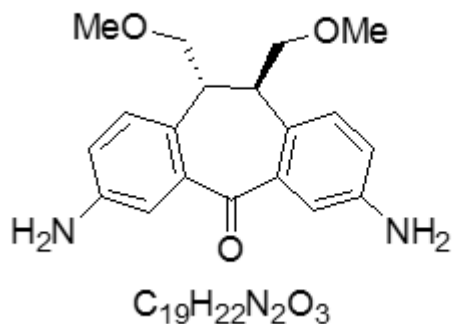


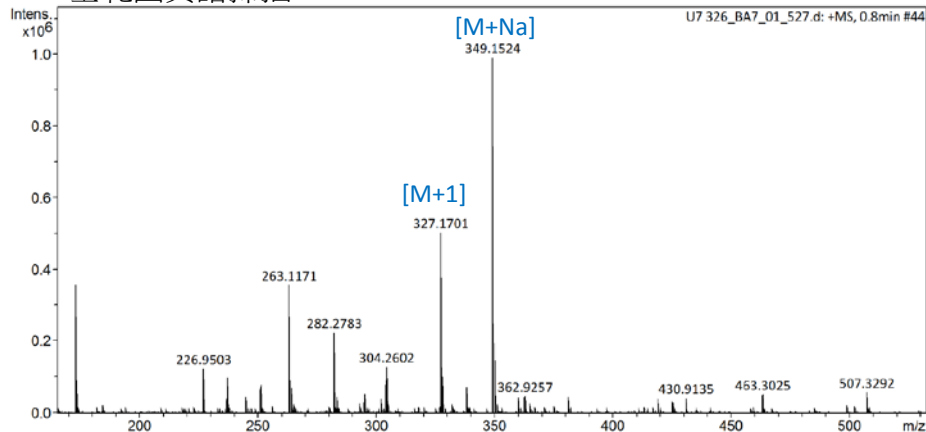
# 分子式鑑定

預期化合物

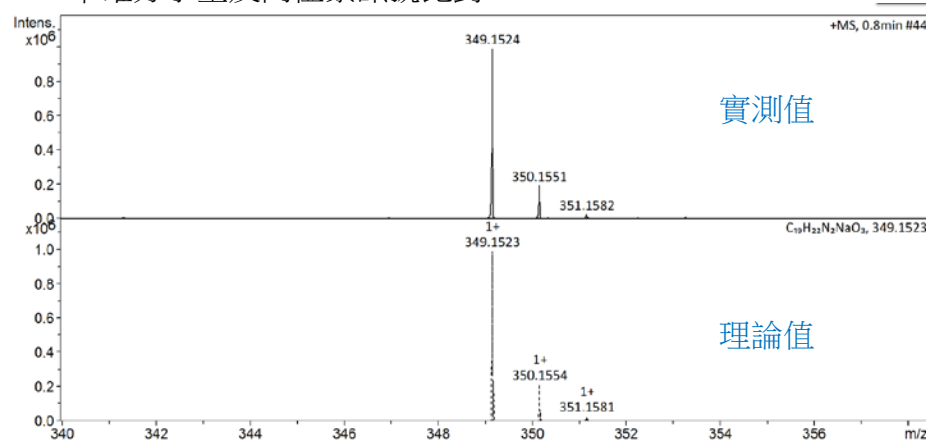


U7<sup>+</sup>

全範圍質譜掃描



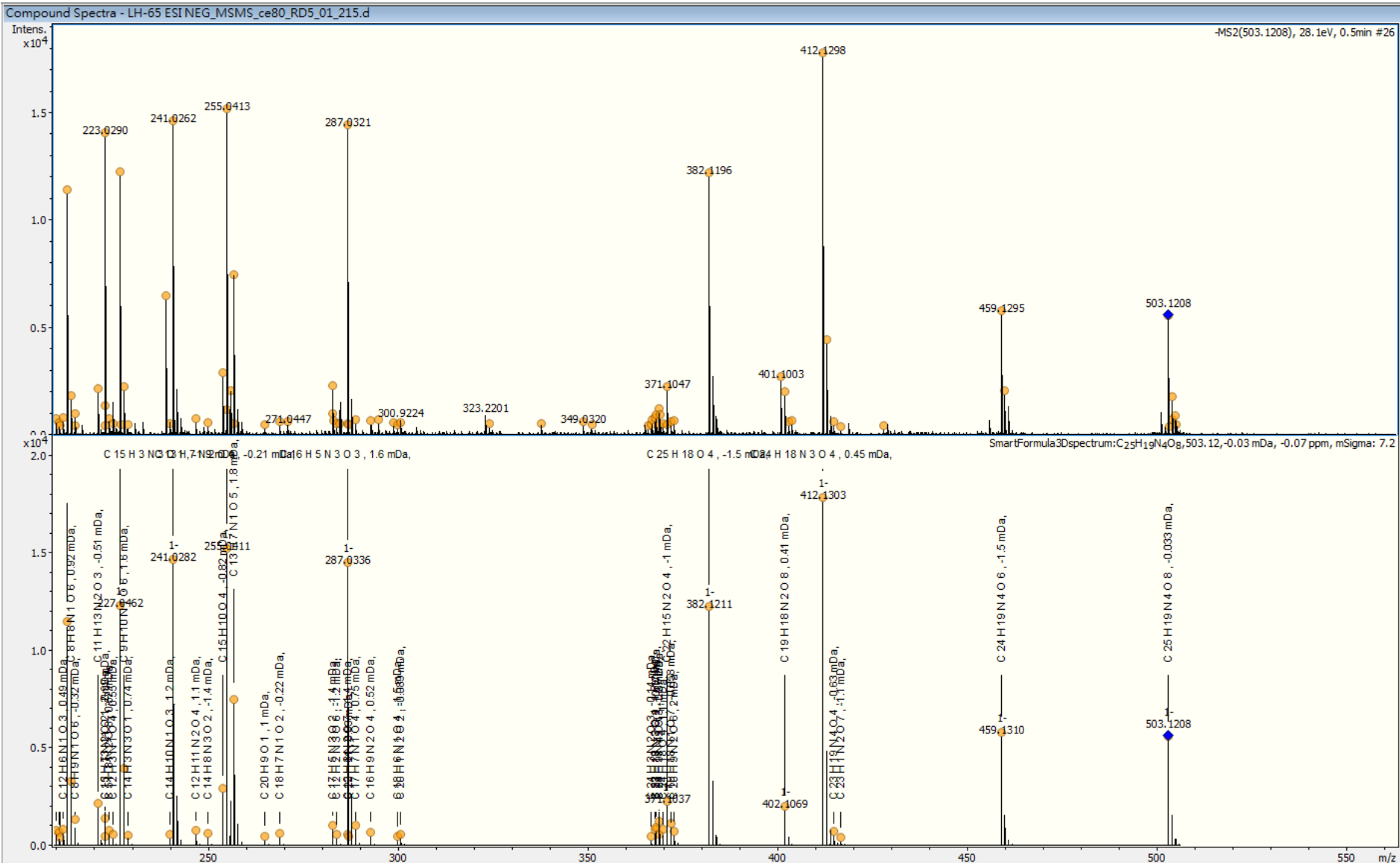
準確分子量及同位素訊號比對



Meas. m/z	#	Ion Formula	m/z	err [ppm]	mSigma	# Sigma	Score	rdb	e <sup>-</sup> Conf	N-Rule	Adduct
349.1524	1	C <sub>19</sub> H <sub>22</sub> N <sub>2</sub> NaO <sub>3</sub>	349.1523	0.3	13.0	1	100.00	9.5	even	ok	M+Na

