

資本門採購案件執行流程目錄

採購方式	公開招標第 1 案			
案件名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀（採購案號：1120210527）			
執行期間	112.11.27～113.10.30			
採購金額	2,350 萬元	機關補助金額	2,226 萬 4,000 元	<input checked="" type="checkbox"/> 適用政府採購法第 4 條 <input type="checkbox"/> 適用校內辦法
預算金額	2,350 萬元			
核定底價	2,210 萬元			
決標總價	2,200 萬元	經費來源	113 年度獎勵補助經費	2,200 萬元
			學校自籌經費（或其他來源）	--



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第一次會議

時間：112年11月27日(週一) 14:00

地點：醫學綜合大樓前棟3樓第一會議室

主席：劉景平研發長

記錄：洪芸熙

出席：(敬略職稱)

簡銘賢、王皓青、吳逸文、施純明、莊健盈、曾靖嫻、韓嘉莉、邱惠雯、蕭哲志。

列席：(敬略職稱)

鄭彩梅、翁浩睿、李啟鳴、王淑慧、劉俊志、呂岳霖、張碧娟、洪芸熙、莊詠甯。

請假：(敬略職稱)

陳志華、陳怡樺、洪千岱。

出席率：69.2%(出席委員應到13人/實際出席9人)

壹、主席致詞

謝謝各位的委員參與。

貳、報告事項

一、一一二學年度教育部獎補助款貴重儀器採購提案

1. 本次貴重儀器提案徵求共計13案：

- (1) 高效陰離子交換層析脈衝安培流檢測(提案人:謝尚逸老師)
- (2) 人工智慧基礎架構通用系統(提案人:李友專老師)
- (3) 微流體奈米藥物製備系統(提案人:吳思翰老師)
- (4) 全自動高通量外泌體螢光定量分析儀(提案人:白台瑞老師)
- (5) 次世代高速細胞光譜分析儀(提案人:高淑慧老師)
- (6) 自動化多功能細胞成像系統(提案人:翁培鈞老師)
- (7) 冷場發射掃描式3D重構電子顯微鏡暨能量散佈分析儀器(提案人:郭聰榮老師)
- (8) 模組化智慧型高級流變儀(提案人:謝堅銘老師)
- (9) 高通量單細胞外泌性蛋白智能辨識分析儀(提案人:林秋烽老師)
- (10) 氣相層析質譜儀之熱裂解系統(提案人:蕭伊倫老師)
- (11) 奈米微流液相層析電場軌道阱質譜以及液相層析串聯四極桿飛行式質譜儀(提案人:蔡伊琳老師及韓嘉莉老師)
- (12) 3D生物列印機(提案人:曾靖嫻老師)
- (13) 高通量細胞電位脈絡分析儀暨光刺激系統(提案人:楊自森老師)



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第一次會議

說明：(略)

參、討論事項

一、一一二年度貴重儀器採購評估

討論重點：

1. 高效陰離子交換層析脈衝安培流檢測：

(1) 需先評估對此台儀器於醣化領域研究助益多寡及效益，以及預期未來會有多少人使用該儀器。

2. 人工智慧基礎架構通用系統：

(1) 目前已知使用者有數據處、醫學科技學院、管理學院和醫學工程學院。

(2) AI 進展快速，考量多年後儀器擴充方面，由於去年才推出，使用週期可達五年以上，即便超過，其功能應可滿足需求。

(3) 學校在運用此儀器的舉例，可餵入三院資料增加 AI 辨識度，進一步依目的產生結果。例如有關一校三院的報告生成。

(4) 在 account 數量限制部分，使用上是開放全校使用，account 可綁住 TMU 帳號，八張卡若排滿則需以排序來解決。

3. 微流體奈米藥物製備系統：

(1) 使用不同溶劑(hexane or acetone)仍可使用不需更換 tubing，唯一的耗材是微流晶片(3000 元/片)。

(2) 奈米藥物產出後，其粒徑大小可由參數控制，particle size distribution 區間較窄，粒徑大小仍須經由 SEM 來觀測。

(3) 與傳統實驗室製備的藥物包裹實驗相比，此儀器操作的方便性、參數可控性、及後端的奈米藥物產出品質等，是更優化的。

4. 全自動高通量外泌體螢光定量分析儀：

(1) 儀器是用來定性分析外泌體，無法用來作為純化或製備使用，偵測的方式為螢光標記，或是利用所包覆藥物本身的螢光進行偵測。

(2) 如果是病毒相關的實驗，可利用廠商提供之試劑將所需抗體或捕捉蛋白共價固定於偵測晶片上進行定性分析。

(3) 晶片為特殊規格，屬拋棄式耗材無法重複使用，所需進樣量為 20-30 uL。

5. 次世代高速細胞光譜分析儀：

(1) 無委員提出討論。



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第一次會議

6. 自動化多功能細胞成像系統：
 - (1) 為多功能顯微鏡，但解析度較 confocal 低。
 - (2) 信義校區醫學院已有類似儀器，提出主因為提案者位於雙和校區。
7. 冷場發射掃描式 3D 重構電子顯微鏡暨能量散佈分析儀器：
 - (1) 除了廠商可提供培訓、技術支援，也有提供優惠的價格方案，該儀器也可與其他影像相關儀器有相互搭配的設計，例如 confocal。
 - (2) 台灣目前無類似儀器，國外也沒幾台。
8. 模組化智慧型高級流變儀：
 - (1) 校內已有一台智慧型高級流變儀，新提案儀器為更高階版本，但主要多出的是動態機械分析 (Dynamic Mechanical Analysis, DMA) 量測的部分，因多數流變學相關量測的需求均非動態機械分析之部分，原有流變儀應已經符大部分需求，建議提案者應針對校內是否有足量動態機械分析需求進行了解。
9. 高通量單細胞外泌性蛋白智能辨識分析儀：
 - (1) 評估單細胞研究準確度以及確認細胞存在與否的數據可信度提高，傳統醫學免疫學研究上行之有年但北醫目前沒有此儀器，而臺大和成大都有建置。
 - (2) 流式細胞儀雖可偵測外泌性蛋白表現細胞，但高通量單細胞外泌性蛋白智能辨識分析儀除了偵測表現外還能偵測活性與功能性。
10. 氣相層析質譜儀之熱裂解系統：
 - (1) 需考量儀器對在生物檢體中檢測塑膠微粒的效果及基質干擾的影響。
 - (2) 需了解這套系統是否具有控制實驗環境中有氧無氧的功能。
11. 奈米微流液相層析電場軌道阱質譜以及液相層析串聯四極桿飛行式質譜儀：
 - (1) 需評估軟體分析的部分，廠商是否能夠支援建置尤其是針對蛋白質體的資料庫。
 - (2) 需評估 Thermo 廠商在台灣是否能夠提供及時支援與維護勝過他家廠商。
 - (3) 考量大部分質譜壽命大約 6 年，Orbitrap Exploris 480 已出產 4 年，但其為重要機型假設機臺停產後，3 年內仍會生產零件，10



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第一次會議

年內軟硬體廠商皆會支援維護。

(4) 需考量大分子與小分子共用質譜儀可能會造成汙染，欲將此儀器專用於大分子檢測。但由於共儀中心目前現有的高解析質譜儀老舊，未來如停機報廢將無法繼續提供小分子檢測服務。

(5) 需考量諮詢教授適合人選與共儀中心人員訓練完整。

12. 3D 生物列印機：

(1) 需考量此儀器若放在信義校區，在兩校區間列印的方便性。

(2) 須注意兩次列印間的清潔度，避免相互汙染。

13. 高通量細胞電位脈絡分析儀暨光刺激系統：

(1) 學校沒有相關的平台，目前是透過國防醫學院來進行，但常會受計畫的限制。若學校有此平台，對藥的快篩或基礎研究會有很大幫助。

(2) 對於不同的實驗，有提供相對應的 protocol。

(3) 相較於傳統方式單點量測，此平台透過電極的數量來提升解析度。

(4) 因電生理實驗往往需要配合環境以及獨立電力的配置，需考量雙和校區是否有這樣的空間。

14. 高階儀器購置應考量有沒有人會用?有沒有人可以分析?若使用有問題該請教誰?

15. 若有這麼大的 data 產出，為有利北醫發展，有沒有可能成立 database，以利全校分享利用。

16. 購買儀器也要同時考量是否有功能性重複的疑慮。

17. 今天這些儀器有些像比如質譜在北醫已經使用很久，使用率高。以前可能小分子為主流，蛋白質的分析可能也是，儀器的使用年限也到達極限。外泌體也是很夯的議題，可以的話也希望可以購入很多儀器。礙於現實考量建議應以使用量以及需求性為主，例如大分子發展也很重要。可能大家可以參考汰舊換新方面比購入新儀器重要。比如本校質譜已經不行，要以汰舊換新為主，若有餘力再購入先進或比較新穎的儀器。

肆、決議：

一、經委員討論後，由委員進行不記名排序(如附件 1)投票，最推薦的儀器排名為 1，排序不重複，總分較低者排序為先。根據計算後加總分數之排序結果為：



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第一次會議

1. 奈米微流液相層析系統與四級桿串聯傅立葉轉換電場軌道阱質譜儀系統(33分)
2. 冷場發射掃描式 3D 重構電子顯微鏡暨能量散佈分析儀器(40分)
3. 高通量單細胞外泌性蛋白智能辨識分析儀(64分)
4. 全自動高通量外泌體螢光定量分析(66分)
5. 3D 生物列印機(66分)
6. 高效陰離子交換層析脈衝安培流檢測(70分)
7. 微流體奈米藥物製備系統(71分)
8. 人工智慧基礎架構通用系統(74分)
9. 氣相層析質譜儀之熱裂解系統(94分)
10. 模組化智慧型高級流變儀(99分)
11. 高通量細胞電位脈絡分析儀暨光刺激系統(101分)
12. 次世代高速細胞光譜分析儀(109分)
13. 自動化多功能細胞成像系統(114分)

二、根據排序，先將排名前二名者列入進行規格討論。

三、共儀儀器汰舊換新評估與雙和共儀雷射共軛焦顯微鏡運作討論部分於下次會議中提出規畫建議。

伍、臨時動議（無）

陸、結束時間（16:50）

附件：

[附件1] 一一二年度貴重儀器採購推薦度不記名排序結果

案號	提案名稱	合計	優先順序	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	高效陰離子交換層析脈衝安培流檢測	70	6	5	10	4	5	6	6	7	5	11	9	2
2	人工智慧基礎架構通用系統	74	8	4	11	11	3	7	7	6	3	8	13	1
3	微流體奈米藥物製備系統	71	7	10	6	5	4	8	12	2	6	7	5	6
4	全自動高通量外泌體螢光定量分析	66	4	9	9	8	6	9	5	1	7	2	3	7
5	次世代高速細胞光譜分析儀	109	12	6	8	9	12	10	11	9	13	13	10	8
6	自動化多功能細胞成像系統	114	13	11	13	10	11	13	3	8	12	12	12	9
7	冷場發射掃描式3D重構電子顯微鏡暨能量散佈分析儀器	40	2	1	2	2	2	2	9	4	2	4	2	10
8	模組化智慧型高級流變儀	99	10	12	5	6	7	12	10	12	8	10	6	11
9	高通量單細胞外泌性蛋白智能辨識分析儀	64	3	3	4	7	8	3	2	10	4	3	8	12
10	氣相層析質譜儀之熱裂解系統	94	9	13	7	12	9	11	8	5	10	5	11	3
11	奈米微流液相層析系統與四級桿串聯傅立葉轉換電場軌道質譜儀系	33	1	2	1	1	1	1	13	3	1	1	4	5
12	3D生物列印機	66	4	8	3	3	10	5	4	11	11	6	1	4
13	高通量細胞電位脈絡分析儀暨光刺激系統	101	11	7	12	13	13	4	1	13	9	9	7	13



臺北醫學大學

一一二學年度第一次研發處貴重儀器評估小組會議簽到單

日期：112年11月27日

時間：14：00-17：00

地點：醫學綜合大樓前棟3樓第一會議室

主席：劉景平研發長

出席委員		簽到
職稱	姓名	姓名
研發長	劉景平	劉景平
主任秘書	吳逸文	吳逸文
環安長	施純明	施純明
副研發長	簡銘賢	簡銘賢
副研發長	王皓青	王皓青
院長	陳怡樺	請假
主任	陳志華	請假
所長	曾靖嫻	曾靖嫻
教授	邱惠雯	邱惠雯
副主任	蕭哲志	蕭哲志
副教授	洪千岱	
主任	韓嘉莉	韓嘉莉
副院長	莊健盈	莊健盈



臺北醫學大學

一一二學年度第一次研發處貴重儀器評估小組會議簽到單

日期：112年11月27日

時間：14:00-17:00

地點：醫學綜合大樓前棟3樓第一會議室

主席：劉景平研發長

提案人員		簽到
職稱	姓名	姓名
教授	謝尚逸	
教授	李友專	張詠淳 (註)
教授	吳思翰	吳思翰
教授	白台瑞	白台瑞
教授	高淑慧	高淑慧
教授	翁培鈞	翁培鈞
教授	郭聰榮	郭聰榮
教授	謝堅銘	謝堅銘
教授	林秋烽	林秋烽
教授	蕭伊倫	蕭伊倫
教授	蔡伊琳	
教授	韓嘉莉	
教授	曾靖嫻	
教授	楊自森	楊自森



臺北醫學大學

一一二學年度第一次研發處貴重儀器評估小組會議簽到單

日期：112年11月27日
 時間：14：00-17：00
 地點：醫學綜合大樓前棟3樓第一會議室
 主席：劉景平研發長

出席人員

簽到

職稱	姓名	姓名
主任	鄭彩梅	鄭彩梅
主任	翁浩睿	翁浩睿
主任	李啟鳴	李啟鳴
副主任	張碧娟	張碧娟
技正	王淑慧	王淑慧
技佐	劉俊志	劉俊志
事務員	呂岳霖	呂岳霖
辦事員	洪芸熙	洪芸熙
辦事員	莊詠甯	莊詠甯

應到： 人；實到： 人
 請假： 人；出席率： %

(出席率僅計算出席委員出席率)



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第二次會議

時間：113年1月25日(週四) 10:00

地點：醫學綜合大樓前棟3樓第一會議室

主席：劉景平研發長

記錄：陳思芸

出席：(敬略職稱)

簡銘賢、王皓青、吳逸文、施純明、莊健盈(李宜釗代)、曾靖嬋、韓嘉莉、邱惠雯、蕭哲志、陳志華(洪千岱代)、洪千岱。

列席：(敬略職稱)

鄭彩梅(蘇博玄代)、翁浩睿(洪千岱代)、李啟鳴、王淑慧、劉俊志、呂岳霖、張碧娟、陳思芸、莊詠甯。

請假：(敬略職稱)

陳怡樺。

出席率：84.6%(出席委員應到13人/實際出席11人)

壹、主席致詞

感謝各位委員的參加!貴儀的採購預算來源是獎補助款，在規格的訂定上需要有具體的是由。請各位委員以公開招標為原則參考預算，依照提案需求，以及符合大眾使用需求為主來定規格，謝謝大家!

貳、報告事項

一、一一二學年度教育部獎補助款貴重儀器採購提案

1. 提案機器之比較說明

(1) FAIMS Pro interface + Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 (OE480 or OT)

(2) FAIMS Pro interface + Thermo Scientific™ Orbitrap Astral™ (AST)

(3) Bruker timsTOF HT

2. 比較 Orbitrap analyzer in both OE480 & Astral 及 Astral analyzer in Astral 之各項功能。

3. 比較各機器在 DIA 掃描模式下，不同質譜掃描的設定及其數據。包含完整蛋白質、醣化分析及醣胜肽分析。

4. 比較兩家廠商對於不同儀器的分析、專業度、溝通能力。

二、共儀報告

1. 報告共儀老舊儀器狀況供委員參考，若有需求可在明年度提案提出。

(1) ESR：機型、運作系統老舊，目前使用率低。

(2) 500MHz NMR：



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第二次會議

①使用需求高，且若有損壞不一定能維修。

②雖 600MHz NMR 可替代，但由於使用需求量較多，可能無法負擔現有需求。

(3) ToF-SIMS：

①台灣只有三台，唯一做生醫服務之儀器，可配合產學合作。

②廠商可提供原價 4800 萬打 6 折之 2880 萬的最新機型提案。

③將於 2025/3 End of support。

(4) SEM：

①目前在解析度上有侷限，今年之提案有其未來發展的可能性。

②今年度廠商可以提供優惠至 1500 萬，但由於預算不足，今年無法購入。明年若有提案需求，會再和廠商接洽並爭取折扣。

三、雙和共儀報告

1. 112 學年度儀器設備及升級更新項目

(1) 流式細胞分析儀電腦更新。

(2) 奈米粒子追蹤分析系統更新。

(3) 高階螢光顯微鏡物鏡更新。

2. 113 學年度預計儀器設備升級更新項目

(1) 雷射共軛焦顯微鏡的汰舊換新。

(2) UPLC 液相層析儀新增與 Q-TOF 串聯使用。

3. 預算來源

(1) 共軛焦雷射螢光顯微鏡

①雙和醫院 112 學年度展延預算 500 萬。

②雙和醫院 113 學年度預算編列約 700 萬。

(2) UPLC 液相層析儀

①雙和醫院 113 學年度預算編列約 350 萬。

參、討論事項

一、由於經費考量，於 112 學年度第一次貴重儀器採購評估小組會議決議排序第二之儀器「冷場發射掃描式 3D 重構電子顯微鏡暨能量散佈分析儀器」，暫不予以討論規格及請購名稱。

二、討論此次採購儀器「奈米微流液相層析系統與四級桿串聯傅立葉轉換電廠軌道質譜儀系統」之規格。

1. 規格建議

(1) 解析度： m/z 200 時可達 12 萬以上。解析度越高，能看到其定出來的



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第二次會議

質量越準確，準確度越高則更利於鑑定。須適用之實驗待韓嘉莉委員提供給共儀中心。

(2) 掃描範圍：m/z 6000 以上。

(3) 建議大分子與小分子由不同儀器進行分析，但由於今年度經費考量，並未要購入 UPLC，因此討論 NanoLC 之規格。

① 幫浦流速範圍待韓嘉莉委員提供給共儀中心。

② 自動進樣裝置進樣體積：0.5-20 μ L。

③ 因樣品須放在低溫環境中，因此相較於溫度範圍，低溫可控溫之技術較為重要。

④ 幫浦系統壓力：最高可達 1000 bar (含)以上。

⑤ 樣品盤：可放置 96 個 1.5mL 樣品瓶(含)以上。

(4) 掃描速度：40Hz 以上。掃描速度提高，將有助日後北醫要進行大量臨床實驗。

(5) 碎裂模式：儀器須具備至少有碰撞誘導解離技術(CID)以上之功能。

(6) 可在招標檔案中寫上此儀器是何種實驗使用。

(7) 若往後要再添購 UPLC，會另外需要經費。

(8) 其餘如附件一。

三、由於共儀中心的 QTOF 儀器老舊，且儀器於今年出現諸多狀況，在服務小分子上有許多問題且有所不足。

四、討論此次採購儀器「奈米微流液相層析系統與四級桿串聯傅立葉轉換電廠軌道阱質譜儀系統」之名稱，採購名稱更改為「奈米微流液相層析高解析質譜儀」。

五、將以提案者韓嘉莉教授與蔡伊琳教授為當然諮詢教授。諮詢教授之個別專長領域細項將公布於共儀網站，以利使用者尋求協助與實驗相關諮詢。

肆、臨時動議

一、洪千岱副教授：往後貴重儀器評估小組會議以遠端會議方式與雙和同步進行。

二、共同儀器中心：為避免採購時程延後，此次會議若順利通過，研發會議以線上方式召開。

伍、結束時間 (11:00)

附件：附件一 (奈米微流液相層析高解析質譜儀之規格)

奈米微流液相層析高解析質譜儀

液相層析高解析質譜儀

超高解析質譜儀

MS	Waters SYNAPT XS	Agilent 6546	Bruker TimsTOF Pro2 (112年貴儀提案儀器)	Thermo Orbitrap Exploris 480 (112年貴儀提案儀器)	建議規格
質量解析度(Resolution) 解析度越高, 所能分辨的 質量差異愈小, 有效降低 偽陽(陰)性錯誤率	在m/z 956 時最高可 達75,000 FWHM(含) 以上	在m/z 2722 時最高可達60000 (FWHM) (含), 在m/z 118 時最 高可達30000 (FWHM)	m/z 1222時最高可達 60,000 (FWHM)	m/z 200時最高可達480,000 (FWHM)	-
質量掃描範圍 (Mass Range) 看到的質量範圍越大能看 的化合物越多	m/z 20-100,000	m/z 20-10,000	最高可達m/z 20,000	m/z 40-6,000	m/z 6000 (含) 以上
質量掃描速度(Scan Rate) 每秒掃描幾張MS質譜圖, QTOF為圖譜疊加後呈現可 以使用的圖譜, Orbitrap 為圖譜獨立可分析使用	最高可達30 Hz	最高可達50 Hz	最高可達120 Hz	最高可達40 Hz	-
質量準確度 (Mass Accuracy) 質量愈精確, 則相同分子 量的化合物數目便愈少, 應用於未知物鑑定	1ppm以下	• 質量內校誤差(internal error) < 800 ppb	• 質量外校誤差(external error) < 2 ppm • 質量內校誤差(internal error) < 800 ppb	• 質量外校誤差(external error) < 3 ppm • 質量內校誤差(internal error) < 1 ppm	質量內校誤差 (internal error) < 1 ppm (含) 以下
碎裂模式 HCD專指Orbitrap類儀器 中相比於CID碎裂方式能獲 得低m/z的碎片離子, 產 生的碎片相對更多, 圖譜 品質更高	碰撞誘導解離技術 (CID)	碰撞誘導解離技術(CID)	碰撞誘導解離技術(CID)	碰撞誘導解離技術(CID) 高能量碰撞誘導解離技術(HCD)	碰撞誘導解離技術 (CID)
僅大分子價格 (含NanoLC)	1800萬 (2023/02/16 報價)	- (NanoLC 已停產, 如需使用需 串接他牌)	2982萬 (2023/09/06報價) 含NanoLC	2350萬 (2023/09/18報價) 含NanoLC	需含NanoLC
小分子加購價格 (另添購UPLC)	304萬(不含離子源) (2023/03/08 報價)	1500萬 (2024/01/15 非正式詢問業務)	未獲得報價	496萬 (2023/11/30 報價)	-

NanoLC	Waters ACQUITY M-Class PLUS System	Bruker nanoElute	Thermo VANQUISH NEO SYSTEM	建議規格
幫浦流速範圍 流速範圍越廣可應用的實驗越多	200 nL/min-100 uL/min	50 nL/min-2 uL/min	1 nL/min-100 µL/min	最慢流速 200 nL/min (含) 以下
幫浦系統壓力 耐壓程度較高管柱的選擇性較多	最高可達1034 bar	最高可達1000 bar	最高可達1500 bar	最高可達1000 bar (含)以上
自動進樣裝置溫控功能 部分樣品於較低溫環境較佳	4-40°C	低於環境溫度15°C	4-40 °C	最低可至4°C (含)以下
自動進樣裝置進樣體積 注射量範圍越廣可應用的實驗越多	0.1-100 µL	1-10 µL	0.01-25 µL	取樣範圍需包含1-5 µL
樣品盤 能放置越多樣品數量能達至高通量效果	有2盤 一盤可放48個1.5mL樣品瓶 共96個	有2盤 一盤可放54個1.5mL樣品瓶 共96個	有4盤 一盤可放54個1.5mL樣品瓶 共216個	可放置96個1.5 mL樣品瓶 (含)以上
管柱控溫裝置 較高管柱的選擇性較多	最高可達90°C	25-60 °C	最高可達80°C	最高溫度可達60°C (含)以上

UPLC	Waters ACQUITY I-Class PLUS System	Agilent 1290 Infinity II	Bruker Elute LC	Thermo Vanquish Flex Binary UHPLC System	建議規格
幫浦流速範圍 流速範圍越廣可應用的實驗越多	0.01 -2 mL/min	0.001 – 5 mL/min	1 – 5 mL/min	0.001–8 mL/min	最慢流速 0.1 mL/min (含)以下
幫浦系統壓力 耐壓程度較高管柱的選擇性較多	最高可達 1241 bar	最高可達 1200 bar	最高可達 1300 bar	最高可達 1034 bar	最高可達1000 bar (含)以上
自動進樣裝置溫控功能 部分樣品於較低溫環境較佳	4-40°C	4-40°C	低於環境溫度15°C	4-40°C	最低可至4°C (含)以下
自動進樣裝置進樣體積 注射量範圍越廣可應用的實驗越多	0.1-10 µL	0.1-20 µL	1 – 10 µL	0.01-25 µL	取樣範圍需包含1 -5 µL
樣品盤 能放置越多樣品數量能達至高通量效果	有2盤，一盤可放48個1.5mL樣品瓶共96個	有2盤，一盤可放54個1.5mL樣品瓶共108個	有2盤，一盤可放54個1.5mL樣品瓶共96個	有4盤，一盤可放54個1.5mL樣品瓶共216個	可放置96個1.5 mL樣品瓶(含)以上
管柱控溫裝置 較高管柱的選擇性較多	最高可達90°C	10-80°C。	25-60 °C	5-120°C	最高溫度可達60°C (含)以上

Support

	台大理學院貴重儀器中心質譜室	中山大學暨共用儀器中心	陽明交通大學儀器資源中心	台北醫學大學共同儀器中心	台北醫學大學共同儀器中心
	Orbitrap QE Plus Mass Spectrometry	Orbitrap Exploris 120	Orbitrap Fusion Lumos	Waters Synapt G2	Agilent
保固期內	X	√	√	X	X
線上回應速度	-	一日內	即時或幾天不等	半日內	即時
實體排程速度	-	二到三天	-	一周	三日內
調貨速度	-	-	2-3週	2-3週	2週內
專業能力	專業能力很好	服務及能力都算不錯	服務及能力都算不錯	服務及能力都不錯	專業能力及服務很好
耗材價格 (全保不包含耗材)	較沒有議價空間	-	-	較沒有議價空間	較沒有議價空間



臺北醫學大學

一一二學年度第二次研發處貴重儀器評估小組會議簽到單

日期：113年1月25日
 時間：10：00-12：00
 地點：醫學綜合大樓前棟3樓 第一會議室
 主席：劉景平研發長

出席委員		簽到
職稱	姓名	姓名
研發長	劉景平	劉景平
主任秘書	吳逸文 (提早離開)	吳逸文
環安長	施純明	施純明
副研發長	簡銘賢	簡銘賢
副研發長	王皓青	王皓青
院長	陳怡樺	請假
主任	陳志華 (洪千岱代)	洪千岱
所長	曾靖嫻	曾靖嫻
教授	邱惠雯	邱惠雯
副主任	蕭哲志	蕭哲志
副教授	洪千岱	洪千岱
主任	韓嘉莉	韓嘉莉
副院長	莊健盈 (李宜釗代)	李宜釗



