI MS:** 电喷雾质谱 (electrospray ionisation mass spectrometry)
 - 高灵敏度和高质量检测范围: pmol; 几万到几十万Da
 - “软”电离技术: 不破坏分子结构, 能实现分子量大于10,000质量单位的生物大分子的质量分析
-



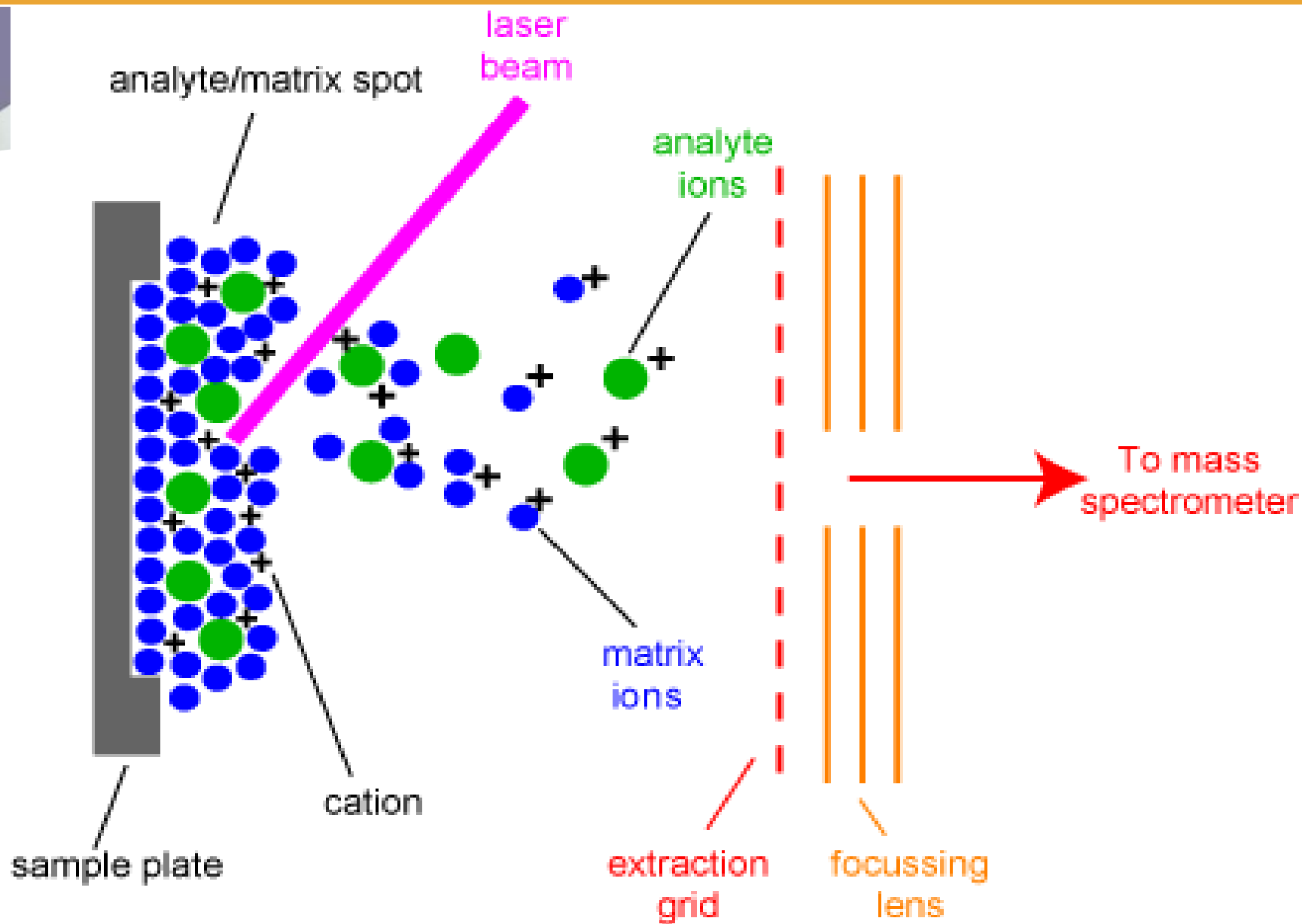
第一节 基质辅助激光解 吸电离飞行时间质谱



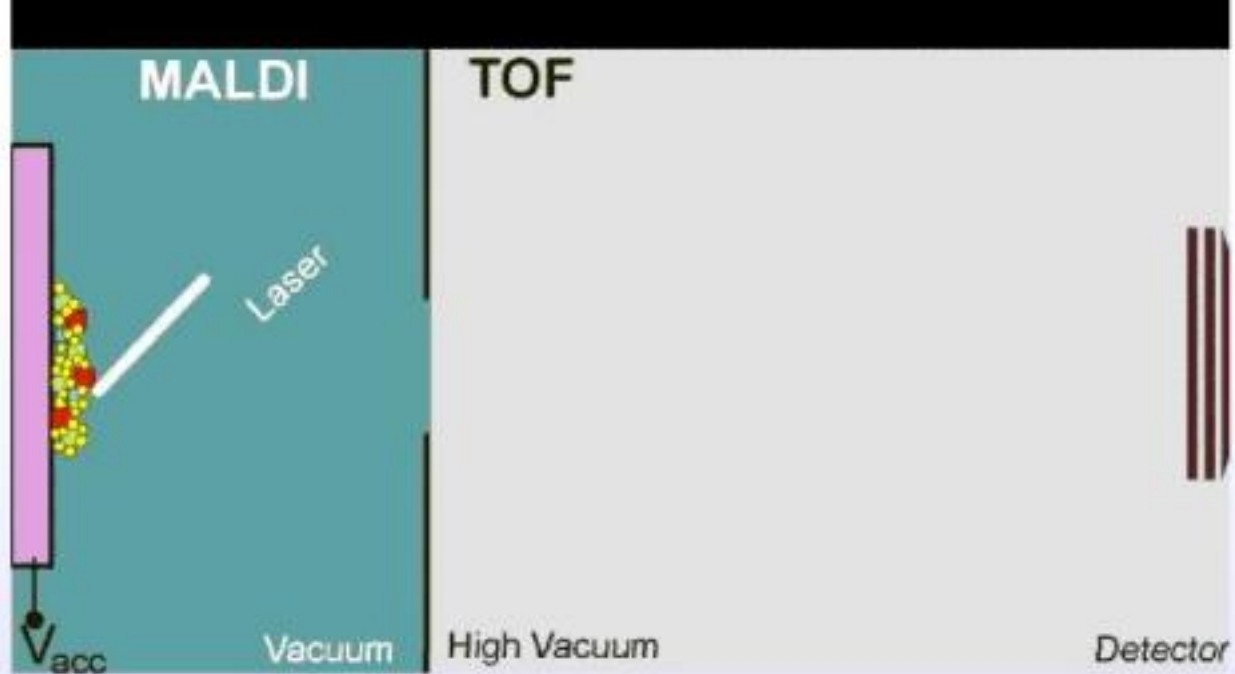
一、MALDI离子源

❖ MALDI(matrix-assisted laser desorption ionization)

- ❖ 基本原理：将样品分散在基质分子中并形成晶体，当用激光照射晶体时，基质分子吸收激光能量，样品解吸附，基质一样品之间发生电荷转移使样品分子电离
-



MALDI-TOF的工作机理





- ❖ 基质是关键：吸收大部分能量并气化，同时将样品分子带入气相，样品分子只吸收少量能量，避免了分子化学键的断裂。质子化或去质子化试剂
 - ❖ 常用的基质：一些小分子有机酸及其衍生物，能够很好地吸收激光能量
-



- ❖ 激光是脉冲式，每一脉冲激光产生的一批离子得到一张质谱图，一般使用的质谱图是多次脉冲激光扫描质谱峰结果的累加
 - ❖ 离子多为单电荷离子，质谱图中的谱峰与样品各组分的质数有一一对应关系，因此**MALDI-MS**最适合分析多肽及蛋白质混合物。灵敏度最高，能够对极微量样品进行分析
-



❖MALDI 质谱的特点

1. 图谱简单，最适合分析多肽及蛋白质混合物
2. 离子化效率高，灵敏度最高，能够对极微量样品进行分析

为何纵坐标是相对浓度？



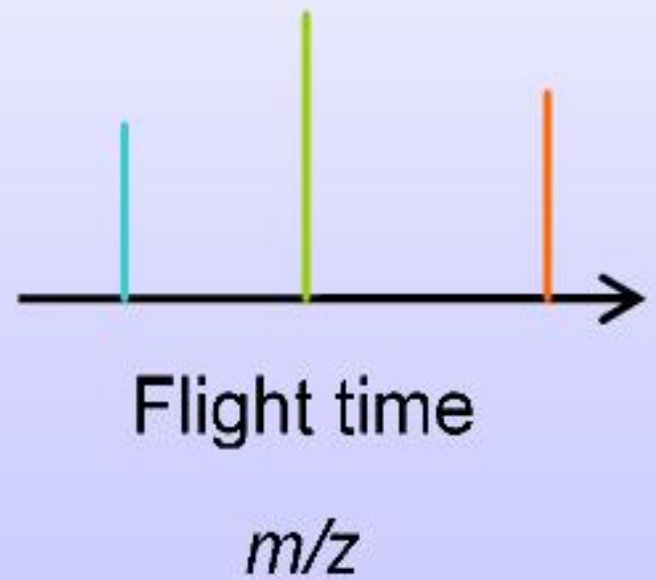
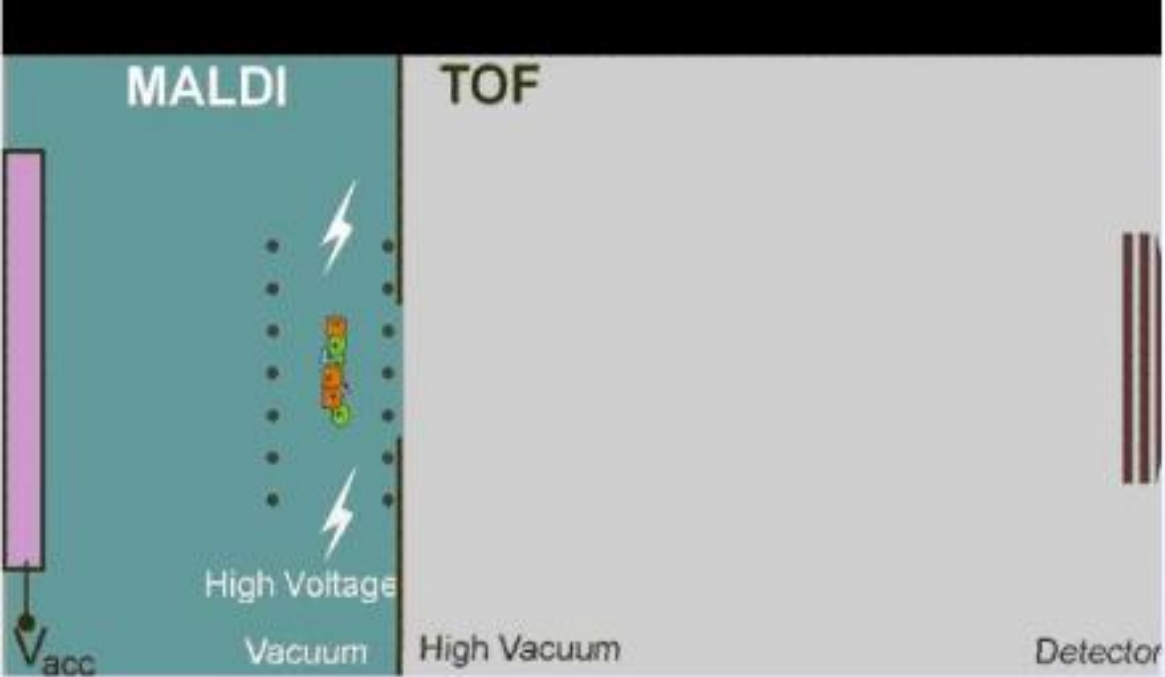
CTV
HD

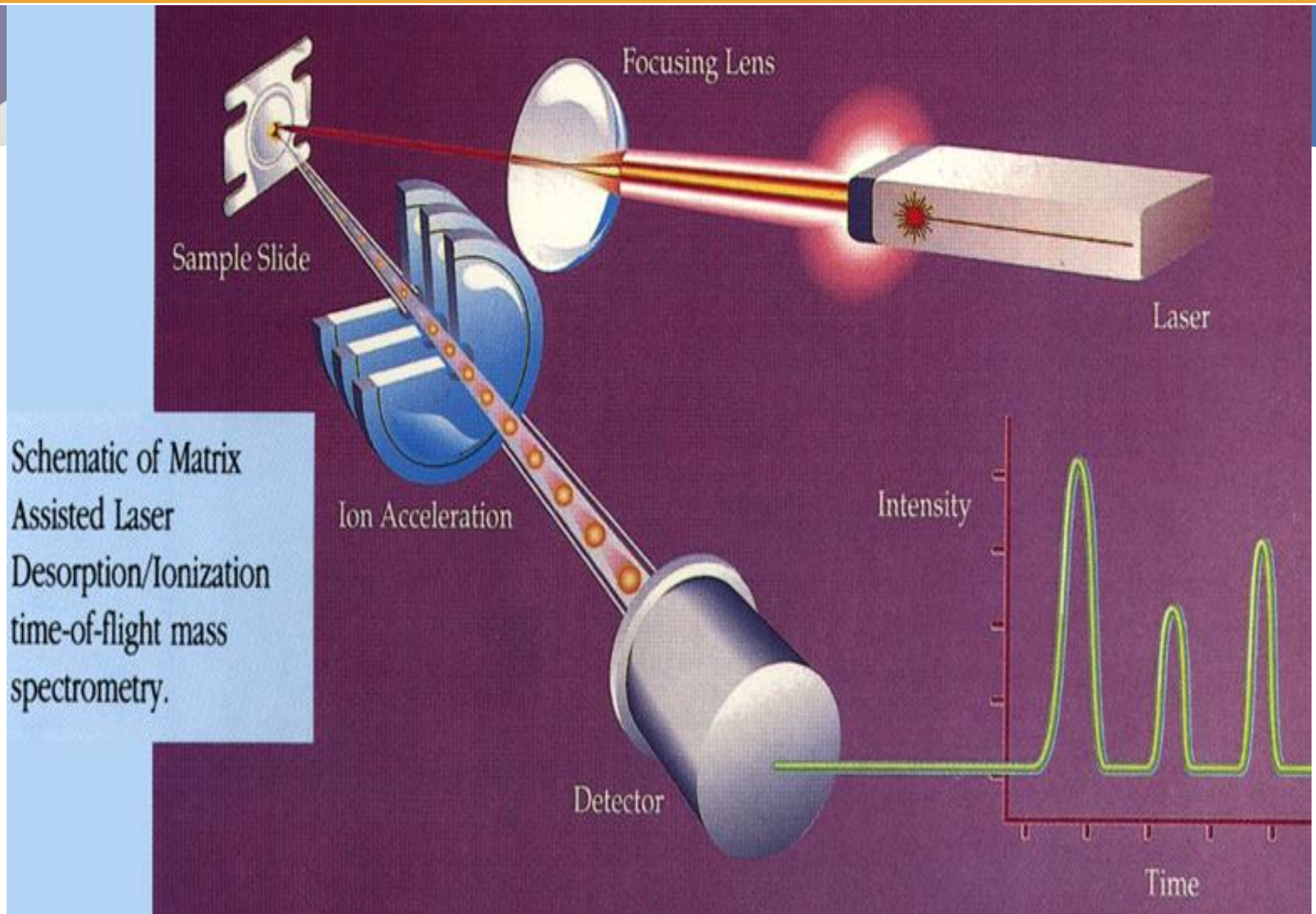


二、线性飞行时间质量检测器

- ❖ 质量分析器：飞行时间检测器(**time of flight, TOF**)，**MALDI-TOF-MS**；质量分析范围很大，从几百**Da**到**100k Da**都可以检测
- ❖ 工作机理：离子先经过一个加速电场，获得动能，再进入一个高真空无电场飞行管道。离子的飞行时间与其质荷比的平方根成正比，通过检测飞行时间来测定离子的质荷比

$$t = \text{const} \bullet (m/z)^{1/2}$$





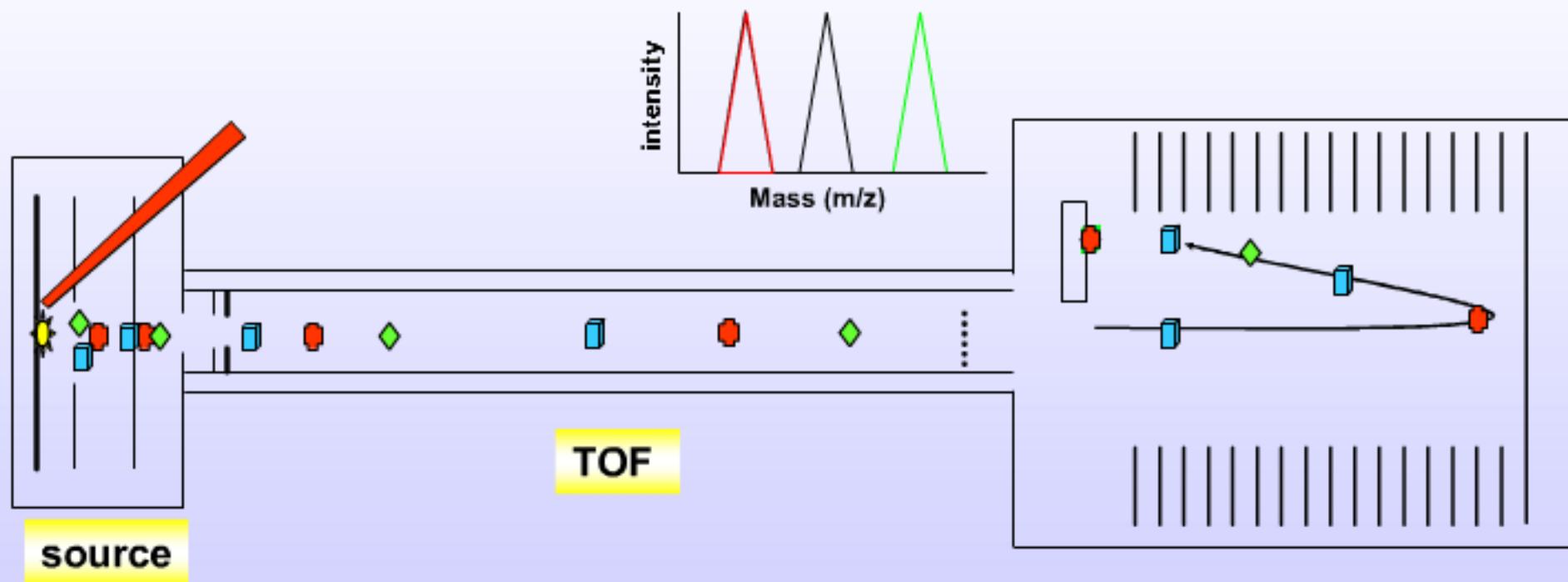
线性飞行时间检测器的工作原理



三、反射飞行时间质量检测器

- ❖ 反射飞行时间质谱(**RETOF-MS**): 在仪器的飞行管道内加了一个反射电场, 称为**ion mirror** 或**reflector**
 - ❖ 反射电场: 能量聚焦作用, 即具有相同质荷比但能量有细微差异的离子在电场作用下飞行时间达到一致, 接着离子改变飞行方向, 延长了飞行距离, 所以反射飞行时间质谱的分辨率和质量测量准确度都有很大的提高。
-