測量值與理論值質量誤差為0.3ppm

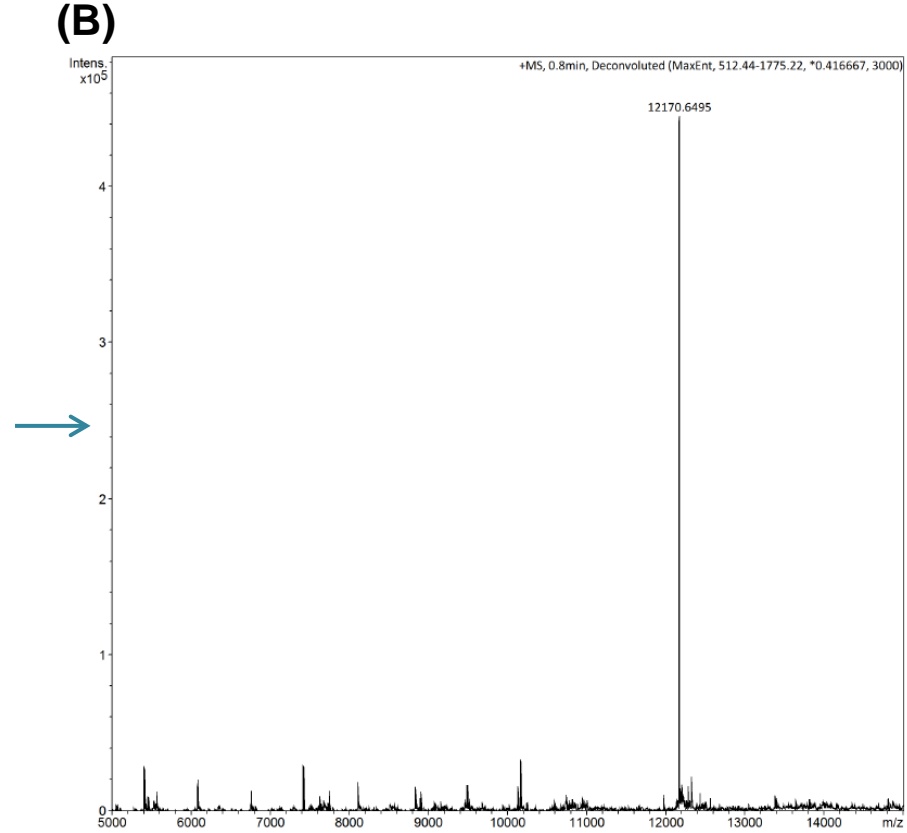