臺北醫學大學

一一二學年度第二次研發處貴重儀器評估小組會議簽到單

日期：113年1月25日
 時間：10：00-12：00
 地點：醫學綜合大樓前棟3樓 第一會議室
 主席：劉景平研發長

出席人員		簽到
職稱	姓名	姓名
主任	鄭彩梅(蘇博士 代)	鄭彩梅
主任	翁浩睿(洪千岱 代)	翁浩睿
主任	李啟鳴	李啟鳴
副主任	張碧娟	張碧娟
技正	王淑慧	王淑慧
技佐	劉俊志	劉俊志
事務員	呂岳霖	呂岳霖
辦事員	陳思芸	陳思芸
辦事員	莊詠甯	莊詠甯

應到：13 人；實到：11 人
 請假：1 人；出席率：84.6 %

(出席率僅計算出席委員出席率)



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第三次會議

時間：113年3月18日(週四) 10:00

地點：醫學綜合大樓前棟4會議室

主席：劉景平研發長

記錄：陳思芸

出席：(敬略職稱)

簡銘賢、王皓青、吳逸文、陳怡樺(葉志清代/線上參與)、莊健盈(線上參與)、曾靖嫻(線上參與)、韓嘉莉、邱惠雯(線上參與)、蕭哲志、陳志華(線上參與)、洪千岱(線上參與)。

列席：(敬略職稱)

鄭彩梅(線上參與)、翁浩睿(線上參與)、李啟鳴、劉俊志、張碧娟、陳思芸、莊詠甯。

請假：(敬略職稱)

施純明。

出席率：92.3%(出席委員應到13人/實際出席12人)

壹、主席致詞

謝謝各位的委員參與。

貳、討論事項

一、一一二學年度教育部獎補助款貴重儀器採購提案

針對規格比較表(附件1)進行逐項討論，並訂立相關規格，整合之正式採購規格表如附件2。

重點討論如下：

1. 質譜儀規格(MS)

(1) 提案老師提出之質量解析度(FWHM)中，該儀器需確定可支援同一實驗內超過10組以上之同位素標定肽定量解析。功能驗收時請由提案老師提供驗收所需樣品，以進行功能性驗收，確保儀器可達到實驗需求。

(2) 碰撞誘導解離為同位素實驗所需之規格，規格建議使用「須具碰撞誘導解離(CID)或是高能量碰撞誘導解離(HCD)之碎裂方法」。

2. 質譜儀補充規格(MS)

3. 奈米微流液相層析儀規格

(1) 目前Q-ToF之大分子實驗是使用NanoLC，小分子實驗是使用UPLC，在切換離子源的過程中，會產生進樣不穩定的狀態而導致實驗重複性不佳。



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第三次會議

- (2) 韓嘉莉委員建議大小分子分開，避免儀器因切換離子源造成之不穩定的情況出現，並提出奈米微流液相層析儀之流速須涵蓋 1nL/min-100 μ L/min，也可進行小分子實驗。若是日後有需求，可在不進行切換的情況下進行小分子的實驗。且此奈米微流液相層析儀之幫浦系統壓力夠高，若是日後有需要進行小分子實驗，可以直接接上一般 UPLC 之 column 進樣。
- (3) 若本次會議決議儀器經採購通過後，共儀原有之 Q-ToF 的運作，將改採主要以小分子實驗進行，減少因切換離子源而造成的進樣不穩定之問題。
4. 蛋白質分析軟體(細部規格補充)
- (1) 蛋白質分析軟體之數據分析軟體需可直接分析質譜儀原始數據，或支援其他廠牌之數據分析。
- (2) 此分析軟體已包含於提案規格中。
5. 生物製藥應用分析軟體(此次補充規格，未列於提案申請書)
- (1) 由於需進行大分子蛋白質及疫苗開發，廠商須提供生物製藥應用分析軟體。
- (2) 此分析軟體未包含於提案規格中，經詢問報價為 90 萬元，惟預算有限，會再向廠商爭取。
6. 儀器與分析軟體控制電腦(細部規格補充)
- (1) 由於怕電腦中毒導致儀器損害，提案老師建議將控制電腦分為兩套，一套控制質譜並不提供外部上網功能。若是需要連接外部網域作分析則使用另一套控制分析系統之電腦。
- (2) 質譜儀所使用之電腦原廠僅提供統一規格。
7. 不斷電系統(細部規格補充)
- (1) 由於目前共儀主要總 UPS 已滿載，新增儀器時建議配一套專屬的不斷電系統，避免斷電而產生之儀器問題。
8. 驗收及保固(細部規格補充)
- (1) 若儀器產生無法運作的情況，要求廠商於保固期內，於三個工作天內派遣工程師至本校請購單位指定地點進行維修，避免影響使用者權益。
- (2) 會配置一張長 180cm x 深 100cm x 高 80cm 的桌子供放置儀器。

參、臨時動議

肆、結束時間 (11:10)



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第三次會議

附件 1：奈米微流液相層析高解析質譜儀之規格比較表。

附件 2：奈米微流液相層析高解析質譜儀中文採購規格書。

奈米微流液相層析高解析質譜儀

1. 質譜儀規格
2. 質譜儀規格 (補充規格)
3. 奈米微流液相層析儀規格
4. 蛋白質分析軟體 (補充規格)
5. 生物製藥應用分析軟體 (補充規格)
6. 不斷電系統 (補充規格)
7. 驗收及保固 (補充規格)

質譜儀規格(MS)

儀器型號	第二次貴儀會議				補充型號				第二次貴儀會議決議規格	提案老師補充說明規格	第三次貴儀會議決議規格
	Waters SYNAPT XS	Agilent 6546	Bruker TimsTOF Pro2 (提案儀器)	Thermo Orbitrap Exploris 480 (提案儀器)	Bruker TimsTOF HT	Orbitrap Exploris 120 MS	Orbitrap Exploris 240	Orbitrap Astral			
質量掃描範圍	m/z 20-100,000	m/z 20-10,000	最高可達 m/z 20,000	m/z 40-6,000	最高可達 m/z 20,000	m/z 40-3,000	m/z 40-6000	m/z 40-6000	m/z 6000 (含) 以上	質量掃描範圍須為達 m/z 6,000 或以上, 確定可支援分析蛋白質體(包含蛋白質後轉譯修飾)、抗體與醣類解析等應用	質量掃描範圍須為達 m/z 6,000 或以上
質量掃描速度	最高可達 30 Hz	最高可達 50 Hz	最高可達 120 Hz	最高可達 40 Hz	最高可達 300 Hz	最高可達 22 Hz	最高可達 22 Hz	最高可達 40 Hz	待補充	掃描速度需達 40 Hz(含) 以上	掃描速度需達 40 Hz(含) 以上
質量準確度	1ppm 以下	質量內校誤差 < 800 ppb	<ul style="list-style-type: none"> 質量外校誤差 < 2 ppm 質量內校誤差 < 800 ppb 	<ul style="list-style-type: none"> 質量外校誤差 < 3 ppm 質量內校誤差 < 1 ppm 	<ul style="list-style-type: none"> 質量外校誤差 < 2 ppm 質量內校誤差 < 800 ppb 	<ul style="list-style-type: none"> 質量外校誤差 < 3 ppm 質量內校誤差 < 1 ppm 	<ul style="list-style-type: none"> 質量外校誤差 < 3 ppm 質量內校誤差 < 1 ppm 	<ul style="list-style-type: none"> 質量外校誤差 < 3 ppm 質量內校誤差 < 1 ppm 	質量誤差 < 1 ppm (含) 以下	<ul style="list-style-type: none"> 質量準確度(Mass Accuracy)須至少達質量外校誤差 < 3 ppm, 質量內校誤差 < 1 ppm 	<ul style="list-style-type: none"> 質量準確度(Mass Accuracy)須至少達質量外校誤差 < 3 ppm, 質量內校誤差 < 1 ppm
碎裂模式	碰撞誘導解離(CID)								碰撞誘導解離技術(CID)	須具碰撞誘導解離(CID)或是高能量碰撞誘導解離(HCD)之碎裂方法	<ul style="list-style-type: none"> 須具碰撞誘導解離(CID)或是高能量碰撞誘導解離(HCD)之碎裂方法
	-	-	-	高能量碰撞誘導解離(HCD)	-	高能量碰撞誘導解離(HCD)	高能量碰撞誘導解離(HCD)	高能量碰撞誘導解離技術(HCD)			
質量解析度 (FWHM)	在 m/z 956 時最高可達 75,000 (含) 以上	在 m/z 2722 時最高可達 60,000 (含) · 在 m/z 118 時最高可達 30,000	m/z 1222 時最高可達 60,000	m/z 200 時最高可達 480,000	m/z 1222 時最高可達 60,000	m/z 200 時最高可達 120,000	m/z 200 時最高可達 240,000	m/z 200 時最高可達 480,000	m/z 200 時最高可達 120,000	偵測器解析度於 m/z 200 時 · 傅立葉轉換電場軌道阱須達到 400,000(含)或以上 · 飛行時間式質譜儀須為 200,000(含)或以上 · 確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定胜狀定量解析	偵測器解析度於 m/z 200 時 · 傅立葉轉換電場軌道阱須達到 400,000(含)或以上 · 飛行時間式質譜儀須為 200,000(含)或以上 · 確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定胜狀定量解析

質譜儀補充規格 (MS)

儀器型號	第二次買價會議				補充型號				提案老師補充說明	第三次買價會議決議規格
	Waters SYNAPT XS	Agilent 6546 (不具同廠牌 NanoLC)	Bruker TimsTOF Pro2 (提案儀器)	Thermo Orbitrap Exploris 480 (提案儀器)	Bruker TimsTOF HT	Orbitrap Exploris 120 MS	Orbitrap Exploris 240	Orbitrap Astral		
規格	四極桿質量選擇器									
質量分析器	飛行時間式質譜分析器			傅立葉轉換電場軌道質量分析器	飛行時間式質譜分析器	<ul style="list-style-type: none"> 傅立葉轉換電場軌道質量分析器 高動態範圍偵測器 			須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道或飛行時間式質譜儀器分析器，可支援分析蛋白質體(包含蛋白質後轉譯修飾)、抗體與糖類分析等應用	須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道或飛行時間式質譜儀器分析器
離子源	<ul style="list-style-type: none"> 電噴灑離子源 大氣壓化學游離源 奈米微流電噴灑離子源 	<ul style="list-style-type: none"> 電噴灑離子源 大氣壓化學游離源 	<ul style="list-style-type: none"> 電噴灑離子源 奈米微流電噴灑離子源 	<ul style="list-style-type: none"> 加熱式電噴灑離子源 奈米微流電噴灑離子源 高場不對稱波形離子遷移分離離子源 	<ul style="list-style-type: none"> 電噴灑離子源 奈米微流電噴灑離子源 	<ul style="list-style-type: none"> 加熱式電噴灑離子源 奈米微流電噴灑離子源 高場不對稱波形離子遷移分離離子源 (option) 	<ul style="list-style-type: none"> 加熱式電噴灑離子源 奈米微流電噴灑離子源 高場不對稱波形離子遷移分離離子源 	<ul style="list-style-type: none"> 加熱式電噴灑離子源 奈米微流電噴灑離子源 高場不對稱波形離子遷移分離離子源 	須具加熱式且溫度可達 500°C 或以上之電噴灑離子源，與可控溫奈米微流電噴灑離子源各一組	須具加熱式且溫度可達 500°C 或以上之電噴灑離子源，與可控溫奈米微流電噴灑離子源各一組
離子遷移分離功能	√	選配升級	√	√	√	√	√	√	須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能	須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能
具備離子傳輸元件	√	√	√	√	√	√	√	√	-	須具備具備離子傳輸元件
四極桿質量選擇器範圍	最高可達 8,000 Da	20-4000 Da	最高可達 3000 Da	0.4-1,200Da	最高可達 3000 Da	0.4 to 1200 Da	0.4 to 1200 Da	0.4-1,200Da	-	四極桿質量選擇器範圍須可達 1,200 Da
實驗需求	-	-	-	-	-	-	-	-	<ul style="list-style-type: none"> 須可同時應用於蛋白質體非標定肽定量方式，例如數據依賴掃描模式(DDA)與數據非依賴掃描(DIA)模式之定量分析，以及標定肽定量方式，例如 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上，且於定量離子訊號須完整解析，以確定可支援臨床多重樣品定量監測 須可進行單細胞分析實驗，於 250 pg 膜蛋白或 HeLa 樣品進樣，須於 20 分鐘有效梯度分析時間內單次數據結果中，鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質 須可於臨床檢體例如 Ig 樣品於小於 1 ug 進樣條件下，經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果 	<ul style="list-style-type: none"> 須可同時應用於蛋白質體非標定肽定量方式，例如數據依賴掃描模式(DDA)與數據非依賴掃描(DIA)模式之定量分析，以及標定肽定量方式，例如 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上，且於定量離子訊號須完整解析，以確定可支援臨床多重樣品定量監測 須可進行單細胞分析實驗，於 250 pg 膜蛋白或 HeLa 樣品進樣，須於 20 分鐘有效梯度分析時間內單次數據結果中，鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質 須可於臨床檢體例如 Ig 樣品於小於 1 ug 進樣條件下，經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果
MS/MS 靈敏度	100 fmol/μL [Glu1]-Fibrinopeptide B solution，產生的離子訊號須大於 4,800 counts/s (含)	1 pg reserpine 標準溶液，可測得 S/N>1500:1	1 pg reserpine 標準溶液，可測得 S/N>100:1	50 fg reserpine 標準溶液，可測得 S/N 100:1	1 pg reserpine 標準溶液，可測得 S/N>100:1	200 fg reserpine 標準溶液，可測得 S/N 100:1	200 fg reserpine 標準溶液，可測得 S/N 100:1	50 fg reserpine 標準溶液，可測得 S/N 100:1	100fg reserpine 標準溶液，可測得 S/N 達 100:1	100fg reserpine 標準溶液，可測得 S/N 達 100:1
內建自動校正裝置功能	√	√	√	√	√	√	√	√	須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度	須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度
極性切換所需時間	<1 sec	1.5 sec	不可同時	可同時	不可同時	可同時	可同時	可同時	須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計，例如蛋白質體與寡核苷酸分析之應用切換	須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計

奈米微流液相層析儀規格

儀器型號 規格	第二次貴儀會議			第二次貴儀會議決議規格	提案老師補充規格	第三次貴儀會議決議規格
	Waters ACQUITY M-Class PLUS System	Bruker nanoElute	Thermo VANQUISH NEO SYSTEM			
幫浦流速範圍	200 nL/min-100 μ L/min ⊗	50 nL/min-2 μ L/min ⊗	1 nL/min-100 μ L/min	待補充	可達 1 nL/min~100 μ L/min 區間,以應用於廣泛分析服務使用	● 1 nL/min~100 μ L/min 區間,以應用於廣泛分析服務使用
幫浦系統壓力	最高可達 1034 bar	最高可達 1000 bar	最高可達 1500 bar	最高可達 1000 bar (含)以上	最高須達 1000 bar (含)以上,提升蛋白質體進樣效率	最高須達 1000 bar(含)以上
自動進樣裝置溫控功能	4-40°C	低於環境溫度 15°C ⊗	4-40°C	最低可至 4°C	須具 4-40°C 溫控功能	須具 4-40°C 溫控功能
自動進樣裝置進樣體積	0.1-100 μ L	1-10 μ L ⊗	0.01-25 μ L	待補充	進樣體積區間須為 0.1-25 μ L,以應用於廣泛分析服務使用	進樣體積區間須為 0.1-25 μ L
樣品盤	有 2 盤 · 盤可放 48 個 1.5mL 樣品瓶 · 共 96 個	有 2 盤 · 一盤可放 54 個 1.5mL 樣品瓶 · 共 96 個 ⊗	有 4 盤 · 一盤可放 54 個 1.5mL 樣品瓶 · 共 216 個	可放置 96 個 1.5 mL 樣品瓶(含)以上	須可放置 96 個 1.5 mL vial 瓶以上	須可放置 96 個 1.5 mL vial 瓶以上
管柱控溫裝置	最高可達 90°C	25-60°C	最高可達 80°C	最高溫度可達 60°C (含)以上	最高可達 60°C	最高可達 60°C
進樣模式 (補充規格)	<ul style="list-style-type: none"> ● Direct injection ● Trap-and-elute injection 	<ul style="list-style-type: none"> ● Direct injection ● Trap-and-elute injection 	<ul style="list-style-type: none"> ● Direct injection ● Trap-and-elute injection 	-	須具直接進樣(Direct injection) 或 Trap-and-elute injection 功能或同規	須具直接進樣(Direct injection)或Trap-and-elute injection 功能或同規

蛋白質分析軟體 (補充規格)

	提案書規格		提案老師補充說明	第三次貴備會議決議規格
	Bruker TimsTOF Pro2	Thermo Orbitrap Exploris 480		
1	-	須直接分析傅立葉轉換高解析質譜儀原始數據 (RAW 檔案) 與 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據	數據分析軟體皆須與層析儀、質譜儀皆相同廠牌,以確保分析數據之完整相容性。須可直接分析質譜儀原始數據或 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據	數據分析軟體皆須與層析儀、質譜儀皆相同廠牌,以確保分析數據之完整相容性。須可直接分析質譜儀原始數據或 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據
2	支援 4D-蛋白質體學分析, CCS 的數據分析, 可即時數據搜索, 包括蛋白轉譯後修飾的磷酸化結構	支援來自多種解離技術 (CID、HCD 或 ETD) 的數據分析	須支援數據依賴掃描模式 (DDA) 與非依賴 (DIA) 掃描模式之數據分析	須支援數據依賴掃描模式 (DDA) 與非依賴 (DIA) 掃描模式之數據分析
3	-	須具有內建流程圖的數據分析工作流程, 並可客製化以符合實驗設計的工作流程	須具內建流程圖的數據分析工作流程, 並可客製化以符合實驗設計的工作流程	須具內建流程圖的數據分析工作流程, 並可客製化以符合實驗設計的工作流程
4	即時資料庫搜尋和智慧擷取, 打破資料分析瓶頸, 通過整合線上瀏覽, 可以直接查看數據的複雜細節, 從高級實驗資訊到感興趣的特定碎片離子層析圖譜	須具備 INFERYSTM Rescoring 與 CHIMERYS 智能搜索功能	須具內建智能搜索功能, 於此軟體同一介面內即可呈現完整結果	須具內建智能搜索功能, 於此軟體同一介面內即可呈現完整結果

生物製藥應用分析軟體 (補充規格)

	提案書規格	提案老師補充說明	第三次貴儀會議決議規格
1	-	須具備完整分子量(intact protein)計算、胜肽比對(peptide mapping) 包含醣資訊鑑定、與寡核苷酸(Oligonucleotide)分析之功能	須具備完整分子量(intact protein)計算、胜肽比對(peptide mapping) 包含醣資訊鑑定、與寡核苷酸(Oligonucleotide)分析之功能

儀器與分析軟體控制電腦 (補充規格)

	提案書規格		提案老師補充說明	第三次貴會議決議規格
	Bruker TimsTOF Pro2	Thermo Orbitrap Exploris 480		
1	-	須裝置可控制質譜儀與層析系統之操作軟體，且軟體與儀器皆為同一廠牌	電腦系統兩套，一套用於控制與操作層析儀與高解析串聯質譜儀，一套用於數據分析	電腦系統兩套，一套用於控制與操作層析儀與高解析串聯質譜儀，一套用於數據分析
2	-	作業系統須為 Windows 10 英文版本	作業系統須為 Windows 10 pro 以上英文版本	作業系統須為 Windows 10 pro 以上英文版本
3	-	硬體規格應為 Intel Core i7 (含)以上，記憶體 32 GB DDR4(含)以上、硬碟機 512GB SSD 與 1TB HDD、DVD RW 1 組及 23 吋(含)以上螢幕	<ul style="list-style-type: none"> ● 硬體規格操控電腦應為 Intel Core i7(含)以上，記憶體 32 GB DDR5(含)以上，硬碟機 1TB SSD 與 4TB HDD、DVD RW 及 27 吋(含)以上螢幕一組。 ● 數據分析電腦應為 Intel Core i9 (含)以上，記憶體 128 GB DDR4(含)以上、硬碟機 2TB SSD 與 16TB HDD、DVD RW 及 27 吋(含)以上螢幕一組。 	<ul style="list-style-type: none"> ● 硬體規格操控電腦應為 Intel Core i7(含)以上，記憶體 32 GB DDR5(含)以上，硬碟機 1TB SSD 與 4TB HDD、DVD RW 及 27 吋(含)以上螢幕一組。 ● 數據分析電腦應為 Intel Core i9 (含)以上，記憶體 128 GB DDR4(含)以上、硬碟機 2TB SSD 與 16TB HDD、DVD RW 及 27 吋(含)以上螢幕一組。
4	-	-	包含 Microsoft Office 2021 英文軟體兩組	包含 Microsoft Office 2021 英文軟體兩組

不斷電系統 (補充規格)

	提案書規格		提案老師補充說明	第三次貴儀會議決議規格
	Bruker TimsTOF Pro2	Thermo Orbitrap Exploris 480		
1	10 KVA (含) 以上不斷電系統	-	須包含儀器需求之 12KVA(含)以上之不斷電系統一組與配置	須包含儀器需求之 12KVA(含)以上之不斷電系統一組與配置

驗收及保固 (補充規格)

	提案書規格	提案老師補充說明	第三次貴儀會議決議規格
1		須提供儀器原廠規範之安裝測試結果報告,及儀器操作手冊各壹份	技術文件 (於驗收時提出): 中文或英文使用操作說明書·裝機測試報告
2		須提供至少兩位原廠認證工程師質譜儀訓練證書	投標廠商須提供至少兩位經原廠受訓合格·取得相同機型之受訓證明之維修工程師·或具有維持本儀器能力之證明
3		教育訓練須提供課程講義並至少 24 小時課程與檢附簽到表	新機安裝教育訓練須提供課程講義並至少 24 小時課程與檢附簽到表·內容包含樣品前處理·儀器操作·數據分析·基本儀器維護及錯誤排除等; 於第二年保固期間另提供 8 小時現場正式教學課程乙次
4		儀器出廠年份須於決標日期起算一年內之新機	為確保品質·廠商履約所供應或完成之標的應以新品交貨(請於驗收時檢附原廠出廠證明)·不得以展示品或整修品或拼裝機交貨·儀器出廠年份須於決標日期起算一年內之新機
5		須提供新機保固之一年保固之外,並延長層析質譜儀之全責型全機保固一年,保固期共計二年,保固期內每年提供二次保養服務	全機含有二年全責型保固·保固期間內含有每年二次保養
6		-	配合請購單位需求進行全校性質公開演講每學年至少二次 (包含英文與中文各一次)·須提供講義·包含儀器原理及大分子軟體教學
9		-	廠商應提供可校驗之標準品·以測試儀器功能
11		-	於保固期內·如遇儀器無法正常運作 (包含與其連線之電腦軟硬體維修) 需廠商維修時·最遲於三個工作日內·派遣工程師至本校請購單位指定維護地點進行修護



臺北醫學大學採購規格書

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀

項次	採購規格 / 勞務工作規範 ※請參酌『資格及規格訂定注意事項』，並依採購個案實際需求訂定	數量	單位
1	<p>質譜儀系統所含組件功能規格如下：</p> <p>一、離子源：</p> <ol style="list-style-type: none"> 須具加熱式且溫度可達 500°C 或以上之電噴灑離子源，與可控溫式奈米微流電噴灑離子源各一組。 須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能。 <p>二、質量分析器：</p> <ol style="list-style-type: none"> 須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道阱，或飛行時間式質量分析器質譜儀。 其相關解析度如下： <ol style="list-style-type: none"> 傅立葉轉換電場軌道阱質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，傅立葉轉換電場軌道阱須達到 400,000 (含) 或以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定胜肽定量解析。 飛行時間式質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，須為 200,000 (含) 或以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定胜肽定量解析。 四極桿質量選擇器範圍須可達 1,200 Da。 質量分析器質量掃描範圍須為達 m/z 6,000 (含) 或以上。 須具備具備離子傳輸元件。 須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計。 須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度。 質量準確度 (Mass Accuracy) 須達質量外校誤差 (external error) < 3 ppm，質量內校誤差 (internal error) < 1 ppm。 掃描速度須達 40Hz (含) 或以上。 碰撞室：須具碰撞誘導解離 (CID)，或是高能量碰撞誘導解離 (HCD) 之碎裂方法。 靈敏度需達以 MS/MS 模式下以管柱進樣 100 fg reserpine 標準溶液，可測得訊號雜訊比 (signal to noise ratio, S/N) 達 100:1。 	1	套
2	<p>奈米微流液相層析系統所含組件功能規格如下：</p> <p>一、奈米微流速溶媒梯度幫浦：</p> <ol style="list-style-type: none"> 流速範圍可設定 1 nL/min–100 μL/min 區間。 系統壓力最高可達 1000bar (含) 以上。 <p>二、自動進樣裝置：</p> <ol style="list-style-type: none"> 進樣體積區間為 0.1–25 μL。 具備 4–40 °C 溫控功能。 須具直接進樣 (Direct injection) 或 Trap-and-elute injection 功能或同規。 須可放置 96 個 1.5 mL vial 瓶以上 <p>三、管柱控溫裝置溫控範圍：最高可達 60°C。</p>	1	套

3	<p>數據分析系統所含組件功能規格如下:</p> <p>一、蛋白質數據分析軟體：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 數據分析軟體皆須與層析儀、質譜儀皆相同廠牌,以確保分析數據之完整相容性。須可直接分析質譜儀原始數據或 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據。 2. 須支援數據依賴掃描模式(DDA)與非依賴(DIA)掃描模式之數據分析。 3. 須具有內建流程圖的數據分析工作流程，並可客製化以符合實驗設計的工作流程。 4. 須具內建智能搜索功能,於此軟體同一介面內即可呈現完整結果。 	1	套
4	<p>儀器控制與數據分析軟體電腦所含組件功能規格如下:</p> <p>一、控制與操作層析儀與高解析串聯質譜儀控制電腦：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 作業系統須為 Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 硬體規格操控電腦應為 Intel Core i7(含)以上，記憶體 32 GB DDR5(含)以上，硬碟機 1TB SSD 與 4TB HDD、DVD RW 及 27 吋(含)以上螢幕。 3. 包含 Microsoft Office 2021 英文軟體。 <p>二、數據分析軟體電腦：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 作業系統須為 Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 數據分析電腦應為 Intel Core i9 (含)以上，記憶體 128 GB DDR4(含)以上、硬碟機 2TBSSD 與 16TB HDD、DVD RW 及 27 吋(含)以上螢幕。 3. 包含 Microsoft Office 2021 英文軟體。 	1	套
5	<p>可執行實驗要求：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 須可同時應用於蛋白質體非標定胜肽定量方式，例如數據依賴掃描模式 (DDA) 與數據非依賴掃描 (DIA) 模式之定量分析，以及標定胜肽定量方式，含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上，且於定量離子訊號須完整解析，以確定可支援臨床多重樣品定量監測。 2. 須可進行單細胞分析實驗，於 250 pg 膜蛋白或 Hela 樣品進樣，須於 20 分鐘有效梯度分析時間內單次數據結果，透過分析軟體，鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質，並出示軟體報告。 3. 須可於臨床檢體例如 Ig 樣品於小於 1 µg 進樣條件下，經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下，透過分析軟體，鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果，並出示軟體報告。 	1	式
6	<p>其他配件所含組件功能規格如下:</p> <p>一、不斷電系統系統須包含儀器需求之 12KVA (含) 以上之不斷電系統與配置。</p> <p>二、儀器乘載實驗桌至少長 180 公分, 深 100 公分, 高 80 公分以上耐重實驗桌。</p>	1	式