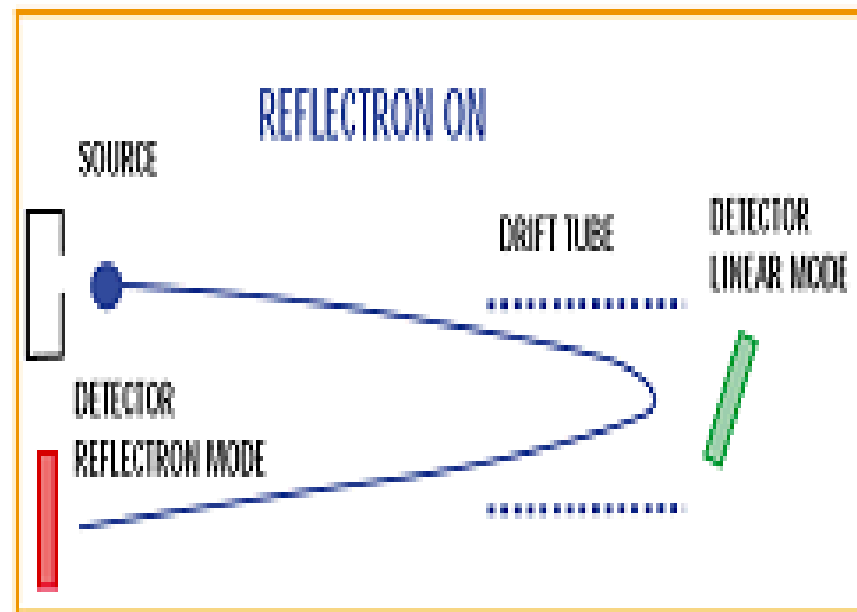
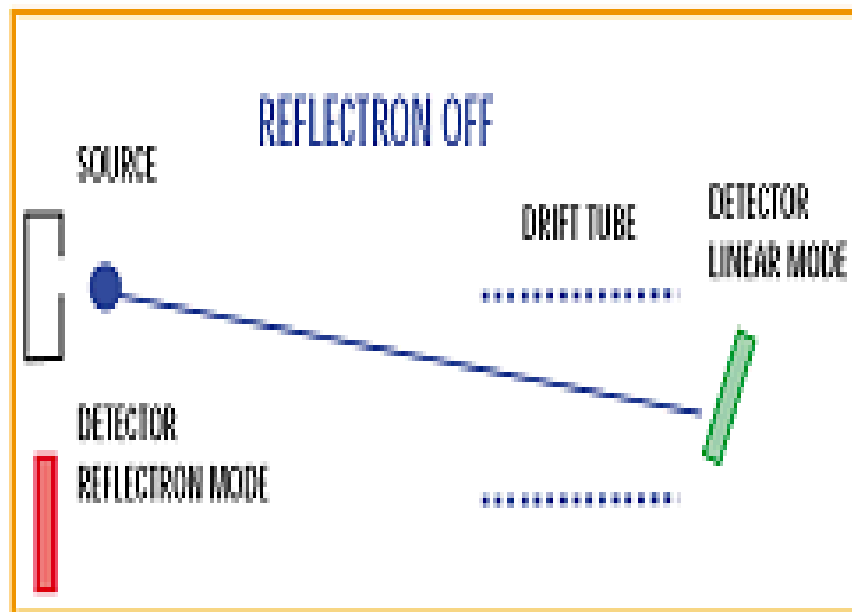
反射飞行时间质量检测器工作原理





■ RE-TOF-MS的特点

1. 反射电场起能量聚焦作用，质谱的分辨率和质量测量准确度都有很大的提高
 2. 可以分析源后衰变（**post-source decay, PSD**）产生的亚稳离子，这是一种串联质谱分析，可获得离子的结构信息
-



线性与反射飞行时间检测器的对比



MALDI-TOF-MS工作站



四、样品制备方法

1. 基质 α -氰基-4-羟基肉桂酸用0.1%三氟乙酸、30%-50%乙腈溶液配成饱和溶液，稀释1到3倍可以减少基质加和峰，要求每天新鲜配制
 2. 样品溶于0.1%三氟乙酸溶液
 3. 基质与样品以1:1体积混合，取0.5-1 μ l加到不锈钢样品靶上，在空气中放置几分钟，待溶剂挥发干后将样品靶送入仪器
-