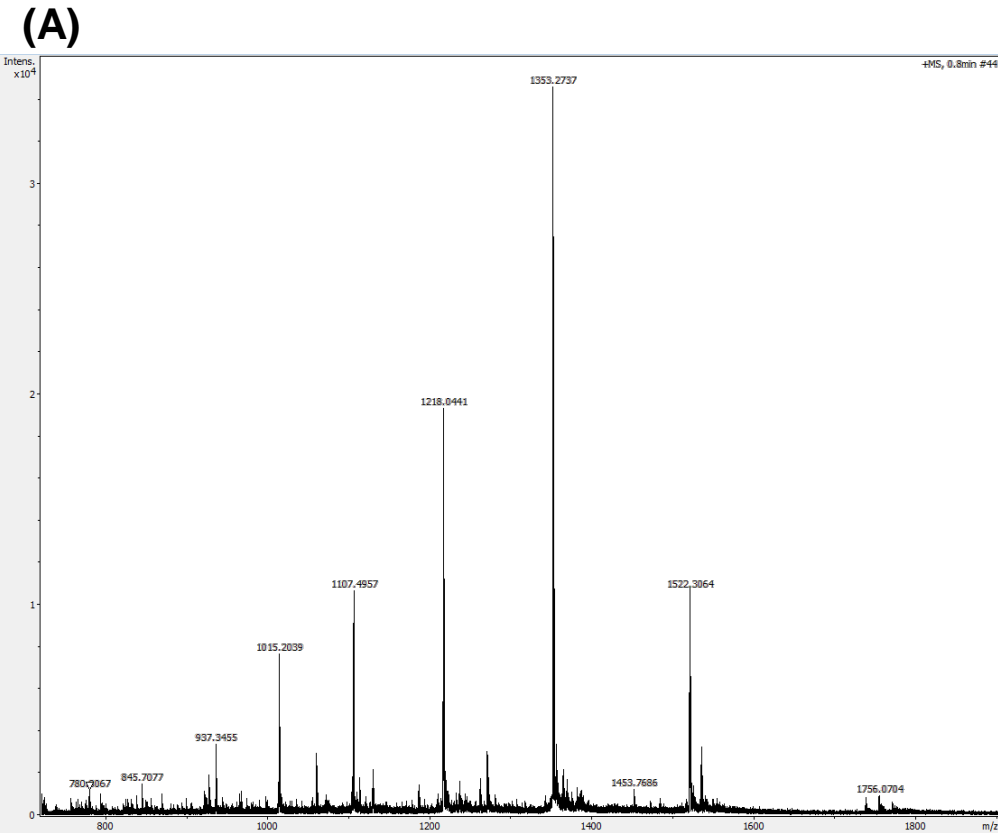
# 分子式預測