臺北醫學大學採購規格書

7	<p>其他服務:</p> <p>一、全機含有二年全責型保固，保固期間內含有每年二次保養。</p> <p>二、儀器保固及售後服務：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 技術文件 (於驗收時提出)：中文或英文使用操作說明書，裝機測試報告。 2. 投標廠商須提供至少兩位經原廠受訓合格，取得相同機型之受訓證明之維修工程師，或具有維持本儀器能力之證明。 3. 新機安裝教育訓練須提供課程講義並至少 24 小時課程與檢附簽到表，內容包含樣品前處理、儀器操作、數據分析、基本儀器維護及錯誤排除等；於第二年保固期間另提供 8 小時現場正式教學課程乙次。 4. 為確保品質，廠商履約所供應或完成之標的應以新品交貨 (請於驗收時檢附原廠出廠證明)，不得以展示品或整修品或拼裝機交貨，儀器出廠年份須於決標日期起算一年內之新機。 5. 配合請購單位需求進行全校性質公開演講每學年至少二次 (包含英文與中文各一次)，須提供講義，包含儀器原理及大分子軟體教學。 6. 廠商應提供可校驗之標準品，以測試儀器功能。 7. 於保固期內，如遇儀器無法正常運作 (包含與其連線之電腦軟硬體維修) 需廠商維修時，最遲於三個工作日內，派遣工程師至本校請購單位指定維護地點進行修護。 	1	式
<p>一、履約期限：(請務必設定於預算經費核銷期限前，如需較長測試或試用期間，應視狀況將交貨期提前)</p>			
<p>(一) 財物：</p>			
<p><input type="checkbox"/> 廠商應於____年____月____日以前，<input checked="" type="checkbox"/> 其他：決標後 90 天內，將採購標的送達請購單位指定地點，安裝測試完畢，且測試結果符合契約規定；</p>			
<p><input type="checkbox"/> 廠商應於____年____月____日以前將採購標的送達請購單位指定地點，另於貨到後____年____月____日前，<input type="checkbox"/> 經請購單位通知____日內完成安裝測試，且測試結果符合契約規定。</p>			
<p>(二) 勞務：<input type="checkbox"/> 廠商應於____年____月____日以前，<input type="checkbox"/> ____年____月____日至____年____月____日，<input type="checkbox"/> 其他：____，完成履行採購標的之供應。</p>			
<p>※以上計算方式：<input checked="" type="checkbox"/> 以日曆天計，星期例假日、國定假日或其他休息日計入。<input type="checkbox"/> 以工作天計。</p>			
<p>二、保固期限：<input checked="" type="checkbox"/> 提供保固，自驗收合格之日起，保固 2 年，<input type="checkbox"/> 其他：____，<input type="checkbox"/> 不須提供保固。</p>			
<p>三、後續擴充：<input checked="" type="checkbox"/> 無。<input type="checkbox"/> 後續擴充(請敘明擴充期間、金額或數量，採購金額須含後續擴充項目所需金額)：</p>			
請購單位：共儀中心	請購人：莊詠甯	聯絡人/電話：莊詠甯/2705	

※資格及規格訂定注意事項：(免附於採購規格書中)

1. 政府採購法有關規格之規定：

- (1)第 6 條：機關辦理採購，應以維護公共利益及公平合理為原則，對廠商不得為無正當理由之差別待遇。
- (2)第 26 條：機關辦理公告金額以上之採購，應依功能或效益訂定招標文件。其有國際標準或國家標準者，應從其規定。
機關所擬定、採用或適用之技術規格，其所標示之擬採購產品或服務之特性，諸如品質、性能、安全、尺寸、符號、術語、包裝、標誌及標示或生產程序、方法及評估之程序，在目的及效果上均不得限制競爭。
招標文件不得要求或提及特定之商標或商名、專利、設計或型式、特定來源地、生產者或供應者。但無法以精確之方式說明招標要求，而已在招標文件內註明諸如「或同等品」字樣者，不在此限。
- (3)第 37 條第 1 項：機關訂定前條投標廠商之資格，不得當限制競爭，並以確認廠商具備履行契約所必須之能力者為限。

2. 資格：(詳參「投標廠商資格與特殊採購認定標準」)

- (1)許可業務：如藥品及醫藥器材製造及販賣、保險業、冷凍空調業、電信事業、有線電視系統經營業、電信管制射頻器材製造業及輸入業、保全業、滅火器藥劑更換、廢棄物清除及處理、垃圾清運等。
- (2)與『履約能力』有關之資格：常用者如下：
 - ①廠商具有製造、供應或承做能力之證明：如曾完成與招標標的類似之製造、供應或承做之文件、招標文件規定之樣品、現有或得標後可取得履約所需設備、技術、財力、人力或場所之說明或品質管制能力文件等。
 - ②廠商或其受雇人、從業人員具有專門技能之證明：如政府機關或其授權機構核發之專業、專技或特許證書、執照等。

3. 財物：(買受/租賃)

- (1)機器設備放置場所環境條件是否已完備，如供(排)水、電力、空調或其他特殊實驗設備(如負壓、防震、噪音及無塵室)等，請妥善規劃履約期程，避免因環境條件未完成致機器設備無法安裝及驗收。
- (2)尺寸之訂定，請明訂容許差異，以免涉及特定設計或型式、規格、尺寸，造成限定特定廠牌或廠商之狀況。
- (3)各採購標的項目名稱、數量、單位，訂定規格時應擇符合需要之必要項目，不宜超出需求或與需求無關，亦不宜逕抄錄特定廠牌之規格資料。
- (4)得提及特定之廠牌型號時機：
 - ①僅特定之廠牌型號符合採購需求，且依限制性招標申請經核可後。
 - ②採公開招標辦理之採購案，如規格無國際標準或國家標準，確實無法以精確之方式說明招標要求，而須於招標文件要求或提及特定之廠牌(僅供廠商參考，不得要求廠商必須採用)時，應於廠牌型號後加註「或同等品」字樣。所列廠牌目前均有製造、供應，容易取得，價格合理，能確保採購品質，且無代理商、經銷商有公平交易法所稱之獨占或聯合行為之情事。所列廠牌之價格、功能、效益、標準及特性，均屬相當。

※請務必於招標前確認同等品審查之標準，以免產生爭議。

【範例】

(1) 機器設備規格：

- 如有尺寸規範，請填寫容許誤差範圍(如： $\pm 5\text{mm}$)
- 如需與現有設備整合，請敘明現有設備廠牌型號
- 功能/性能：如精準度達 00%以上(或介於 00~00 數值之間)，並詳列檢測方式(如有國家檢測方法/標準得免)。

臺北醫學大學採購規格書

-測試/驗收條件：如可達 0.00ppm/0.00 轉速、應檢附證明文件（如：經濟部標準檢驗局所核發「商品驗證登錄證書」或「商品型式認可證明書」等）

-單位數量：0 台/0 套/0 組/0 個/0 批

(2) 資料庫規格：

-提供 00 (線上) 資料庫，含使用對象(人數限制)、範圍、期限。

4. 勞務：

(1) 民法上之委任或僱庸（人力派遣）：如清潔、清運(運送)、保養維護、問卷調查、定序服務、專利申請、保險、書籍/刊物之排版印製、警衛保全、活動場地布置、研討會餐會住宿服務、交通運輸服務（機票）、網頁/資訊管理系統建置、諮詢服務，以及其他專業、技術或資訊服務等。

(2) 請敘明施作範圍/對象、施作時間、施作次數(份數)。

(3) 如分階段執行需提供期初、期中及成果報告者，請預留本校審查時程。

(4) 驗收：廠商應提具之文件，如施作(維護)紀錄等。

(5) 辦理資訊應用系統委外開發或維護：應依「臺北醫學大學資訊委外管理辦法」規定辦理。

5. 採購項目及規格儘可能以中文敘明，俾憑審標及驗收。

6. 履約期限：請考量運送、安裝、施工、測試、國定例假日等時程，且多數廠商均可履約交貨時間，以訂定合理之期限，以免流標或有違採購法公平合理原則。

7. 驗收：應載明檢測標準(/測試方式)及驗收時應備文件。

8. 教育訓練：如須要求廠商提供教育訓練，請載明訓練時數(或次數)。

9. 軟體：採購項目如包含軟體，請載明軟體授權期限及驗收方式(如：交付光碟/授權序號等)。

10. 智慧財產權：廠商履約結果如涉及智慧財產權（包含專利權、商標權、著作權、積體電路電路布局權、營業秘密、植物品種權等）者，請載明智慧財產權之歸屬及權利範圍。

11. 個資保密：採購標的內容或範圍如涉及個資保密部分，請載明廠商應負保密之責或提供保密切結書。

12. 罰則：除逾期違約金之訂定，如視個案履約管理需要另訂懲罰性違約金。

13. 保險：

(1) 勞務：

-以廠商為被保險人，應敘明保險期間，有延期或遲延履約者，保險期間比照順延。

-如有派駐於本校執行業務者，建議應請廠商應投保雇主意外責任險。

如：雇主意外責任險：每一個人身體傷亡保險金額至少為新台幣（下同）300 萬元、每一意外事故體傷或死亡保險金額至少為 1,500 萬元、保險期間內最高責任限額至少為 3,000 萬元、每一事故自負額 0000 元、附加條款 00000000。

(2) 財物：

-以機關及廠商為共同被保險人，受益人為本校。

-如有要求廠商投保第三人意外責任險，應載明每一個人體傷或死亡之保險金額下限，每一事故體傷或死亡之保險金額下限，每一事故財物損害之保險金額下限，上述理賠合併單一事件之保險金額下限與保險期間最高累積責任上限。應含廠商、分包廠商、本校及其他任何人員，並包括鄰近財物險。

14. 經費來源：請務必先向財務室釐清、確認經費來源是否得採購本規格書內各項標的(財物、勞務、耗材、保固)，以免無法核銷。



臺北醫學大學

一一二學年度第三次研發處貴重儀器評估小組會議簽到單

日期：113年3月18日
 時間：10：00-12：00
 地點：醫學綜合大樓前棟4樓會議室
 主席：劉景平研發長

出席委員		簽到
職稱	姓名	姓名
研發長	劉景平	劉景平
主任秘書	吳逸文	吳逸文
環安長	施純明	請假
副研發長	簡銘賢	簡銘賢
副研發長	王皓青	王皓青
院長	陳怡樺(葉志清 代/線上)	
主任	陳志華(線上)	
所長	曾靖嫻(線上)	
教授	邱惠雯(線上)	
副主任	蕭哲志	蕭哲志
副教授	洪千岱(線上)	
主任	韓嘉莉	韓嘉莉
副院長	莊健盈	莊健盈



臺北醫學大學

一一二學年度第三次研發處貴重儀器評估小組會議簽到單

日期：113年3月18日
 時間：10:00-12:00
 地點：醫學綜合大樓前棟4樓會議室
 主席：劉景平研發長

出席人員		簽到
職稱	姓名	姓名
主任	鄭彩梅(洪千岱 代/線上)	
主任	翁浩睿(線上)	
主任	李啟鳴	
副主任	張碧娟	
技佐	劉俊志	
辦事員	陳思芸	
辦事員	莊詠甯	

應到：13 人；實到：12 人

請假：1 人；出席率：. %

(出席率僅計算出席委員出席率)

(線上參與之委員將會以線上簽到方式列於附件)

名字	姓氏	電子郵件	時間長度	加入時間	離開時間
葉志清		ccyeh@tmu.edu.tw	1 小時 15 分鐘	上午9:54	上午11:10
Chih-Hwa	Chen	chih*****@***.com	1 小時 11 分鐘	上午9:59	上午11:10
Ching	Li	chingli@tmu.edu.tw	1 小時 5 分鐘	上午10:04	上午11:09
李家儀 (洪千岱、邱惠雯、翁浩睿)	研究部	1659*@***.tw	1 小時 21 分鐘	上午9:50	上午11:11
健盈 Jian-Ying Chuang	莊	chuangcy@tmu.edu.tw	1 小時 8 分鐘	上午10:02	上午11:10
專任主治醫師	鄭彩梅	1104*@***.tw	1 小時 15 分鐘	上午9:59	上午11:14

檔 號：113/
保存年限：
電子簽核 結案日期：113年04月08日

收發文號：
收發日期：
創稿文號：1132101115



簽 於 研究推動中心 日期：中華民國113年04月02日

附 件：(5件) 1132101115_1_112學年度第六次研究發展會議記錄_臨時線上會議.pdf
(附件1)
1132101115_2_附件1_112學年度第1次研發處貴重儀器評估小組會議記錄_定稿.pdf (附件2)
1132101115_3_附件2_112學年度第2次研發處貴重儀器評估小組會議記錄_定稿.pdf (附件3)
1132101115_4_附件3_112學年度第3次研發處貴重儀器評估小組會議記錄_定稿.pdf (附件4)
1132101115_5_附件4_奈米微流液相層析高解析質譜儀之中文規格書.pdf
(附件5)

主旨：謹陳臺北醫學大學112學年度第六次研發會議紀錄(臨時線上會議)，敬請鑒核。

說明：奉核後，擬存查。

創稿文號：1132101115

公文簽核流程表

項次	簽核名單	代理/加簽	簽核單位	簽收時間	核稿時間	狀態
1	陳妍伶事務員		研究推動中心		113-04-02 15:52	創文
2	李美萱主任	[童雅婷專員代理]	研究推動中心	113-04-02 16:06	113-04-02 16:08	串簽
鑑請 鈞長核示。						
3	王皓青副研發長		研究發展處	113-04-02 20:59	113-04-02 20:59	串簽
擬如擬						
4	劉景平研發長		研究發展處	113-04-03 08:45	113-04-03 08:45	串簽
5	秘書處單位		秘書處	113-04-03 13:16	113-04-03 13:24	串簽
6	吳逸文主任秘書	[秘書處加簽]	秘書處	113-04-03 13:32	113-04-03 20:47	串簽
陳請鑒核。						
7	李岡遠副校長	[秘書處加簽]	副校長室	113-04-04 16:22	113-04-04 16:23	串簽
陳請鑒核。						
8	吳麥斯校長	[秘書處加簽]	校長室	113-04-08 11:00	113-04-08 11:01	決行

如擬

9	陳妍伶事務員		研究推動中心	113-04-08 11:36		擲回
---	--------	--	--------	-----------------	--	----



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度第六次研究發展會議(臨時)

會議次別

113.03.28

時間：113年3月28日(星期四)

地點：線上會議

主席：劉景平研發長

出席：(敬略職稱)

吳麥斯、李岡遠、洪冠予、張淑英、施俊明、劉燦宏、程毅君、何弘能、蔣永孝、許永和
郭漢彬、鄭信忠、張偉嶠、蔡佩珊、陳怡樺、潘秀玲、楊政達、郭乃文、康峻宏、謝榮鴻
張佳琪、黃俊仁、蕭育仁、曾頌惠、楊正昌、許明暉、簡銘賢、王皓青、方旭彬、李美萱
李啟鳴、張薰文

壹、主席致詞(略)

貳、提案討論

議案一：覆核 113 年度共儀中心貴重儀器採購排序及規格式案。

說明：

1. 依臺北醫學大學貴重儀器管理辦法第3條第2項規定：「貴重儀器採購項目及規格應由儀器評估小組作成建議後，送研究發展會議決議通過，呈請校長核可後，依本校採購相關辦法採購」辦理。
2. 113 年度貴重儀器採購，提案徵求共計 13 案。經 112.11.27、113.1.25 及 113.3.18 貴重儀器評估小組會議決議(附件一、附件二及附件三)，113 年度貴重儀器優先採購「奈米微流液相層析高解析質譜儀」，規格請詳見附件四。

提案儀器	功能簡介	經費 (萬元)	規格 (附件)
奈米微流液相層析高解析質譜儀	針對大分子實驗之串聯式液相層析高解析質譜儀	2350	四

決議：照案通過。

參、臨時動議：無。



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第一次會議

時間：112年11月27日(週一) 14:00

地點：醫學綜合大樓前棟3樓第一會議室

主席：劉景平研發長

記錄：洪芸熙

出席：(敬略職稱)

吳逸文、施純明、莊健盈、簡銘賢、曾靖嫻、韓嘉莉、王皓青、邱惠雯、蕭哲志。

列席：(敬略職稱)

鄭彩梅、王淑慧、劉俊志、翁浩睿、呂岳霖、張碧娟、洪芸熙、莊詠甯、李啟鳴。

請假：(敬略職稱)

陳志華、陳怡樺、洪千岱。

出席率：69.2%(出席委員應到13人/實際出席9人)

壹、主席致詞

今年貴重儀器採購提案共13案，是共儀中心有始以來最多提案的一年，根據提案者提出採購儀器所需要放置的位置，其中8案的提案者希望未來將放置在信義校區，另有5案的提案者希望未來將放置在雙和校區，請各位委員依照學校研究發展使用需求去做評估討論，以及未來是否需要建置。

貳、報告事項

一、一一二學年度教育部獎補助款貴重儀器採購提案

1. 本次貴重儀器提案徵求共計13案：

- (1) 高效陰離子交換層析脈衝安培流檢測(提案人:謝尚逸老師)
- (2) 人工智慧基礎架構通用系統(提案人:李友專老師)
- (3) 微流體奈米藥物製備系統(提案人:吳思翰老師)
- (4) 全自動高通量外泌體螢光定量分析儀(提案人:白台瑞老師)
- (5) 次世代高速細胞光譜分析儀(提案人:高淑慧老師)
- (6) 自動化多功能細胞成像系統(提案人:翁培鈞老師)
- (7) 冷場發射掃描式3D重構電子顯微鏡暨能量散佈分析儀器(提案人:郭聰榮老師)
- (8) 模組化智慧型高級流變儀(提案人:謝堅銘老師)
- (9) 高通量單細胞外泌性蛋白智能辨識分析儀(提案人:林秋烽老師)
- (10) 氣相層析質譜儀之熱裂解系統(提案人:蕭伊倫老師)
- (11) 奈米微流液相層析電場軌道阱質譜以及液相層析串聯四極桿飛



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第一次會議

行式質譜儀(提案人:蔡伊琳老師及韓嘉莉老師)

(12)3D 生物列印機(提案人:曾靖嫻老師)

(13)高通量細胞電位脈絡分析儀暨光刺激系統(提案人:楊自森老師)

說明:(略)

參、討論事項

一、一一二年度貴重儀器採購評估

討論重點:

1. 高效陰離子交換層析脈衝安培流檢測:
 - (1) 需先評估對研究者有多少幫助,或是預計有多少人會使用。
 - (2) 此儀器可提供快速的醣分子組成和結構分析,也可增購純化系統,可供研發與應用的醣分子,提供小量供應的均相醣分子標準品,為未來醣分子的研究帶來很大的幫助,應會有許多使用者。
2. 人工智慧基礎架構通用系統:
 - (1) 目前的已知使用者有數據處、醫學科技學院、管理學院和醫學工程學院。
 - (2) 若採購此儀器對於協助發展北醫大 AI 研究與自然語言處理技術,衍伸相關技術提供醫學研究學術研發及健康產業發展解決方案有很大的幫助,也可加速北醫師生智慧醫療產品研發並推動北醫校院數位轉型。
3. 微流體奈米藥物製備系統:
 - (1) 需使用微流道晶片耗材。
 - (2) 在基因治療、免疫療法、細胞內傳遞、個體化治療、新興疾病研究和藥物遞送生物學等領域發揮重要作用,對藥學院和研究人員在改善疾病治療和藥物遞送的效率和效果會有很大的助益。
4. 全自動高通量外泌體螢光定量分析儀:
 - (1) 透過外泌性蛋白相關檢測,可讓研究人員在多個免疫相關領域了解並獲取有意義的相關資訊,從而讓學術研究和臨床疾病治療有機會接軌,此儀器可作為居中輔助最佳工具,讓基礎或臨床研究甚至是疫苗開發等產業實務應用上都有很大的幫助。
 - (2) 目前校內和校外皆無類似的儀器可作為替代方案,僅有校內的超高速離心機 + NTA or SEM + TEM 可作為折衷方案。
5. 次世代高速細胞光譜分析儀:
 - (1) 北醫大信義校區的流式細胞儀-4 與此機款相同,但雷射配置為



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第一次會議

488 nm 和 638 nm 雷射，此儀器需求為 405 nm 與 488 nm 雷射，現有儀器可額外升級 405 nm 雷射。雙和校區的全光譜即時影像流式細胞分選儀有完整配備 349 nm、405 nm、488 nm、561 nm 與 637 nm 雷射，目前校內服務能量充足。

(2) 提供標準化模式，能校正全光譜偵測器的靈敏度，確保不同時間、不同儀器之間獲得數據的一致性，有利於校區轉移前後 / 跨校區合作 / 產學合作的實驗一致性，對於本校信義和雙和跨校區是很好的選擇。

6. 自動化多功能細胞成像系統：

(1) 目前校內有四台皆為倒立顯微鏡，信義校區的兩台為超解析白光共軛焦即時影像平台和類流式固態組織細胞儀，雙和校區有兩台為雷射共軛焦顯微鏡和高階螢光顯微鏡，可以達到類似效果。

(2) 具有簡易操作的特性，可使實驗者快速上手，並附有多功能顯微鏡，可適用多種樣本，另外整合性設計能節省共用空間，對使用者操作和空間建置上都是不錯的選擇。

7. 冷場發射掃描式 3D 重構電子顯微鏡暨能量散佈分析儀器：

(1) 此儀器為新機種，卓越的低電壓成像可獲得更多表面細節，且減少荷電和對樣品損傷，也是唯一適合磁性樣品的複合透鏡。

(2) 可應用於高解析度成像的超大視野，為最多功能用途的掃描式電子顯微鏡。

8. 模組化智慧型高級流變儀：

(1) 此儀器為新機種，採模塊化設計、針對不同應用具有多種配件、治具可供選擇，可依不同研究領域之實驗條件搭配，進行測試，在研究領域上能提供相當大的助益。

(2) 目前共儀雙和校區有智慧型高級流變儀可替代，但無 DMA 功能，校外目前也無公開可做 DMA 之流變儀提供相關服務。

9. 高通量單細胞外泌性蛋白智能辨識分析儀：

(1) 目前北醫大校內無類似儀器，與流式細胞分析儀 (Flow Cytometry) 相比，此儀器檢測稀有細胞的靈敏度高出許多 order，特別對於檢測 T 細胞與 B 細胞。

(2) 具有 BioSpot 的分析功能，可針對病毒斑或細菌菌落等樣本進行計數分析。

(3) 針對可見光樣本可進行單色或雙色斑點影像分析；針對螢光樣本



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第一次會議

可進行最多五色之斑點影像分析，並可以提供各種不同的數據格式，包括斑點計數前後影像、每個小孔中的斑點數目、斑點呈色強度、斑點於微孔內之覆蓋面積等相關數據。

- (4) 利用可見光的 ELISPOT 雙色分析和螢光系統的多色 FluoroSpot 分析平台，可協助研究人員利用最靈敏的外泌性蛋白檢測方法同時檢測多種目標蛋白，讓研究內容更加完整。有助於免疫功能探討、癌症研究、細胞治療或是疫苗開發等研究領域。

10. 氣相層析質譜儀之熱裂解系統：

- (1) 由於 GC-MS 儀器有兩套注射系統，因此增設熱裂解儀不會影響一般使用者的使用，更可增加儀器的使用率。
- (2) 校內需求學院有營養學院、醫學院、公衛學院、醫工學院，目前北醫大校內無類似儀器，僅能至校外鄰近單位使用，如國立臺北科技大學、國立陽明交通大學、台塑檢驗技術服務平台等。

11. 奈米微流液相層析電場軌道阱質譜以及液相層析串聯四極桿飛行式質譜儀：

- (1) 現今校內液相層析-高解析質譜儀機齡大於 10 年，靈敏度與掃描速度不足，部分零件停產，且同時負擔代謝體與蛋白質體等小分子、生物分子分析，需進行液相層析系統切換與承擔游離源高汙染風險，實際測試無法進行深度蛋白質體分析也無法進行高通量分析。
- (2) 目前在信義校區已具有高解析質譜儀 Qtof SYNAP-G2 將於 2023 年後停產零件，2026 年後停止維修服務。

12. 3D 生物列印機：

- (1) 此儀器可增強細胞活力、增殖、分化、組織重塑，且兼顧動物倫理、減少成本、突破實驗框架，若採購此儀器於動物實驗中心將對使用者有很大的幫助。
- (2) 在心血管和眼科的應用上將有很大的助益。

13. 高通量細胞電位脈絡分析儀暨光刺激系統：

- (1) 目前校內並無類似的儀器，校外僅有長庚大學生物醫學系和三軍總醫院有此儀器，但均無對外開放。
- (2) 此儀器操作簡單可降低學習門檻並對多種細胞類型提供建議的培養方法，能有效縮短測試時間。
- (3) 此儀器運用電生理分析透過偵測神經細胞和心肌細胞的自發性電



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第一次會議

訊號，來了解細胞功能與活性，最貼近真實的生理現象。傳統透過 Patch Clamp 的偵測方法，雖然解析度高但通量低，並且操作難度高，大幅提高了電生理研究領域的進入門檻。

(4) 在心肌電生理應用上可作為藥物篩選平台，加速藥物評估與開發，在神經電生理應用上能對疾病模式探討，尋找致病機轉與治療目標，在光刺激系統方面也可做光遺傳學應用。

14. 經委員討論後，奈米微流液相層析電場軌道阱質譜及液相層析串聯四極桿飛行式質譜儀對未來使用率和應用的重要性相當高，惟須考量經費與價格部份，並由委員進行不記名排序(如附件 1)，根據計算後加總分數之排序結果為：

- (1) 奈米微流液相層析系統與四級桿串聯傅立葉轉換電場軌道阱質譜儀系統(33 分)
- (2) 冷場發射掃描式 3D 重構電子顯微鏡暨能量散佈分析儀器(40 分)
- (3) 高通量單細胞外泌性蛋白智能辨識分析儀(64 分)
- (4) 全自動高通量外泌體螢光定量分析(66 分)
- 3D 生物列印機(66 分)
- (5) 高效陰離子交換層析脈衝安培流檢測(70 分)
- (6) 微流體奈米藥物製備系統(71 分)
- (7) 人工智慧基礎架構通用系統(74 分)
- (8) 氣相層析質譜儀之熱裂解系統(94 分)
- (9) 模組化智慧型高級流變儀(99 分)
- (10) 高通量細胞電位脈絡分析儀暨光刺激系統(101 分)
- (11) 次世代高速細胞光譜分析儀(109 分)
- (12) 自動化多功能細胞成像系統(114 分)

決議：

- 一、 加總分數越低者，排名越前面。
- 二、 排名前三名者，進行規格與校內使用團隊調查。
- 三、 排名未於前三名者，暫不列入未來討論。
- 四、 共儀儀器汰舊換新評估與雙和共儀雷射共軛焦顯微鏡運作討論部分於下次會議中提出規畫建議。

肆、 臨時動議(無)



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱	112學年度研發處貴重儀器評估小組會議	會議次別	第一次會議
------	---------------------	------	-------

伍、 結束時間 (16:50)

附件:

- [附件1] 一一二年度貴重儀器採購推薦度不記名排序結果



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第二次會議

時間：113年1月25日(週四) 10:00

地點：醫學綜合大樓前棟3樓第一會議室

主席：劉景平研發長

記錄：陳思芸

出席：(敬略職稱)

簡銘賢、王皓青、吳逸文、施純明、莊健盈(李宜釗代)、曾靖嬋、韓嘉莉、邱惠雯、蕭哲志、陳志華(洪千岱代)、洪千岱。

列席：(敬略職稱)

鄭彩梅(蘇博玄代)、翁浩睿(洪千岱代)、李啟鳴、王淑慧、劉俊志、呂岳霖、張碧娟、陳思芸、莊詠甯。

請假：(敬略職稱)

陳怡樺。

出席率：84.6%(出席委員應到13人/實際出席11人)

壹、主席致詞

感謝各位委員的參加!貴儀的採購預算來源是獎補助款，在規格的訂定上需要有具體的是由。請各位委員以公開招標為原則參考預算，依照提案需求，以及符合大眾使用需求為主來定規格，謝謝大家!