Principle of MALDI MS Imaging

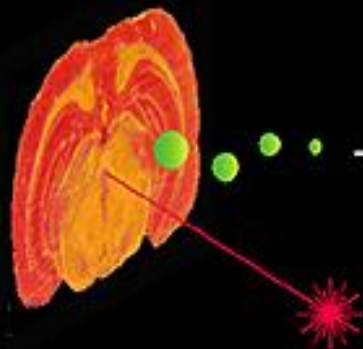
Frozen section



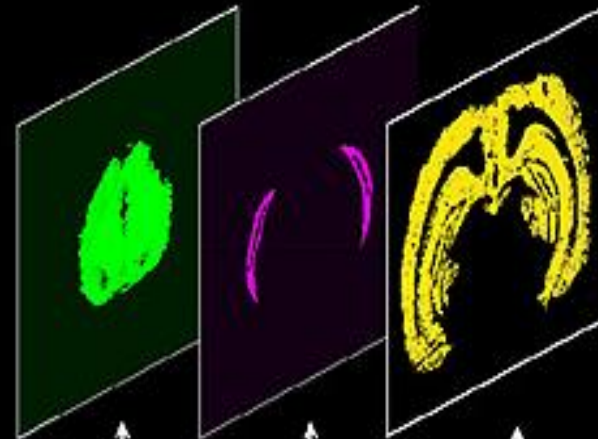
Matrix application



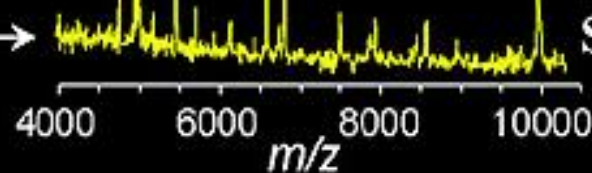
Raster of section



MS Images



MALDI Mass Spectrum



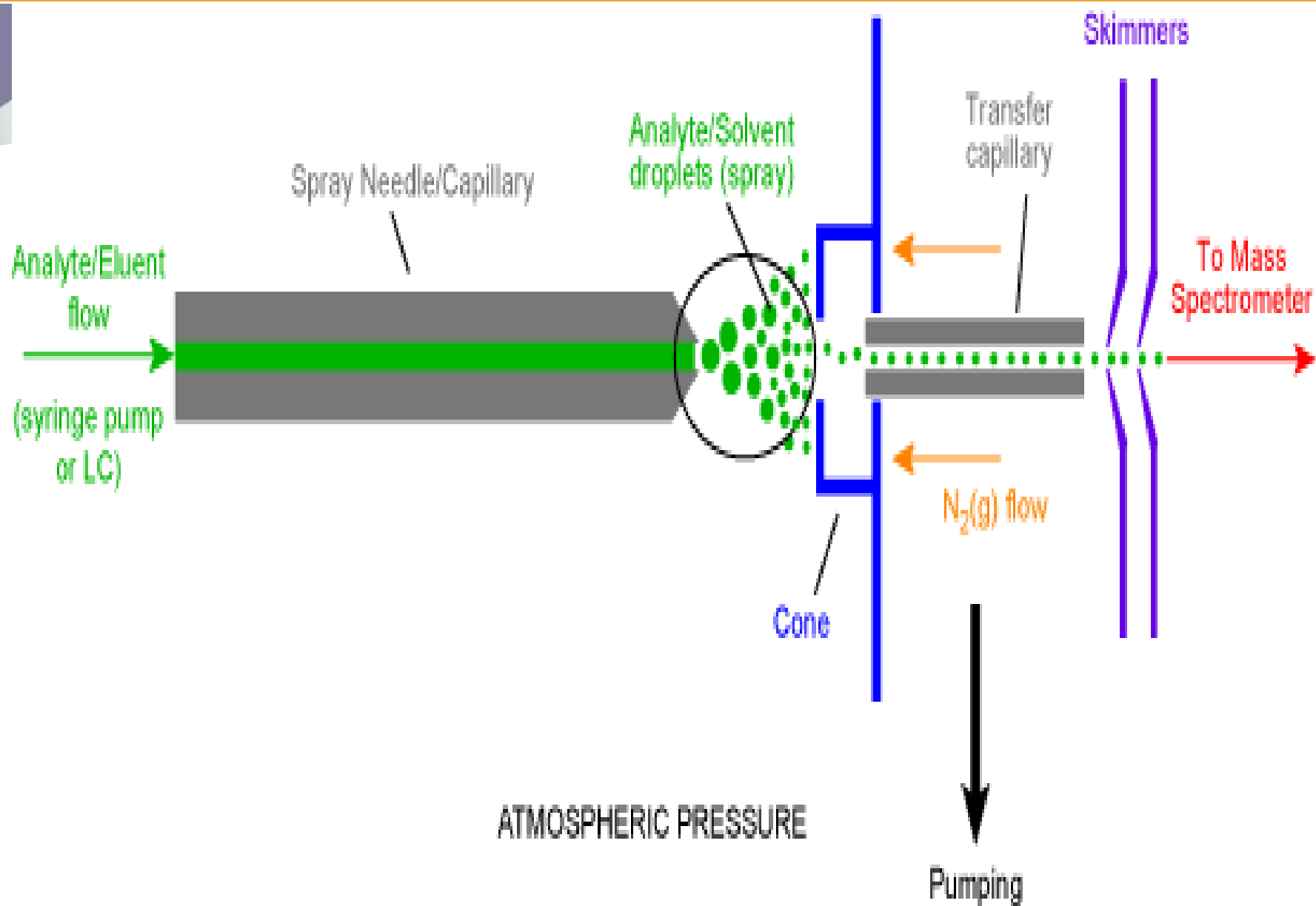


第二节 液相色谱—电喷雾 —串联质谱

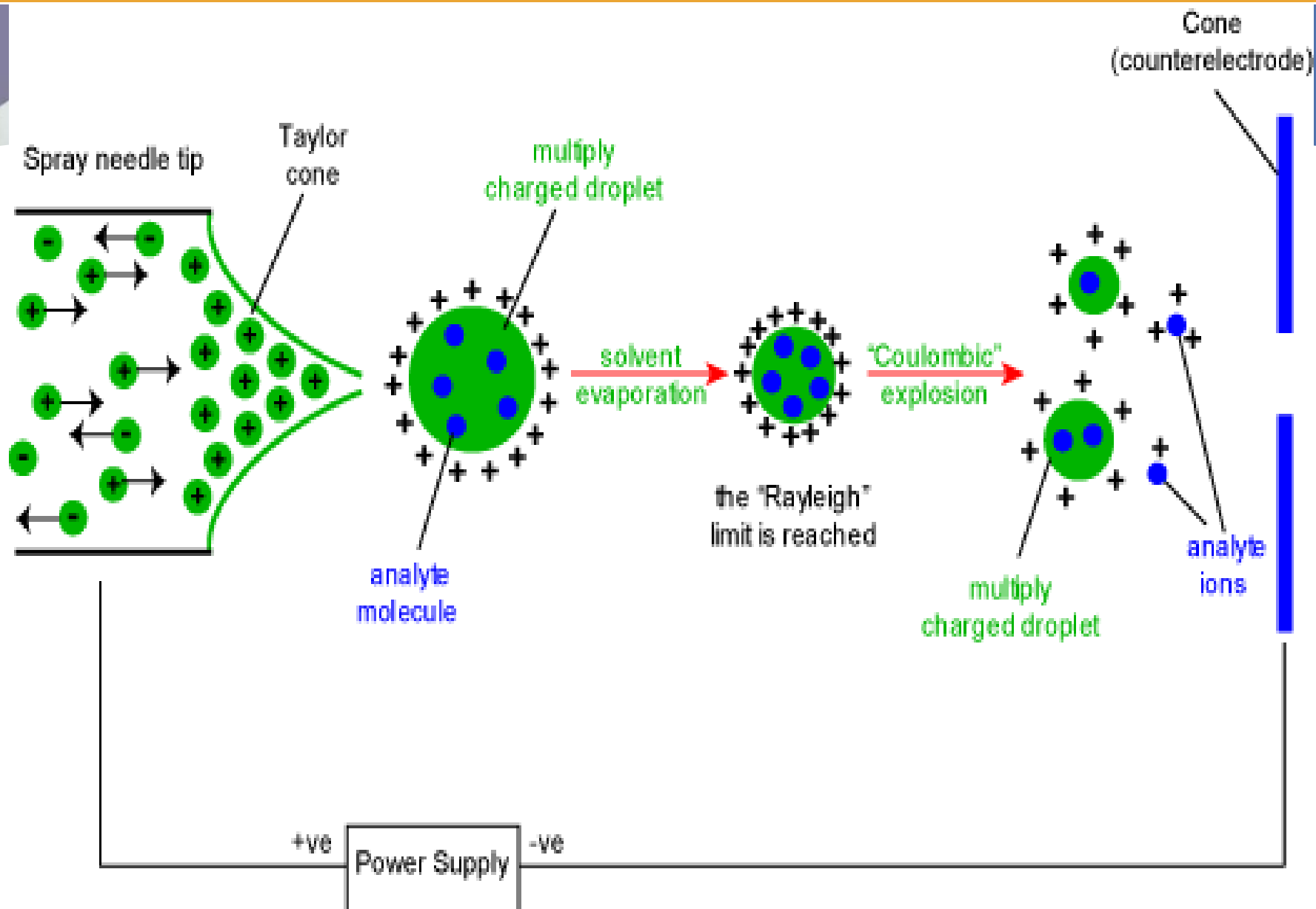


一、电喷雾电离源

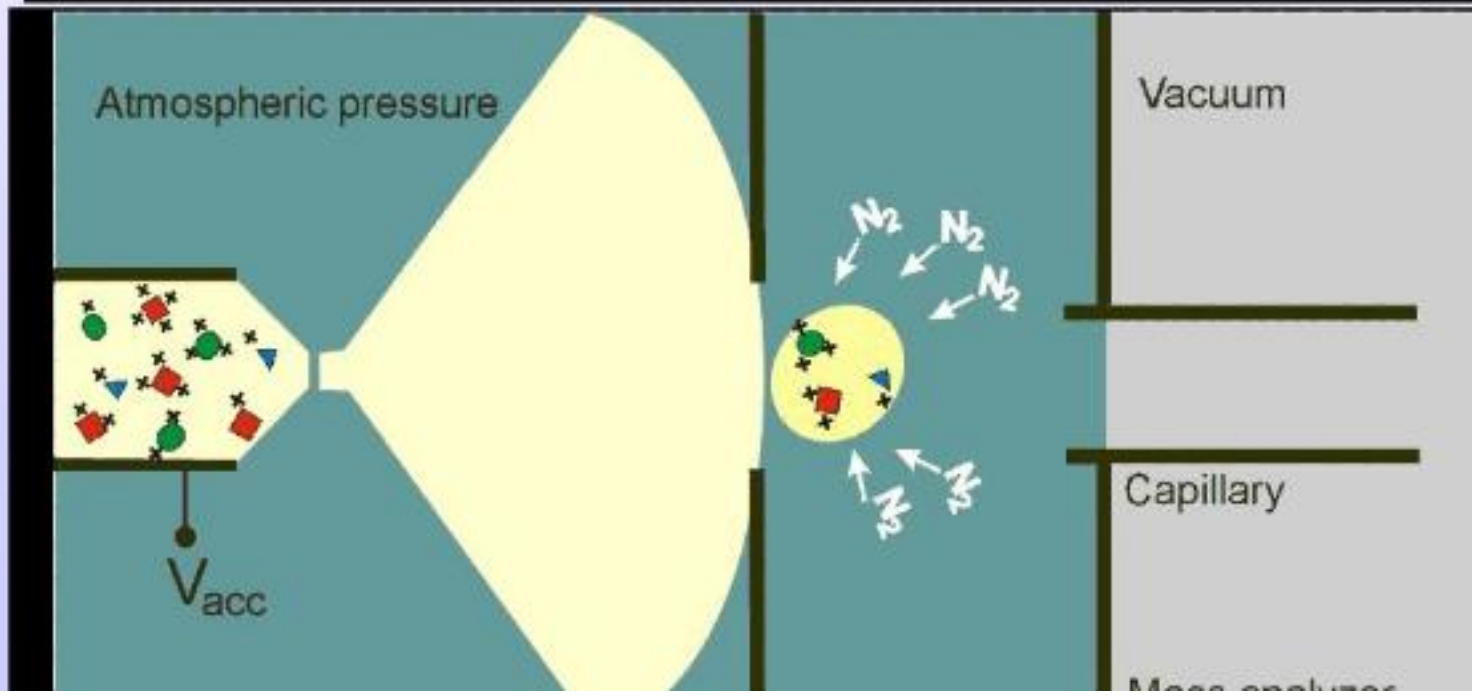
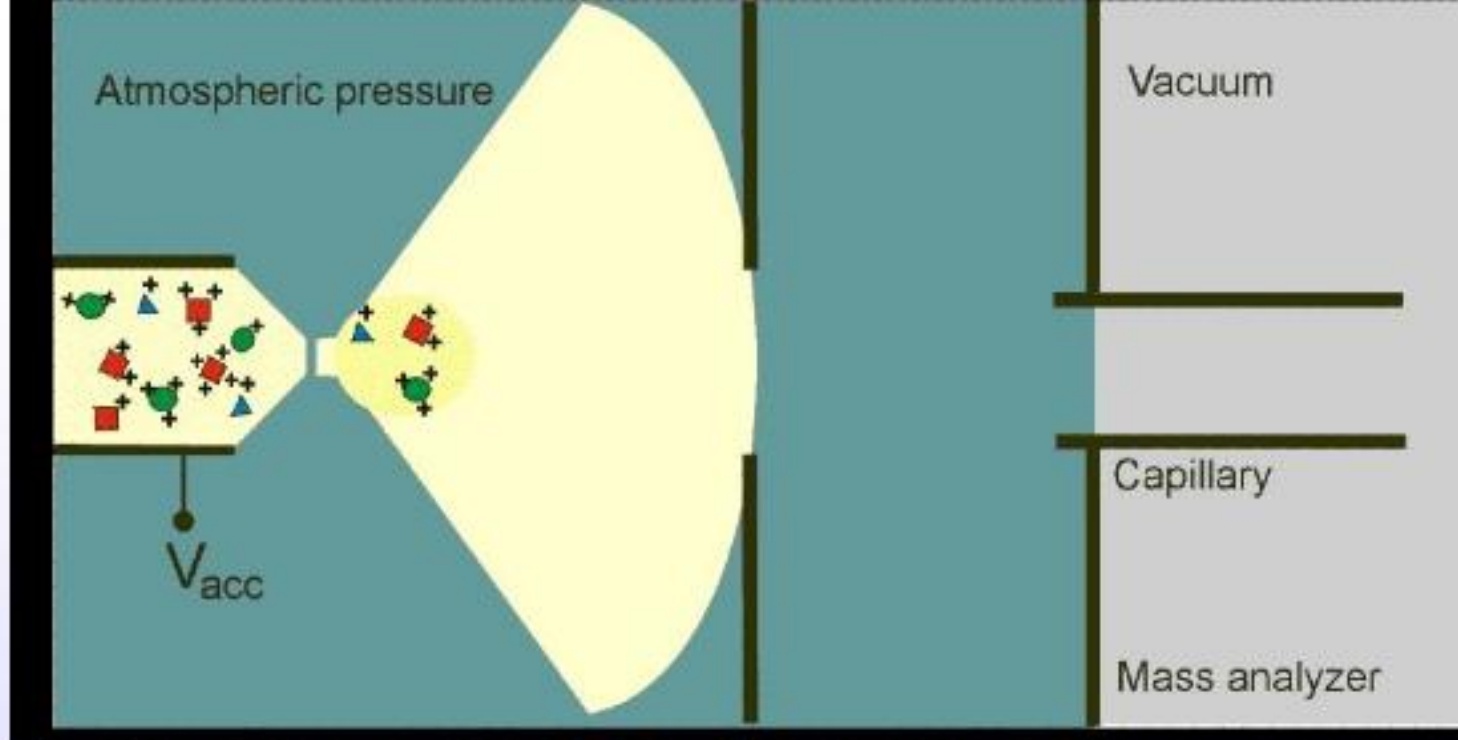
- ❖ 原理：利用高电场使进样的液滴带电，在 N_2 气流的作用下，液滴溶剂蒸发，表面积缩小，表面电荷密度不断增加，直至产生的库仑斥力与液滴表面张力达到极限，液滴爆裂为带电的子液滴，这一过程不断重复使最终的液滴非常细小呈喷雾状，这时液滴表面的电场非常强大，使分析物离子化并以带单电荷或多电荷的离子形式进入质量分析器
-

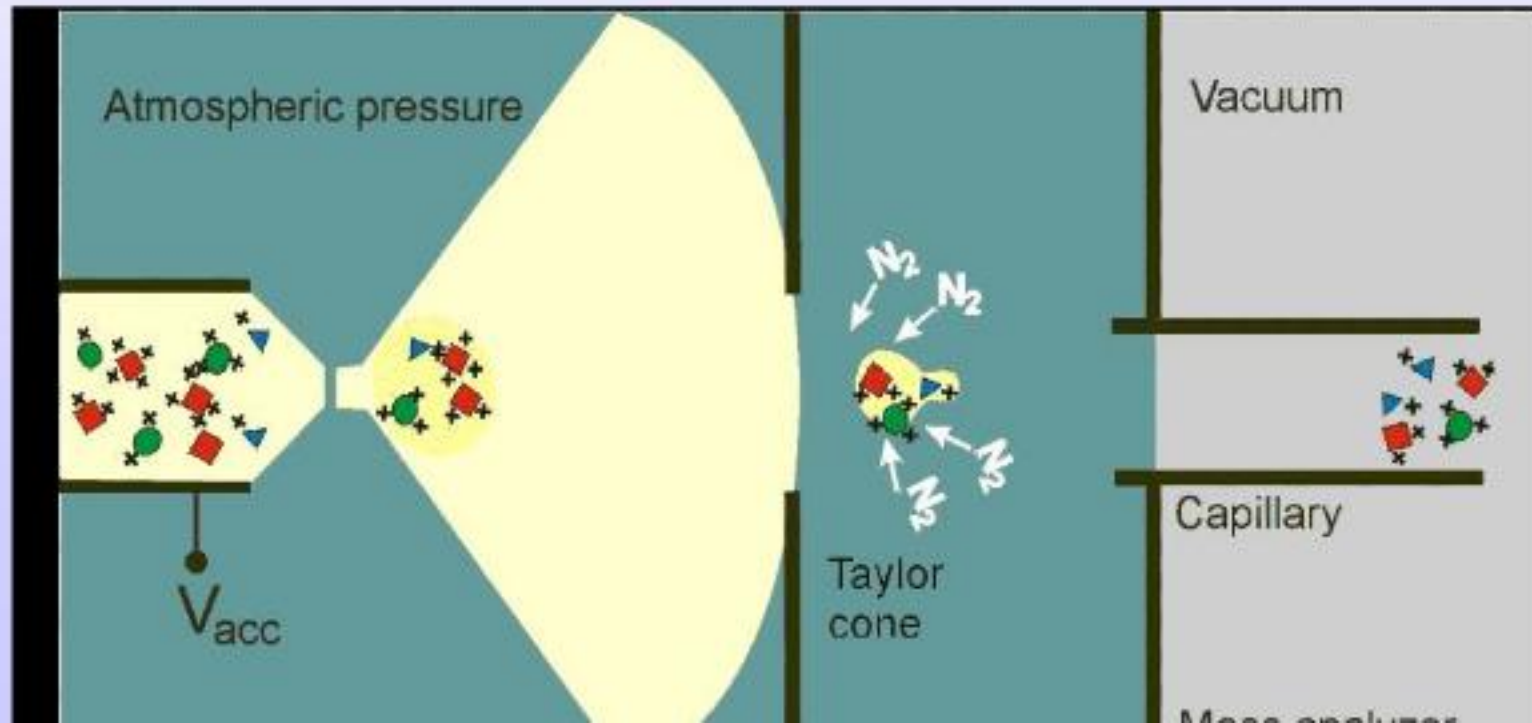
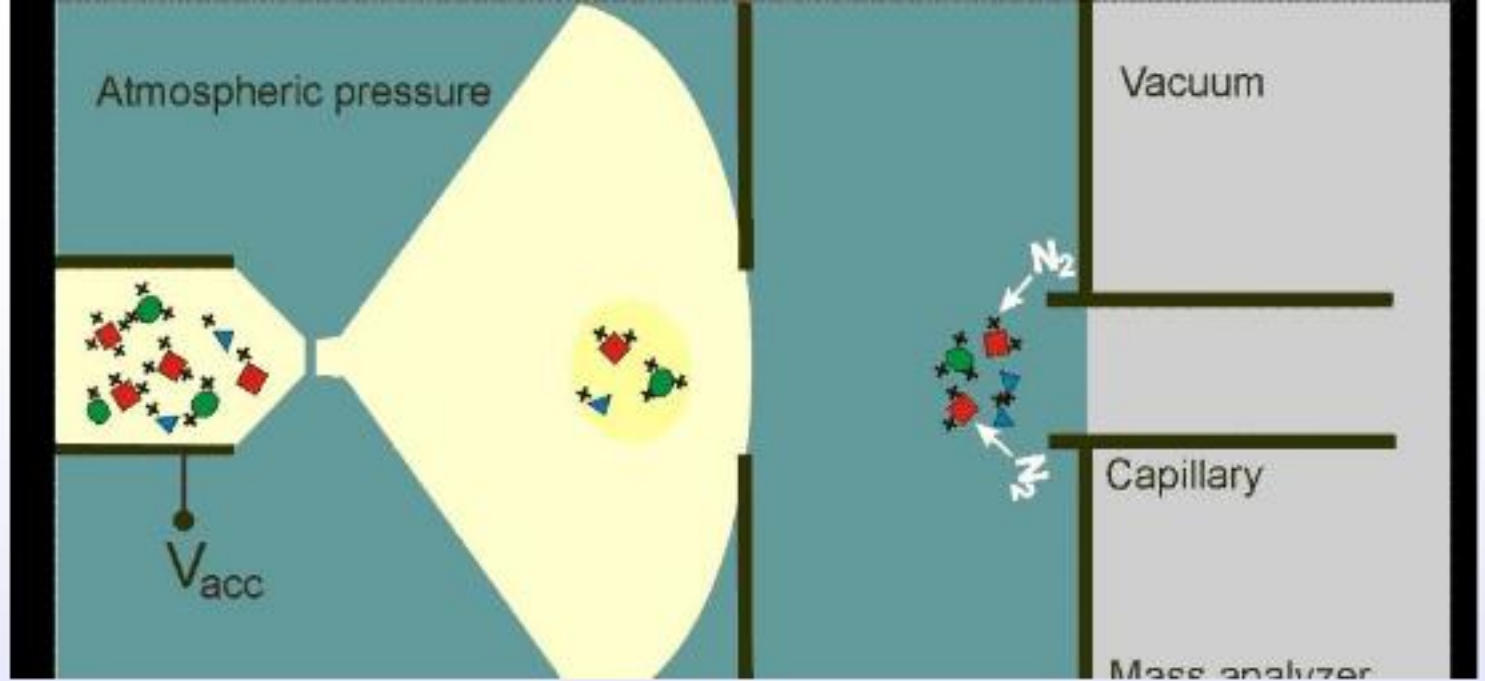


电喷雾电离的过程图



电喷雾电离的机理图示



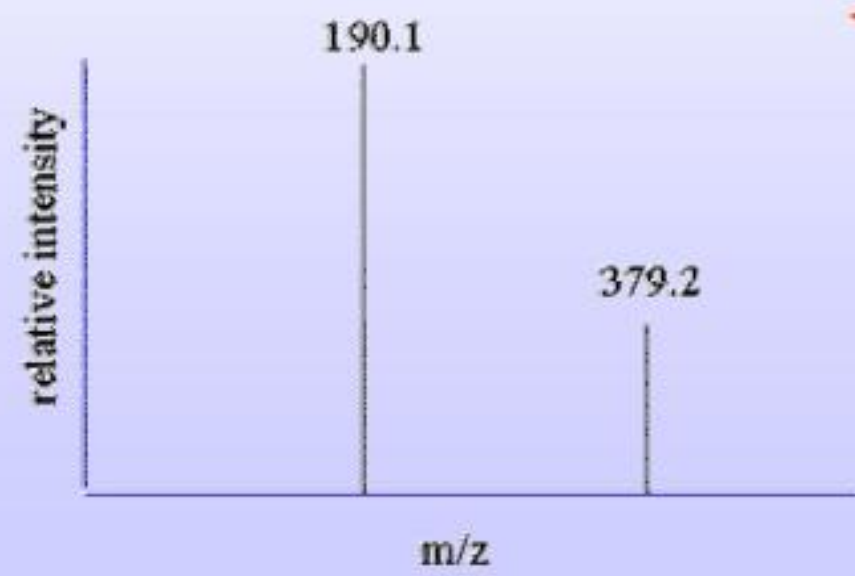
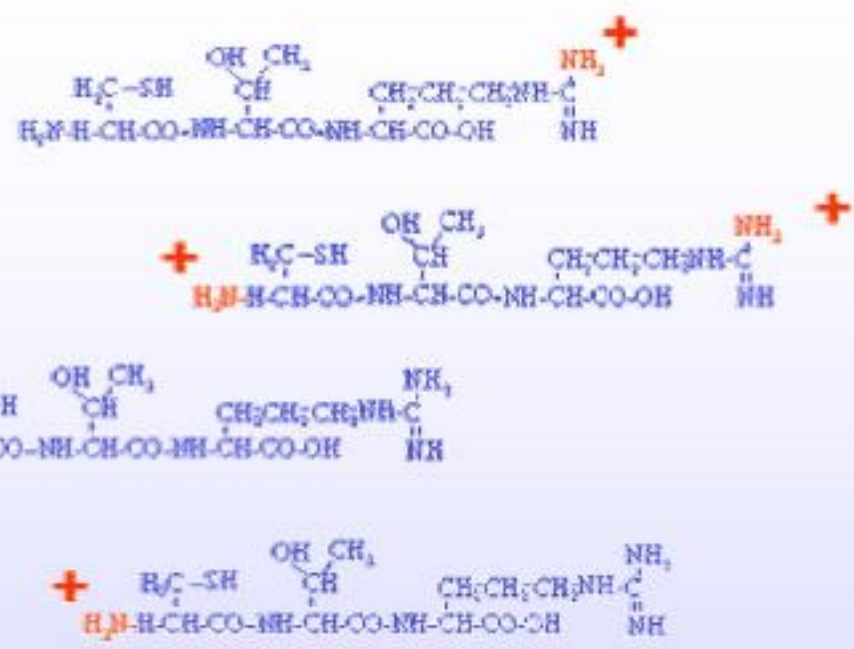




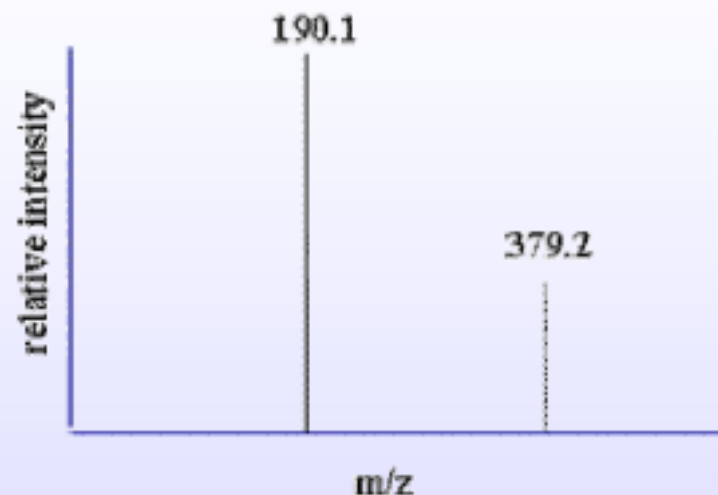
- ❖ 优点：电喷雾产生的生物大分子，经常带电荷数 **10** 个以上，形成 **$[M+nH]^{n+}$** 系列多电荷离子（ **n** 为质子化数，即电荷数），质荷比大大减小，弥补了四级杆等质量分析器测量范围窄的缺点
 - ❖ 缺点：电喷雾电离产生的质谱图显示的是离子带不同电荷数的一系列质荷比峰，要根据这些值换算成离子质量
-



- ❖ 根据相差一个电荷数的相邻两个多电荷离子峰的质荷比，可计算出电荷离子所带电荷数，进而换算出该离子带单电荷时的质量；根据多个多电荷峰计算出多个质量值后取平均值
- ❖ $M_j = (m + n_j) / n_j$ $M_k = (m + n_k) / n_k$ $n_j = n_{k+1}$
- ❖ $n_j = (M_k - 1) / (M_k - M_j)$ 及 $n_k = (M_j - 1) / (M_k - M_j)$
 $m = M_j * n_j - n_j$ 或 $m = M_k * n_k - n_k$