指定母離子m/z 503做MSMS，可由準確分子量推測各碎裂片可能的分子式

# 大分子電灑法(ESI+)質譜

以奈米電灑法(Nanospray)為游離源，配合四極式(Quadrupole)加飛行時間式(TOF)兩段式分析器，不僅可測質量，並可用第二段質譜分析化合物結構，具有高靈敏度、高解析度及質量範圍大等優點，小自有機化合物大至胜肽或蛋白質均可適用。

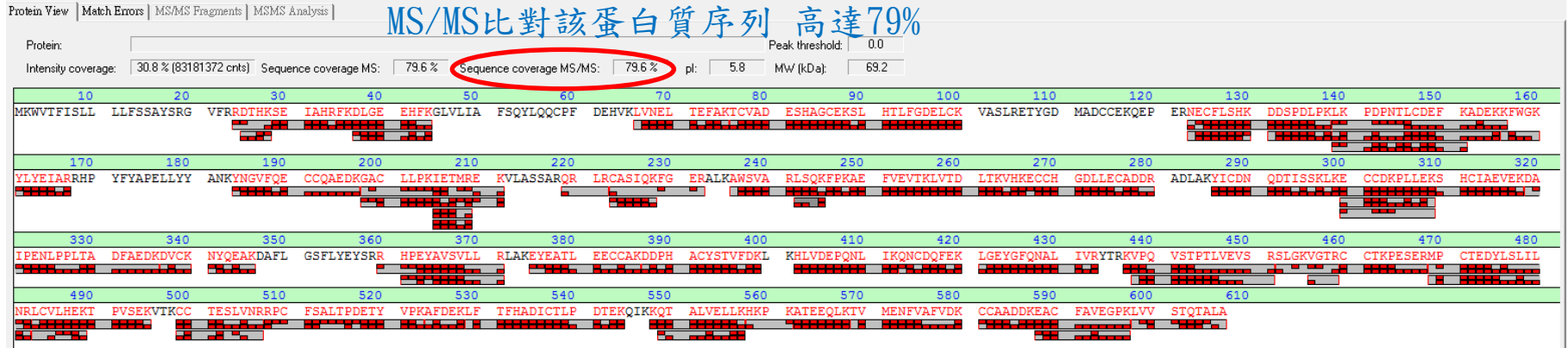
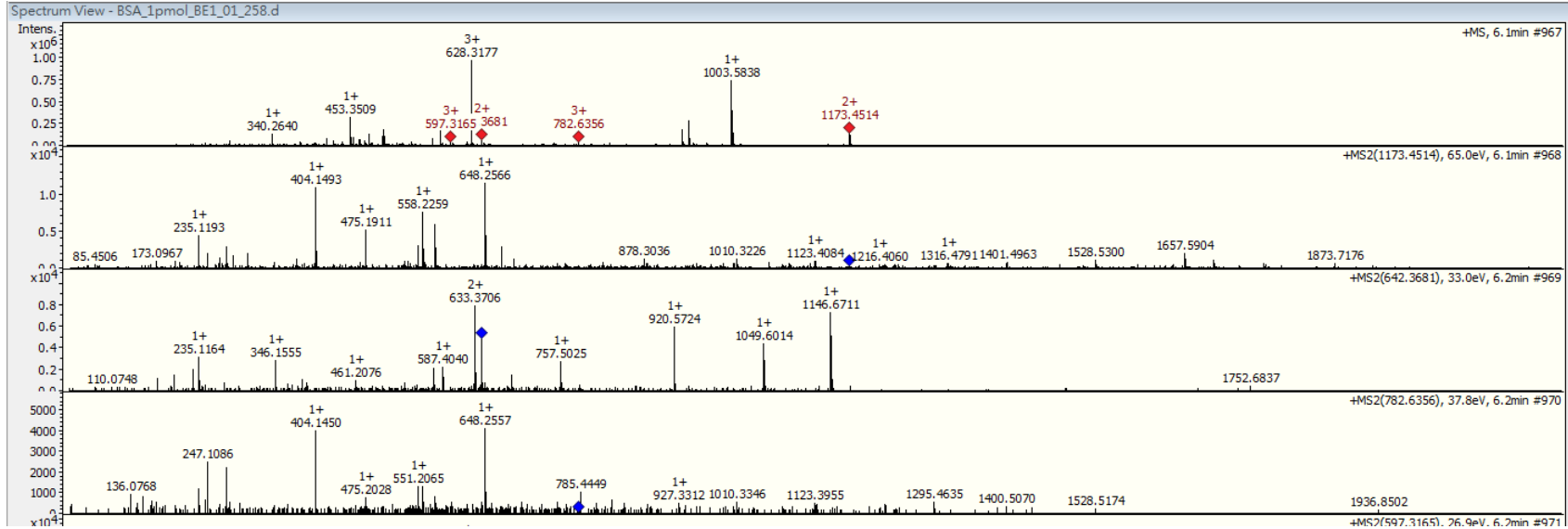


(A)為蛋白質多電荷離子圖

依(A)以電腦計算出該蛋白質分子量12170如(B)