貳、報告事項

一、一一二學年度教育部獎補助款貴重儀器採購提案

1. 提案機器之比較說明

(1) FAIMS Pro interface + Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 (OE480 or OT)

(2) FAIMS Pro interface + Thermo Scientific™ Orbitrap Astral™ (AST)

(3) Bruker timsTOF HT

2. 比較 Orbitrap analyzer in both OE480 & Astral 及 Astral analyzer in Astral 之各項功能。

3. 比較各機器在 DIA 掃描模式下，不同質譜掃描的設定及其數據。包含完整蛋白質、醣化分析及醣胜肽分析。

4. 比較兩家廠商對於不同儀器的分析、專業度、溝通能力。

二、共儀報告

1. 報告共儀老舊儀器狀況供委員參考，若有需求可在明年度提案提出。

(1) ESR：機型、運作系統老舊，目前使用率低。

(2) 500MHz NMR：



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第二次會議

①使用需求高，且若是有損壞不一定能維修。

②雖 600MHz NMR 可替代，但由於使用需求量較多，可能無法負擔現有需求。

(3) ToF-SIMS：

①台灣只有三台，唯一做生醫服務之儀器，可配合產學合作。

②廠商可提供原價 4800 萬打 6 折之 2880 萬的最新機型提案。

③將於 2025/3 End of support。

(4) SEM：

①目前在解析度上有侷限，今年之提案有其未來發展的可能性。

②今年度廠商可以提供優惠至 1500 萬，但由於預算不足，今年無法購入。明年若有提案需求，會再和廠商接洽並爭取折扣。

三、雙和共儀報告

1. 112 學年度儀器設備及升級更新項目

(1) 流式細胞分析儀電腦更新。

(2) 奈米粒子追蹤分析系統更新。

(3) 高階螢光顯微鏡物鏡更新。

2. 113 學年度預計儀器設備升級更新項目

(1) 雷射共軛焦顯微鏡的汰舊換新。

(2) UPLC 液相層析儀新增與 Q-TOF 串聯使用。

3. 預算來源

(1) 共軛焦雷射螢光顯微鏡

①雙和醫院 112 學年度展延預算 500 萬。

②雙和醫院 113 學年度預算編列約 700 萬。

(2) UPLC 液相層析儀

①雙和醫院 113 學年度預算編列約 350 萬。

參、討論事項

一、由於經費考量，於 112 學年度第一次貴重儀器採購評估小組會議決議排序第二之儀器「冷場發射掃描式 3D 重構電子顯微鏡暨能量散佈分析儀器」，暫不予以討論規格及請購名稱。

二、討論此次採購儀器「奈米微流液相層析系統與四級桿串聯傅立葉轉換電廠軌道阱質譜儀系統」之規格。

1. 規格建議

(1) 解析度：m/z200 時可達 12 萬以上。解析度越高，能看到其定出來的



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第二次會議

質量越準確，準確度越高則更利於鑑定。須適用之實驗待韓嘉莉委員提供給共儀中心。

- (2) 掃描範圍：m/z 6000 以上。
- (3) 建議大分子與小分子由不同儀器進行分析，但由於今年度經費考量，並未要購入 UPLC，因此討論 NanoLC 之規格。
 - ① 幫浦流速範圍待韓嘉莉委員提供給共儀中心。
 - ② 自動進樣裝置進樣體積：0.5-20 μ L。
 - ③ 因樣品須放在低溫環境中，因此相較於溫度範圍，低溫可控溫之技術較為重要。
 - ④ 幫浦系統壓力：最高可達 1000 bar (含)以上。
 - ⑤ 樣品盤：可放置 96 個 1.5mL 樣品瓶(含)以上。
- (4) 掃描速度：40Hz 以上。掃描速度提高，將有助日後北醫要進行大量臨床實驗。
- (5) 碎裂模式：儀器須具備至少有碰撞誘導解離技術(CID)以上之功能。
- (6) 可在招標檔案中寫上此儀器是何種實驗使用。
- (7) 若往後要再添購 UPLC，會另外需要經費。
- (8) 其餘如附件一。

三、由於共儀中心的 QTOF 儀器老舊，且儀器於今年出現諸多狀況，在服務小分子上有許多問題且有所不足。

四、討論此次採購儀器「奈米微流液相層析系統與四級桿串聯傅立葉轉換電廠軌道阱質譜儀系統」之名稱，採購名稱更改為「奈米微流液相層析高解析質譜儀」。

五、將以提案者韓嘉莉教授與蔡伊琳教授為當然諮詢教授。諮詢教授之個別專長領域細項將公布於共儀網站，以利使用者尋求協助與實驗相關諮詢。

肆、臨時動議

一、洪千岱副教授：往後貴重儀器評估小組會議以遠端會議方式與雙和同步進行。

二、共同儀器中心：為避免採購時程延後，此次會議若順利通過，研發會議以線上方式召開。

伍、結束時間 (11:00)

附件：附件一 (奈米微流液相層析高解析質譜儀之規格)



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第三次會議

時間：113年3月18日(週四) 10:00

地點：醫學綜合大樓前棟4會議室

主席：劉景平研發長

記錄：陳思芸

出席：(敬略職稱)

簡銘賢、王皓青、吳逸文、陳怡樺(葉志清代/線上參與)、莊健盈(線上參與)、曾靖嫻(線上參與)、韓嘉莉、邱惠雯(線上參與)、蕭哲志、陳志華(線上參與)、洪千岱(線上參與)。

列席：(敬略職稱)

鄭彩梅(線上參與)、翁浩睿(線上參與)、李啟鳴、劉俊志、張碧娟、陳思芸、莊詠甯。

請假：(敬略職稱)

施純明。

出席率：92.3%(出席委員應到13人/實際出席12人)

壹、主席致詞

謝謝各位的委員參與。

貳、討論事項

一、一一二學年度教育部獎補助款貴重儀器採購提案

針對規格比較表(附件1)進行逐項討論，並訂立相關規格，整合之正式採購規格表如附件2。

重點討論如下：

1. 質譜儀規格(MS)

(1) 提案老師提出之質量解析度(FWHM)中，該儀器需確定可支援同一實驗內超過10組以上之同位素標定肽定量解析。功能驗收時請由提案老師提供驗收所需樣品，以進行功能性驗收，確保儀器可達到實驗需求。

(2) 碰撞誘導解離為同位素實驗所需之規格，規格建議使用「須具碰撞誘導解離(CID)或是高能量碰撞誘導解離(HCD)之碎裂方法」。

2. 質譜儀補充規格(MS)

3. 奈米微流液相層析儀規格

(1) 目前Q-ToF之大分子實驗是使用NanoLC，小分子實驗是使用UPLC，在切換離子源的過程中，會產生進樣不穩定的狀態而導致實驗重複性不佳。



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第三次會議

(2) 韓嘉莉委員建議大小分子分開，避免儀器因切換離子源造成之不穩定的情況出現，並提出奈米微流液相層析儀之流速須涵蓋 1nL/min-100 μ L/min，也可進行小分子實驗。若是日後有需求，可在不進行切換的情況下進行小分子的實驗。且此奈米微流液相層析儀之幫浦系統壓力夠高，若是日後有需要進行小分子實驗，可以直接接上一般 UPLC 之 column 進樣。

(3) 若本次會議決議儀器經採購通過後，共儀原有之 Q-ToF 的運作，將改採主要以小分子實驗進行，減少因切換離子源而造成的進樣不穩定之問題。

4. 蛋白質分析軟體(細部規格補充)

(1) 蛋白質分析軟體之數據分析軟體需可直接分析質譜儀原始數據，或支援其他廠牌之數據分析。

(2) 此分析軟體已包含於提案規格中。

5. 生物製藥應用分析軟體(此次補充規格，未列於提案申請書)

(1) 由於需進行大分子蛋白質及疫苗開發，廠商須提供生物製藥應用分析軟體。

(2) 此分析軟體未包含於提案規格中，經詢問報價為 90 萬元，惟預算有限，會再向廠商爭取。

6. 儀器與分析軟體控制電腦(細部規格補充)

(1) 由於怕電腦中毒導致儀器損害，提案老師建議將控制電腦分為兩套，一套控制質譜並不提供外部上網功能。若是需要連接外部網域作分析則使用另一套控制分析系統之電腦。

(2) 質譜儀所使用之電腦原廠僅提供統一規格。

7. 不斷電系統(細部規格補充)

(1) 由於目前共儀主要總 UPS 已滿載，新增儀器時建議配一套專屬的不斷電系統，避免斷電而產生之儀器問題。

8. 驗收及保固(細部規格補充)

(1) 若儀器產生無法運作的情況，要求廠商於保固期內，於三個工作天內派遣工程師至本校請購單位指定地點進行維修，避免影響使用者權益。

(2) 會配置一張長 180cm x 深 100cm x 高 80cm 的桌子供放置儀器。

參、臨時動議

肆、結束時間 (11:10)



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱

112學年度研發處貴重儀器評估小組會議

會議次別

第三次會議

附件 1：奈米微流液相層析高解析質譜儀之規格比較表。

附件 2：奈米微流液相層析高解析質譜儀中文採購規格書。

臺北醫學大學採購規格書

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀

項次	採購規格 / 勞務工作規範 ※請參酌『資格及規格訂定注意事項』，並依採購個案實際需求訂定	數量	單位
1	<p>質譜儀系統所含組件功能規格如下：</p> <p>一、離子源：</p> <ol style="list-style-type: none"> 須具加熱式且溫度可達 500°C或以上之電噴灑離子源，與可控溫式奈米微流電噴灑離子源各一組。 須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能。 <p>二、質量分析器：</p> <ol style="list-style-type: none"> 須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道阱，或飛行時間式質量分析器質譜儀。 其相關解析度如下： <ol style="list-style-type: none"> 傅立葉轉換電場軌道阱質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，傅立葉轉換電場軌道阱須達到 400,000 (含) 或以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定胜肽定量解析。 飛行時間式質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，須為 200,000 (含) 或以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定胜肽定量解析。 四極桿質量選擇器範圍須可達 1,200 Da。 質量分析器質量掃描範圍須為達 m/z 6,000 (含) 或以上。 須具備具備離子傳輸元件。 須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計。 須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度。 質量準確度 (Mass Accuracy) 須達質量外校誤差 (external error) < 3 ppm，質量內校誤差 (internal error) < 1 ppm。 掃描速度須達 40Hz (含) 或以上。 碰撞室：須具碰撞誘導解離 (CID)，或是高能量碰撞誘導解離 (HCD) 之碎裂方法。 靈敏度需達以 MS/MS 模式下以管柱進樣 100 fg reserpine 標準溶液，可測得訊號雜訊比 (signal to noise ratio, S/N) 達 100:1。 	1	套
2	<p>奈米微流液相層析系統所含組件功能規格如下：</p> <p>一、奈米微流速溶媒梯度幫浦：</p> <ol style="list-style-type: none"> 流速範圍可設定 1 nL/min–100 μL/min 區間。 系統壓力最高可達 1000bar (含) 以上。 <p>二、自動進樣裝置：</p> <ol style="list-style-type: none"> 進樣體積區間為 0.1–25 μL。 具備 4–40 °C 溫控功能。 須具直接進樣 (Direct injection) 或 Trap-and-elute injection 功能或同規。 須可放置 96 個 1.5 mL vial 瓶以上 <p>三、管柱控溫裝置溫控範圍：最高可達 60°C。</p>	1	套

臺北醫學大學採購規格書

3	<p>數據分析系統所含組件功能規格如下:</p> <p>一、蛋白質數據分析軟體：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 數據分析軟體皆須與層析儀、質譜儀皆相同廠牌,以確保分析數據之完整相容性。須可直接分析質譜儀原始數據或 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據。 2. 須支援數據依賴掃描模式(DDA)與非依賴(DIA)掃描模式之數據分析。 3. 須具有內建流程圖的數據分析工作流程,並可客製化以符合實驗設計的工作流程。 4. 須具內建智能搜索功能,於此軟體同一介面內即可呈現完整結果。 	1	套
4	<p>儀器控制與數據分析軟體電腦所含組件功能規格如下:</p> <p>一、控制與操作層析儀與高解析串聯質譜儀控制電腦：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 作業系統須為 Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 硬體規格操控電腦應為 Intel Core i7(含)以上, 記憶體 32 GB DDR5(含)以上, 硬碟機 1TB SSD 與 4TB HDD、DVD RW 及 27 吋(含)以上螢幕。 3. 包含 Microsoft Office 2021 英文軟體。 <p>二、數據分析軟體電腦：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 作業系統須為 Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 數據分析電腦應為 Intel Core i9 (含)以上, 記憶體 128 GB DDR4(含)以上、硬碟機 2TBSSD 與 16TB HDD、DVD RW 及 27 吋(含)以上螢幕。 3. 包含 Microsoft Office 2021 英文軟體。 	1	套
5	<p>可執行實驗要求：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 須可同時應用於蛋白質體非標定胜肽定量方式, 例如數據依賴掃描模式 (DDA) 與數據非依賴掃描 (DIA) 模式之定量分析, 以及標定胜肽定量方式, 含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上, 且於定量離子訊號須完整解析, 以確定可支援臨床多重樣品定量監測。 2. 須可進行單細胞分析實驗, 於 250 pg 膜蛋白或 Hela 樣品進樣, 須於 20 分鐘有效梯度分析時間內單次數據結果, 透過分析軟體, 鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質, 並出示軟體報告。 3. 須可於臨床檢體例如 Ig 樣品於小於 1 μg 進樣條件下, 經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下, 透過分析軟體, 鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果, 並出示軟體報告。 	1	式
6	<p>其他配件所含組件功能規格如下:</p> <p>一、不斷電系統系統須包含儀器需求之 12KVA (含) 以上之不斷電系統與配置。</p> <p>二、儀器乘載實驗桌至少長 180 公分, 深 100 公分, 高 80 公分以上耐重實驗桌。</p>	1	式

臺北醫學大學採購規格書

7	<p>其他服務:</p> <p>一、全機含有二年全責型保固，保固期間內含有每年二次保養。</p> <p>二、儀器保固及售後服務：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 技術文件 (於驗收時提出)：中文或英文使用操作說明書，裝機測試報告。 2. 投標廠商須提供至少兩位經原廠受訓合格，取得相同機型之受訓證明之維修工程師，或具有維持本儀器能力之證明。 3. 新機安裝教育訓練須提供課程講義並至少 24 小時課程與檢附簽到表，內容包含樣品前處理、儀器操作、數據分析、基本儀器維護及錯誤排除等；於第二年保固期間另提供 8 小時現場正式教學課程乙次。 4. 為確保品質，廠商履約所供應或完成之標的應以新品交貨 (請於驗收時檢附原廠出廠證明)，不得以展示品或整修品或拼裝機交貨，儀器出廠年份須於決標日期起算一年內之新機。 5. 配合請購單位需求進行全校性質公開演講每學年至少二次 (包含英文與中文各一次)，須提供講義，包含儀器原理及大分子軟體教學。 6. 廠商應提供可校驗之標準品，以測試儀器功能。 7. 於保固期內，如遇儀器無法正常運作 (包含與其連線之電腦軟硬體維修) 需廠商維修時，最遲於三個工作日內，派遣工程師至本校請購單位指定維護地點進行修護。 	1	式
<p>一、履約期限：(請務必設定於預算經費核銷期限前，如需較長測試或試用期間，應視狀況將交貨期提前)</p>			
<p>(一) 財物：</p>			
<p><input type="checkbox"/> 廠商應於 年 月 日以前，<input checked="" type="checkbox"/> 其他：決標後 90 天內，將採購標的送達請購單位指定地點，安裝測試完畢，且測試結果符合契約規定；</p>			
<p><input type="checkbox"/> 廠商應於 年 月 日以前將採購標的送達請購單位指定地點，另於貨到後 年 月 日前，<input type="checkbox"/> 經請購單位通知 日內完成安裝測試，且測試結果符合契約規定。</p>			
<p>(二) 勞務：<input type="checkbox"/> 廠商應於 年 月 日以前，<input type="checkbox"/> 年 月 日至 年 月 日，<input type="checkbox"/> 其他：，完成履行採購標的之供應。</p>			
<p>※以上計算方式：<input checked="" type="checkbox"/> 以日曆天計，星期例假日、國定假日或其他休息日計入。 <input type="checkbox"/> 以工作天計。</p>			
<p>二、保固期限：<input checked="" type="checkbox"/> 提供保固，自驗收合格之日起，保固 2 年，<input type="checkbox"/> 其他：，<input type="checkbox"/> 不須提供保固。</p>			
<p>三、後續擴充：<input checked="" type="checkbox"/> 無。<input type="checkbox"/> 後續擴充(請敘明擴充期間、金額或數量，採購金額須含後續擴充項目所需金額)：</p>			
請購單位：共儀中心	請購人：莊詠甯	聯絡人/電話：莊詠甯/2705	

※資格及規格訂定注意事項：(免附於採購規格書中)

1. 政府採購法有關規格之規定：

- (1)第 6 條：機關辦理採購，應以維護公共利益及公平合理為原則，對廠商不得為無正當理由之差別待遇。
- (2)第 26 條：機關辦理公告金額以上之採購，應依功能或效益訂定招標文件。其有國際標準或國家標準者，應從其規定。
機關所擬定、採用或適用之技術規格，其所標示之擬採購產品或服務之特性，諸如品質、性能、安全、尺寸、符號、術語、包裝、標誌及標示或生產程序、方法及評估之程序，在目的及效果上均不得限制競爭。
招標文件不得要求或提及特定之商標或商名、專利、設計或型式、特定來源地、生產者或供應者。但無法以精確之方式說明招標要求，而已在招標文件內註明諸如「或同等品」字樣者，不在此限。
- (3)第 37 條第 1 項：機關訂定前條投標廠商之資格，不得以不當限制競爭，並以確認廠商具備履行契約所必須之能力者為限。

2. 資格：(詳參「投標廠商資格與特殊採購認定標準」)

- (1)許可業務：如藥品及醫藥器材製造及販賣、保險業、冷凍空調業、電信事業、有線電視系統經營業、電信管制射頻器材製造業及輸入業、保全業、滅火器藥劑更換、廢棄物清除及處理、垃圾清運等。
- (2)與『履約能力』有關之資格：常用者如下：
 - ①廠商具有製造、供應或承做能力之證明：如曾完成與招標標的類似之製造、供應或承做之文件、招標文件規定之樣品、現有或得標後可取得履約所需設備、技術、財力、人力或場所之說明或品質管制能力文件等。
 - ②廠商或其受雇人、從業人員具有專門技能之證明：如政府機關或其授權機構核發之專業、專技或特許證書、執照等。

3. 財物：(買受/租賃)

- (1)機器設備放置場所環境條件是否已完備，如供(排)水、電力、空調或其他特殊實驗設備(如負壓、防震、噪音及無塵室)等，請妥善規劃履約期程，避免因環境條件未完成致機器設備無法安裝及驗收。
- (2)尺寸之訂定，請明訂容許差異，以免涉及特定設計或型式、規格、尺寸，造成限定特定廠牌或廠商之狀況。
- (3)各採購標的項目名稱、數量、單位，訂定規格時應擇符合需要之必要項目，不宜超出需求或與需求無關，亦不宜逕抄錄特定廠牌之規格資料。
- (4)得提及特定之廠牌型號時機：
 - ①僅特定之廠牌型號符合採購需求，且依限制性招標申請經核可後。
 - ②採公開招標辦理之採購案，如規格無國際標準或國家標準，確實無法以精確之方式說明招標要求，而須於招標文件要求或提及特定之廠牌(僅供廠商參考，不得要求廠商必須採用)時，應於廠牌型號後加註「或同等品」字樣。所列廠牌目前均有製造、供應，容易取得，價格合理，能確保採購品質，且無代理商、經銷商有公平交易法所稱之獨占或聯合行為之情事。所列廠牌之價格、功能、效益、標準及特性，均屬相當。
※請務必於招標前確認同等品審查之標準，以免產生爭議。

【範例】

(1)機器設備規格：

- 如有尺寸規範，請填寫容許誤差範圍(如： $\pm 5\text{mm}$)
- 如需與現有設備整合，請敘明現有設備廠牌型號
- 功能/性能：如精準度達 00% 以上(或介於 $00\sim 00$ 數值之間)，並詳列檢測方式(如有國家檢測方法/標準得免)。

臺北醫學大學採購規格書

-測試/驗收條件：如可達 00ppm/00 轉速、應檢附證明文件（如：經濟部標準檢驗局所核發「商品驗證登錄證書」或「商品型式認可證明書」等）

-單位數量：0 台/0 套/0 組/0 個/0 批

(2) 資料庫規格：

-提供〇〇(線上)資料庫，含使用對象(人數限制)、範圍、期限。

4. 勞務：

(1) 民法上之委任或僱庸（人力派遣）：如清潔、清運(運送)、保養維護、問卷調查、定序服務、專利申請、保險、書籍/刊物之排版印製、警衛保全、活動場地布置、研討會餐會住宿服務、交通運輸服務（機票）、網頁/資訊管理系統建置、諮詢服務，以及其他專業、技術或資訊服務等。

(2) 請敘明施作範圍/對象、施作時間、施作次數(份數)。

(3) 如分階段執行需提供期初、期中及成果報告者，請預留本校審查時程。

(4) 驗收：廠商應提具之文件，如施作(維護)紀錄等。

(5) 辦理資訊應用系統委外開發或維護：應依「臺北醫學大學資訊委外管理辦法」規定辦理。

5. 採購項目及規格儘可能以中文敘明，俾憑審標及驗收。

6. 履約期限：請考量運送、安裝、施工、測試、國定例假日等時程，且多數廠商均可履約交貨時間，以訂定合理之期限，以免流標或有違採購法公平合理原則。

7. 驗收：應載明檢測標準(/測試方式)及驗收時應備文件。

8. 教育訓練：如須要求廠商提供教育訓練，請載明訓練時數(或次數)。

9. 軟體：採購項目如包含軟體，請載明軟體授權期限及驗收方式(如：交付光碟/授權序號等)。

10. 智慧財產權：廠商履約結果如涉及智慧財產權（包含專利權、商標權、著作權、積體電路電路布局權、營業秘密、植物品種權等）者，請載明智慧財產權之歸屬及權利範圍。

11. 個資保密：採購標的內容或範圍如涉及個資保密部分，請載明廠商應負保密之責或提供保密切結書。

12. 罰則：除逾期違約金之訂定，如視個案履約管理需要另訂懲罰性違約金。

13. 保險：

(1) 勞務：

-以廠商為被保險人，應敘明保險期間，有延期或遲延履約者，保險期間比照順延。

-如有派駐於本校執行業務者，建議應請廠商應投保雇主意外責任險。

如：雇主意外責任險：每一個人身體傷亡保險金額至少為新台幣（下同）300 萬元、每一意外事故體傷或死亡保險金額至少為 1,500 萬元、保險期間內最高責任限額至少為 3,000 萬元、每一事故自負額〇〇〇〇元、附加條款〇〇〇〇〇〇〇〇。

(2) 財物：

-以機關及廠商為共同被保險人，受益人為本校。

-如有要求廠商投保第三人意外責任險，應載明每一個人體傷或死亡之保險金額下限，每一事故體傷或死亡之保險金額下限，每一事故財物損害之保險金額下限，上述理賠合併單一事件之保險金額下限與保險期間最高累積責任上限。應含廠商、分包廠商、本校及其他任何人員，並包括鄰近財物險。

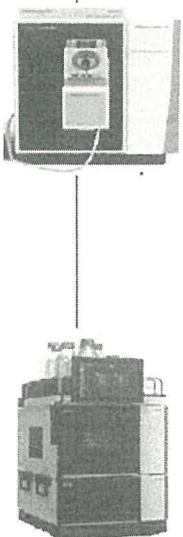
14. 經費來源：請務必先向財務室釐清、確認經費來源是否得採購本規格書內各項標的(財物、勞務、耗材、保固)，以免無法核銷。

報價單

日期：2024/04/16

報價單號：PN-1029048-A

客戶名稱：臺北醫學大學 聯絡人：韓嘉莉 主任

項目	產品編號	品名及說明	數量	單價 (新台幣)	小計 (新台幣)	
高階蛋白質學術研究分析機台-- 四極桿串聯傅立葉轉換電場軌道阱質譜儀系統						
1	BRE725533	Orbitrap Exploris 480 Basic System w/ IC 質譜儀主機(包含HESI離子源與控制電腦組)	1	SET		
2	00109-99-00046	VALVE,2 POS,6PRT,RHEODYN MXT715-004,RoHS 安裝配件組	1	SET		
3	BRE0016334	Merkur CountKit Cont.Eur 質譜儀專用電源線組	1	SET		
4	ES082	EASY-Spray Source Kit (NG) 奈微流離子源組	1	SET		
5	FMS03-10001	FAIMS PRO DUO 高場不對稱波形離子遷移分離介面	1	SET		
奈微流速層析系統						
6	VN-S10-A-01	VANQUISH NEO SYSTEM All-in-one nano-, capillary-, and micro-flow LC 奈微流速液相層析系統	1	SET		
7	6036.1180	VANQUISH DISPLAY 觸控顯示屏幕	1	SET		
8	VN-C10-A-01	COLUMN COMPARTMENT N 控溫管柱裝置組	1	SET		
9	6250.1520	VALVE 2P-6P, LOW-DISP,150 MPA, BIO, VN-C	1	EA		
10	6000.1004	6-PIN MINI-DIN SIGNAL CABLE(5M)	1	EA		
11	164940	PEPMAP C18 2UM 75UMX150MM NV FS 1200BAR	1	EA		
12	DNV75500PN	DNV PEPMAP NEO C18 2UM 75UMX500MM 1500 B	1	EA		
13	OPTON-30139	NG, HESI LOFLO Needle Insert 50umID35G	1	EA		
14	174500	PEPMAP 100 C18 5UM 0.3X5 MM 3PK 1500 BAR	1	EA		
15	174501	PEEK WITH NANOVIPER FITTINGS 30UM x 100M	1	EA		
16	174502	NANO GUARD HOLDER + NANOVIPER FITTINGS K	1	EA		
17	COL-nano050NeoB	50cm µPAC™ Neo HPLC COLUMN	1	EA		
18	COL-CAPHTNEOB	UPAC NEO HIGH THROUGHPUT HPLC COLUMN	1	EA		
19	ES993	Nano Easy 10um Emitter w/o line	2	EA		
蛋白質數據分析軟體組						
20	B51001478	SW, PD 3.1 WITH CHIMERYS 1 YR LITE	1	SET		
21	Local	數據分析電腦組	1	SET		
其他						
22	Local	12KVA UPS與原實驗室內插座施作工程	1	SET		
23	Local	儀器擺放之實驗桌	1	SET		
以下空白						
願提供特殊學術專案優惠價格 TWD 2,350萬元整含稅			價格合計 (未稅)		NT\$42,740,599	
			5% 稅		NT\$2,137,030	
			價格合計 (含稅)		NT\$44,877,629	
備 註						
<ol style="list-style-type: none"> 儀器設備主體標準保固一年，提供延長一年方案，共保固兩年。 本報價單有效期間：30天。 付款方式：100%驗收，T/T 30天 驗收方式：儀器標準安裝報告與教育訓練24小時完成。 交貨期限：120天。 <p>備註：新冠肺炎之疫情影響屬不可抗力之因素，將不受此交貨期限限制，但廠商有提前通知交貨期更動之義務。</p>						