Deconvolution



Step 1: assume $190.1 = \text{mass}/\text{charge}$

$$379.2 = \text{mass}/\text{charge}$$

Step 2: assume the two peaks are related

$$190.1 = m/(z+1)$$

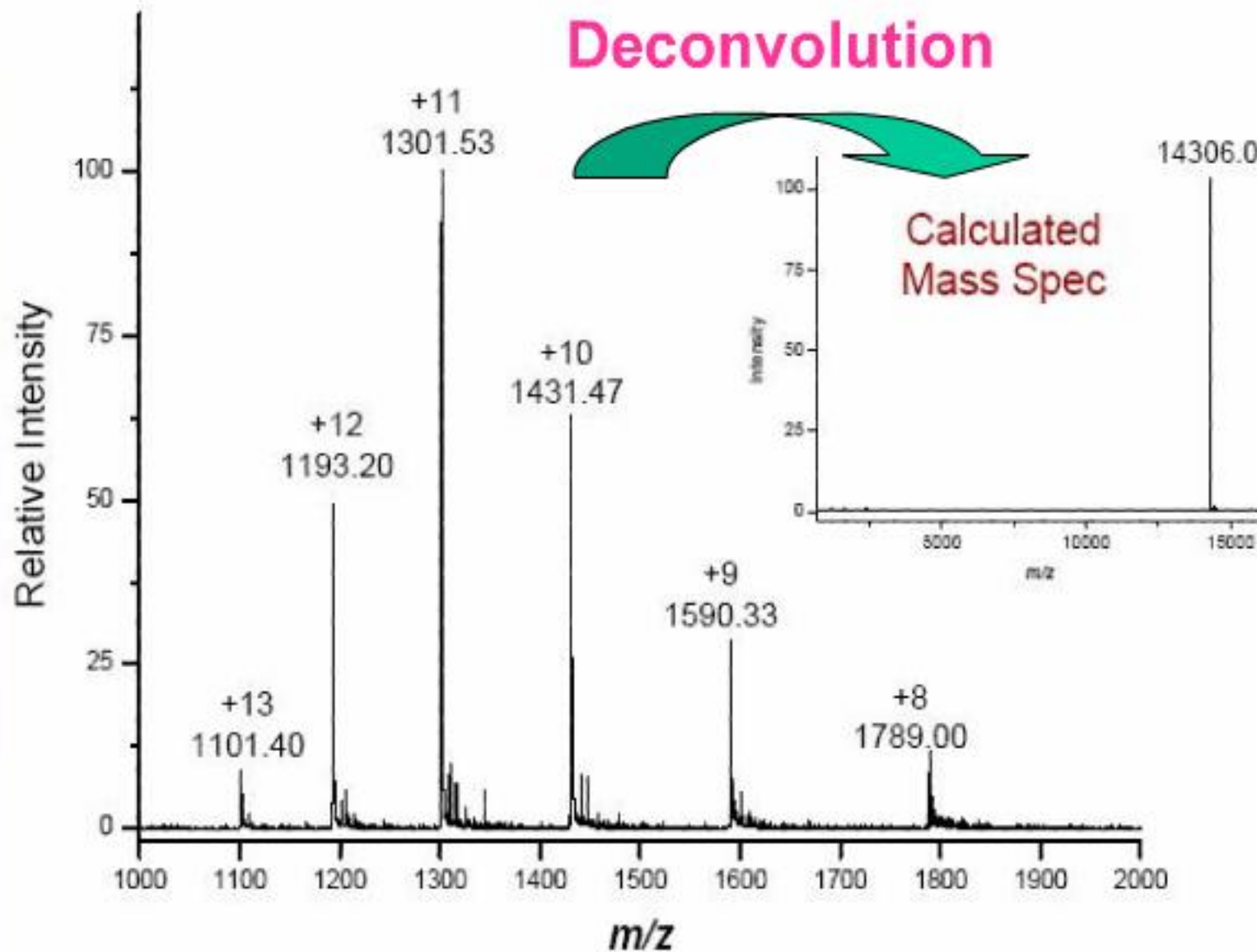
$$379.2 = m/z$$

Step 3: solve m and z

$$m = 378.2, \quad z = 1$$

Charge state	Calculation	Unprotonated mass
+1	$(379.2 - 1) * 1$	378.2
+2	$(190.1 - 1) * 2$	378.2
	average	378.2

Multiple-charged ESI spectra





❖ 分辨率高的质谱可以分辨出单个离子峰的同位素峰。根据相邻同位素峰的质荷比之差，也可以算出此峰代表的离子所带电荷数；再根据电荷数计算出该多电荷离子的中性分子质量

电荷数 $n = 1 / \Delta m$ （相临同位素的质荷比之差）

$m = n \times m_{\text{avg}} - n$ （正电荷模式）

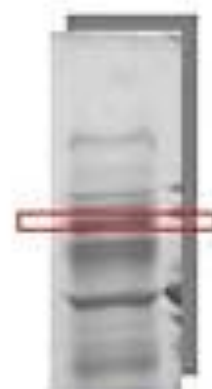
$m = n \times m_{\text{avg}} + n$ （负电荷模式）



二、液相色谱—电喷雾—串联质谱

- ❖ 可检测离子结构碎片的质荷比，能够提供离子的结构信息。应用于多肽、核酸的测序及蛋白质的鉴定和翻译后修饰分析
 - ❖ 由离子源、多级质量分析器及碰撞室组成。第一级质量分析器起质量过滤器的作用，即从总离子谱中挑选出需进一步进行结构分析的母离子进入碰撞室，母离子在碰撞室内经高流速惰性气体碰撞诱导离解 (collision induced desorption, CID) 产生碎片离子/子离子，由第二级质量分析器分析子离子的质荷比。通过母离子和子离子的质量，研究二者关系及母离子的裂解规律，可以获得母离子的结构信息
-

nanoLC-MS/MS



1D-gel



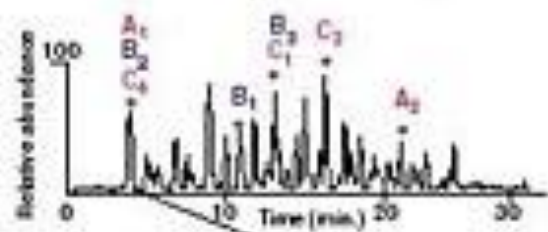
Esquire 3000
Bruker Daltonics

Protéines en mélange

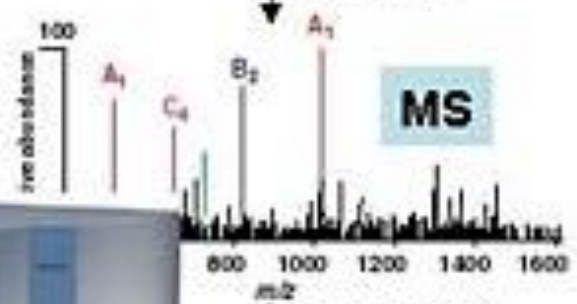
Digest with protease

Peptides: $A_1, A_2, \dots$
 $B_1, B_2, B_3, \dots$
 $C_1, C_2, C_3, C_4, \dots$ and others

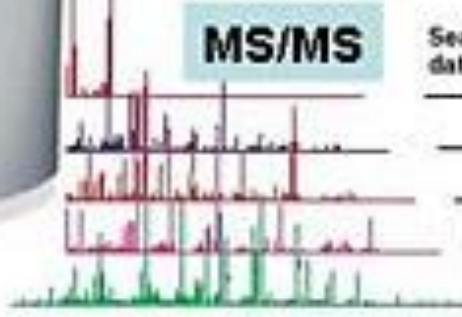
Fractionate by HPLC



Separate by MS



Analyze by MS/MS
(Top 5 ions, see panel B)



MS/MS

Search database

Identification des protéines

Sequences of all peptides:

A_1, A_2
 B_1, B_2, B_3
 C_1, C_2, C_3 and ...

Output all data

5 peptide sequences:

LLTIADAAG
EFNDPSNACLONGFK
LLTIADAAG
SAGCNVVFGEAK
EQQVEEAVQAAGR

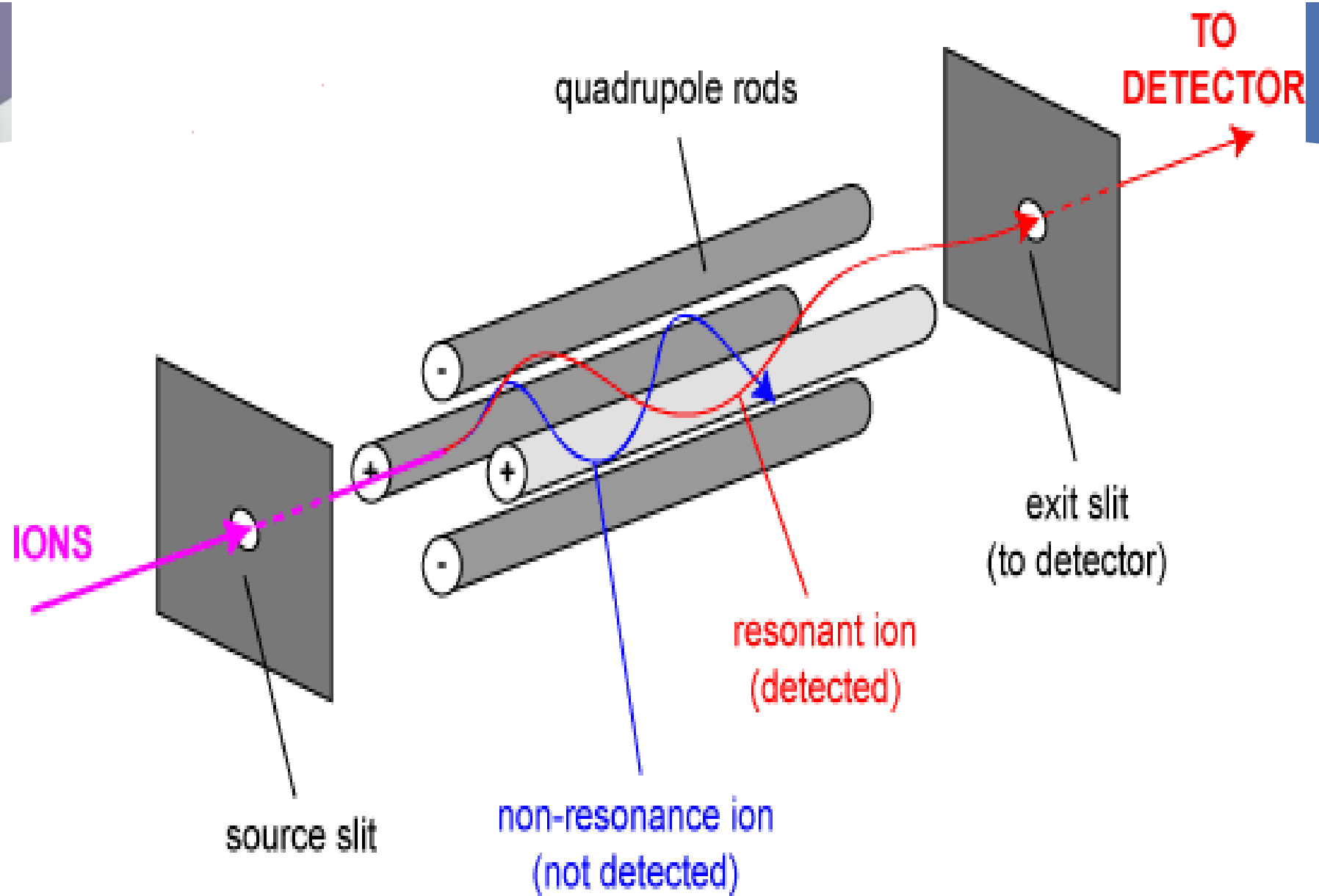


Dionex
LC-Packings

Séparation des peptides par nano-HPLC



- ❖ 生物质谱仪常用的多级质量分析器有三重四极杆分析器(**triple-quadrupole analyzer**)、离子阱分析器(**ion trap analyzer**)和四极杆-飞行时间质量分析器(**quadrupole-time of flight analyzer**)
 - ❖ 三重四极质量分析器：由三个顺序连接的四极杆质量分析器组成，第一级和第三级四极杆分析器均可用于离子选择（母离子扫描和子离子扫描）和质量分析，中间的四极杆用于碰撞解离产生子离子
-



四极杆质量分析器示意图

A close-up photograph showing a person's hand holding a pen and writing on a small notepad. The notepad is resting on a desk next to a computer keyboard. The background is a solid blue color.

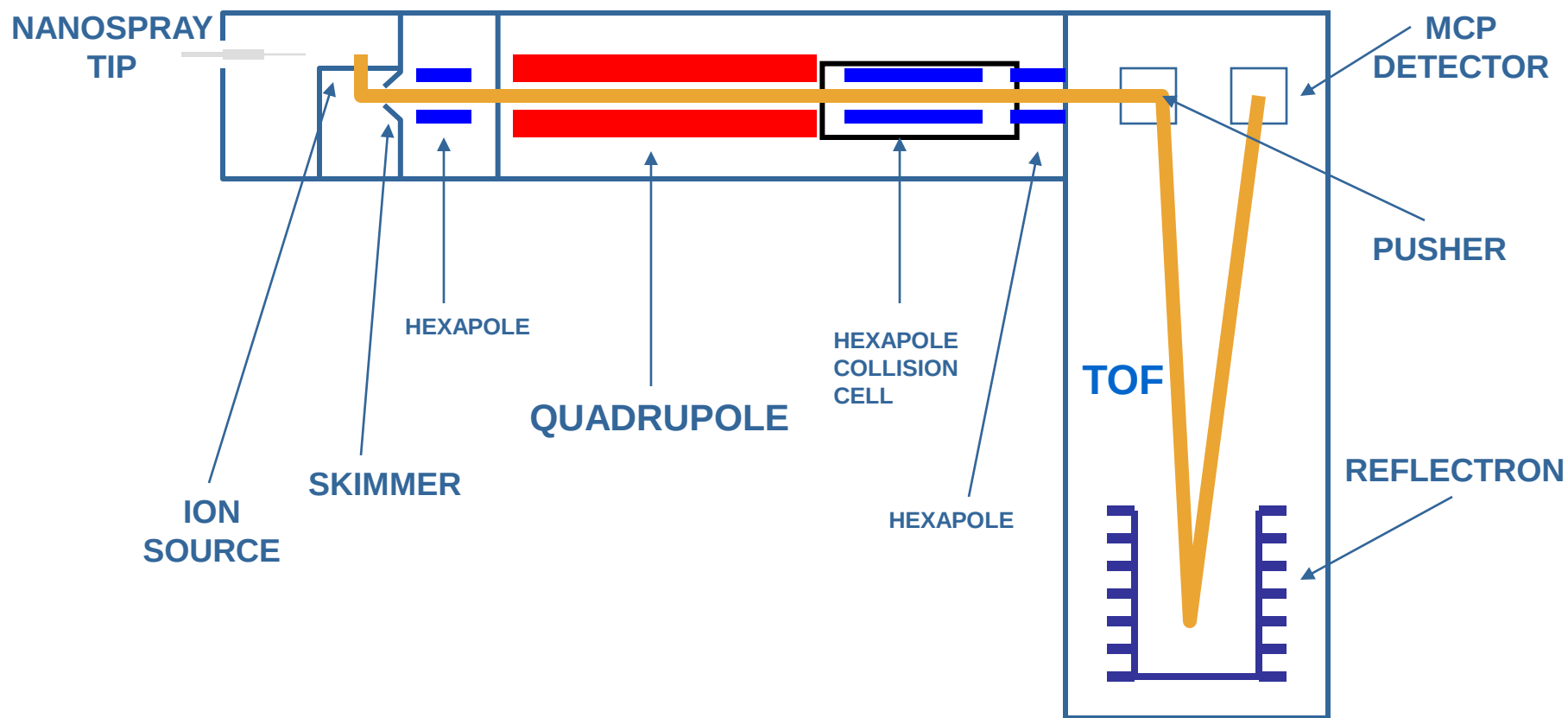


离子阱电离示意图



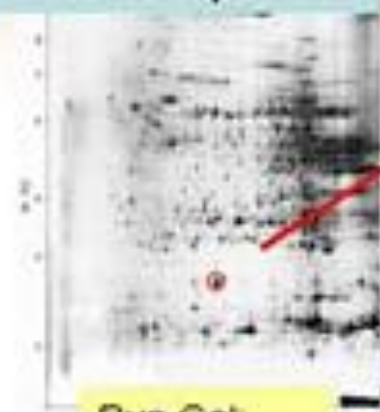
❖ 四极杆—飞行时间分析器是由四极杆分析器和飞行时间分析器串联构成，四极杆分析器用于离子选择，其后有一个六极杆射频场用于离子的碰撞，诱导解离产生子离子，母离子和子离子的检测均由最后的飞行时间检测器完成。四极杆—飞行时间质量分析器和电喷雾离子源相连构成的仪器称为**ESI-Q-TOF**