# 蛋白質身分鑑定

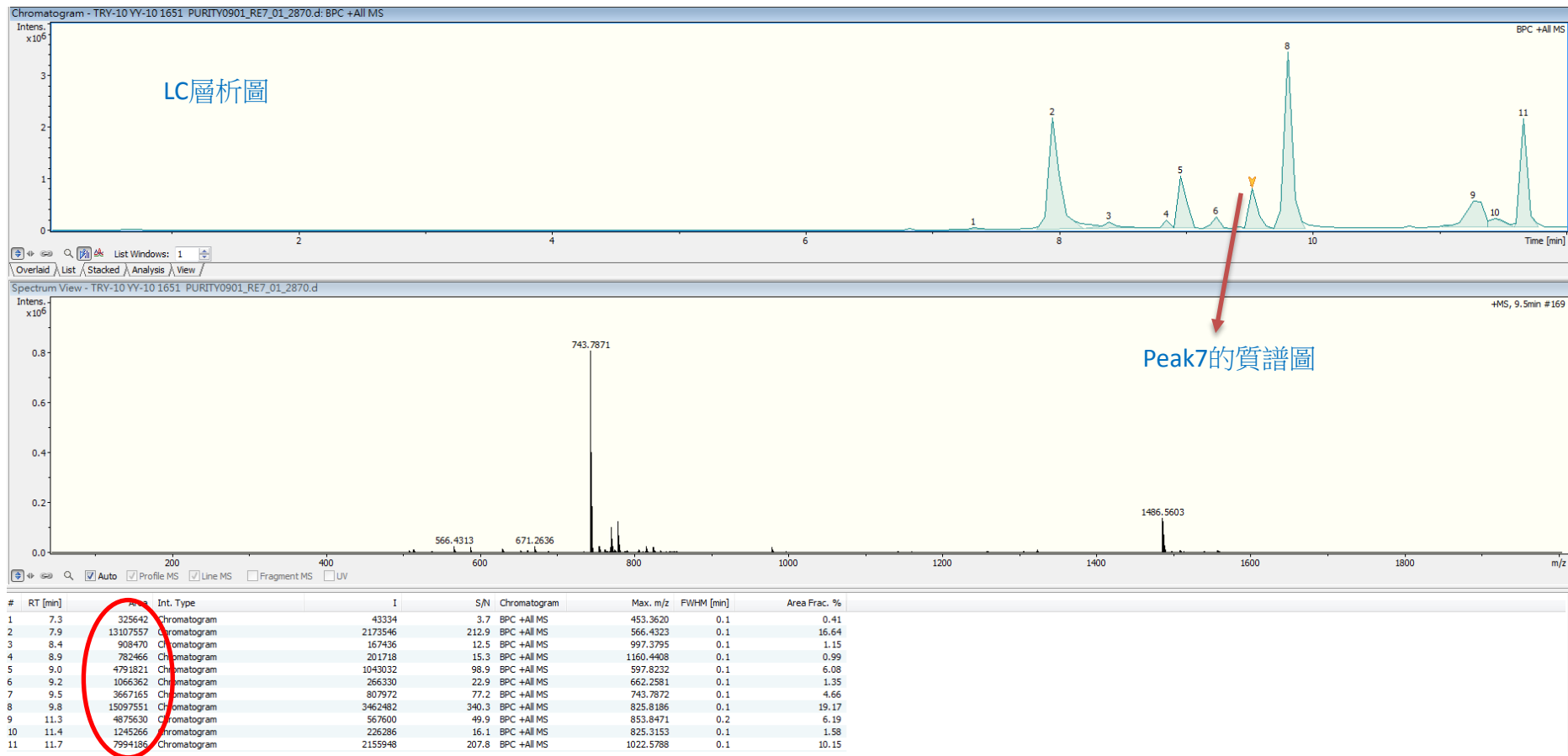
進行二次離子碰撞，可進行胜肽序列的比對。



## MASCOT Search Results

- ▶1 **ALBU\_BOVIN** 3204 Serum albumin OS=Bos taurus GN=ALB PE=1 SV=4
- ▶2 **TRY1\_BOVIN** 391 Cationic trypsin OS=Bos taurus PE=1 SV=3
- ▶3 **MALT\_SALAR** 45 HTH-type transcriptional regulator MaIt OS=Salmonella arizonae (strain ATCC BAA-731 / CDC346-86 / RSK2980) GN=maIt PE=3 SV=1
- ▶4 **A1AG\_BOVIN** 37 Alpha-1-acid glycoprotein OS=Bos taurus GN=ORM1 PE=2 SV=1
- ▶5 **MTAP\_NEUCR** 35 S-methyl-5'-thioadenosine phosphorylase OS=Neurospora crassa (strain ATCC 24698 / 74-OR23-1A / CBS 708.71 / DSM 1257 / FGSC 987) GN=NCU03963 PE=3 SV=1