- 本報價單經客戶回簽後視同訂購單。請蓋公司章或發票章及有權簽署人之簽名,若為學校及公家機關單位,請相關負責人簽核。惟如另有經本公司確認之客戶訂購單或雙方另行簽署合約者,則應以經確認之訂購單或簽署完成之合約作為客戶向本公司為訂購之依據。於此情形,經客戶回簽之報價單僅得視為要約。
- 一經確認訂購出貨或完成安裝後,請於30個工作天內通知開立發票。
- 發票抬頭如與本估價單不符,請於確認訂購前通知。
- 應付款項請開立支票抬頭-台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
或請匯款至:花旗(台灣)商業銀行 021-0018 帳號:5830406001 戶名:台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
- 客戶回簽本報價單即表示同意接受<https://www.thermofisher.com/terms-and-conditions>所示之銷售條款及條件

客戶簽章	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司 註記: <input type="checkbox"/> 隨貨附發票
Signature	 報價專用章 電話: 02-8751-6655 傳真: 02-8751-5388 地址: 台北市南港區新子路85號5樓
報價人: 李淑慧 Eva 0966-716731	

謝謝您有興趣購買我們的产品, 我們非常歡迎您帶來的業務, 我們的目標是讓您的購買經驗盡可能的順利。如果您對我們的報價或購買過程有任何疑問, 請來電www.thermofisher.com的「支持」中的相關資訊。除另有明確之書面協議外, 就您對產品之購買將適用以下條款及條件:

1. 合約條款:

- 1.1 一般條款:** 這些條款及條件(“本條款”), 我們的報價(如有)及其他補充條款(如適用)將構成您與提供報價單、訂單或證書或發票單之Thermo Fisher公司間之協議(“本合約”)。除您的訂購條款與Thermo Fisher或其他Thermo Fisher 關係企業間已簽署且有效的書面協議外, 而該協議適用該訂單外, 您均應與www.thermofisher.com購買產品或您收到訂購或銷售文件中引用本條款時, 接受並受本合約之約束。本合約為我們雙方關於您購買之產品之唯一且完整之協議。
- 1.2 補充條款:** 我們有些產品或服務受到額外授權限制, 包括但不限於使用限制授權(Limit Licenses)或其他您於此處未能找到之書面協議的限制(“補充條款”)。您將於我們所提供之報價、www.thermofisher.com或附隨於產品之文件中找到適用於您所購買產品或服務的補充條款。您亦可自我們客戶服務部索取該等文件。補充條款(如適用)通過本引用併入本合約, 成為本合約之一部分。我們可能在未經通知您的情況下更新補充條款, 更新之補充條款將適用於更新後或立生效之訂單。
- 1.3 衝突條款:** 如在本合約之任何條款與衝突之條款, 則以下列優先次序決定其優先性: (a)報價單(b)任何適用之補充條款, 及(c)最後為本條款。我們明確拒絕任何您提供的文件中包含之任何下列條款或規定, 且如果本合約中的條款和條件與您的要約條款不同, 則本合約將作為我們雙方議定的有效條款:
- 1.4 本合約之生效:** 本合約將自您收到我們對於您的訂購確認起生效且立生效。

2. 價格:

- 2.1 產品之定價:** 我們可能在任何時間未經通知更改產品之價格。除另有書面約定外, 我們報價中所給予的價格於30日內有效。如尚未有特定價格或報價提供您, 則以我們收到您訂單當天www.thermofisher.com上所示之價格為準。
- 2.2 税金與費用:** 我們的價格不包括任何税金(包含營業稅)、增值稅、關稅、視聽或其他可能適用於您的訂單的規費。如果開關費用逾期您訂單, 您將負責支付, 如由我方支付, 我們將會將費用加到您的發票中。如果有任何豁免的主張, 您必須提供所有之司法管轄區之有效證明文件。
- 2.3 運費/運送政策:** 除另有特別約定外, 您必須負擔我們的標準運送和處理費用(如適用之), 且我們的產品價格基本包含前開費用), 如由我方支付, 這些收費將會加到給您的發票中。

3. 取消及變更:

- 一旦您已訂單, 您將無法在取得我們的書面同意取消或變更訂單, 且因取消或變更所產生之所有費用包含運費、關稅等, 將由您自負。

4. 付款:

- 4.1 付款條件:** 我們將為已訂購之產品及其他所有相關費用開立發票, 並於交付產品時附贈之。除我們已書面同意外, 您應於收到發票後30日內支付票項。每一訂單為一個獨立之交易, 且您不得主張結帳, 包含向銀行存款項, 亦不得從付款中減去或暫扣任何爭議(購買雙方尚未達成協議或和解, 或尚未經法院判決或仲裁庭判決)的款項。當我們有正當理由認為您的財務狀況無法滿足付款條件, 我們保留要求您預付全部或部分貨款之權利, 或就我們之間的交易提供其他擔保。您將以我們提供的發票上所示之貨幣進行付款。
- 4.2 逾期支付:** 如果您逾期付款的, 在不影響我們其他權利的情况下, 我們將向您收取遲延費, 從逾期日算起每日以每月百分之一點五(1.5%)計算, 如果法律所允許的最高利率較低時, 以該法定利率為準。您同意在我們的表上支付延遲運費, 以及我們得收取因逾期所產生之合理費用(包含收帳公司費用及律師費), 如您未如期付款或未履行本合約之義務, 我們亦保留取消或停止已發運之產品, 並暫停全部或部分產品之交付之權利。

5. 交付:

- 5.1 交付(國際運輸):** 我們將產品運送到您在訂單中指定的目的地, 以FCA Incoterms 2010 為準。書面同意條款, 您(1)同意我們代表您安排本合約下提供的所有產品的運輸; 及(2)負責安排運輸或向我們提供有關運輸指示的詳情。我們不負責確認產品是否可運送到您的國家, 凡需自行確認。
- 5.2 交付(本地運輸):** 除另有書面約定外, 產品之交付地點為台灣各島地區, 且產品以我們的標準包裝為準而交付。
- 5.3 其他:** 我們會根據產品的供應情況和交貨期限儘量配合您在訂單中所載的交貨日期, 如有必要, 我們將分拆出貨並分別為每批貨物開立發票。我們的交貨日期為預估值, 對於任何延遲交付造成的任何損失或損害, 我們概不負責。您不得將收貨或因此延誤而免除任何義務。如果我們延遲向您交付產品係因您可控之因素所致, 我們將以您的費用將被延遲之產品置於倉庫並由您承擔相關風險。

6. 所有權及危險負擔:

產品內含或構成產品之一部分之款項仍由我們或授權人保留所有權, 產品之危險負擔則於交付該產品時轉歸您。

7. 退貨與保用:

- 7.1 退貨:** 如果您在收到產品當天的5天內和客戶服務聯繫並獲得確認後, 您可以退回任何在收到時已標明是有瑕疵或運送人未依合理方式或標籤上所指示之方式處理或有損者。如果您未於上述5天的時間內和我們聯繫, 將視為您已接受該產品。您恕不會失去任何產品保用或保單權利。
- 7.2 退款處理:** 如果我們的退回同意退貨, 則該產品必須在抵達我方地址時處於完好且有銷售之狀態。任何非因可歸咎於我方所致之退貨將被收取相當於該產品價格之25%之費用。我們不寄回運費。在未經我們事前同意前, 您將不會收到任何退還產品之款項。
- 7.3 重製品:** 如有前項條款, 對於依指示規格所製造的產品, 您將對於不符合規格時請求退貨。我們自行決定替換另一產品或依該產品的購買價格退還貨款。

8. 有限的保用:

- 8.1 對於針對一般實驗室器具的有限保用:** 除非在適用之補充條款或產品資料或相關www.thermofisher.com產品頁面另有不同之擔保條款, 我們擔保每一個材料與實驗室器具的部件符合我們在發行的目錄及相關的說明書中所述的規格。本保用自我們交付時起, 直至(a)最後材料與實驗室器具的部件的效期日或使用截止日; 或(b)其指定的“使用”次數為止, 以先到者為準。如果我們沒有特定的效期日或使用的次數, 則其他的保用條款, 保用將從我們交付產品後持續十二(12)個月。
- 8.2 對於儀器之有限保用:** 除在適用之補充條款或適用之報價單中另有不同之擔保條款, 我們擔保儀器在被合理訓練過之人員以正常、適當且預期的使用下, 自交付給您時的十二(12)個月內, 或如儀器因損壞或我們的人員安裝者, 自安裝時起十二(12)個月內(以無論如何自我們交付儀器時起算, 不得超過十五(15)個月), 在材料和工藝方面沒有瑕疵。
- 8.3 儀器之有限保用:** 我們也擔保您向我們購買的零件係由我們或由我們認可之授權安裝公司所安裝者, 於您的交付日後的3個月內, 或至安裝該零件之儀器的保用期內(若該期限較長), 沒有材料和工藝方面的瑕疵。我們對向我們購買或由我們安裝的零件不提供任何擔保。這些條件以“現狀”的方式提供。
- 8.4 例外:** 除本條款第7條及第8條之例外條款外, 我們的擔保亦不適用於下列事項(a)非常之原因(耗)損; (b)意外、災害或不可抗力事件; (c)您的錯誤使用、過失或疏忽; (d)由於產品零件因素, 除本條款第8.1條及第8.2條之例外條款外, 我們的擔保亦不適用於下列事項(a)非常之原因(耗)損; (b)意外、災害或不可抗力事件; (c)您的錯誤使用、過失或疏忽; (d)由於產品零件因素, 例如包括但不限於, 異常高壓或超頻化(voltage), (e)儀器以“舊貨”的形式賣出; (f)被用於任何第三方(包含運送人)以不適當、不允分或未授權之方式安裝、拆卸、使用、維護、儲存或處理, 例如包含但不限於, 未遵循我們的指示或操作指南, 或專用, 在指示的環境或使用規格外操作, 及/或未經我們允許之狀態; (g)化學品或其他產品污染或損壞; 或 (h)您將您於我們的現貨所製造之產品。此外, 未經我們事先書面核准, 由我們以外的任何人或實體對產品執行之任何安裝、維護、修理、調整或更改或修改, 或任何使用我們未提供之替換零件, 將使您受影響產品的所有保用立即失效且取消保證。如果您確認您擔保保用的產品不在保用範圍內, 或如果我們提供不在本保用範圍內的維修服務或更換零件, 您將支付或負擔我們調查或回應要求所產生之所有費用(以我們當時的時間和材料費為準)。

8.5 限制:

- (1)我們只向您(即方索的購買者)提出的擔保, 您不得轉讓。在法所允許之限內, 我們對產品之維修或另行交付無瑕疵之物之義務係您唯一可獲得之擔保。在任何情況下我們對運送及接收的全部責任均不超過您購買我們產品或服務的價格。
- (2)除另有約定外, 我們對產品不負任何其他擔保, 不論何種明示或默示, 口頭或書面表示, 包括但不限於:
 - (a) 適銷性;
 - (b) 適合任何特定目的; 及/或
 - (c) 產品沒有任何錯誤或將實現任何特定結果

8.6 遺產: 僅在適用的保用期內, 對於不符合我們保用的產品, 我們同意, 自行決定是否在符合我們保用義務的合理必要範圍內提供維修或更換不合格產品及/或提供額外零件; 但您必須當您現在任何缺陷或不合規格時, 首先立即以書面形式通知我們, 並在通知中詳述您的保用要求。在我們審查之後, 數以我們同意產品退貨, 我們將向您提供維修材料及/或運送材料(“RMA”), 其中可能包括您必須運送的生物危害淨化程序和其他特定產品的處理說明。就本保用所及時提出的有效產品保用要求, 除我們另有同意外, 您必須將本產品運送給我們, 我們將會預付運費。針對對照, 我們可能會選擇為您提供全部或部分的替換零件, 所有被替換的零件將成為我們的財產。我們將根據本第 5 條的相關規定負責您替換之產品。產品保用, 我們可能會選擇為您提供全部或部分的替換零件, 所有被替換的零件將成為我們的財產。我們將根據本第 5 條的相關規定負責您替換之產品。產品保用, 我們可能會選擇為您提供全部或部分的替換零件, 所有被替換的零件將成為我們的財產。我們將根據本第 5 條的相關規定負責您替換之產品。產品保用, 我們可能會選擇為您提供全部或部分的替換零件, 所有被替換的零件將成為我們的財產。我們將根據本第 5 條的相關規定負責您替換之產品。

8.7 第三方產品: 對於您透過我們的任何銷售管道所購買的第三方製造或供應的產品, 我們不提供任何支持或擔保。當您購買第三方產品時, 我們會告知您購買係受第三方自己的合約條款約束。您必須直接向相關第三方製造商尋求產品支援、擔保並提出保用要求, 但我們同意在相關的製造商或第三方供應商允許的範圍內, 將我們可能從該製造商或第三方供應商處獲得的任何保用權利轉讓給您。

9. 賠償。

9.1 我們的賠償。

(A) 我們的賠償將賠償。如第三人向您提起任何法律行動，聲稱侵害第三方的任何智慧財產權，而該聲稱主張係直接且只因我們所製造或提供給您的產品所致者(但應排除該產品與其他產品或元件的使用或組合之情形)，則我們將為您賠償您在該法律行動中獲判裁定的損害賠償額。本賠償將不包括(a)由於您未能遵守本合約所生之權利主張；(b)由於您未能取得與您使用產品相關的任何適用的額外智慧財產權而引致的權利主張(「額外的權利」)；(c)我們根據您的指示、規格或其他要求所製造、組裝或貼標的產品；(d) 您對產品之使用或轉售；(e) 您或任何第三方所做的修改；(f) 源自第三方的產品

本賠償是我們對您的唯一責任，且依據本條款第11.4條，這也是您就任何有關產品之侵害或聲稱侵害第三方的智慧財產權主張的唯一擔保。

(B) 我們賠償的前提要件。作為我們賠償義務的條件，您必須(a)當您得知任何形式索賠主張時，立即以書面通知我們；(b)不承認任何責任或採取其他任何與非主張有關而可能影響賠償之行動；(c)允許僅由我方控制該主張之辯護和和解；(d)提供我方合理之資訊、合作及協助；及(e)採取一切合理措施以減少損失，包含同意我們行使本條款第11.4條下之任何及全部選擇權。

9.2 您的權利保留。 如果第三方基於(n)我們根據您的指示、規格或其他要求或提供與我方之材料、所製造或銷售的產品或包裝品；(b)您未遵守本合約；(c) 您未能取得任何額外的權利；或(d)您修改、使用或轉售產品，而對我方有所主張，則您的賠償及使我們免於因該第三方主張而可能遭受任何索賠、損失、損害、損賠或支出(包含但不限於合理之律師費用及其他有關辯護及/或和解行為之成本)。

10. 授權。

10.1 互惠。 對於包含在我們產品中或構成我們產品一部分的任何軟體產品，您了解並同意我們不授權軟體而非出售之，且「購買」、「銷售」或相似，訂立於該等詞彙的字詞係依該理解及同意為代表「授權」。而「您」於此係指該理解及同意為代表「被授權人」。我們或我們的被授權人(如適用)，保留我們提供給您的軟體產品中的所有權利及利益。

10.2 授權。 我們於此授予您一個免版稅金、非獨家、不可轉讓、不得再授權之權利，僅為您自己內部業務目的，在我們於此提供給您的軟體產品中使用依本合約提供給您的軟體；且僅為您自己內部業務目的使用相關文件，除本合約內規定提前終止外，本授權將於您停止合法擁有此提供之相關的軟體產品時自動終止。

10.3 限制。 您同意對本合約下提供的軟體產品和相關文件保留，不得以任何形式向第三方出售、轉讓、授權、出借或以其它方式使用，您不得在取得我們書面同意前進行反編譯、反編譯、反向工程、複製、修改、增補或以其它方式使用或補充本合約下提供的軟體產品。如您未能遵守這些條款或條件，我們將有權終止授權。

10.4 送還軟體與文件。 您同意當被終止時，立即將於此提供之軟體產品及相關文件與所有及部分複本歸還給我們。

10.5 第三方軟體。 本合約下提供之保證及賠償責任不適用於我們提供給您的第三方所有之軟體產品。我們同意，在原始開發者或第三方提供者同意的情况下，研任何我們可能自該原始開發者或第三方提供者處取得之保證及賠償責任。

11. 智慧財產權。

11.1 使用限制。 您承認，在我們雙方間，我們專有所有與我們產品和服務有關的智慧財產權。除補充條款中另有明文約定，我們銷售產品給您僅授予您一個有限的、不可轉讓的權利，於使用您向我們購買的產品數量範圍內為內部研究目的利用我們的智慧財產權。於此未明示、暗示或禁反言方式表達您取得以轉讓、分銷或持有我們的產品或任何其元件的權利。除我們另以書面明文允許外，您不得修改、改變、移轉、複製或過載任何我們在產品上標示之品牌、商標或服務標章，本合約無任何規定限制我們行使我們智慧財產權之權利。

11.2 商業應用；其他權利。 除補充條款另有明文規定外，我們並未授權任何使用我們的產品於任何商業用途的權利，包含製造、品管、商業服務(例如報告您的活動結果以收取任何費用或其他報酬；或用於診斷使用、維修或體內治療使用；或對人體或動物任何形式的消費或應用。如您就我們的產品有任何商業用途之需求(包含收取收費服務之權利)，請與我們的外部授權部門聯繫 - outlicensing@thermofisher.com。如您使用我們的產品超出本合約的使用範圍，您將自行負責取得額外的權利。

11.3 我們的智慧財產權。 除適用的補充條款另有明文規定外，我們專有所有由我們或我們、或由我們雙方所共同構思、開發、發現、實施或產生的任何有關應用於製造一個客製化產品的流程、設計或方法的發明(無論是得專利或不得專利)、發現、改良、資料、技術秘密或其他成果的智慧財產權。您於此同意將轉讓該項所有共有的智慧財產權的所有權利、財產權及利益給我們，現我們要來並以我們的費用，您將協助我們保護及維護我們此項智慧財產權的相關權利。

11.4 智慧財產權之保護。 我們並同意任何智慧財產權保護之主張。如我們相信我們已出售給您的產品可能與任何侵害智慧財產權主張有關，您必須向我們方於選擇：(a)保障您繼續使用該產品之權利；(b)以另一具有類似功能的適當產品代替該產品；或(c)通知您送還該產品給我們且我們將送還您已支付給我們的產品費用，對於儀器產品，我們將扣除儀器的使用、損壞或因該儀器已過時或無法使用的合理金額。

12. 客製化產品。

12.1 提供製造或交付。 我們若認為您所要求我方製造的任何客製化商品，係您所指示的製造係不合適或商業上不可行，我們將在過程中任何階段拒絕設計或製造該產品，於此情況，我們將通知您，且您不必承擔我們對該客製化商品已產生的費用。如任一客製化元件或材料未能產出，我們可能會延遲或取消對該客製化產品的交付，而不對我們承擔任何責任。

12.2 您的責任。 透過提出一個客製化產品的訂單，您表示且同意您(a)已向我們提供您所知悉的與處理、運輸或以其他使用您所供應給我們的材料有關的化學、放射及化學危害的所有訊息；及(b)已取得為指示我們製造該產品所必須的權利，包括但不限於任何必要的智慧財產權。

13. 儀器相關的服務。

當您購買儀器時，我們可能提供安裝及訓練、維修、維修或任何其他我們雙方明確同意的服務(「儀器服務」)，我們也提供年度及其他儀器相關服務的計畫，所有儀器服務均基於我們的儀器服務補充條款。請參閱我們的官方網站及/或致電客戶服務部取得我們儀器相關服務計畫全部資訊及我們儀器服務補充條款的版本。

14. 有限責任及責任之除外。

(A) 在適用法律所允許的最大限度內，對於任何可能在合約下或可能因或有關於我們的產品或服務所致之損壞、特別、財產、懲罰性、多重、懲戒性或衍生損害，包括但不限於所有保險費用、利潤損失、資料丟失、業務損失、商標損失或收入損失，我們將不在任何法律的理論下負責(包括但不限於合約、侵權行為下之過失或無過失責任或任何形式的保證)；即使我們已注意到有這類損失之可能性亦同。

(B) 此外，我們對因本合約或與本合約有關，或任何這些服務的最重責任總額，以您因購買該產品或服務已給予我們的金額為上限。

(C) 前兩項之規定並未排除除我們依法所不能排除之責任，包括但不限於因我們的過失所致之死亡或人身傷害及該款之責任。

15. 出口管制。

15.1 出口。 您瞭解任一產品及任何相關的軟體及科技，包含我們向您提供的技術資訊，包含那些產品文件中內含的訊息(以下合稱「品項」)，係受到美國、歐盟和當地政府出口管制。

15.2 出口管制。 出口管制可能包含，其中，依據美國商務部頒布的出口管制規則(「EAR」)，從美國出口及從其他國家再出口品項可能會受到限制或需要取得許可。

15.3 法律要求。 您必須遵守EAR及其他任何品項的出口、再出口和進口有關的所有法律、法規、條約及協議。本合約未從適當的政府機構獲得所需的許可前，您不得直接或間接：(a)出口、再出口、分銷或供應任何品項給(i)任何限制或禁運的國家或美國政府已否認或限制其參與出口轉型的個人或實體；(ii)任何參與不當轉移或轉售或至北非或中東、或參與恐怖活動的任何個人或實體，如經我們要求，您將提供有關您任何出口或計畫出口品項的最終用戶和最終用途的訊息。

15.4 配合檢查。 您將與我們在任何與相關進出口管制法律或法規有關的官方或非官方稽核或檢查中充分合作，並將賠償且使我們免於因或有關於您或您的顧問、代理人或員工違反本第15條規定所受的損害。

16. 其他。

16.1 不得轉讓。 未經我們書面同意，您不得將任何責任或轉讓本合約下的任何權利或請求權。任何試圖的轉讓或轉讓均屬無效。

16.2 準據法。 本合約及在本合約下的履行將受中華民國法律管轄，不受有關法律衝突的規定所拘束。聯合國關於國際貨物銷售合約的公約(The United Nations Convention on Contracts for the International Sale of Goods)不得適用於本合約，如本合約涉沙。雙方同意以臺灣臺北地方法院為第一審管轄法院。

16.3 管理限制。 除了本條款第11條所限制之外：(a)您必須依據我們的指示使用我們的產品；(b)您應自行負責確認對使用我們產品的方式係遵循相關法律、法規及政府規範；(c)您必須取得所有您可能需要的必要許可與核准；及(d)您需自行負責確認產品符合您的特定用途。

16.4 不可抗力。 因經過我們能合理控制的情況下致我們未能履行本合約下的義務，我們對此不負責任。在某些情況下，我們可能使用我們合理的判斷，將當時可得之產品公平的分配給我們的客戶。

16.5 承擔；可分性。 我們未能履行本合約下之任何權利，不表示對您違反合約所造成之損失放棄主張權利，同時也不表示對任何後來的違約放棄主張權利，如果任何規定或本合約的部份被任何一國或管轄的法院認定是無效或不可執行時，該無效或不可執行部分不影響本合約的其他條款，除了您或我們以外，沒有人對本合約享有任何權利。

16.6 授權。 得轉讓供方使用，應不得被用來解釋這些條款。

16.7 保留。 就任何因彼此討論、協商和其他溝通而取得與我們產品和服務有關的非公開的技術資訊、商業資訊(包括但不限於價格)或指示(包括任何基因序列、基因組型號等)，您同意加以保留。

16.8 通知。 任何本條款所要求之通知或溝通必須以書面為之，且於親自交付或指定地址當面交付，或於掛號信、空寄後三個工作天後，視為送達。

16.9 修正；重組。 除經雙方以書面為之並經簽署者，任何政策、同意、修改、修正或變更本合約條款均不生效力。我們未能反對您於此之後所為的溝通中包含的條款不構成對本合約的放棄或修改。

16.10 完整協議。 本合約構成我們雙方之間就本合約所涉之產品或服務達成的完整協議，取代和代替我們雙方之間先前或同時達成的任何書面或口頭協議或共識，包括在先前或以後提供之，以任何形式出現的任何額外、相衝突或不同的條款或條件。如果您提出了一個訂單，不論是否為了回覆我們的報價單，您將該行為已接受並同意本合約。

臺北醫學大學
請採購驗收紀錄

請購紀錄					
採購案號：	112021052700		作業狀態：	請款結案	
學年度：	112	請購日期：	113/04/25	立案日期：	113/05/07
請購單位：	共同儀器中心	請購人：	莊詠甯	預估金額：NT\$	23,500,000
採購名稱：	奈米微流液相層析高解析質譜儀				
使用/保管人：	劉俊志	到貨地點：	藥學暨營養大樓B1F		
採購分類：	一般採購(>10萬元)	採購品項分類別：	儀器設備	儀器設備新設	
請購說明：					

預算來源					
主預算來源：	教育部獎勵私立大學 校院校務發展計畫	預算編號：	113-3407-001-202	預算會科：	134101
		預算主持人：		申請預算：	22,000,000
次預算：	使用次預算	次預算編號：	112-3407-003-400	次預算會科：	513201
次預算來源：	捐款基金	支用人：	莊詠甯	申請預算：	0

採購經辦紀錄		議價會議
議比價金額(含稅)：	22,000,000	本案經 112 學年度 採購委員會會議 第 24 次會議記錄通過 標號： TMU112-277 合約： TMU112-G036
成交廠商：	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司	
備註：	本案經政府電子採購網二次公告後僅「台灣賽默飛世爾科技股份有限公司」投標，且資、規格標審標結果符合招標文件規定，提本會進行議價。由台灣賽默飛世爾科技股份有限公司以新台幣貳仟貳佰萬元整得標，並同意保固期延長為參年。	

請購明細

序	品名	規格	採購數量	單位	採購單價	採購金額
1	奈米微流液相層析高解析質譜儀	1.質譜儀系統一套，含離子源2組,質量分析器1組。2.奈米微流液相層析系統一套含奈米微流速溶媒梯度幫浦及自動進樣裝置各一組。3.儀器控制及數據分析用電腦組合分析軟體壹套。4.不斷電系統。5.實驗桌等，餘規格詳如附件採購規格書	1	套	22,000,000	22,000,000
總計NT\$						22,000,000