Q-TOF Mass Analyzer



ESI-QTOF MS/MS

Individual protein



Run Gel,
Stain, Scan

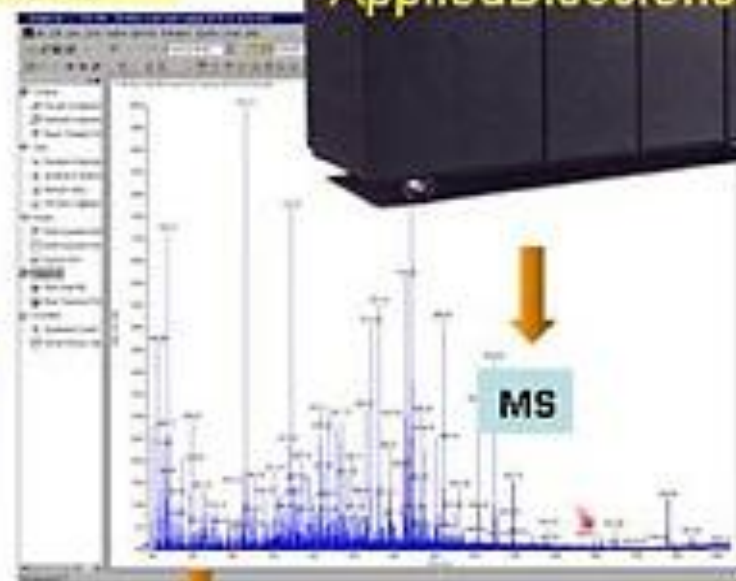


Excise Spot;
Wash, Digest
Extract Peptides

Manual
Infusion
ESI System



Qqstar
Applied Biosciences



MS



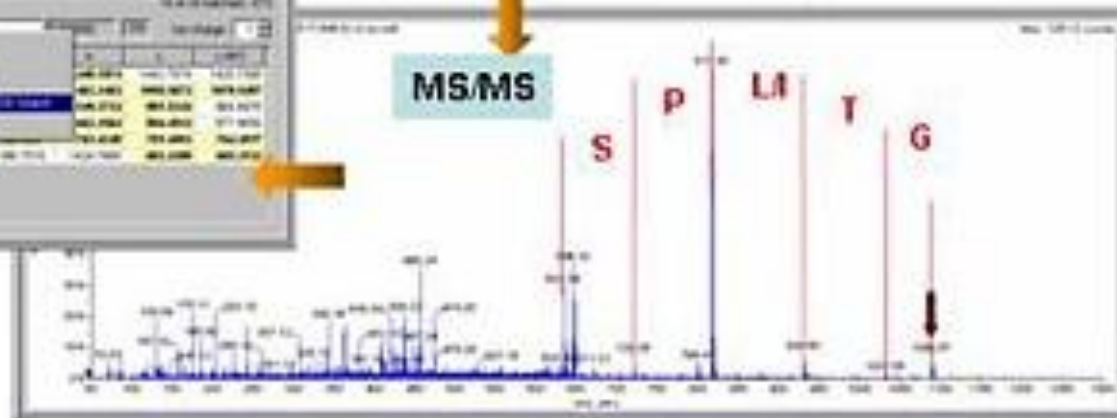
Sequence tag analysis

Protein
Identification

Search DB using
Each/Best Tags;
Correlate Results

De novo
analysis

MS/MS





❖ 电喷雾离子源可以方便的与高效液相色谱(**HPLC**)技术在线联用，在分析复杂化合物时很有优势，可以先分离再分析。液相色谱—电喷雾—串联质谱分析肽混合物鉴定蛋白质时，可以对每一个肽段进行序列分析，综合所有**MS**和**MS/MS**数据鉴定蛋白质，大大提高了鉴定准确度



第三节 肽质量指纹谱鉴定 蛋白质技术



一、肽质量指纹谱鉴定蛋白质原理

- ❖ 蛋白质的鉴定方法：利用蛋白质的各种属性参数 (**attribute parameter**)，在蛋白质数据库中检索，寻找与这些参数相符的蛋白质
 - ❖ 新蛋白：进行序列分析，合成**DNA**探针来表达、分离和鉴定
 - ❖ 生物质谱技术
-



1. 肽质量指纹谱(**peptide mass fingerprinting, PMF**)

- ❖ 定义：蛋白质被酶切位点专一的蛋白酶水解后得到的肽片段质量图谱
 - ❖ 方法：电泳胶上的蛋白质原位酶切或转印到 **PVDF**膜上酶切得到肽混合物，经质谱分析得到 **PMF**，检索数据库进行鉴定。
-



- ❖ **MALDI-TOF-MS**: 灵敏度高，谱峰简单，每个谱峰代表一种肽段
 - ❖ 翻译后修饰：电泳过程中某些氨基酸会引入质量修饰，这样在蛋白质的**PMF**中就会有一些质量数与理论值不符
 - ❖ **PMF**鉴定：不需要将全部肽质量数都与理论值相符；可同时处理许多样品，是大规模鉴定的首选方法
-



❖ 用于制备肽谱的酶需具备以下特点：

1. 酶的水解位点专一；酶切点至少要有**2个**
 2. 酶切产生的蛋白的肽段大小适合质谱分析并利于数据库检索；**500-5000Da**
 3. 酶自身稳定，不易自降解。
-

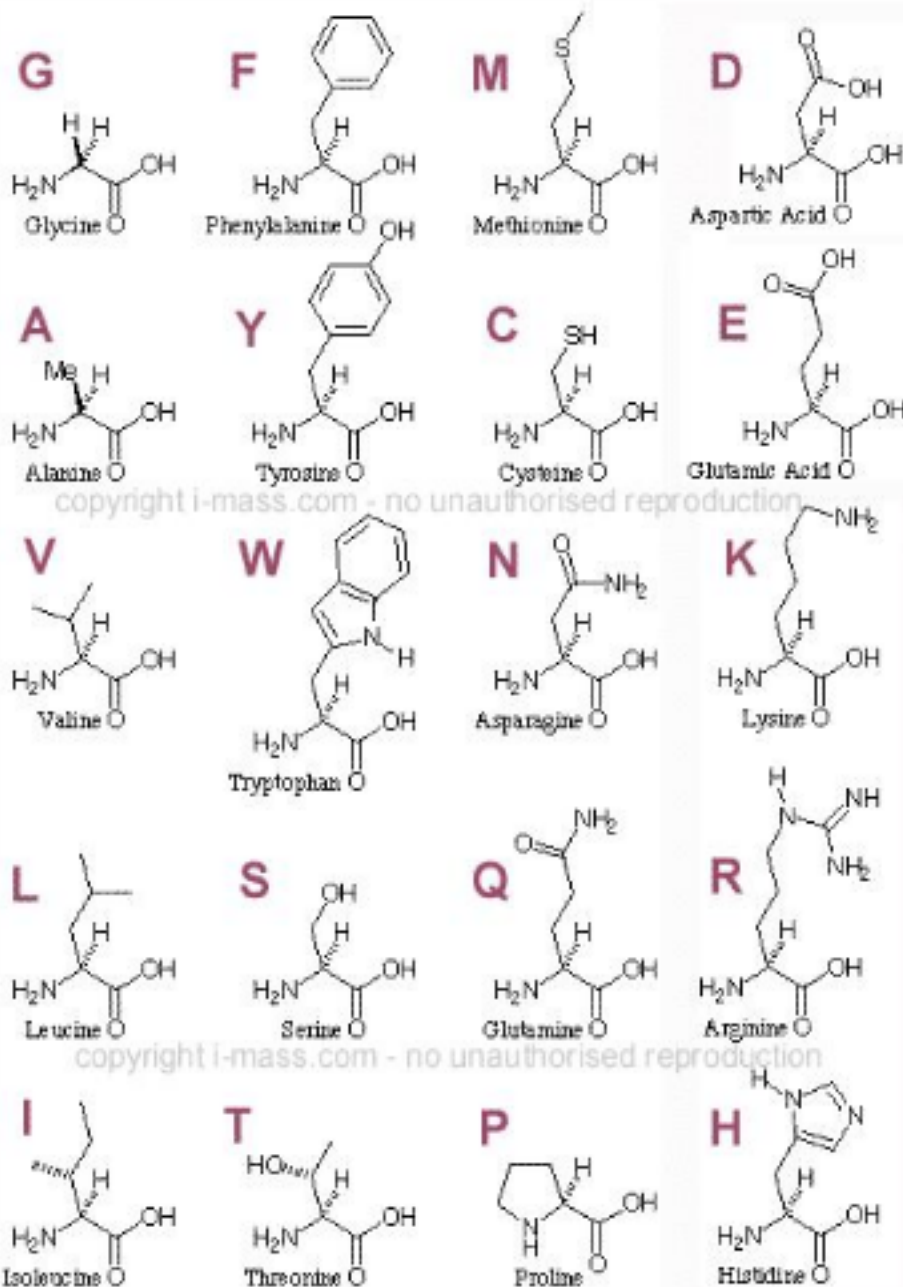


- ❖ 胰蛋白酶：赖氨酸(**K**)和精氨酸(**R**)的羧基端
 - ❖ **Glu-C**蛋白酶：**pH4.0**，水解天冬氨酸(**D**)和谷氨酸(**E**)的羧基端
 - ❖ 胃蛋白酶：酪氨酸、苯丙氨酸等氨基酸的肽键
 - ❖ **MALDI-TOF-MS**适宜测量分子质量在**500Da**以上的分子，在几千**Da**以内质量准确度较高
-



二、凝胶电泳分离蛋白质PMF鉴定方法

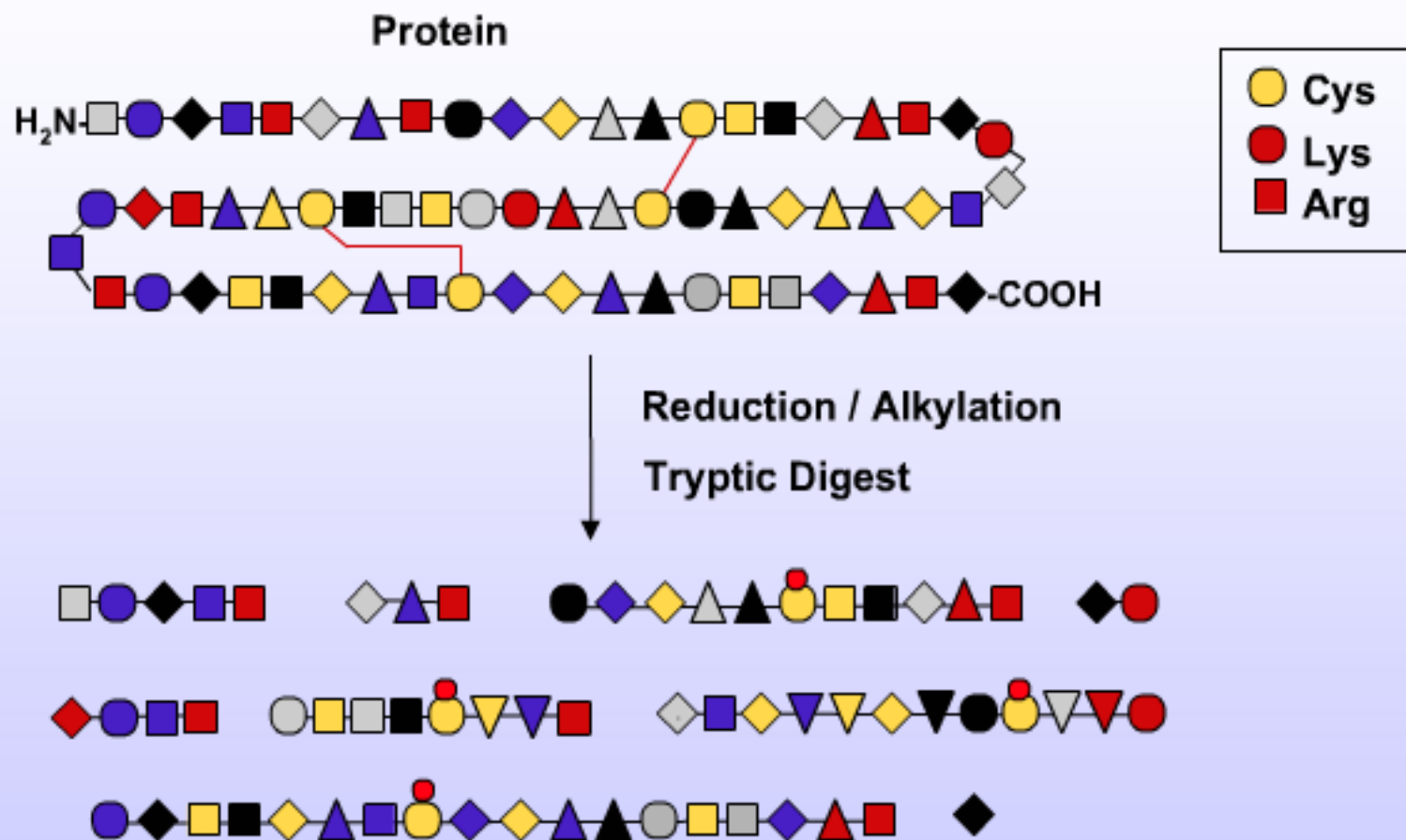
1. 考马斯亮蓝染色凝胶的脱色
 2. 银染凝胶的脱色
 3. 酶切
 4. 肽提取
 5. **MALDI-TOF-MS**质谱分析
 6. 数据库检索鉴定蛋白质
-



Peptide Fingerprinting

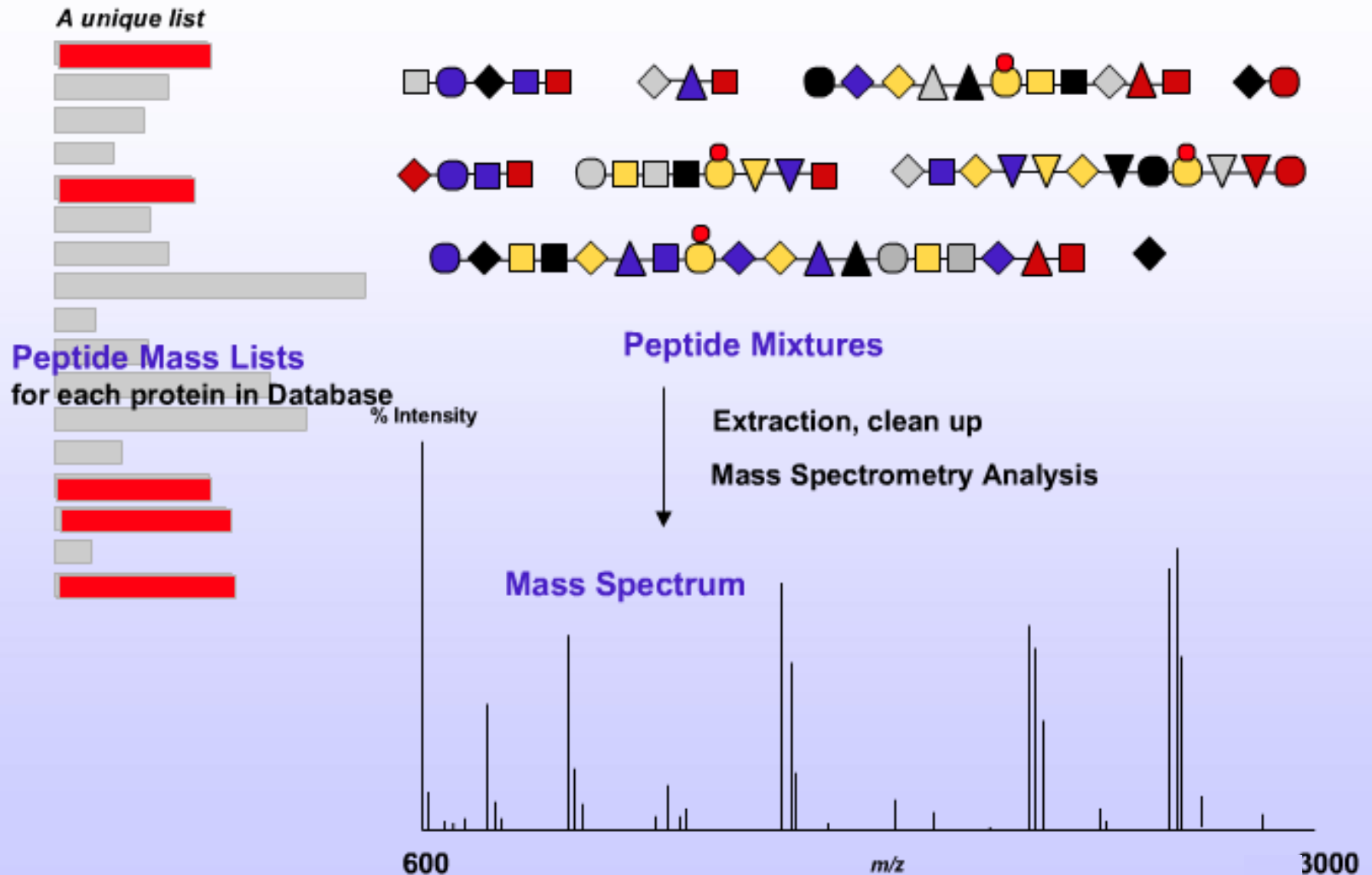


Step 1: Enzyme digestion or chemical fragmentation



Every protein generate a set of unique peptides

Step 2: Mass spectrometry analysis



Step 3: Database match

Query Setup

Web Server Information: URL: 10.1.52.22 HTTP port: 80 Status: OK

Digest Reagents

Simulate digest with:

Secondary digest with:

Number of missed cleavages:

Mol Weight

☒ Restrict (MW)

to Da

Isoelectric Point

☐ Restrict (pI)

Range from to

Modification

Fixed modification

Acetylation K
Carbamidomethyl
Carboxymethyl
Carbamyl
Methyl ester - CTerm
Methyl ester

Fixed

Optional modification

Acetylation K
Carbamidomethyl
Carboxymethyl
Carbamyl
Methyl ester - CTerm
Methyl ester

Optional

Peptide Properties

Add MSMS

Charge (+ve):

Tolerance (+/-): Da

Ign tolerance:

Tolerance

☐ Exclude selected peptide
☐ Exclude lockmass
☐ Edit exclude list

Exclude List

Database

CHROMOSOME_TRANSLATION
Helobacter_p
J_COFFEY_EST
Salmonella
SmaIORFS_50s
CD_T-EMDI

Search type (MS)