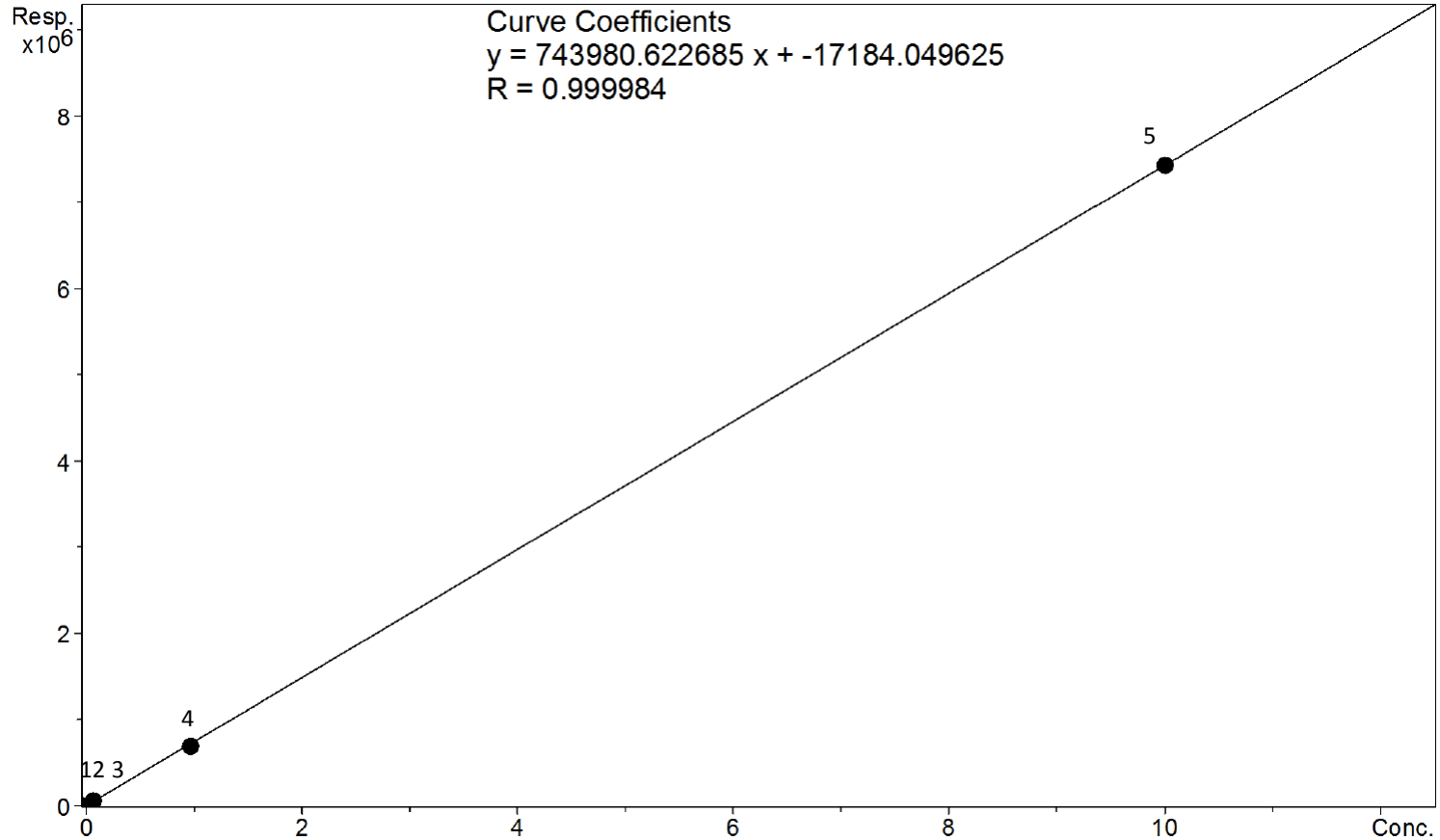
# UPLC-HRMS 混合物分析



可針對LC訊號積分，進行純度分析

# 定量分析

## Calibration



User提供標準品及待測物，可定量出待測物濃度