表單附件

項次	文件類別	文件說明	文件格式	檔案名稱
1	比減價紀錄		電子檔	-比減價單.pdf
2	採購重要規格	規格書	電子檔	中文規格書_FINAL.docx
3	採購重要規格	更新後	電子檔	修-FINAL_20240510.docx
4	驗收文件		電子檔	1120210527結算驗收證明.pdf
5	驗收文件		電子檔	1120210527驗收紀錄表.pdf
6	驗收文件	保固書	電子檔	2_TMU112-G036_保固書.pdf
7	驗收文件		電子檔	功能測試記錄單_奈米微流質譜儀.pdf
8	驗收文件		電子檔	附件四_實驗要求數據分析結果報告.pdf
9	驗收文件		電子檔	英文操作說明書_附件三.pdf
10	驗收文件		電子檔	原廠安裝測試報告_附件二_.pdf
11	驗收文件		電子檔	送貨簽收單_附件一.pdf
12	驗收文件		電子檔	教育訓練計畫_附件五.pdf
13	契約含附件		電子檔	用印後契約SCAN-奈米微流液相層析高解析質譜儀.pdf

臺北醫學大學 請採購驗收紀錄

表單附件

項次	文件類別	文件說明	文件格式	檔案名稱
14	會議紀錄	含核定簽呈	電子檔	112採購委員會第24次會議-會議記錄含核定簽呈113.06.0
15	會議紀錄	112-1貴儀評估會議	電子檔	112學年度第1次研發處貴儀評估小組會議記錄含附件及
16	會議紀錄	112-2貴儀評估會議	電子檔	112學年度第2次研發處貴儀評估小組會議記錄含附件及
17	會議紀錄	112-3貴儀評估會議	電子檔	112學年度第3次研發處貴儀評估小組會議記錄含附件及
18	會議紀錄	112-6研發會議紀錄	電子檔	112學年度第六次研究發展會議(臨時線上會議)紀錄含簽
19	估價單	估價單	電子檔	估價單.pdf
20	其它(請於次欄位說	一公-廠商文件領回	電子檔	-一公廠商投標領回.pdf
21	其它(請於次欄位說	二公-廠商投標文件	電子檔	-二公-廠商投標文件.pdf
22	其它(請於次欄位說	保固保證連帶保證書	電子檔	保固保證金連帶保證書.pdf
23	其它(請於次欄位說	政採-公開招標公告1	電子檔	-政採網-公開招標公告-第一次.pdf
24	其它(請於次欄位說	政採-公開招標公告2	電子檔	-政採網-公開招標公告-第二次.pdf
25	其它(請於次欄位說	政採-決標公告	電子檔	-政採網-決標公告.pdf
26	其它(請於次欄位說	政採-無法決標公告	電子檔	-政採網-無法決標公告.pdf
27	其它(請於次欄位說	開標流標議價紀錄	電子檔	-開標流標議價紀錄.pdf
28	底價分析表(簽核後)	底價分析表	電子檔	底價分析表.pdf
29	底價分析表(簽核後)	已核定-含附件	電子檔	-底價單-已核定含附件.pdf

簽核紀錄

單位	請購申請/簽核/會簽	共同儀器中心	請購申請/簽核/會簽	研究發展處	請購申請/簽核/會簽	共同儀器中心	請購申請/簽核/會簽	共同儀器中心	請購申請/簽核/會簽	研究發展處	請購申請/簽核/會簽	事務組	請購申請/簽核/會簽
職稱		主任		研發長		辦事員		主任		研發長		組長	
姓名		李啟鳴		劉景平		莊詠甯		李啟鳴		劉景平		李彥蓉	
日期		113/05/03 16:24		113/05/03 16:53		113/05/04 09:09		113/05/04 20:42		113/05/06 10:52		113/05/08 17:49	
結果		核准											
意見												分案	

單位	採購核決	事務組	採購核決	事務組	財務監辦	採購核決	保管組	採購核決	總務處	採購核決	副校長室
職稱		專員		組長	依採購相關會議辦理		組長		總務長		副校長
姓名		劉又溱		李彥蓉			趙容旋		張正恆		朱娟秀
日期		113/06/11 18:54		113/06/12 09:02			113/06/12 13:33		113/06/12 19:23		113/06/13 07:49
結果		申請		核准			核准		核准		核准
意見		申請人			財務處						

**臺北醫學大學
請採購驗收紀錄**

簽核紀錄

單位	採購核決	校長室				
職稱		校長				
姓名		吳麥斯				
日期		113/06/13 15:16				
結果		核准				
意見						

驗收歷程

NO.	驗收日期	驗收類型	驗收人	單位	驗收結果	備註	下位驗收人
1	113/06/13	新增驗收單	劉又溱	事務組	符合	送出驗收	莊詠甯
2	113/09/04	到貨點收	莊詠甯	共同儀器中心	符合		劉俊志
3	113/09/04	功能驗收	劉俊志	共同儀器中心	符合	符合採購規格，功能驗收合格，驗收紀錄請參附件。	李啟鳴
4	113/09/04	退回功能驗	李啟鳴		不符合	補充功能驗收資料	
5	113/09/06	功能驗收	劉俊志	共同儀器中心	符合	符合採購規格，功能驗收合格，驗收紀錄請參附件。	李啟鳴
6	113/09/06	主管審核	李啟鳴	共同儀器中心	符合		保管組會驗
7	113/09/23	會驗	簡郁嘉	保管組	符合	驗收符合	
8	113/09/23	會驗	張正恆	總務處	符合	總務長會簽	
9	113/09/23	會驗	劉又溱	事務組	符合	採購事務組會驗	
10	113/09/24	會驗	趙容旋	保管組	符合	驗收符合	
11	113/09/25	會驗	林靜怡	會計服務組	符合	財務處會驗	
12	113/09/25	待請款	簡郁嘉	保管組	符合	驗收完成轉待請款	AF_END

結案請款資料

請款日：	113/09/26	實際採購金額：	22,000,000	最後總結案：	Y
------	-----------	---------	------------	--------	---

憑證資訊

序	廠商名稱	憑據類別	憑據日期	憑據號碼	憑據金額	說明
1	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司	發票	113/09/26	ED53241697	22,000,000	

財編資料 (本請購驗收紀錄得兼具財產增加單功能)

- 財產大類:機械儀器及設備
財產編號:2-1-1-9296(金額119,700元)、2-1-1-9297(金額110,500元)、2-2-25-104(金額117,000元)、3-0-338-4(金額17,689,000元)、3-0-409-11(金額3,005,500元)
- 財產大類:其他設備
財產編號:4-2-12-222(金額37,500元)
- 財產大類:電腦軟體
財產編號:2-1-51-2596(金額920,800元)



採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀，所含組件功能規格如下：

項次	採購規格 / 勞務工作規範	數量	單位
	<p>※請參酌『資格及規格訂定注意事項』，並依採購個案實際需求訂定</p> <p>一、質譜儀系統壹套，所含組件及功能規格如下：</p> <p>(一)離子源二組：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 須具加熱式且溫度可達 500°C(含)以上之電噴灑離子源一組。 2. 可控溫式奈米微流電噴灑離子源一組。 3. 須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能。 <p>(二)質量分析器一組：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道阱，或飛行時間式質量分析器質譜儀。其相關解析度如下： <ol style="list-style-type: none"> (1)傅立葉轉換電場軌道阱質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，傅立葉轉換電場軌道阱須達到 400,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定胜肽定量解析。 (2)飛行時間式質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，須為 200,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定胜肽定量解析。 2. 四極桿質量選擇器範圍須可達 1,200 Da。 3. 質量分析器質量掃描範圍須為達 m/z 6,000(含)以上。 4. 須具備離子傳輸元件。 5. 須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計。 6. 須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度。 7. 質量準確度(Mass Accuracy)須達質量外校誤差(external error) < 3 ppm，質量內校誤差(internal error) < 1 ppm。 8. 掃描速度須達 40Hz(含)以上。 9. 碰撞室：須具碰撞誘導解離(CID)，或是高能量碰撞誘導解離(HCD)之碎裂方法。 10. 靈敏度需達以 MS/MS 模式下以管柱進樣 100 fg reserpine 標準溶液，可測得訊號雜訊比(signal to noise ratio, S/N)達 100:1。 	壹	套
	<p>二、奈米微流液相層析系統壹套，所含組件及功能規格如下：</p> <p>(一)奈米微流速溶媒梯度幫浦一組，功能規格如下：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 流速範圍可設定 1 nL/min–100 μL/min 區間。 2. 系統壓力最高可達 1000 bar(含)以上。 <p>(二)自動進樣裝置一組：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 進樣體積區間為 0.1–25 μL。 2. 具備 4–40 °C 溫控功能。 3. 須具直接進樣(Direct injection)或 Trap-and-elute injection 功能或相同功能設計。 4. 須可放置 96 個(含)以上的 1.5 mL vial 瓶。 5. 管柱溫控範圍最高可達 60°C。 	壹	套
	<p>三、儀器控制及數據分析用電腦組含分析軟體壹套，所含組件及功能規格如下：</p> <p>(一)儀器控制用桌上型電腦壹套，功能規格如下：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 中央處理器：Intel Core i7(含)以上。 3. 記憶體：32 GB DDR5(含)以上。 4. 系統硬碟：1TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：4TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋(含)以上。 	壹	套

臺北醫學大學採購規格書

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀，所含組件功能規格如下：

項次	採購規格 / 勞務工作規範 ※請參酌『資格及規格訂定注意事項』，並依採購個案實際需求訂定	數量	單位
	<p>(二)數據分析用桌上型電腦壹套，功能規格如下：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 中央處理器：Intel Core i9 (含)以上。 3. 記憶體：128 GB DDR4(含)以上。 4. 系統硬碟：2TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：16TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋 (含)以上。 	壹	套
	<p>(三)蛋白質數據分析軟體壹套，功能規格如下：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 分析軟體須可直接分析本層析儀、質譜儀之原始數據或 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據，以確保實驗數據分析之完整相容性。 2. 須可支援數據依賴掃描模式(DDA)與非依賴(DIA)掃描模式之數據分析。 3. 須具有內建流程圖的數據分析工作流程，並可客製化，以符合實驗設計的工作流程。 4. 須具內建智能搜索功能，於此軟體同一介面內即可呈現完整結果。 5. 軟體須安裝於品項三(二)數據分析用桌上型電腦中，且須確保軟體能正常分析運作並達到上述功能。須提供軟體合法開通永久授權序號證明書以供本校驗收。 	壹	套
	<p>四、不斷電系統壹套，其功能規格如下：</p> <ol style="list-style-type: none"> (一) 須與儀器運作電壓相同，且容量須為 12KVA(含)以上。 (二) 須為在線式不斷電系統。 (三) 不斷電系統體積高度需可置放實驗桌下(詳採購品項五)。 	壹	套
	<p>五、實驗桌壹張，其功能規格如下：</p> <ol style="list-style-type: none"> (一) 須配合層析儀、質譜儀、儀器控制及分析用電腦等放置，桌體至少須長 180 公分、深 100 公分及高 80 公分(含)以上。 (二) 須具耐重度，可承受質譜儀系統、奈米微流液相層析系統及儀器控制電腦等設備之重量。 	壹	張



臺北醫學大學採購規格書

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀，所含組件功能規格如下：

項次	採購規格 / 勞務工作規範 ※請參酌『資格及規格訂定注意事項』，並依採購個案實際需求訂定	數量	單位
	<p>交貨驗收及保固維護事項：</p> <p>一、技術文件(須於驗收時提出)：</p> <p>(一) 中文或英文使用操作說明書，裝機測試報告。</p> <p>(二) 須可同時應用於蛋白質體非標定胜肽定量方式，例如數據依賴掃描模式(DDA)與數據非依賴掃描(DIA)模式之定量分析，以及標定胜肽定量方式，含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上，且於定量離子訊號須完整解析，以確定可支援臨床多重樣品定量監測，須提供軟體分析報告。</p> <p>(三) 須可進行單細胞分析實驗，於 250 pg 膜蛋白或 Hela 樣品進樣，須於 20 分鐘有效梯度分析時間內單次數據結果，透過分析軟體，鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質，須提供軟體分析報告。</p> <p>(四) 須可於臨床檢體例如 Ig 樣品於小於 1 µg 進樣條件下，經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下，透過分析軟體，鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果，須提供軟體分析報告。</p> <p>二、投標廠商須提供經原廠受訓合格，取得相同機型之受訓證明之維修工程師，或具有維持本儀器能力之證明。</p> <p>三、教育訓練計畫 Training schedule，保固期內需配合請購單位進行全校性與內部教育訓練課程(中文或英文)。訓練內容應包括但不限於：儀器原理、大分子軟體教學、樣品前處理、儀器操作、數據分析、基本儀器維護及錯誤排除。</p> <p>四、為確保品質，廠商履約所供應或完成之標的應以新品交貨(請於驗收時檢附原廠出廠證明)，不得以展示品或整修品或拼裝機交貨。</p> <p>五、廠商應提供可校驗之標準品，以測試儀器功能。</p> <p>六、全責保固至少二年，保固期內須含每年二次保養。保固期內，儀器控制軟體版本永久授權及免費提供與硬體相容之修正與更新檔。如遇儀器無法正常運作(包含與其連線之電腦軟硬體維修)需廠商維修時，最遲於三個工作日內，派遣工程師至本校請購單位指定地點進行修護。</p> <p>一、履約期限：(請務必設定於預算經費核銷期限前，如需較長測試或試用期間，應視狀況將交貨期提前)</p> <p>(一) 財物： <input type="checkbox"/> 廠商應於 年 月 日以前，<input checked="" type="checkbox"/> 其他：廠商須於決標次日起 90 個日曆天(含例假日)內，將採購標的送達請購單位指定地點，安裝測試完畢，且測試結果符合契約規定； <input type="checkbox"/> 廠商應於 年 月 日以前將採購標的送達請購單位指定地點，另於貨到後 年 月 日前，<input type="checkbox"/> 經請購單位通知 日內完成安裝測試，且測試結果符合契約規定。</p> <p>(二) 勞務：<input type="checkbox"/> 廠商應於 年 月 日以前，<input type="checkbox"/> 年 月 日至 年 月 日，<input type="checkbox"/> 其他：，完成履行採購標的之供應。</p> <p>※以上計算方式：<input checked="" type="checkbox"/> 以日曆天計，星期例假日、國定假日或其他休息日計入。<input type="checkbox"/> 以工作天計。</p> <p>二、保固期限：<input checked="" type="checkbox"/> 提供保固，自驗收合格之日起，保固 2 年，<input type="checkbox"/> 其他：，<input type="checkbox"/> 不須提供保固。</p> <p>三、後續擴充：<input checked="" type="checkbox"/> 無。<input type="checkbox"/> 後續擴充(請敘明擴充期間、金額或數量，採購金額須含後續擴充項目所需金額)：</p> <p>請購單位：共同儀器中心 請購聯絡人：莊詠甯小姐 信義校區聯絡電話：(02)2736-1661 #2705</p> <p style="text-align: center;">莊詠甯</p>		

列印時間：113/05/10 17:30

公開招標 公告

公告日：113/05/13

機關資料	機關代碼	03724606
	機關名稱	臺北醫學大學
	單位名稱	臺北醫學大學
	機關地址	110 臺北市 信義區 吳興街250號
	聯絡人	劉又濂小姐
	聯絡電話	(02) 27361661 #2312
	傳真號碼	(02) 27363327
	電子郵件信箱	rachel@tmu.edu.tw

採購資料	標案案號	TMU112-277
	標案名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀
	標的分類	財物類 482 - 做為測量、檢查、航行及其他目的用之儀器和裝置·除光學儀器; 工業程序控制設備; 上述各項之零件及附件
	財物採購性質	買受,定製
	採購金額	23,500,000元
	採購金額級距	公告金額以上未達查核金額
	法人團體辦理適用採購法案件之依據法條	採購法第4條
	辦理方式	補助
	依據法條	採購法第18條、第19條
	是否適用條約或協定之採購	是否適用WTO政府採購協定(GPA)：否 是否適用臺紐經濟合作協定(ANZTEC)：否 是否適用臺星經濟夥伴協定(ASTEP)：否
	採購是否屬「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」採購	否
	本採購是否屬「涉及國家安全」採購	否
	預算金額	23,500,000元
	預算金額是否公開	否 預算金額不公開理由：機關認為不宜公開
	預計金額	23,500,000元
預計金額是否公開	否	
後續擴充	否	
是否受機關補助	是	

	補助機關	3.9教育部
	補助金額	22,264,000元
本案是否曾以不同案號辦理招標公告	否	
是否提供英文招標文件	未提供	
是否為政策及業務宣導業務	否	

招標資料	招標方式	公開招標
	決標方式	最低標
	是否依政府採購法施行細則第64條之2辦理	否
	新增公告傳輸次數	01
	招標狀態	第一次公開招標
	機關自定公告日	113/05/13
	是否複數決標	否
	是否訂有底價	是
	是否屬特殊採購	否
	是否已辦理公開閱覽	否
	是否屬統包	否
	是否屬共同供應契約採購	否
	是否屬二以上機關之聯合採購(不適用共同供應契約規定)	否
	是否應依公共工程專業技師簽證規則實施技師簽證	否

領投開標	是否提供電子領標	是
------	----------	---

機關文件費(機關實收)	200元
系統使用費	20元
文件代收費	10元
總計	230元
機關文件費指定收款機關單位：臺北醫學大學	
機關文件費指定收款帳戶：財團法人臺北醫學大學	
是否提供現場領標：否	
投標須知下載	
是否提供電子投標	否
截止投標	113/05/23 17:00
開標時間	113/05/23 17:30
開標地點	110臺北市信義區吳興街250號醫學綜合大樓後棟一樓總務處會議室
是否須繳納押標金	是，尚未提供廠商線上繳納押標金 理由：押標金收款帳戶暫不允許非臨櫃存入 押標金額度：一定金額：新台幣1,150,000元整。
投標文字	正體中文
收受投標文件地點	110臺北市信義區吳興街250號醫學綜合大樓後棟一樓總務處事務組劉小姐處

其他	是否依據採購法第99條	否
	履約地點	臺北市(非原住民族地區)
	履約期限	詳投標須知及標單、契約相關規定。
	是否刊登公報	是
	是否依據採購法第11條之1，成立採購工作及審查小組	否
	本案採購契約是否採用主管機關訂定之範本	是
	本案採購契約是否採用主管機關訂定之最新版範本	財物類財物採購契約範本最新版之時間為「112.11.23」 是
	契約是否訂有依物價指數調整價金規定	否，招標文件未訂物價指數調整條款 無預算
	廠商資格摘要	1. 廠商登記或設立之證明 投標廠商之基本資格須符合以下任一資格： 1. 具公司登記 2. 具商業登記 3. 為身心障礙福利機構團體或庇護工場 4. 為原住民廠商 2. 廠商納稅之證明，如營業稅或所得稅

是否訂有與履約能力有關之基本資格	是								
廠商應附具之基本資格證明文件或物品： 【須於招標文件載明者為限】	<table border="1"> <thead> <tr> <th>資格項目</th> <th>附加說明</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>廠商具有製造、供應或承做能力之證明</td> <td>如曾完成與招標標之類似之製造、供應或承做之文件、招標文件規定之樣品、現有或得標後之可取得履約所需設備、技術、財力、人力或場所之說明或品質管制能力文件等</td> </tr> <tr> <td>廠商具有維修、維護或售後服務能力之證明</td> <td>如維修人員經專業訓練之證明、設立或具有或於得標後一定期間內自有或特約維修站或場所之證明等</td> </tr> <tr> <td>廠商信用之證明</td> <td>如票據交換機構或受理查詢之金融機構於截止投標日之前半年內所出具之非拒絕往來戶及最近三年內無退票紀錄證明、會計師簽證之財務報表或金融機構或徵信機構出具之信用證明等</td> </tr> </tbody> </table>	資格項目	附加說明	廠商具有製造、供應或承做能力之證明	如曾完成與招標標之類似之製造、供應或承做之文件、招標文件規定之樣品、現有或得標後之可取得履約所需設備、技術、財力、人力或場所之說明或品質管制能力文件等	廠商具有維修、維護或售後服務能力之證明	如維修人員經專業訓練之證明、設立或具有或於得標後一定期間內自有或特約維修站或場所之證明等	廠商信用之證明	如票據交換機構或受理查詢之金融機構於截止投標日之前半年內所出具之非拒絕往來戶及最近三年內無退票紀錄證明、會計師簽證之財務報表或金融機構或徵信機構出具之信用證明等
資格項目	附加說明								
廠商具有製造、供應或承做能力之證明	如曾完成與招標標之類似之製造、供應或承做之文件、招標文件規定之樣品、現有或得標後之可取得履約所需設備、技術、財力、人力或場所之說明或品質管制能力文件等								
廠商具有維修、維護或售後服務能力之證明	如維修人員經專業訓練之證明、設立或具有或於得標後一定期間內自有或特約維修站或場所之證明等								
廠商信用之證明	如票據交換機構或受理查詢之金融機構於截止投標日之前半年內所出具之非拒絕往來戶及最近三年內無退票紀錄證明、會計師簽證之財務報表或金融機構或徵信機構出具之信用證明等								
附加說明									
是否刊登英文公告	否								
疑義、異議、申訴及檢舉受理單位	疑義、異議受理單位 臺北醫學大學 申訴受理單位 行政院公共工程委員會採購申訴審議委員會-(地址：110臺北市信義區松仁路3號9樓、電話：02-87897530、傳真：02-87897514) 檢舉受理單位 部會署-教育部採購稽核小組-(地址：100臺北市中正區中山南路5號、電話：02-77365529、傳真：02-23583005) 法務部調查局-(地址：231新北市新店區中華路74號;新店郵政60000號信箱、電話：02-29177777、傳真：02-29188888) 法務部廉政署-(地址：100臺北市中正區博愛路166號;100006國史館郵局第153號信箱、電話：0800286586、傳真：02-23811234) 中央採購稽核小組-(地址：110臺北市信義區松仁路3號9樓、電話：02-87897548、傳真：02-87897554)								
招標公告傳輸時間	113/05/10 17:20								

◎以上招標公告內容如與招標文件不一致者，請依政府採購法第41條向招標機關反映。

以下各項招標規定內容，由機關填寫，投標廠商不得漏或塗改。
各項內含選項者，由機關擇符合本採購案者勾填。

- 一、本採購適用政府採購法(以下簡稱採購法)及其主管機關所訂定之規定。
- 二、本標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀。
- 三、採購標的為：
 (1) 工程。
 (2) 財物；其性質為： 購買； 租賃； 定製； 兼具兩種以上性質者(請勾選)。
 (3) 勞務。
- 四、本採購屬：
 (1) 公告金額十分之一以下之採購。
 (2) 逾公告金額十分之一未達公告金額之採購。
 (3) 公告金額以上未達查核金額之採購。
 (4) 查核金額以上未達巨額之採購。
 (5) 巨額採購。
 已依「機關提報巨額採購使用情形及效益分析作業規定」第2點第1項，覈准預期使用情形及效益目標。
- 五、本採購：
 (1) 為共同供應契約。
 (2) 非共同供應契約。
- 六、本採購預算金額(不公告者免填)；但依「投標廠商資格與特殊或巨額採購認定標準」第5條第3項規定辦理者，或屬公告金額以上採購之公開招標、選擇性招標及限制性招標之公開評選，除轉售或供製造加工後轉售之採購、預算金額涉及商業機密或機關認為不宜公開外，應公開預算金額)：
- 七、本採購預計金額(不公告者免填)：
- 八、上級機關名稱：教育部。
- 九、依採購法第4條接受補助辦理採購者，補助機關名稱及地址(非屬此等採購者免填)：教育部，臺北市中正區中山南路五號，電話代表號：(02) 7736-6666。
- 十、依採購法第5條由法人或團體代辦採購者，委託機關名稱及地址(非屬此等採購者免填)：
- 十一、依採購法第40條代辦採購者，洽辦機關名稱及地址(非屬此等採購者免填)：
- 十二、依採購法第75條，受理廠商異議之機關名稱、地址及電話：同招標機關(不同者請書明機關名稱、地址及電話)。
- 十三、依採購法第76條及第85條之1，受理廠商申訴(未達公告金額之採購，除屬採購法第31條規定不予發還或追繳押標金之爭議者外，不適用申訴制度)或履約爭議調解(無金額限制)之採購申訴審議委員會名稱、地址及電話：廠商與本機關間之招標、審標、決標、訂約、履約及驗收之爭議，得依政府採購法及相關規定向本機關提出異議或履約爭議調解)。
- 十四、本採購為：
 (1) 未分批辦理。
 (2) 係分批辦理公告金額以上之採購，業經上級機關核准(文號：_____)

【投標須知】第1頁，共18頁

- 十四、依採購法第49條規定公開取得書面報價或企劃書。(限未達公告金額之採購案始得採行)。
 (4-1) 本案業經機關首長或其授權人員核准，本次公告未能取得3家以上廠商之書面報價或企劃書時，將改採限制性招標方式辦理。
- 十六、本採購：
 (1) 適用我國締結之條約或協定；其名稱為：
 世界貿易組織政府採購協定(GPA)。
1. 門檻金額：(由機關於招標時擇一勾選；未勾選者，為選項A)
 選項A：依GPA我國承諾開放清單所載門檻金額開放，惟簽署國之門檻金額較我國高者，對該簽署國適用該較高之門檻金額。
 選項B：依GPA我國承諾開放清單所載門檻金額開放。
2. 服務及工程服務：(由機關於招標時擇一勾選；未勾選者，為選項A)
 選項A：依GPA我國承諾開放清單之服務及工程服務開放，惟僅開放予對該等服務亦相對開放之簽署國。
 選項B：依GPA我國承諾開放清單之服務及工程服務開放。
 臺紐經濟合作協定。
 臺星經濟夥伴協定。
 其他(請敘明)：
非條約或協定國家之廠商：
 不可參與投標。
 下列外國廠商可以參與投標：
1. 國家或地區名稱：均可(未列明者即不允許)
2. 是否允許大陸地區廠商參與：(未勾選者即不允許；如允許者，須符合兩岸進口及貿易往來相關規定)
 是
 否
3. 給予下列差別待遇(可複選)：
 採購法第43條第1款之措施(招標文件須列明作為採購評選之項目及其比率)：
 採購法第43條第2款之措施：
 採購法第17條第2項處理辦法之措施：
如為工程採購，廠商履約過程中如有使用或供應下列材料或產品，其原產地須屬我國或其他條約或協定國家者(可複選)：
材料：
 水泥
 水泥製品
 鋼筋
 預力鋼絞線
 結構鋼
 陶瓷面磚
 透水性混凝土磚
 砂石
 木材、竹材
 其他(由招標機關敘明)：
產品：