☐ Search monoisotopic mass list
☒ Search current spectrum

Hits to return

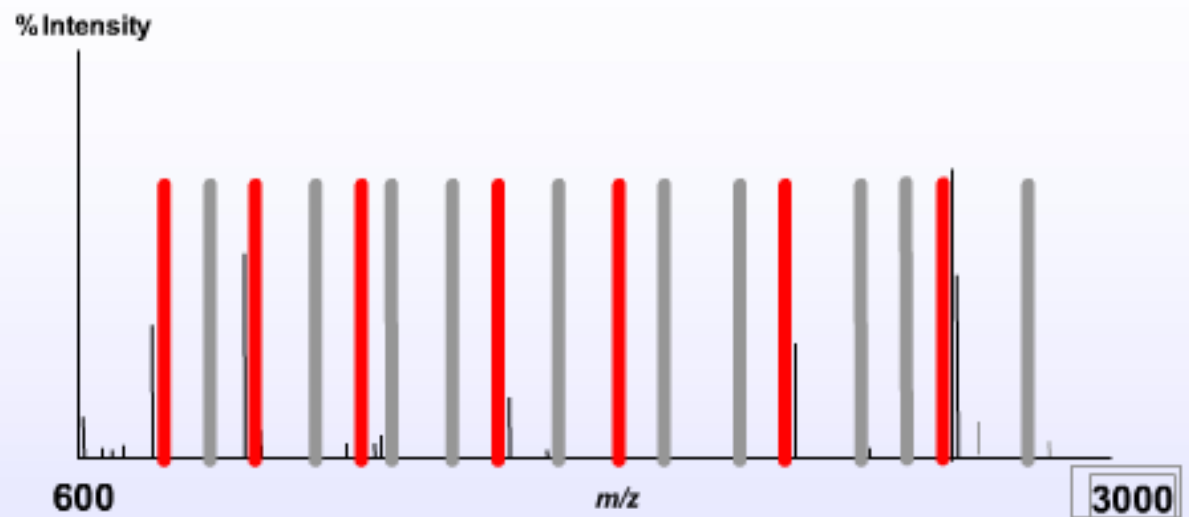
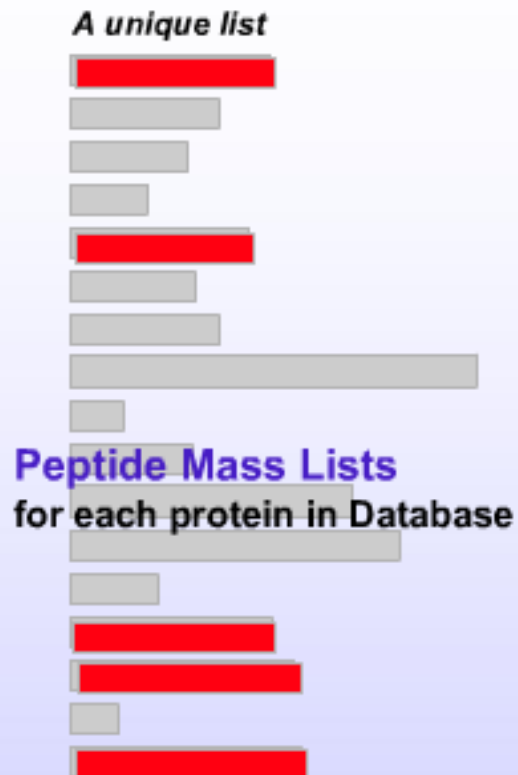
Maximum hits:

Peptide Match



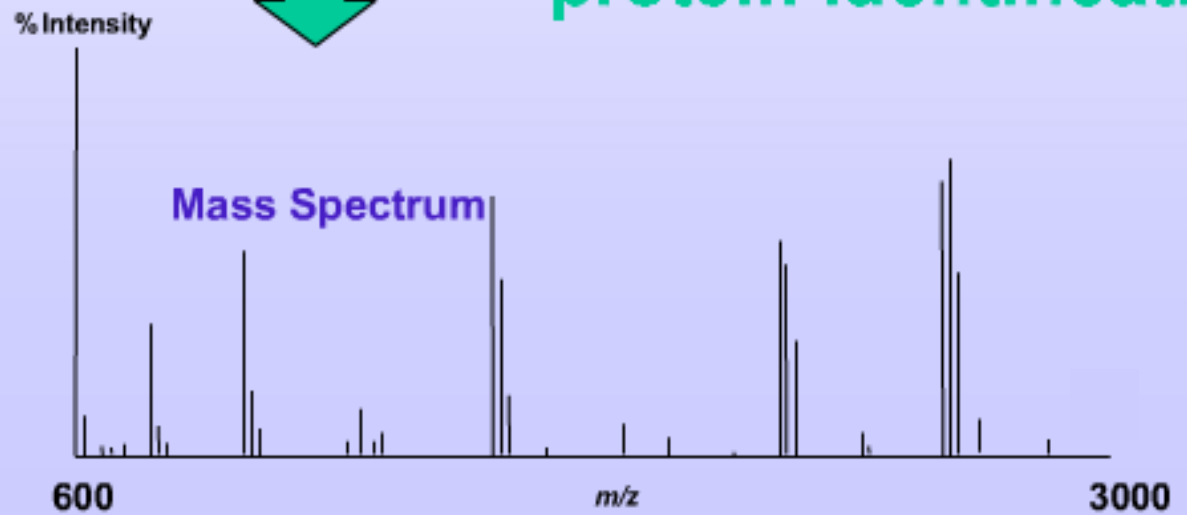
❖ 检索时根据样品及仪器试剂情况输入检索参数限制检索范围，主要有以下几条：**数据库(database)**；**蛋白种属(organism species or organism classification, OS or OC)**；**蛋白的等电点(pI)**和**相对分子质量(Mw)**范围；**半胱氨酸的质量修饰**；**肽质量数误差范围(mass tolerance)**；**未水解的酶切位点数(maximum number of missed cleavage sites)**；**最少相符的肽数目(minimum number of peptides required to match)**等。根据检索结果判断蛋白鉴定结果

Step 4: MS match to Database



Match ----

protein identification

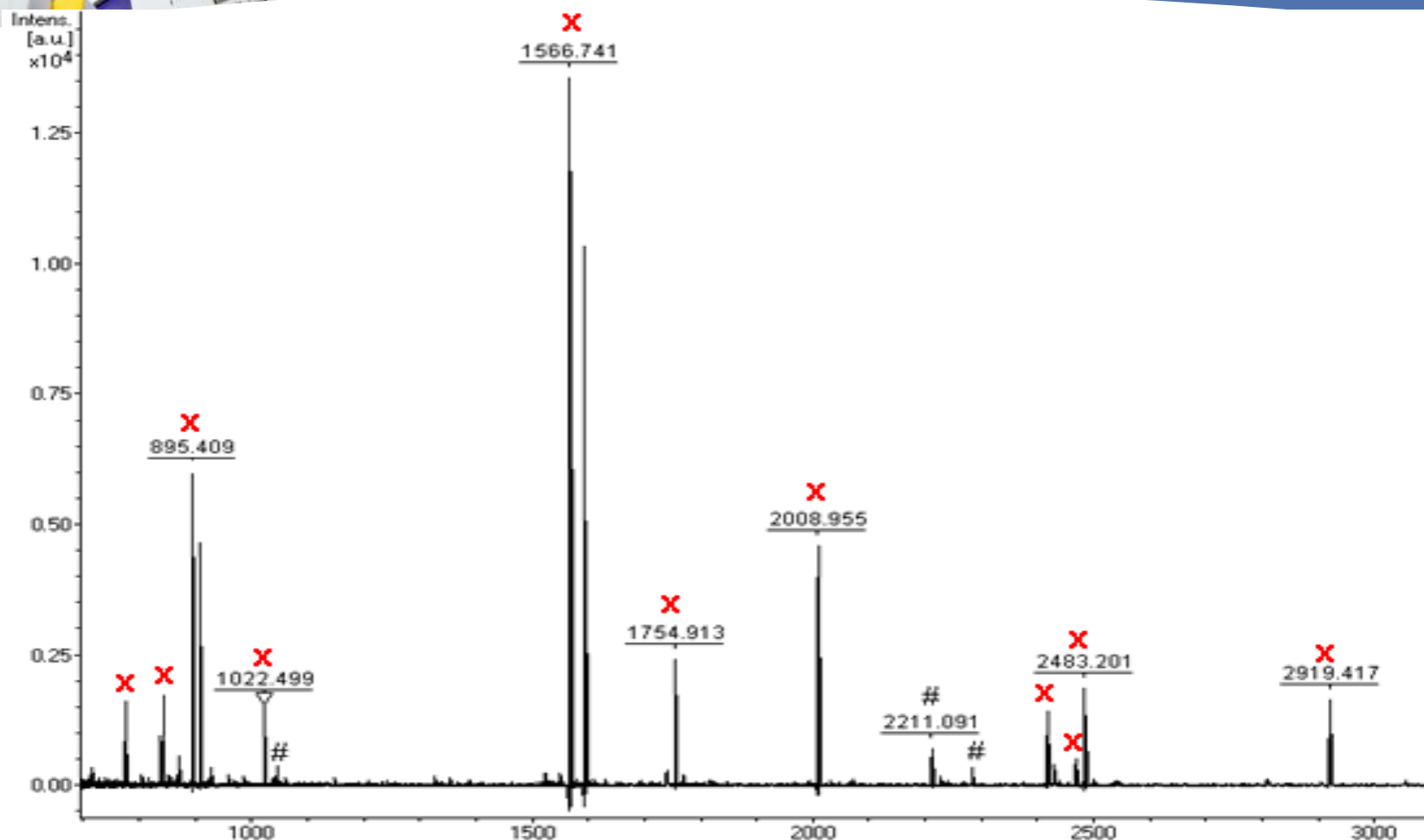




- 得到可信检索结果的前提是所测的肽质量数准确度高，参数“**mass tolerance**”值设置越小，检出的蛋白数越少，目的蛋白的检测得分值与其他蛋白得分值的差距越大

Search m/z	Mass Tolerance (Da)	Hits Database
1529	1	478
1529.7	0.1	164
1529.73	0.01	25
1529.734	0.001	4
1529.7348	0.0001	2

三、凝胶电泳分离蛋白质PMF鉴定方法实例



PMF of Tom40p from *Saccharomyces cerevisiae*. Peptides belonging to the identified protein are labeled by a red cross.



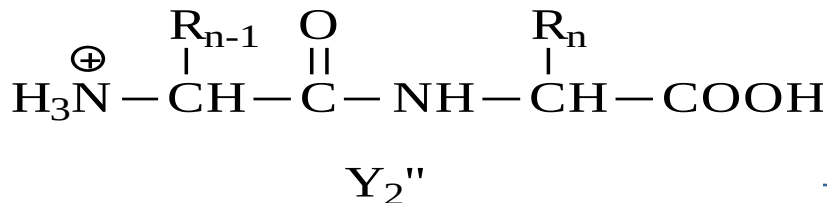
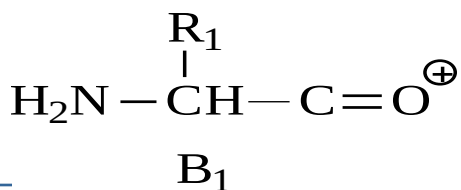
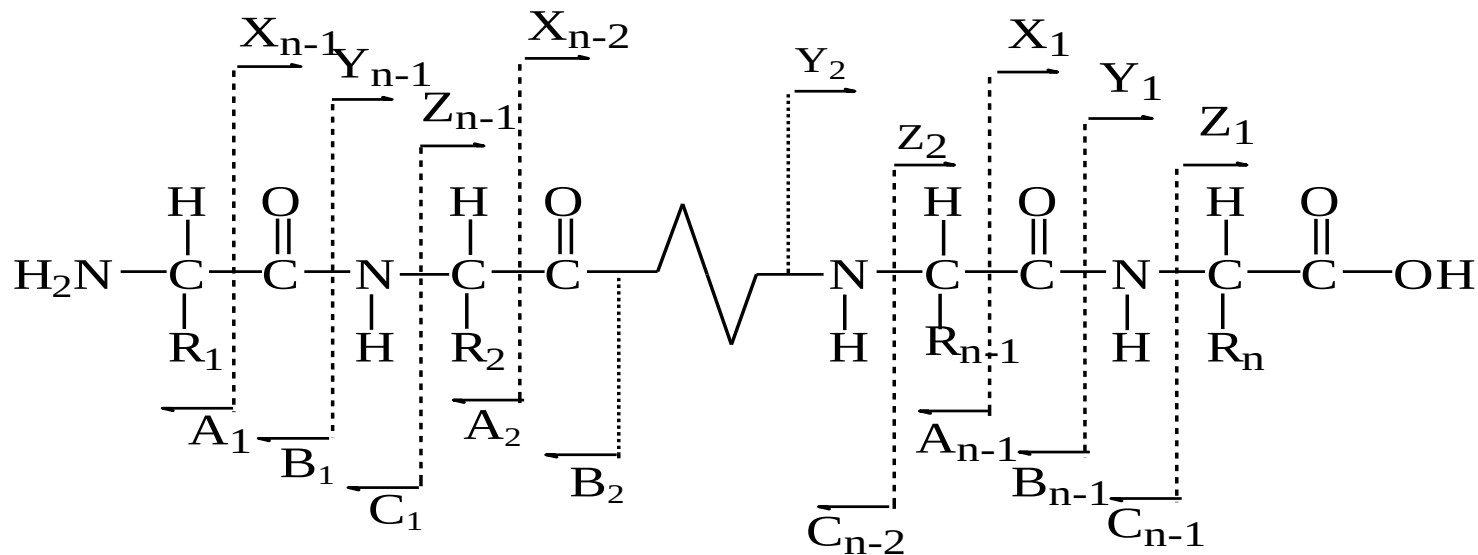
第四节 串联质谱数据鉴定蛋白质技术 (肽序列标签技术)



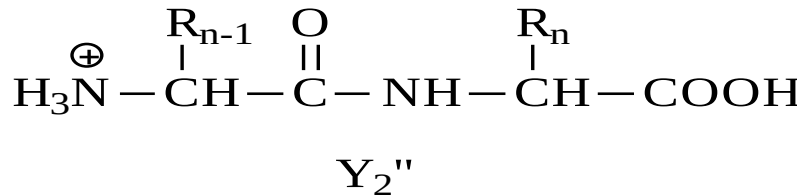
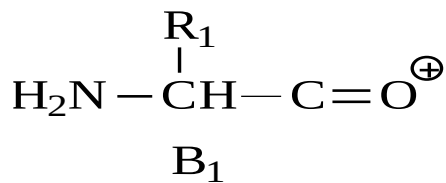
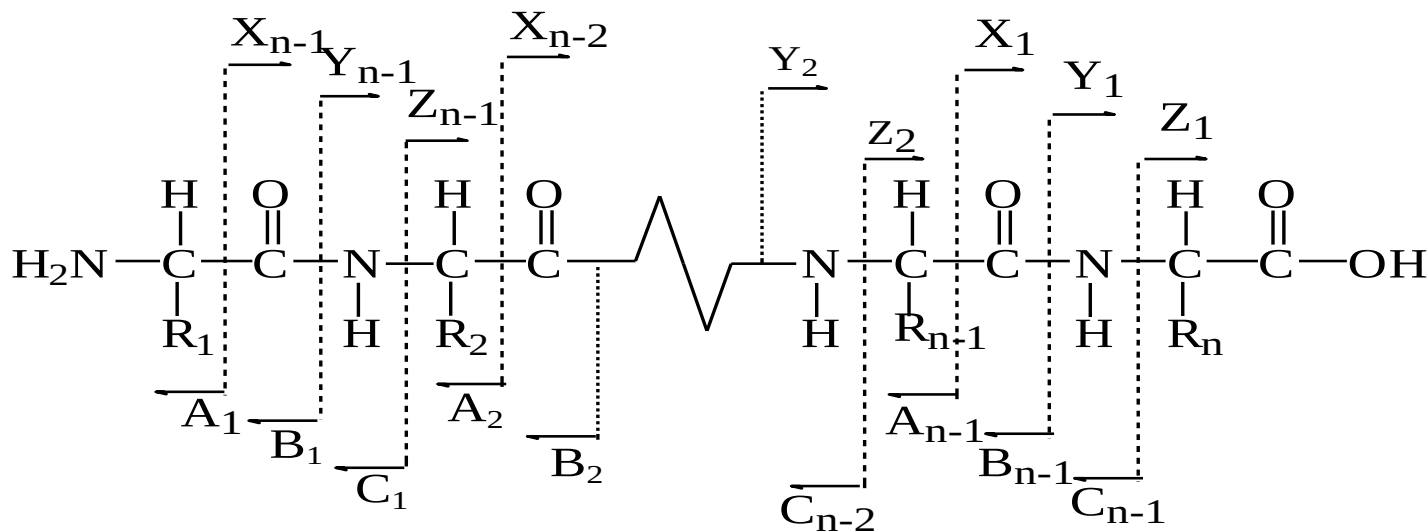
串联质谱测定多肽序列原理

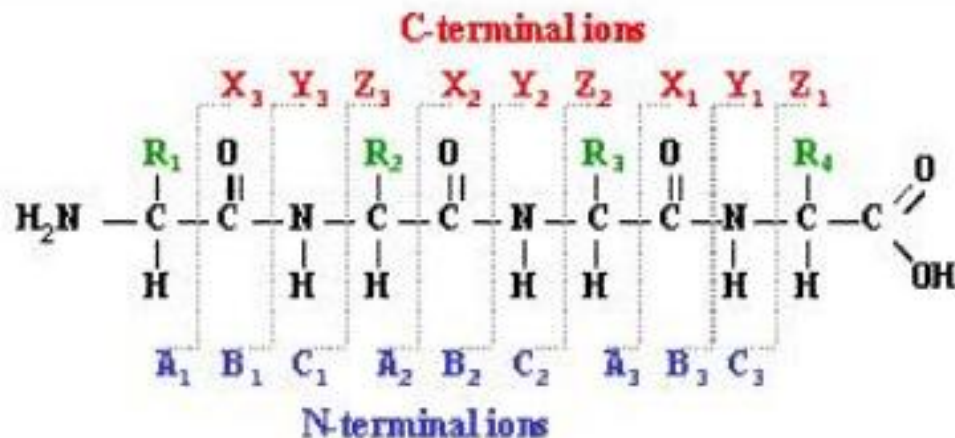
- ❖ **5、6个氨基酸残基的序列片段**具有很好的特异性，可以用来鉴定蛋白质
 - ❖ **MALDI-RETOF**的**源后衰变**、**ESI-MS-MS**的**CID室**：肽段母离子在碰撞室经高流速惰性气体碰撞解离，沿肽链在酰胺键处断裂并形成子离子。肽键断裂时，会产生许多种不同类型的离子：**A、B、C型**和**X、Y、Z型**
-

❖ **A、B、C型离子保留N肽链端**，电荷留在离子**C端**，**X、Y、Z型离子保留肽链C端**，电荷留在离子**N端**，其中**B和Y型离子**在质谱图中较多见，丰度较高



- **B**和**Y**型离子丰度较高，相邻离子的质量差，即为氨基酸残基质量，根据完整或互补的**Y**、**B**系列离子，可推算出氨基酸的序列





a,b,c – N-terminal side

x,y,z – C-terminal side

Peptide Fragmentation

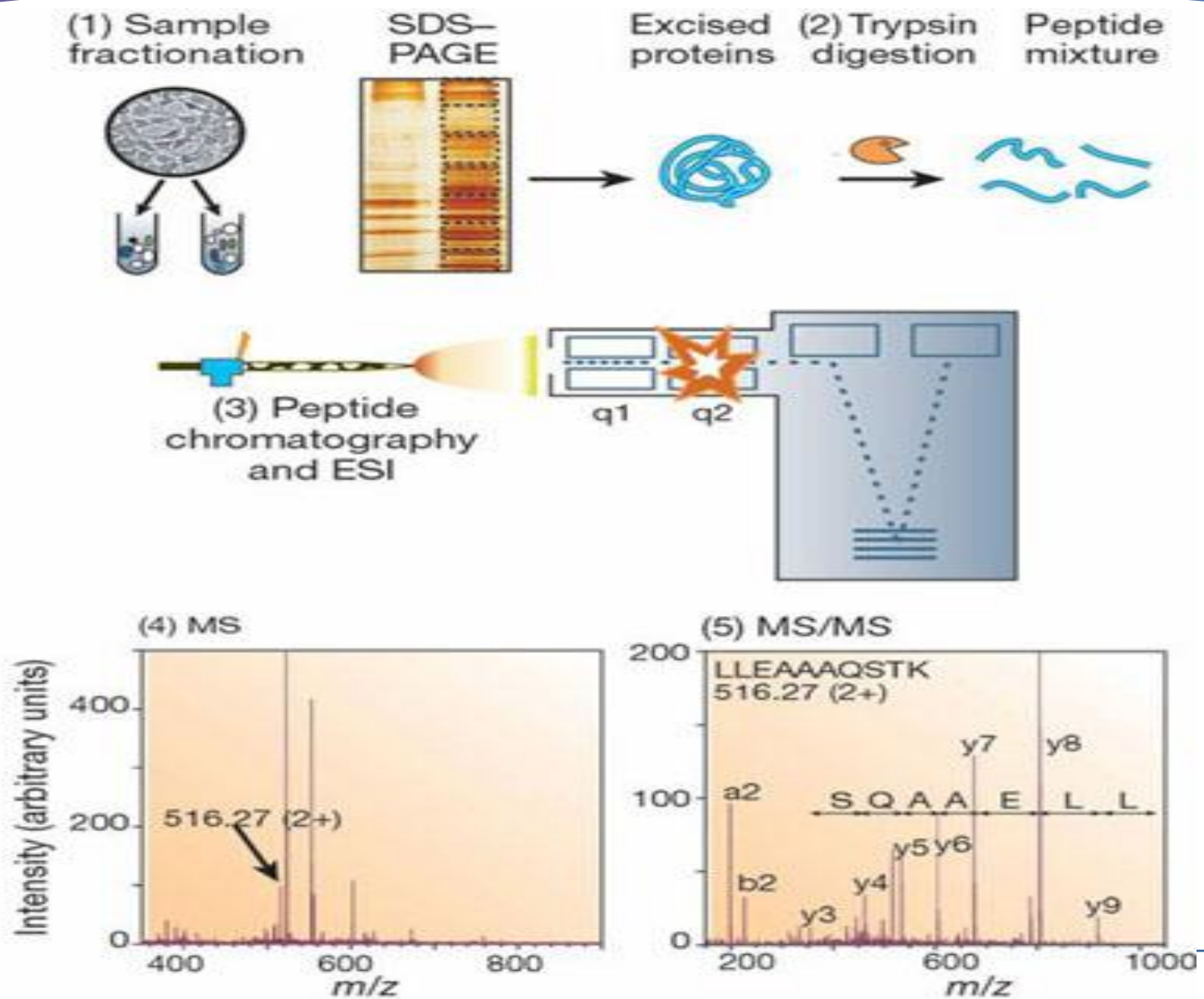
mass ⁺	b-ions	s ⁺
88.1	S	6
185.2	SP	4
256.3	SPA	4
403.5	SPAF	2
518.5	SPAF	1
605.6	SPAF	0
718.8	SPAF	3
850.0	SPAF	7
921.1	SPAF	6
1050.2	SPAF	5
1151.3	SPAF	4
1264.4	SPAF	2

甘氨酸G	57.02
丙氨酸A	71.04
丝氨酸S	87.03
脯氨酸P	97.05
缬氨酸V	99.07
苏氨酸T	101.05
半胱氨酸C	103.01
异亮氨酸I	113.08
亮氨酸L	113.08
天冬氨酰N	114.04
天冬氨酸D	115.03
谷氨酰胺Q	128.06
赖氨酸K	128.09
谷氨酸E	129.04
甲硫氨酸M	131.04
组氨酸H	137.06
苯丙氨酸F	147.07
精氨酸R	156.1
酪氨酸Y	163.06
色氨酸W	186.08



❖ 注意：质谱方法不能分辨亮氨酸与异亮氨酸，二者为同分异构体；另外谷氨酰胺（**128.058**）与赖氨酸（**128.094**）的残基相对分子质量十分接近，需要质谱仪的质量分辨率和准确度十分高才能正确分析

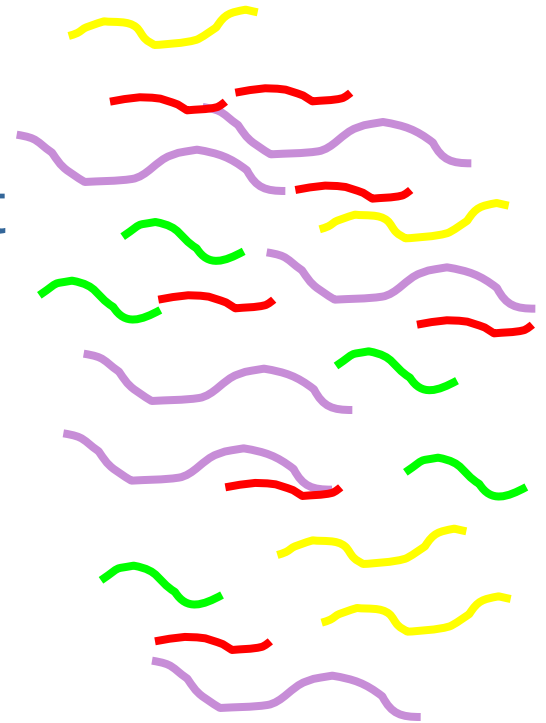
二、串联质谱分析肽段序列实例



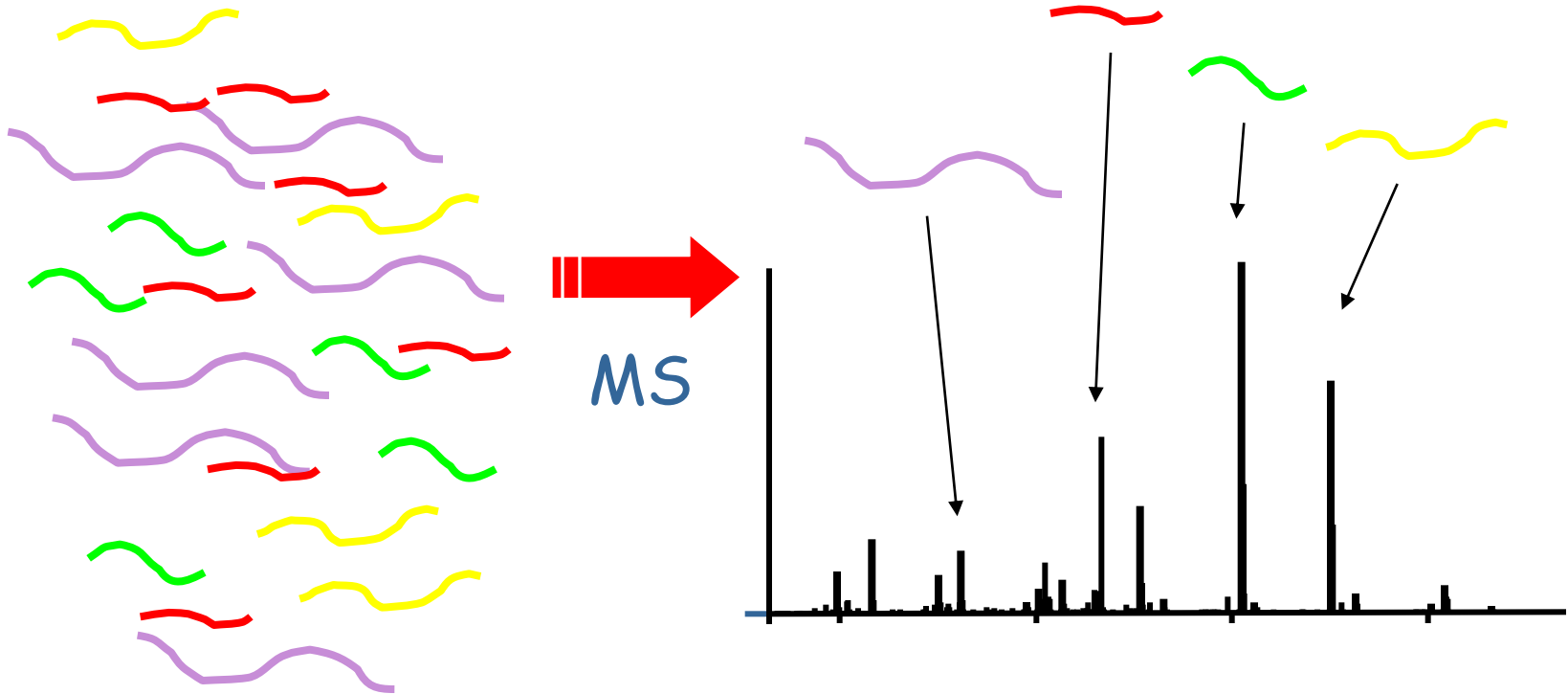
Sample Preparation for MS/MS



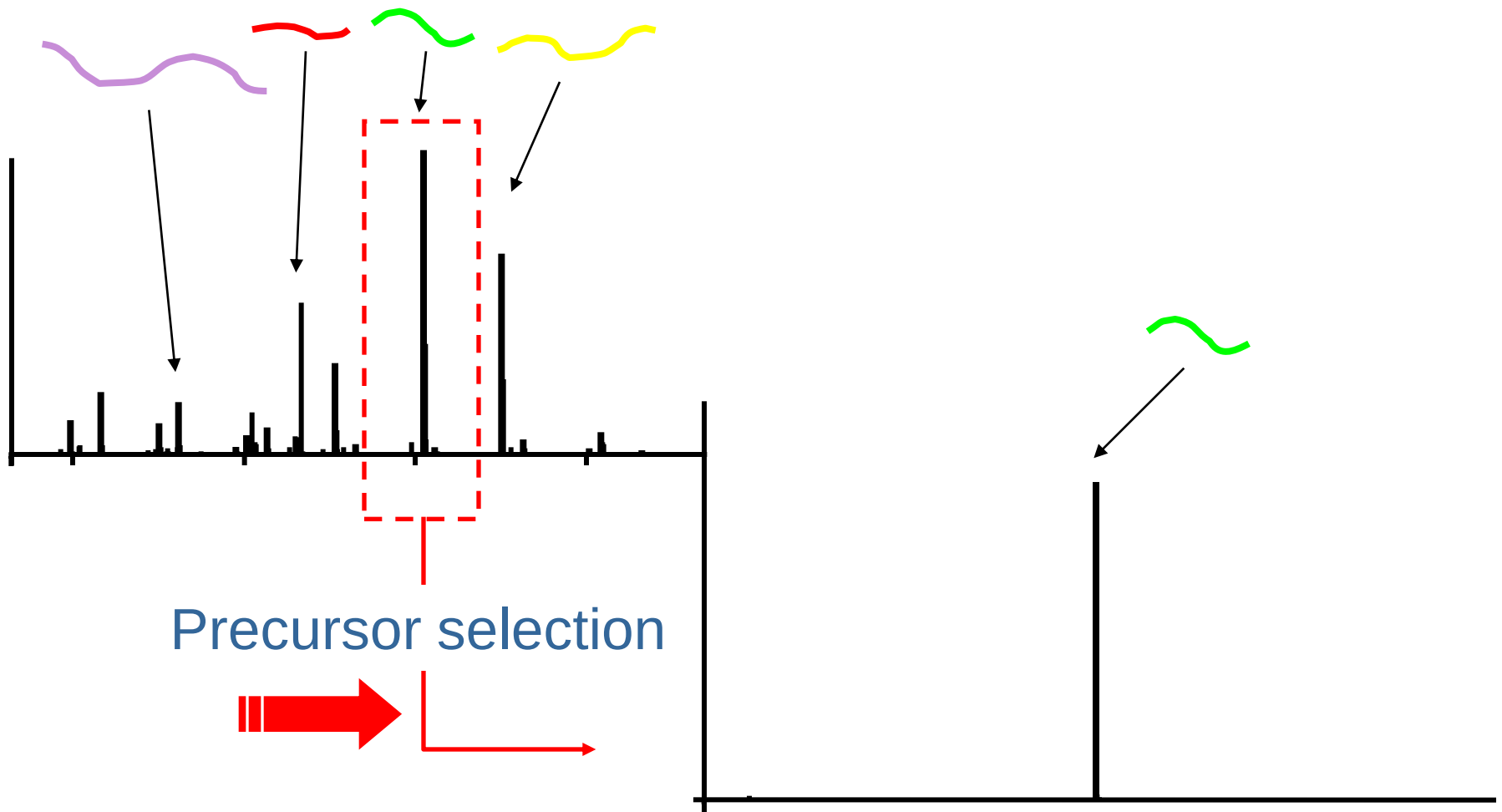
Enzymatic Digest
and
Fractionation



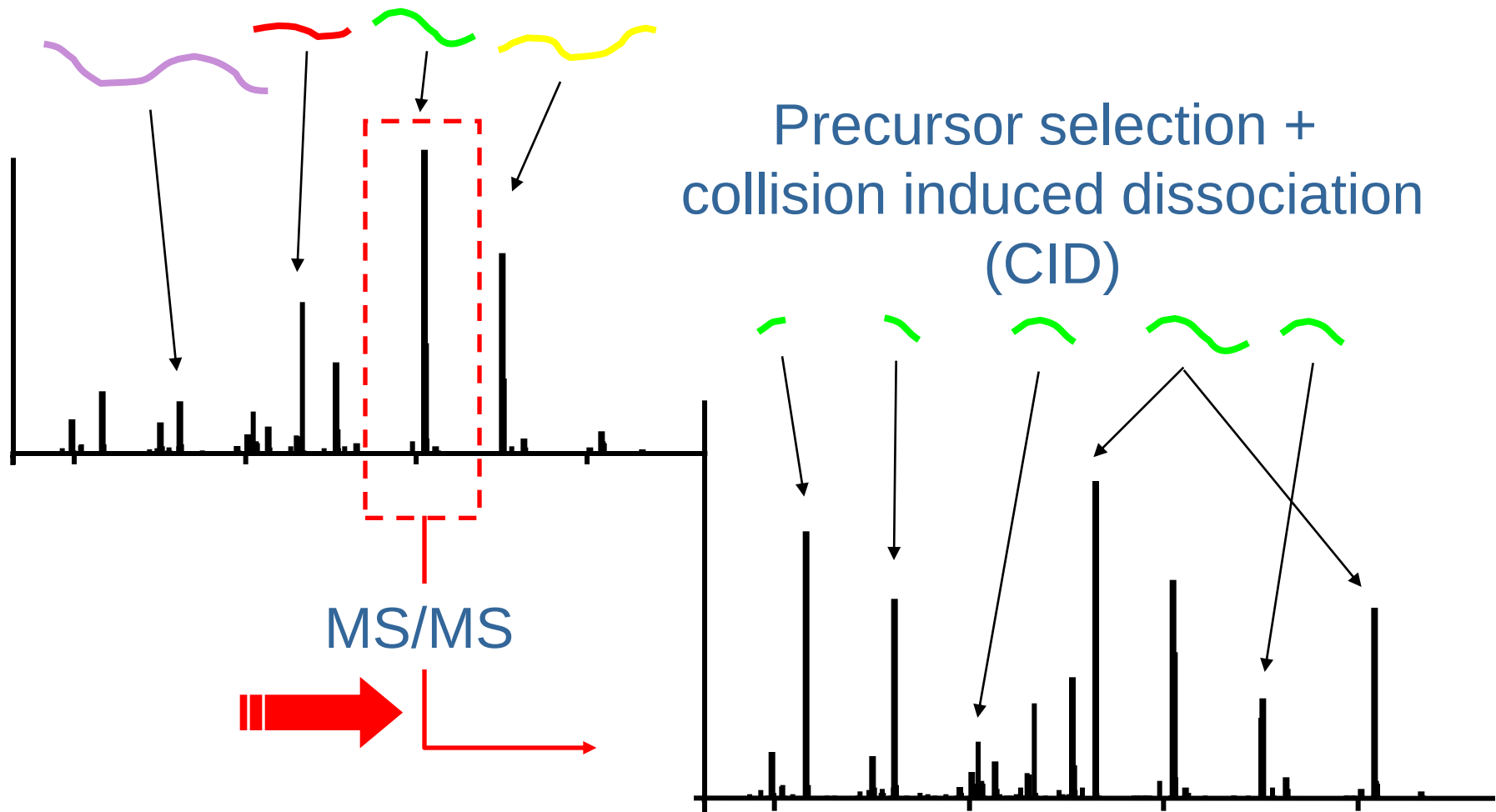
Single Stage MS



Tandem Mass Spectrometry (MS/MS)