【投標須知】第3頁，共18頁

- 依總金額核計採購，分別按公告金額或查核金額以上之規定辦理。
- 十五、招標方式為：
 (1) 公開招標
 (1-1) 本案為複數決標並採分項決標，廠商各項投標文件無需分項裝封，無需於大外標封標示標項次，有3家以上廠商投標，且符合政府採購法施行細則第55條規定時，即得開標。
 (2) 選擇性招標：符合採購法第20條第1款； 第2款； 第3款； 第4款； 第5款(請勾選款次)
 (2-1) 為特定個案辦理，於廠商資格審查後，邀請所有符合資格廠商投標。
 (2-2) 為建立合格廠商名單；後續邀標方式為個別邀請所有符合資格之廠商投標； 公告邀請所有符合資格之廠商投標； 依審標順序，每次邀請一家符合資格之廠商投標； 以抽籤方式擇定邀請符合資格之廠商投標。
 (3) 限制性招標：本案業經需求、使用或承辦採購單位敘明符合採購法第22條第1項第__款之情形，並彙報機關首長或其授權人員核准採限制性招標。
 (3-1) 公開評選、公開邀選優勝廠商：
 (3-1-1) 依採購法第22條第1項第9款辦理； 委託專業服務； 委託技術服務； 委託資訊服務； 委託社會福利服務。
 (3-1-2) 依採購法第22條第1項第10款辦理。
 (3-1-3) 依採購法第22條第1項第11款辦理。
 (3-2) 比價； 經前次公告招標結果，無廠商投標或無合格標，且符合採購法施行細則第22條第1項規定無廠商異議或申訴在處理中者，依採購法第22條第1項第1款規定，不另公告招標，並依採購法施行細則第23條之1第1項規定，邀請過去表現優良之2家以上廠商以比價方式辦理； 符合採購法第22條第1項第__款(請列明款次，第16款之情形須併填主管機關核准文號)； 符合採購法第104條第1項但書第__款(請列明款次及相關機關核准文號)； 符合採購法第105條第1項第__款(請列明款次及相關機關核准文號)； 符合中央機關未達公告金額採購招標辦法第__條第__項第__款規定； 符合地方政府依採購法第23條所定未達公告金額採購招標辦法第__條第__項第__款規定。
 (3-3) 議價； 符合採購法第22條第1項第__款(請列明款次，其未得以比價方式辦理之原因：_____)；第16款之情形須併填主管機關核准文號)； 符合採購法第104條第1項第__款(請列明款次及相關機關核准文號，非填第4款者，其未得以比價方式辦理之原因：_____)； 符合採購法第105條第1項第__款(請列明款次及相關機關核准文號，填第1款或第2款者，其未得以比價方式辦理之原因：_____)； 符合中央機關未達公告金額採購招標辦法第__條第__項第__款規定(其未得以比價方式辦理之原因：_____)； 符合地方政府依採購法第23條所定未達公告金額採購招標辦法第__條第__項第__款規定。
 (3-4) 依採購法第22條第1項第__款辦理(請列明款次)，並以公告程序徵求受邀廠商，作為邀請之、議價之用。

【投標須知】第2頁，共18頁

- 升降機
 - 手扶梯
 - 阻尼器
 - 監視設備
 - 門窗
 - 櫥櫃
 - 空調設備
 - 消防栓
 - 照明燈具
 - 避雷針
 - 電氣設備
 - 太陽能設備
 - 衛浴設備
 - 其他(由招標機關敘明)：
- (2) 不適用我國締結之條約或協定，外國廠商：
 不可參與投標。我國廠商所供應標的(含工程、財物及勞務)之原產地須屬我國者。
 不可參與投標，但我國廠商所供應標的(含工程、財物及勞務)之原產地得為下列外國者：
1. 國家或地區名稱：(未列明者即不允許)
2. 是否允許供應大陸地區標的：(未勾選者即不允許；如允許者，須符合兩岸進口及貿易往來相關規定)
 是
 否
 下列外國廠商可以參與投標：
1. 國家或地區名稱：均可(未列明者即不允許)
2. 是否允許大陸地區廠商參與：(未勾選者即不允許；如允許者，須符合兩岸進口及貿易往來相關規定)
 是
 否
3. 給予下列差別待遇(可複選)：
 採購法第43條第1款之措施(招標文件須列明作為採購評選之項目及其比率)：
 採購法第43條第2款之措施：
 採購法第17條第2項處理辦法之措施：
如為工程採購，不論是否允許外國廠商參與投標，廠商履約過程中如有使用或供應下列材料或產品，其原產地須屬我國者(可複選)：
材料：
 水泥
 水泥製品
 鋼筋
 預力鋼絞線
 結構鋼
 陶瓷面磚
 透水性混凝土磚
 砂石

【投標須知】第4頁，共18頁

木材、竹材
其他(由招標機關敘明)：

產品：

- 升降機
- 手扶梯
- 阻尼器
- 監視設備
- 門窗
- 櫃檯
- 空調設備
- 消防柱
- 照明燈具
- 避雷針
- 電氣設備
- 太陽能設備
- 衛浴設備

其他(由招標機關敘明)：

(3)廠商所供應整體標之組成項目(例如製成品之特定組件、工程內含之材料與設施)，其不允許使用大陸地區產品之項目；本標價清單項次三。廠商亦不得使用行政院依據「各機關對危害國家資通安全產品限制使用原則」公布之廠商清單所提供之產品，或主管機關公告之禁用廠商名單，如產品係由上述廠商進行設計(Original Design Manufacturer, ODM)或製造(Original Equipment Manufacturer, OEM)者，同屬限制範圍。

(4)本採購就取得或使用無人機部分應符合下列條款(與招標文件其他條款有不一致者，本條款優先適用)

(4-1)不允許大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商、在臺陸資廠商及經濟部投資審議委員會公告之陸資資訊服務業者參與，且符合下列規定：

(4-1-1)屬機關取得財物者，廠商所供應標的，應符合相關目的事業主管機關之規範，整機不得為大陸廠牌(不及於零組件之廠牌)。

機關有特殊需求者，不允許使用大陸地區製造或大陸廠牌之零組件：

[例如軍、警、海巡等機關或關鍵基礎設施、重要人士在場、犯罪偵查等，由機關酌個案特性妥適訂定。]

(4-1-1-1)廠商履約所供應之無人機，應符合下列要求：

A. 依遙控無人機管理規則第 17 條規定於交通部民用航空局登錄。

B. 經無人機主管機關(交通部)及資通安全主管機關(數位發展部)認可之專業單位資安檢測通過，並持有該單位核發之資安檢測合格證明[無人機資安檢測需求詳附表]。

C. 具射頻功能且屬國家通訊傳播委員會公告「應經核准之電信管制射頻器材」者，應取得該會核發之審驗證明。

【投標須知】第5頁，共18頁

(4-1-1-2)其他：_____。

(4-1-2)屬機關取得服務者，廠商履約人員不得為大陸籍人士；使用之無人機整機不得為大陸廠牌(不及於零組件之廠牌)。

機關有特殊需求者，不允許使用大陸地區製造或大陸廠牌之零組件：

[例如軍、警、海巡等機關或關鍵基礎設施、重要人士在場、犯罪偵查等，由機關酌個案特性妥適訂定。]

(4-1-2-1)廠商履約所使用之無人機，應符合下列要求：

A. 依遙控無人機管理規則第 17 條規定於交通部民用航空局登錄。

B. 經無人機主管機關(交通部)及資通安全主管機關(數位發展部)認可之專業單位資安檢測通過，並持有該單位核發之資安檢測合格證明[無人機資安檢測需求詳附表]。

C. 具射頻功能且屬國家通訊傳播委員會公告「應經核准之電信管制射頻器材」者，應取得該會核發之審驗證明。

(4-1-2-2)無人機操作人，均應具民航局核發之合格專業操作證。

(4-1-2-3)群飛活動飛經紅區者，其飛行計畫須經交通部及(或)活動所在地之地方政府審核通過。

(4-1-2-4)法人應訂定作業手冊，經民航局能力審查核准，並經民航局及(或)地方政府同意飛航活動申請。

(4-1-2-5)其他：_____。

無人機資安檢測需求^(註1)

適用資安檢測等級	適用情形	排除適用情形
一、無人機產品資安測試 中階等級 ^(註2)	有下列情形之一者： 1. 飛經禁航區、限航區、民航局公告之航空站或飛行場四周或地方政府代中央機關公告之紅區 2. 無人機重量 25 公斤以上	經上級機關轉目的事業主管機關(交通部)及資通安全主管機關(數位發展部)同意免予適用者。
二、無人機產品資安測試 初階等級 ^(註2)	飛經地方[直轄市、縣(市)政府]劃設紅區	有下列情形之一者，免予適用： 1. 無自主導航且無攝影功能。 2. 經地方政府同意免予適用者。 3. 紅區所在機關辦理之教育訓練或競賽等低機敏性活動並報經地方政府備查。
三、無人機產品資安測試初階等級及群飛系統資安檢測 ^(註2及3)	群飛架數 200 架以上且預計群聚人數達 1,000 人以上 ^(註4)	

【投標須知】第6頁，共18頁

註 1：本表無人機資安檢測需求係針對一般機關採購取得或使用無人機之基本需求，機關得依個案特性提高檢測安全等級。又因機關使用情境(例如沙軍、警、海巡等機關或關鍵基礎設施、重要人士在場、犯罪偵查等)，請機關酌個案特性，以適當資安標準妥適訂定。

註 2：本表所稱產品資安檢測等級及檢測項目，係指「無人機資安聯合驗測實驗室」訂定之「無人機資安保障規範」第二部分產品資安測試安全等級及檢測項目(或其他同等級之標準或規範)，並以招標公告或邀標時適用之版本為準，履約期間如有變更資安需求者，得以契約變更方式處理。

註 3：本表所稱「群飛系統資安檢測」，係引用台灣資通產業標準協會發布之「物聯網場域資安防護評估指引」安全等級 L1 級(或其他同等級之標準或規範)，針對應用層、網路層及感測設備層所包含設備之一般性安全功能的資安要求及測試評估，並以招標公告或邀標時適用之版本為準，履約期間如有變更資安需求者，另以契約變更方式處理。

註 4：群聚人數門檻係參考內政部「大型群聚活動安全管理要點」對於「大型群聚活動」之定義。

註 5：機關應視個案實際情形於採購預算編列資安檢測費用，客製化之財物採購，第 1 次型式檢測費用由機關預算支應；勞務採購，機關依使用架數、使用頻率等因素評估所需檢測費用。

十七、本採購：

- (1) 依採購法第 24 條規定以統包辦理招標。
- (2) 非以統包辦理招標。

十八、本採購：

- (1) 依採購法第 25 條規定允許廠商共同投標(招標文件已附共同投標協議書範本)；廠商家數上限為 02 家；03 家；04 家；05 家。
- (2) 不允許廠商共同投標。

十九、廠商得以電子資料傳輸方式於投標截止期限前遞送投標文件，該電子化資料，並視同正式文件，得免另備書面文件。供遞送之電傳號碼/網址為(不允許者免填)：

二十、廠商對投標文件內容有疑義者，應以書面向招標機關請求釋疑之期限：自公告日或邀標日起等標期之四分之一，其尾數不足 1 日者，以 1 日計。

二十一、機關以書面答復前條請求釋疑廠商之期限：投標截止期限前 1 日答復。

二十二、本採購依採購法第 33 條第 3 項：

- (1) 允許廠商於開標前補正非契約必要之點之文件。
- (2) 不允許廠商於開標前補正非契約必要之點之文件。

二十三、本採購依採購法第 35 條：

- (1) 允許廠商於在不降低原有功能條件下，可提出可縮減工期、減省經費或提高效率之替代方案(請載明允許項目)；
- (2) 不允許提出替代方案。

二十四、投標文件有效期：自投標時起至開標後 30 日止。如機關無法於前開有效期內決標，得於必要時洽請廠商延長投標文件之有效期。

二十五、廠商應遞送投標文件份數：

- (1) 1 式 1 份。
- (2) 1 式 2 份。
- (3) 1 式 3 份。

【投標須知】第7頁，共18頁

- (4) 1 式 4 份。
- (5) 1 式 5 份。
- (6) 其他(由招標機關敘明)：

二十六、投標文件使用文字：

- (1) 中文(正體字)。
- (2) 中文(正體字)，但特殊技術或材料之圖文資料得使用英文。
- (3) 其他(由招標機關敘明)：

二十七、公開開標條件之開標時間(依採購法不公開者免填)：本案採一次投標(資、規格與價格)分段開標，第一階段資、規格標審查且未通過者不得參與後續第二階段價格標之開標審查、議(比)價。

第一階段資、規格標開標時間(※廠商得派員參與)：113年05月23日下午05時30分整。

投標廠商提送各項文件資料，應符合本須知所訂條件，且經審查合格者，始得參加下一階段之開標、議(比)價。如審查時對資、規格有疑問時，得要求投標廠商澄清說明，投標廠商應於接獲本機關通知起二個日曆天(含例假日)內提供，廠商不得拒絕回答或藉機要求變動報價。如逾期未回復或補充後仍審查不合格，則視同資、規格不符，不得參加下一階段之開標、議(比)價。

二十八、公開開標條件之開標地點(依採購法不公開者免填)：臺北市信義區吳興街 250 號臺北醫學大學醫學院綜合大樓後棟一樓總務處會議室。

二十九、公開開標條件有權參加開標之每一投標廠商人數(依採購法不公開或不限制廠商出席人數者免填)：二人。

三十、依採購法不公開開標之依據：

- (1) 依採購法第 21 條規定辦理選擇性招標之資格審查，供建立合格廠商名單。
- (2) 依採購法第 42 條規定採分段開標，後續階段開標之時間及地點無法預先標示。
- (3) 依採購法第 57 條第 1 款規定。
- (4) 依採購法第 104 條第 1 項第 2 款規定。
- (5) 其他經主管機關認定者：_____ (請載明核准文號)：

三十一、本採購開標採：

- (1) 不分段開標，所有投標文件置於一標封內，不必按文件屬性分別裝封。
- (2) 分段開標(請勾選項目)；投標廠商應就各段標之標封分別裝封並標示內含資格標、規格標或價格標等：
 - 公開招標，資格、規格與價格一次投標分段開標。
 - 公開招標，資格與規格合併一段投標、分段開標，再遵循招標文件規定之廠商投價格標。
 - 選擇性招標，邀請廠商就資格、與規格、價格分次投標、分段開標。
 - 選擇性招標，邀請符合資格之廠商就規格與價格一次投標、分段開標。

三十二、押標金金額(無押標金者免填)：

- (1) 一定金額：新台幣 1,150,000 元整。
- (2) 標價之一定比率：_____%。

三十三、採電子投標之廠商，押標金予以減收金額(無者免填)：

【投標須知】第8頁，共18頁

- 三十四、為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第33條第5項所稱優良廠商者(公開於政府電子採購網<https://web.pcc.gov.tw/>常用查詢/優良廠商名單/有效名單列表)，押標金予以減收金額：
 行政院公共工程委員會公共工程品質獎之得獎廠商，減收原應繳總額之50%。
 其他獎項(由招標機關敘明獎項名稱及減收總額，其減收總額不逾原定應繳總額之50%)；
- 為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第33條之6所稱全球化廠商者，押標金予以減收之金額(無者免填)：
為營造業法第51條所稱優良營造業，參與案件屬營造業法所稱營造工程之工程採購者，押標金予以減收金額，其減收金額不併入前2項減收總額度計算(無者免填，惟押標金、工程保證金或工程保留款應至少擇一項給予獎勵)。
- 三十五、押標金有效期(無押標金者免填)：廠商以銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀、銀行之書面連帶保證或保險公司之保證保險單繳納押標金者，其有效期應較招標文件規定之報價有效期長三十日。
- 三十六、押標金繳納期限：截止投標期限前繳納(無押標金者不適用)。
- 三十七、以現金繳納押標金之繳納處所或金融機構帳號(無押標金者免填)：本校暫不接受以現金方式繳納。
(1)政府電子採購網線上繳納。(距截止投標期限不足5分鐘時，將無法使用本方式繳納押標金，請廠商提早作業)本校暫不接受以線上方式繳納。
(2)未採線上繳納者，其繳納處所或金融機構帳號：本校暫不接受以匯款方式繳納。
- 三十八、無押標金之理由為：
 (1)勞務採購。
 (2)未達公告金額之工程、財物採購。
 (3)以議價方式辦理之採購。
 (4)依市場交易慣例或採購案特性，無收取押標金之必要或可能者。
- 三十九、履約保證金金額(無者免填)： 一定金額：_____； 契約金額之一定比率：10%。
 廠商如以銀行之書面連帶保證或開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀繳納履約保證金者，機關得視該銀行之信譽、過去履行連帶保證之紀錄等，經機關審核後始予接受。廠商以押標金轉換為履約保證金時，亦同。
- 四十、得標廠商提出其他廠商之履約及賠償連帶保證者，履約保證金予以減收之金額(無者免填)；
- 四十一、得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第33條之5第2項所稱優良廠商者(公開於政府電子採購網<https://web.pcc.gov.tw/>常用查詢/優良廠商名單/有效名單列表)，履約保證金予以減收金額：
 行政院公共工程委員會公共工程品質獎之得獎廠商，減收原應繳總額之50%。
 其他獎項(由招標機關敘明獎項名稱及減收總額，其減收總額不逾原定應繳總額之50%)；

【投標須知】第9頁，共18頁

- 得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第33條之6所稱全球化廠商者，履約保證金予以減收之金額(無者免填)；
- 得標廠商為營造業法第51條所稱優良營造業，且得標案件屬營造業法所稱營造工程之工程採購者，履約保證金予以減收金額，其減收金額不併入前2項減收總額度計算(無者免填，惟押標金、工程保證金或工程保留款應至少擇一項給予獎勵)；
- 四十二、履約保證金有效期(無履約保證金者免填)：較契約規定之履約期限長30日。履約事項驗收完成且無待解決事項為止，惟廠商以銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀、銀行之書面連帶保證或保險公司之保證保險單繳納履約保證金者，其有效期應較契約約定之最後施工、供應或安裝期限長一日(由機關於招標時自行填列，未填列者，為90日)。但得標廠商以銀行開發之不可撤銷擔保信用狀或銀行之書面連帶保證繳納者，有效期未能立即涵蓋上述有效期，須先以較短有效期繳納者，其有效期每次至少一年(由機關於招標時自行填列，未填列者，為3年，未次之有效期得少於3年)。得標廠商應於有效期屆滿前一日(由機關於招標時自行填列，未填列者，為30日)辦理完成繳交符合契約約定總額之保證金。
- 四十三、履約保證金繳納期限(無履約保證金者免填)：自決標次日起十四個工作天內。
- 四十四、無履約保證金之理由為：
 (1)勞務採購。
 (2)未達公告金額之工程、財物採購。
 (3)依市場交易慣例或採購案特性，無收取履約保證金之必要或可能者。
- 四十五、保固保證金金額(無者免填)：依契約金額之3%。
- 四十六、保固保證金有效期(無保固保證金者免填)：較契約規定之保固期長30日，廠商以銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀、銀行之書面連帶保證或保險公司之保證保險單繳納保固保證金者，其有效期應較契約規定之保固期長九十日。
- 四十七、保固保證金繳納期限(無保固保證金者免填)：履約標的完成驗收合格後，機關付款前。
- 四十八、得標廠商提出其他廠商之履約及賠償連帶保證者，保固保證金予以減收之金額(無者免填)；
- 四十九、得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第33條之5第2項所稱優良廠商者(公開於政府電子採購網<https://web.pcc.gov.tw/>常用查詢/優良廠商名單/有效名單列表)，保固保證金予以減收金額：
 行政院公共工程委員會公共工程品質獎之得獎廠商，減收原應繳總額之50%。
 其他獎項(由招標機關敘明獎項名稱及減收總額，其減收總額不逾原定應繳總額之50%)；
- 得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第33條之6所稱全球化廠商者，保固保證金予以減收之金額(無者免填)；
- 得標廠商為營造業法第51條所稱優良營造業，且得標案件屬營造業法所稱營造工程之工程採購者，保固保證金予以減收金額，其減收金額不併入前2項減收總額度計算(無者免填，惟押標金、工程保證金或工程保留款應至少擇一項給予獎勵)。

【投標須知】第10頁，共18頁

- 少擇一項給予獎勵)；
- 五十、預付款還款保證金額(無者免填)；
- 五十一、預付款還款保證有效期(無預付款還款保證者免填)；
- 五十二、預付款還款保證繳納期限(無預付款還款保證者免填)；
- 五十二之一、植栽工程養護期保證金(僅適用於工程驗收合格後給付全部植栽價金之情形)額為全部植栽價金之%(由機關於招標時自行填列；未填列者，為25%)，於機關給付全部植栽費用時扣回，作為廠商植栽養護之擔保，無須另行繳納。
- 五十三、各種保證金之繳納處所或金融機構帳號(無保證金者免填)：
(一)以金融本票、支票、保付支票或郵政匯票(票據請勿加「禁止背書轉讓」，以利作業)繳納者，應為即期且以本機關全銜「財團法人臺北醫學大學」為受款人。
(二)繳納方式：配合本機關出納作業，廠商繳納時須到校隨櫃辦理。如為第一次投標，請至出納組(醫務綜合大樓後棟1F)繳納押標金後，將(暫)收據據至事務組承辦同仁處影印後檢附，收據正本請逕行保管留存，敬請配合。如第二次投標，得延用第一次投標所繳之押標金，免再繳納。
(三)押標金及各種保證金退還時機，均依各階段期限屆滿後，依本機關付款程序，無息退還。
- 五十四、押標金及保證金應由廠商以現金、金融機構發發之本票或支票、保付支票、郵政匯票、政府公債、設定質權之金融機構定期存款單、銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀繳納，或取具銀行之書面連帶保證、保險公司之連帶保證保險單繳納，並應符合本機關押標金保證金暨其他擔保作業辦法規定格式。
- 五十五、廠商有下列情形之一者，其所繳納之押標金，不予發還；其未依招標文件規定繳納或已發還者，並予追繳：(無需押標金之案件免列)
(一)以虛偽不實之文件投標。
(二)借用他人名義或證件投標，或容許他人借用本人名義或證件參投標。
(三)冒用他人名義或證件投標。
(四)得標後拒不簽約。
(五)得標後未於規定期限內，繳足履約保證金或提供擔保。
(六)對採購有關人員行賄、期約或交付不正利益。
(七)其他經主管機關認定有影響採購公正之違反法令行為者。
前項追繳押標金之情形，屬廠商未依招標文件規定繳納者，追繳金額依招標文件中規定之額度定之；其為標價之一定比率而無標價可供計算者，以預算金額代之。
- 附記：主管機關認定之情形如下(行政院公共工程委員會108年9月16日工程企字第1080100733號令)：
1.有採購法第48條第1項第2款之「足以影響採購公正之違法行為者」情形。
2.有採購法第50條第1項第3款至第5款、第7款情形之一。
3.廠商或其代表人、代理人、受雇人或其他從業人員有採購法第87條各項構成要件事實之一。
- 五十六、廠商依「押標金保證金暨其他擔保作業辦法」規定減收押標金，具有不發

【投標須知】第11頁，共18頁

- 還押標金之情形者，應就不發還金額中屬減收之金額補繳之，其經主管機關或相關中央目的事業主管機關酌量優良廠商資格或全球化廠商資格，或經各機關依採購法第102條第3項規定刊登政府採購公報，且尚在採購法第103條第1項所定期限內者，亦同。
- 五十七、本採購：
 (1)訂底價，但不公告底價。
 (2)訂底價，並公告底價，底價為：_____元。
 (3)不訂底價，理由為： 訂定底價確有困難之特殊或複雜案件； 以最有利標決標之採購； 專業服務、技術服務、資訊服務、社會福利服務或文化創意服務者，以不訂底價之最有利標； 小額採購。
- 五十八、決標原則：
 (1)最低標：以合於招標文件規定且在底價以內之最低標為得標廠商。
A.第二階段價格標開標(議(比)價)時間(※廠商負責人或授權代表人須親自參與)：同開標日，於資格審查後接續辦理； 另行通知。
B.第二階段價格標開標(議(比)價)地點：同開標地點； 另行通知。
C.投標廠商須依照機關所通知開標時間及地點，由負責人攜帶身分證明文件或代理人攜帶授權書及身分證明文件、投標印章(含負責人章)出席開標，依採購法第51條、第53條或第54條辦理時提出說明、減價或當場參加比減價格，非投標廠商之人員不得參與開標。廠商未派員到場者，視同放棄，喪失對投標文件提供說明或價格比減之權利。
D.減價程序：
a.開標後，合於招標文件規定之投標廠商僅有1家者，如其投標價逾底價，機關將逕洽該廠商減價，減價次數不得逾3次；合於招標文件規定之投標廠商如有2家以上者，其中之最低標超過底價時，得洽最低標廠商優先減價1次，減價結果如仍超過底價時，則由所有合於招標文件規定之投標廠商同時比減價格，比減價格次數不得逾3次。
b.如有2家以上廠商標價相同，且均為得標對象時，其比減價格次數已達採購法第53條規定之3次限制者，逕行抽籤決定之。前述標價相同，其比減價格次數未達3次者，應由該等廠商再行比減價格1次，以低價者決標。若比減後之標價仍相同者，抽籤決定之。
c.標價不合理之處理：如最低標廠商之標價顯不合理，有降低品質、不能誠信履約之虞或其他特殊情形，則機關得依採購法第58條規定，要求最低標廠商於限期內提出說明或擔保，廠商未於通知期限內提出合理之說明或擔保者，機關得不決標予該廠商，並以次低標廠商為最低標廠商。
d.投標廠商未到場參與開標者，視同放棄說明、減價等各項權利，但不影響其為合格廠商，仍得為決標對象。
 (1-1) 非依採購法施行細則第64條之2辦理。
 (1-2) 依採購法施行細則第64條之2採評分及格最低標(審查項目、標準及審查方式如附件)。

【投標須知】第12頁，共18頁

- (2)最有利標(評選項目、標準及評定方式)。()件。
- (2-1)依採購法第56條適用最有利標(需經上級機關核准)。
 - (2-2)依採購法第22條第1項口第9款；口第10款；口第11款；口第14款適用最有利標。
 - (2-3)未達公告金額之採購參考最有利標精神擇符合需要者辦理議價。
- 口達一定分數或序位之未得標廠商，發給一定金額之獎勵金(由機關敘明一定分數或序位及其相對應之獎勵)
- 分數(序位)：____；獎勵金：新臺幣____元
分數(序位)：____；獎勵金：新臺幣____元
分數(序位)：____；獎勵金：新臺幣____元
- (3)最高標。

五十九、本採購採：

- ☑(1)非複數決標。
- (2)複數決標，保留採購項目或數量選擇之組合權利(項目或數量選擇之組合方式如附件。例如得由廠商分項報價之項目，或依不同數量報價之項目及數量之上、下限；投標廠商得標項目或數量之限制、開標順序、願比照得標廠商之價格者得併列為得標廠商、決標廠商家數上限等)。

六十、本採購：

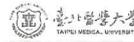
- (1)預算未完成立法程序前，得先辦理保留決標，俟預算通過後始決標生效。
- (2)決標方式為：
 - ☑(2-1)總價決標。
 - (2-2)分項決標。
 - (2-3)分組決標。
 - (2-4)依數量決標。
 - (2-5)單價決標(以單價乘以預估數量之和決定得標廠商)。
 - (2-6)其他(由招標機關敘明)。
- (3)屬勞動派遣(指派遣事業單位指派所僱用之勞工至機關提供勞務，接受各該機關指揮監督管理之行為)；派遣勞工(指受派遣事業單位僱用，並向各機關提供勞務者)之薪資(內含勞工依法自行負擔之勞保、健保、就業保險費用)與廠商應負擔之勞保、健保、就業保險費用、積欠工資墊償基金提繳費及勞工退休金等費用，採固定金額支付，不列入報價範圍。廠商僅需就管理費用(含利潤、相關稅捐及管理所需一切費用等)報價。決標後，廠商報價與前述固定金額合計為契約總價。詳如附件報價明細表【註：報價明細表範例如附件，機關於招標時依條件性質參酌調整後附於投標須知。派遣勞工之加班費及差旅費，不含於契約價金，如發生此等費用，其計算方式依勞動法令規定另行支付】。