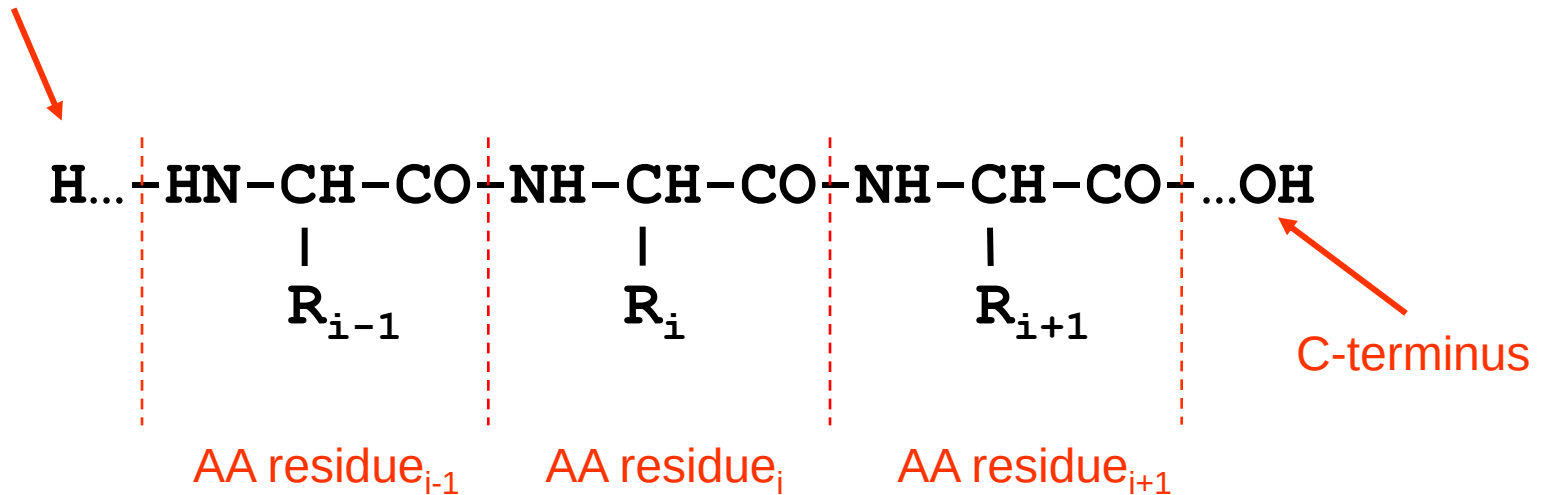
Tandem Mass Spectrometry (MS/MS)



Peptide Fragmentation

Peptides consist of amino-acids arranged in a linear backbone.

N-terminus

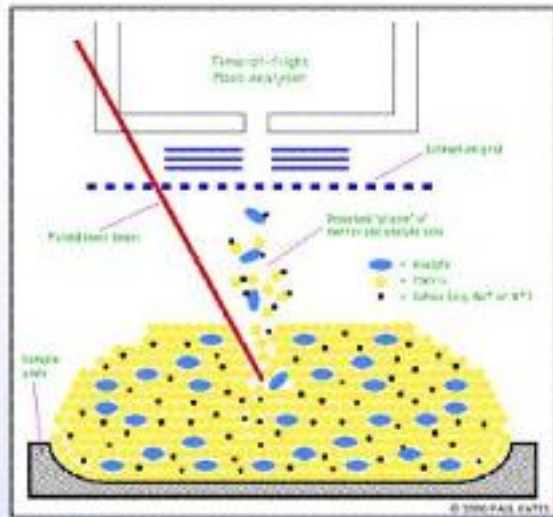




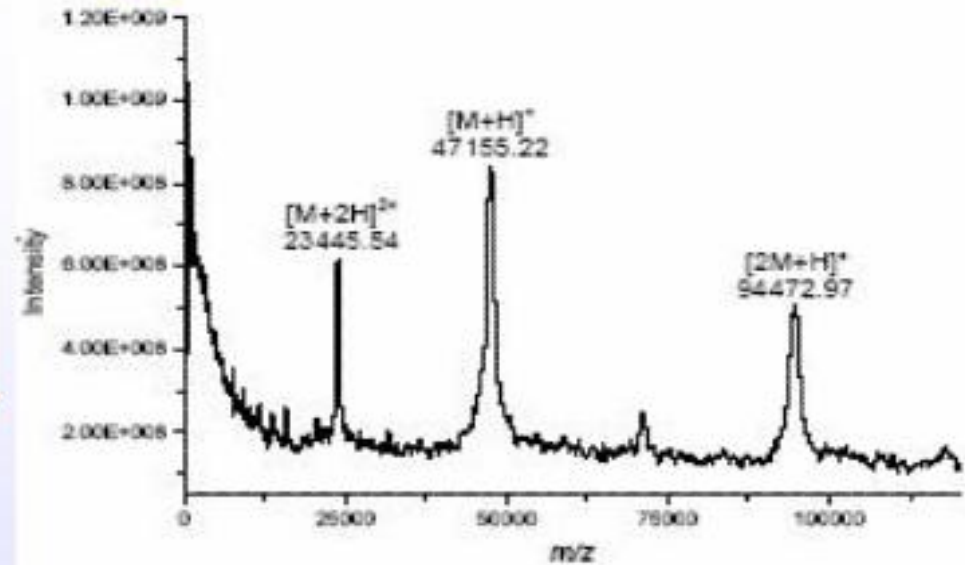
三、肽序列标签鉴定技术

- ❖ 串联质谱技术获取的肽序列谱图相对较复杂，读出完整序列的解析较困难
 - ❖ 肽序列标签技术(**peptide sequence tag, PST**): 数据库检索鉴定蛋白时，可用读出的部分氨基酸序列，结合此段序列前后的离子质量和肽段母离子质量，在数据库中查寻；或者直接用串联质谱数据进行检索
-

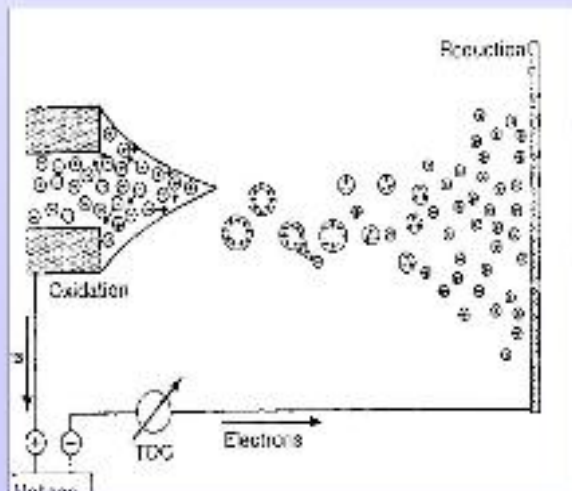
Molecular Weight of Proteins



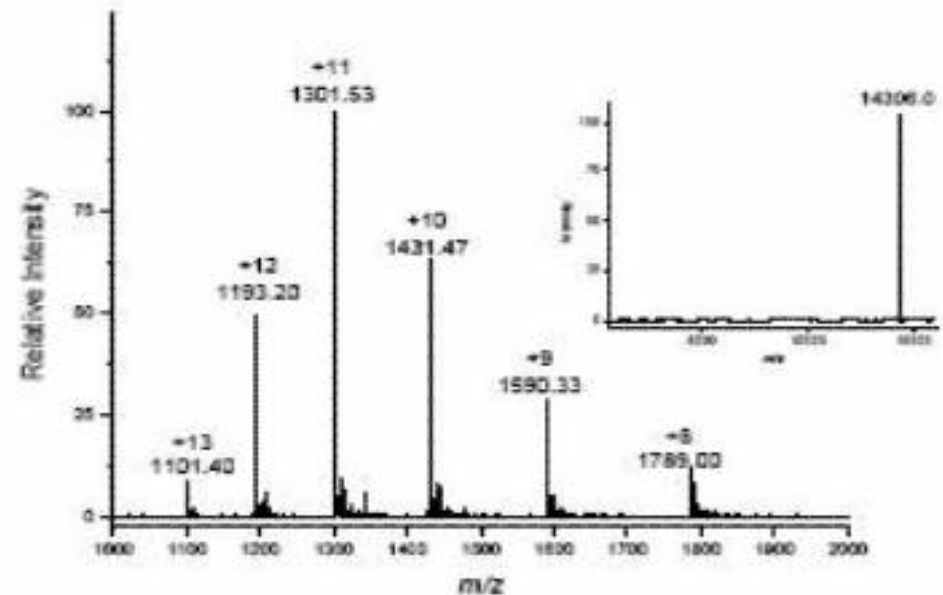
MALDI



下一页



ESI





- ❖ 源后衰变：即**MALDI**源产生的离子（母离子）在飞行管道飞行过程中发生裂解，丢失部分中性碎片，剩余的离子片断（子离子）成为质量减少、飞行速度不变，即动能减少的亚稳离子。
 - ❖ 母离子和子离子在反射电场中的通过时间不同，由于二者速度相同，质量较小的子离子通过时间较短，这个时间与离子质量成正比，与反射电场的电压成反比
-



- ❖ 在正常分析母离子时，子离子不能进入反射检测器。为了分析子离子，在实际操作中，需要通过逐步减小反射电场电压的方式来检测子离子
 - ❖ 源后衰变图谱通常是由**10**到**20**个不同反射电压下的谱图叠加而成
-



化学化工学院仪器平台

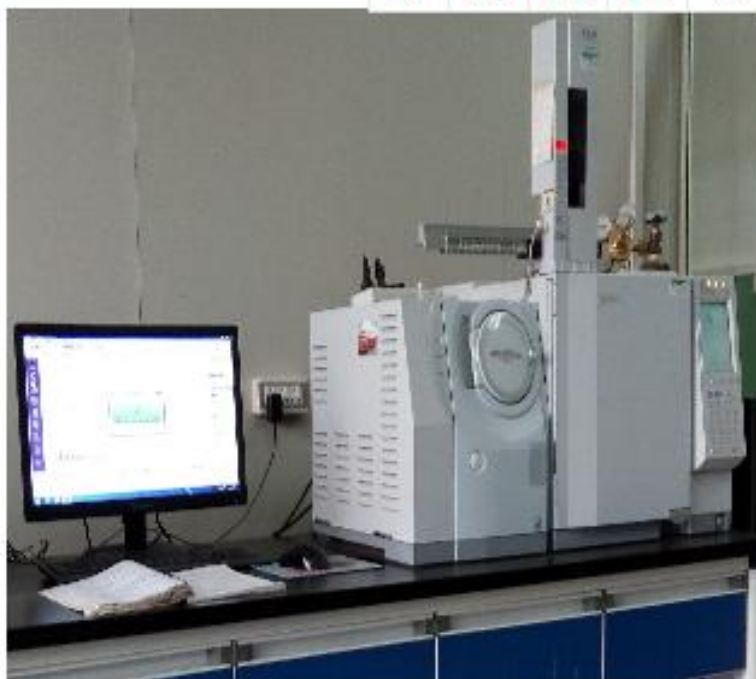
序号	仪器编号	仪器名称	购置日期	生产厂家	购置价格	规格型号	安置地点	状态
1	20171206	薄层质谱联用		美国Advion公司	630000.00	Advion		正常
2	20111359(2)	MALDITOF质谱仪	2009-10-21	布鲁克	4500000.00	microflex		正常
3	20139340	电感耦合等离子体质谱(ICP-MS)	2012-04-30	布鲁克	1013289.48	M90	致知楼1115室	正常
4	6310	离子阱液质联用		德国布鲁克	1108400.00	amaZon SL		正常
5	1517382S	热重-红外-气质联用仪	2015-11-06	Bruker, NETZSCH和Agile...	1502745.62	STA449 F5/VERT...		正常
6	20111359(1/2)	高分辨液质联用LC-MS(飞行时间)	2009-10-14	布鲁克公司	4500000.00	MAXIS		正常
7	09090	液质联用 (四级杆)	2014-10-14	岛津	450000.00	LCMS2020		正常
8	20139883	化学吸附-质谱联用仪	2013-02-05	麦克	830000.00	2920		正常
9	20121733	气质联用仪	2015-04-17	日本岛津	434000.00	GCMS-QP2010UI...		正常

食品工程与营养科学学院仪器平台

[平台首页](#)[仪器预约](#)[预约列表](#)[仪器培训](#)[成果展示](#)[交流平台](#)[网络课堂](#)

🏠 您的当前位置: [首页](#) > [仪器展示](#) > [全部仪器](#) > [气质联用仪----单四极杆](#)

🖥️ 气质联用仪——单四极杆



📅 我要预约

仪器编号:	1400980S
仪器名称:	气质联用仪----单四极杆
英文名称:	Gas chromatography-mass
购置日期:	2017-11-16 0:00:00
购置价格:	468882.76
生产厂家:	日本岛津公司
规格编号:	QP-2010Ultra
安置地点:	长安校区格物楼2层1203实验室

🏠 您的当前位置: [首页](#) > [仪器展示](#) > [全部仪器](#) > [超高分辨质谱系统](#)

🖥️ 超高分辨质谱系统



✍️ 我要预约

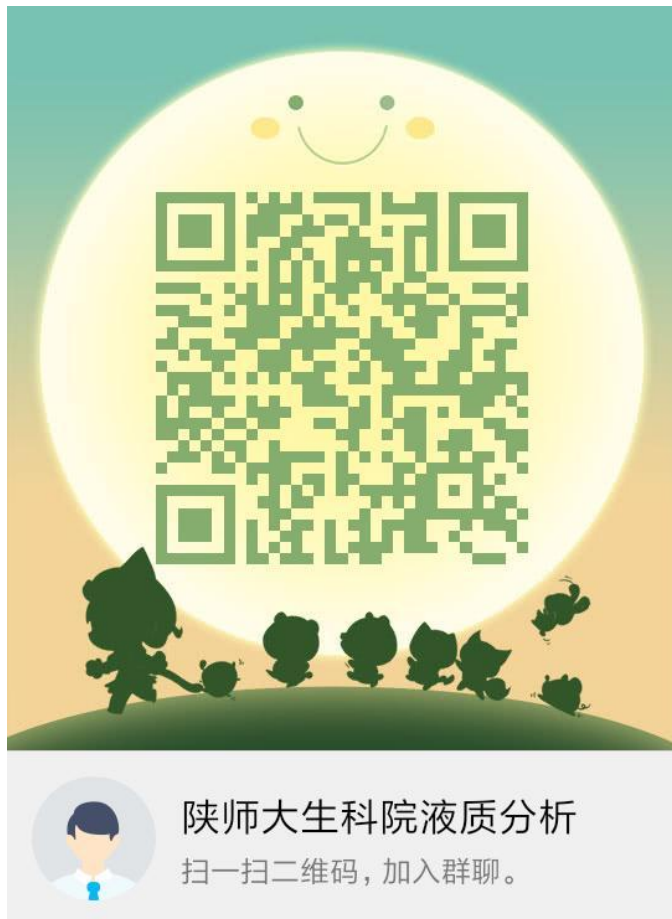
仪器编号:	02100222
仪器名称:	超高分辨质谱系统
英文名称:	High Resolution Mass Spectrometer
购置日期:	2017-3-31 0:00:00
购置价格:	3320000.00
生产厂家:	AB SCIEX
规格编号:	AB SCIEX Triple TOF 5600 plus
安置地点:	长安校区格物楼3109

技术指标

包括ESI/APCI离子源各一套, 质量检测10-40000m/z, 一级质谱分辨率> 100,000FWHM, 二级质谱> 35,000FWHM

- ❖ 蛋白质组学：理论与方法。钱小红，贺福初。科学出版社。
 - ❖ 液相色谱-质谱**LC-MS**生物分析手册：最佳实践、实验方案及相关法规。李文魁，张杰，谢励诚编著。科学出版社。
 - ❖ 汪聪慧。**ATC016.2**液相色谱质谱联用技术。中国质检出版社**&**中国标准出版社。
-

陕师大大型仪器QQ群



群号： **708736586**

群号： **228743885**

A photograph of a woman in profile, looking at a computer monitor. The background is blurred, showing another person in a blue shirt. The image is framed by a blue header and an orange footer.

Thank You !