六十一、無法決標時是否得依採購法第56條規定採行協商措施：

- (1)是；採行協商措施得更改之項目(請敘明)：
- ☑(2)否。

六十二、本採購保留未來向得標廠商增購之權利，擬增購之項目及內容(請載明擴充

【投標須知】第13頁，共18頁



投標須知：(第一次公告)

標號：TMU112-277
(工程會 112.06.30 版)

之金額、數量或期間，並應將預估選購或擴充項目所需金額計入採購金額。未保留增購權利者免填)：

六十三、本採購適用採購法：

- ☑(1)無例外情形。
- (2)本機關係軍事機關而有採購法第104條第1項但書之例外情形。
- (3)有採購法第105條第1項之例外情形。
- (4)有採購法第106條第1項之例外情形。

六十四、

投標廠商之基本資格及應附具之證明文件如下(如允許依法免申請核發本項基本資格證明文件之廠商參與投標，一併載明該等廠商免繳驗之證明文件；另如允許合作社為投標廠商，且投標廠商為合作社者，應依合作社法之規定，並附具合作社章程，且章程業務項目需涵蓋本採購委託工作項目)：

- ☑廠商登記或設立之證明文件。(如公司登記或商業登記證明文件、非屬營利事業之法人、機構或團體依法須辦理設立登記之證明文件、工廠登記證、許可登記證明文件、執業執照、開業證明、立案證明或其他由政府機關或授權機構核發合法登記或設立證明文件)(營利事業登記證於98年4月13日起廢止，已不再作為登記證明文件之用。公司組織依公司法辦理公司登記，請檢附公司登記證明；獨資、合夥之商業依商業登記法辦理商業登記，請檢附商業登記證明；亦可透過經濟部「全國商工行政服務入口網」(網址：<http://gcis.nat.gov.tw/index.jsp>)商工登記資料查詢)或各直轄市、縣(市)政府資訊網站查詢商業登記資料，廠商得以列印公關於目的事業主管機關網站之資料代之。)

- ☑廠商納稅之證明文件。(廠商最近一期納稅證明文件，廠商不提出最近一期證明者，得以前一期之納稅證明代之，新設立且未屆第一期營業稅繳納限期者，得以營業稅主管稽徵機關核發之核准設立登記公函代之；經核定使用統一發票者，應一併檢附申領統一發票購票證相關文件。)

- ☑廠商信用之證明：如果據交換機構或受理查詢之金融機構於截止投標日之前半年內所出具之非拒絕往來戶及最近三年內無退票紀錄證明、會計師簽證之財務報表或金融機構或徵信機構出具之信用證明等。(查覆單經塗改或無查覆單位圖章者無效)。外國廠商得出具「會計師簽證之財務報表」。

- ☑廠商製造、供應或承做能力證明：有效期限內投標物之經銷或代理證明。
- ☑廠商有維修、維護或售後服務能力之證明：請檢附廠商維修工程師師具證明合格證明(相同機型)，或具有維持本儀器能力之證明。

- ☑目錄或規格說明書：須依標單規格分別標示清楚，以供購單單位審查。投標廠商應另行提供目錄或規格文件，且須依標單規格分別標示清楚，不得以標價清單加蓋廠商公司章作為投標廠商之規格文件，如有此情形，本機關得認定廠商未提出規格文件為規格不合格。

- ☑廠商違法或違約行為經本機關依政府採購法第101條第1項規定通知後，於程序進行中，尚未刊登政府採購公報之廠商，該廠商不得參與本機關之採購。

□本採購屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購，廠商不得為大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商及經濟部投資審議委員會公告之陸資資訊服務業者。(上開業務

【投標須知】第14頁，共18頁



投標須知：(第一次公告)

標號：TMU112-277
(工程會 112.06.30 版)

範購及陸資資訊服務業清單公開於經濟部投資審議委員會網站 <http://www.moeaic.gov.tw/>。(註：適用條約或協定之採購案，如勾選本項者，請依 GPA 第3條規定，妥適考量本須知第16點之勾選)。

□本採購內容涉及國家安全，不允許大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商及在臺陸資廠商參與。(註：適用條約或協定之採購案，如勾選本項者，請依 GPA 第3條規定，妥適考量本須知第16點之勾選)。

六十五、本採購屬特殊採購；符合「投標廠商資格與特殊或巨額採購認定標準」口第6條第__款；口第7條第__款(請註明款次)。(非特殊採購者免填)

六十六、投標廠商之特定資格及應附具之證明文件如下(限特殊或巨額之採購方可規定特定資格條件)：無。

六十七、廠商所提出之資格文件影本，本機關於必要時得通知廠商限期提出正本供查驗，查驗結果如與正本不符，係不實之文件者，依採購法第50條規定辦理。不同投標廠商參與投標，不得由同一廠商之人員代表出席開標、評審、評選、決標等會議，如有由同一廠商之人員代表出席情形，依採購法第50條第1項第1款或第7款規定辦理。

投標廠商之標價有下列情形之一為投標文件內容不符合招標文件之規定：(預算或底價未公告者免填)

- (1)高於公告之預算者。
- (2)高於公告之底價者。

機關辦理採購有下列情形之一者，得依採購法第50條第1項第5款「不同投標廠商間之投標文件內容有重大異常關聯者」之規定及行為事實，判斷認定是否有該款情形後處理：

- 一、投標文件內容由同一人或同一廠商繕寫或備具者。
- 二、押標金由同一人或同一廠商繳納或申請退還者。
- 三、投標標封或通知機關函號碼連號，顯係同一人或同一廠商所為者。
- 四、廠商地址、電話號碼、傳真機號碼、聯絡人或電子郵件網址相同者。
- 五、其他顯係同一人或同一廠商所為之情形者。

機關辦理採購有「廠商投標文件所載負責人為同一人」之情形者，得依採購法第50條第1項第5款「不同投標廠商間之投標文件內容有重大異常關聯者」處理。

機關辦理採購，有3家以上合格廠商投標，開標後有2家以上廠商有下列情形之一，致僅餘1家廠商符合招標文件規定者，得依採購法第48條第1項第2款「發現有足以影響採購公正之違法或不當行為者」或第50條第1項第7款「其他影響採購公正之違反法令行為」之規定及行為事實，判斷認定是否有各該款情形後處理：

- 一、押標金未附或不符合規定。
- 二、投標文件為空白文件、無關文件或標封內空無一物。
- 三、資格、規格或價格文件未附或不符合規定。
- 四、標價高於公告之預算或公告之底價。
- 五、其他疑似刻意造成不合格標之情形。

□工程採購案件，其屬營造業法所定營造工程者，投標廠商屬營造業，可為決標對象，但決標金額高於營造業法所規定之承攬造價限額時，不決標予該廠商。

【投標須知】第15頁，共18頁



投標須知：(第一次公告)

標號：TMU112-277
(工程會 112.06.30 版)

□工程採購案件，其屬營造業法所定營造工程者，投標之土木包工業須登記於工程所在地之直轄市、縣(市)或營造業法第11條所定駐鄉之直轄市、縣(市)。如有違反，屬投標文件內容不符合招標文件之規定。

六十八、外國廠商之投標資格及應提出之資格文件，附經公證或認證之中文譯本(不允許外國廠商投標者免填)：

六十九、以選擇性招標方式辦理者，其限制投標廠商資格之理由及其必要性(非選擇性招標者免填)：

七十、招標標之功能、效益、規格、標準、數量或場所等說明及得標廠商應履行之契約責任：由招標機關另備如附件。

七十一、依採購法第65條及採購法施行細則第87條之規定，本採購標之下列部分及依其他法規規定應由得標廠商自行履約之部分，不得由其他廠商代為履行(視個案情形於招標時勾選；無者免填)：

- (1)主要部分為：_____。
- (2)應由得標廠商自行履約之部分為：_____。
- 除前項所列者外，屬營造業法第3條第1款之營造工程，且得標廠商為營造業者，其主要部分尚包括：工地主任、工地負責人、專任工程人員、安全衛生人員均應為廠商僱用之人員。

七十二、招標文件如有要求或提及特定之商標或商名、專利、設計或型式、特定來源地、生產者或供應者之情形，允許投標廠商提出同等品，其提出同等品之時機為(由機關於招標時擇一勾選；未勾選者，為選項(2))：

- (1)應於投標文件內預先提出者，廠商應於投標文件內敘明同等品之廠牌、價格及功能、效益、標準或特性等相關資料，以供審查。
- (2)得標廠商得於使用同等品前，依契約規定向機關提出同等品之廠牌、價格及功能、效益、標準或特性等相關資料，以供審查。

七十三、投標廠商之標價條件：

- ☑(1)送達招標機關指定地點(由招標機關敘明地點)；
- ☑(2)於招標機關指定地點完工(由招標機關敘明地點)；送達至本機關指定地點及招標文件所規定一切費用。
- (3)其他(由招標機關敘明)：

七十四、投標廠商標價幣別：

- ☑(1)新臺幣。
- (2)外幣：_____(指定之外幣由招標機關敘明外幣種類)。
- (3)新臺幣或外幣：_____(指定之外幣由招標機關敘明外幣種類，該外幣並以決標前一辦公日臺灣銀行外匯交易收盤即期賣出匯率折算總價)

七十五、採購標之維護修理(不需維護修理者免填)：

- ☑(1)由得標廠商負責一定期間，費用計入標價決標(招標機關敘明其期間)；自正式驗收及試用合格日起，由廠商全責保固至少____年，保固期內廠商應免費保養維修及全部零配件更換服務。如發生故障、零件損壞或效果不彰等情形時，廠商應於本機關通知日起二個工作天內，免費到場修復或更換，若逾此修復期限，廠商應無償提供同等品或替代方案，軟體應提供永久授權且配合硬體免費更新至最新版本。

- (2)由機關自行負責。

【投標須知】第16頁，共18頁

- (3)另行招標。
- 七十六、廠商有下列情形之一者，不得參加投標、作為決標對象或分包廠商或協助投標廠商：
- (一)提供規劃、設計服務之廠商，於依該規劃、設計結果辦理之採購。
 - (二)代擬招標文件之廠商，於依該招標文件辦理之採購。
 - (三)提供審標服務之廠商，於該服務有關之採購。
 - (四)因履行機關契約而知悉其他廠商無法知悉或應秘密之資訊之廠商，於使用該等資訊有利於該廠商得標之採購。
 - (五)提供專案管理服務之廠商，於該服務有關之採購。
- 前項第 1 款及第 2 款之情形，於無利益衝突或無不公平競爭之虞，經機關同意者（本項未勾選者，表示機關不同意），得不適用於後續辦理之採購。上述無利益衝突或無不公平競爭之虞之情形，於第 1 款指前階段規劃或設計服務之成果一併於招標文件公開，且經機關認為參與前階段作業之廠商無競爭優勢者。
- 七十七、全份招標文件包括：(可複選；刊登於政府電子採購網之本案招標公告為招標文件之一部分，不另檢附)
- (1)招標投標及契約文件。
 - ☑(2)投標須知。
 - ☑(3)投標標價清單。
 - ☑(4)投標廠商聲明書(詳附件一)。
 - (5)契約條款。
 - (6)招標規範。
 - (7)技術服務或工程採購案，「廠商參與公共工程可能涉及之法律責任」及廠商切結書(行政院公共工程委員會 101 年 1 月 13 日工程企字第 10100017900 號函修訂)：
 - 切結書 1
 - 切結書 2 (工程技術顧問公司執業技師)
 - 切結書 3 (營造業專任工程人員)
 - 切結書 4 (營造業工地主任)
 - (8)資訊服務採購案，資訊服務費用估算表。
 - ☑(9)其他(由招標機關敘明，無者免填)：
 - ☑廠商資格、規格審查表(詳附件二)；須檢附相關證件影本。
 - ☑出席代表授權書(詳附件三)：廠商負責人得親自或授權人員參加採購案有關會議(會議當日須帶身份證明文件)，被授權人員應提交「出席代表授權書」。
 - ☑投標標封標籤(詳附件四)：含資格標、價格標、外標封三個標籤，請書明投標廠商名稱、地址等資訊，並就各標封分別裝封後，張貼標籤於標封封面。
- 七十八、投標廠商應依規定填妥(不得使用鉛筆)本招標所附招標投標文件、投標標價清單、連同資格文件、規格文件及招標文件所規定之其他文件，密封後投標。惟屬一次投標分段開標者，各階段之投標文件應分別密封後，再以大封套合併裝封。所有內外封套外均須張貼投標標封標籤(詳附件四)並書明投標廠商名稱、地址及採購案號或招標標的等資訊。廠商所提供之投標文件，建議採雙面列印，以節省紙張，愛惜資源。涉及未得標廠商投標文件著作財產權，機關如欲使用該等文件，應該該廠商同意無償授權機關使用，或由機關給予報酬後，於彼此約定範圍內使用。

- 七十九、投標文件須於民國 112 年 5 月 23 日下午 05 時前，以郵遞、專人送達方式送達至下列收件地點：110 臺北市信義區吳興街 250 號臺北醫學大學醫學綜合大樓後棟一樓總務處事務組(劉又濬小姐)，若逾時、未繳押標金或資格不符規定者，其所投之標亦視為無效。投標廠商投標後不得以任何理由要求修改標單內容或發還押標金、撤銷其報價單。
- 八十、本須知未載明之事項，依本機關採購作業辦法、作業程序及參酌政府採購相關法令辦理。
- 八十一、其他須知(請機關自行訂定。例如：採共同投標、統包、替代方案、國內廠商標價優惠、適用或準用最有利標評選作業或優先採購環保產品等方式辦理者，應注意依相關法規，將應於招標文件載明事項納入。)：
- (一)本案請購單位及聯絡方式：請購單位：共同儀器中心，請購聯絡人：莊詠甯小姐，信義校區聯絡電話：2736-1661，分機：2705。
 - (二)截止投標日或截止收件日，因故停止上班，以其次一辦公日之同一截止投標或收件時間代之。開標日如遇不可抗力之災害，本機關停止上班，無法如期開標時，開標原則上以次一辦公日同時同地地點舉行代之。如開標時間、地點有異動則由本機關另行電話或其他方式通知投標廠商。
 - (三)本機關優先採購取得環境保護標章使用許可，而其效能相同或相似之產品。產品或其原料之製造、使用過程及廢棄物處理，符合再生材質、可回收、低污染或省能源者，亦同。其他增加社會利益或減少社會成本，而效能相同或相似之產品，準用前項之規定。(請務必於投標時檢附相關證明)
 - (四)為配合行政院環境保護署推動各機關綠色採購政策，投標廠商所報產品如已取得行政院環境保護署認可之環境保護產品使用許可或證明文件者，請逐項註明並於投標文件內檢附相關證明文件(並附列印公關於行政院環境保護署綠色生活資訊網站之資料佐證)。交貨時立約商須檢附該證明文件以供查核。若在本契約期間提出上項環境保護產品證明文件，亦得據以列入。廠商所報產品如已取得經濟部能源局核發之節能標章證書，亦得比照上述規定辦理。
- 八十二、受理廠商檢舉之採購稽核小組連絡電話、傳真及地址與法務部調查局及機關所在地之調查站處(站、組)檢舉電話及信箱：
- (一)教育部採購稽核小組(地址：100 臺北市中正區中山南路 5 號、電話：02-77365529、傳真：02-23583005)
 - (二)臺北市調查處(地址：106 臺北市大安區基隆路二段 176 號；臺北市郵政 60000 號信箱、電話：02-27328888)
 - (三)法務部調查局(地址：231 新北市新店區中華路 74 號；新店郵政 60000 號信箱、電話：02-29177777、傳真：02-29188888)
 - (四)中央採購稽核小組(地址：110 臺北市信義區松仁路 3 號 9 樓、電話：02-87897548、傳真：02-87897554)
- 八十三、法務部廉政署受理檢舉電話：0800-286-586；檢舉信箱：10099 國史館郵局第 153 號信箱；傳真檢舉專線：02-2381-1234；電子郵件檢舉信箱：gechief-p@mail.moj.gov.tw；24 小時檢舉中心地址：10048 臺北市中正區博愛路 166 號。

標價清單

(請列示分項價格▼)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價	價
奈米微流液相層析高解析質譜儀壹套 ，所含設備及功能規格如下：				
一、質譜儀系統壹套 ，所含組件及功能規格如下：				
(一)離子源二組：				
1. 須具加熱式且溫度可達 500°C(含)以上之電噴離子源一組。				
2. 可控制式奈米微流液噴離子源一組。				
3. 須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能。				
(二)質量分析器一組：				
1. 須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道阱，或飛行時間式質量分析器質譜儀，其相關解析度如下：				
(1) 傅立葉轉換電場軌道阱質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，傅立葉轉換電場軌道阱須達到 400,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定駐定量解析。				
(2) 飛行時間式質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，須為 200,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定駐定量解析。				
2. 四極桿質量選擇器範圍須可達 1,200 Da。				
3. 質量分析器質量掃描範圍須為 m/z 6,000(含)以上。				
4. 須具備離子傳輸元件。				
5. 須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計。				
6. 須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度。				
7. 質量準確度(Mass Accuracy)須達質量外校誤差(external error) < 3 ppm，質量內校誤差(internal error) < 1 ppm。				
8. 掃描速度須達 40Hz(含)以上。				
9. 碰撞室：須具備碰撞解離(CID)，或是高能量碰撞解離離離(HCD)之碎裂方法。				
10. 靈敏度需達以 MS/MS 模式下以管柱進樣 100 fg reserpine 標準溶液，可測得訊號雜訊比(signal to noise ratio, S/N)達 100:1。				
二、奈米微流液相層析系統壹套 ，所含組件及功能規格如下：				
(一)奈米微流液相層析系統壹套 ，功能規格如下：				
1. 流速範圍可設定 1 nL/min- 100 µL/min 區間。				
2. 系統壓力最高可達 1000 bar(含)以上。				
(二)自動進樣裝置一組：				
1. 進樣體積區間為 0.1- 25 µL。				
2. 具備 4- 40 °C 溫控功能。				
3. 須具直接進樣(Direct Injection)或 Trap-and-elute injection 功能或相同功能設計。				
4. 須可放置 96(含)以上之 1.5 mL vial 瓶。				
5. 管柱溫控範圍最高可達 60°C。				
三、儀器控制及數據分析用電腦組合分析軟體壹套 ，所含組件及功能規格如下：				
(一)儀器控制用桌上型電腦壹套 ，功能規格如下：				
1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。				

標價清單

(請列示分項價格▼)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價	價
2. 中央處理器：Intel Core i7(含)以上。				
3. 記憶體：32 GB DDR5(含)以上。				
4. 系統硬碟：1TB SSD(含)以上。				
5. 資料儲存硬碟：4TB HDD(含)以上。				
6. 液晶螢幕：27 吋(含)以上。				
(二)數據分析用桌上型電腦壹套 ，功能規格如下：				
1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。				
2. 中央處理器：Intel Core i9(含)以上。				
3. 記憶體：128 GB DDR4(含)以上。				
4. 系統硬碟：2TB SSD(含)以上。				
5. 資料儲存硬碟：16TB HDD(含)以上。				
6. 液晶螢幕：27 吋(含)以上。				
(三)蛋白質數據分析軟體壹套 ，功能規格如下：				
1. 分析軟體可直接分析本層析儀、質譜儀之原始數據或 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據，以確保實驗數據分析之完整相容性。				
2. 須可支援數據依賴掃描模式(DDA)與非依賴(DIA)掃描模式之數據分析。				
3. 須具有內建流程圖的數據分析工作流程，並可客製化，以符合實驗設計的工作流程。				
4. 須具內建智能搜索功能，於此軟體同一介面內即可呈現完整結果。				
5. 軟體須安裝於品項(二)數據分析用桌上型電腦中，且須確保軟體能正常分析運作並達到上述功能。須提供軟體永久合法開通授權序號證明書以供本校驗收，保固期內須免費提供軟體版本更新(含與硬體相容之修正與更新)。				
四、不斷電系統壹套 ，功能規格如下：				
(一)須與儀器運作電壓相同，且容量須為 12KVA(含)以上。				
(二)須為在線式不斷電系統。				
(三)不斷電系統體積高度需可置放實驗室桌上(詳採購品項五)。				
五、實驗桌壹張 ，功能規格如下：				
(一)須配合層析儀、質譜儀、儀器控制及分析用電腦等放置，桌體至少須長 180 公分、深 100 公分及高 80 公分(含)以上。				
(二)須具耐重度，可承受質譜儀系統、奈米微流液相層析系統及儀器控制電腦等設備之重量。				

請購單位：共同儀器中心，請購聯絡人：莊詠甯小姐，信義校區聯絡電話：(02)2736-1661#2705

標價清單

(請列示分項價格)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價
<p>※交貨驗收及保固維護事項：</p> <p>一、廠商所供之規格，至少與上述相同或更高規格等級，得以符合本案之需求。</p> <p>二、為確保品質，廠商應於供貨或完成之標的應以新品交貨，不得以展示品或整修品或拼裝機交貨，請於附儀器原廠測試報告。</p> <p>三、交貨裝機時須提供驗收文件：</p> <p>(一)送貨收單(須符合標單及契約相關內容)。</p> <p>(二)儀器原廠安裝測試報告，測試內容須依標單規格項目為主。</p> <p>(三)中文或英文相關使用操作說明書。</p> <p>(四)須同時適用於蛋白質體非標定狀定量方式，例如數據依賴掃描模式(DDA)與數據非依賴掃描(DIA)模式之定量分析，以及標定狀定量方式，含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上，且於定標離子訊號須完整解析，以確定可支援臨床多重樣品定量監測，須提供軟體分析報告。</p> <p>(五)須可進行單細胞分析實驗，於 250pg 顯蛋白或 Hela 樣品進樣，須於 20 分鐘有效梯度分析時間內單數據結果，透過分析軟體鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質，須提供軟體分析報告。</p> <p>(六)須可於臨床檢體例如 Ig 樣品於小於 1 μg 進樣條件下，經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下，透過分析軟體，鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果，須提供軟體分析報告。</p> <p>四、教育訓練計畫 Training schedule：配合採購單位需要進行教育訓練課程，訓練內容包括儀器操作及軟體應用、日常檢查、保養方法、校正操作、故障判斷及排除等。保固期內另配合採購單位進行全校性內部教育訓練課程(中文或英文)，訓練內容應包括但不限於：儀器原理、大分子軟體教學、樣品前處理、儀器操作、數據分析、基本儀器維護及錯誤排除。</p> <p>五、原廠應提供可校驗之原廠標準品，以測試儀器功能。</p> <p>六、安裝作業程序應遵守職業安全衛生管理或其他相關法規規範。</p> <p>七、全實保固至少二年，保固期內須含每年二次保養及免費提供軟體版本更新(含與硬體相容之修正與更新)，如遇儀器無法正常運作(包含與其連線之電腦軟體硬體維修)需廠商維修時，最遲於三個工作日內，須派遣工程師至本校採購單位指定地點進行維護。</p>			

投標金額合計 新臺幣 仟 佰 拾 萬 仟 佰 拾 元 整(含稅)
(請以國字大寫填入)

型號	原產地	Maker
交貨期	廠商應於決標次日起 90 個日曆天(含例假日)內，將採購標的送達採購單位指定地點，安裝測試完畢，且測試結果符合投標須知及標單、契約等規定。	
備註	<p>※保固期：全實保固至少貳年(或依原廠保固期較長為主)。</p> <p>※請務必依採購品項分別列出分項價格及廠牌。</p>	
廠商名稱：	請蓋公司授權印鑑章：	
統一編號：		
廠商地址：		
廠商聯絡人：	電話：	
聯絡人 Mail：	手機：	投標日： 年 月 日

附 件 二

投標廠商聲明書

本廠商參加(臺北醫學大學)招標採購奈米微流液相層析高解析質譜儀之投標，茲聲明如下：

項次	聲明事項	是(打V)	否(打V)
一	本廠商之營業項目不符合公司法或商業登記法規定，無法於得標後作為簽約廠商，合法履行契約。		
二	本廠商有違反政府採購法(以下簡稱採購法)施行細則第 33 條之情形。		
三	本廠商是採購法第 38 條規定之政黨或與政黨具關係企業關係之廠商。		
四	本廠商之負責人或合夥人是採購法第 39 條第 2 項所稱同時為規劃、設計、施工或供應廠商之負責人或合夥人。		
五	本廠商是採購法第 39 條第 3 項所稱與規劃、設計、施工或供應廠商同時為關係企業或同一其他廠商之關係企業。		
六	本廠商已有或將有採購法第 59 條第 1 項所稱支付他人佣金、比例金、仲介費、後謝金或其他不正利益為條件，促成採購契約之成立之情形。		
七	本廠商、共同投標廠商或分包廠商是採購法第 103 條第 1 項、採購法施行細則第 38 條第 1 項、人口販運防治法第 41 條所規定之不得參加投標或作為決標對象或分包廠商之廠商。【投標廠商應於投標當日送交投標文件前至工程會網站 web.pcc.gov.tw 查詢自己(包括總公司及各分公司)、共同投標廠商、分包廠商是否為採購法第 103 條第 1 項之拒絕往來廠商】		
八	本廠商就本採購案，係屬公職人員利益衝突迴避法第 2 條及第 3 條所稱公職人員或其關係人。		
九	本廠商是依法辦理公司或商業登記且符合中小企業發展條例關於中小企業認定標準之中小企業。(依該認定標準第 2 條，所稱中小企業，指依法辦理公司登記或商業登記，實收資本額在新臺幣 1 億元以下，或經常僱用員工數未滿 200 人之事業。)(答「否」者，請於下列空格填寫得標後預計分予中小企業之項目及金額，可自備附件填寫)		
	項目	金額	
	項目	金額	
		合計金額	
十	本廠商目前在中華民國境內員工總人數逾 100 人，(依採購法第 98 條及其施行細則第 107 條、108 條規定，得標廠商其於國內員工總人數逾 100 人者，應於履約期間僱用身心障礙者及原住民各不低於總人數百分之一，僱用不足者，除應繳納代金，並不得僱用外籍勞工取代僱用不足額部分。)(答「是」者，請填目前總人數計 人；其中屬於身心障礙人士計 人，原住民計 人。)		
十一	本廠商屬大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商或經濟部投資審議委員會公告之陸資資訊服務業者，不得從事經濟部投資審議委員會公告之「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」。【上開業務範疇及陸資資訊服務業清單公開發布於經濟部投資審議委員會網站 http://www.moeaic.gov.tw/】(請查閱招標文件規定本採購是否屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購)		

十二	本廠商屬大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商或在臺灣設廠者，不得從事影響國家安全之採購。【請查閱招標文件規定本採購是否屬影響國家安全之採購】		
十三	本廠商是原住民族人或政府立案之原住民族團體。 (答「否」者，請於下列空格填寫得標後預計分予原住民族人或政府立案之原住民族團體之項目及金額，可自備附件填寫。如無，得填寫「0」)		
	項目	金額	
	項目	金額	
	合計金額		
附註	<p>1. 第一項至第七項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；聲明書內容有誤者，不得作為決標對象。</p> <p>2. 本採購如非屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，第八項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；聲明書內容有誤者，不得作為決標對象【違反公職人員利益衝突迴避法第 14 條第 1 項規定者，依同法第 18 條第 1 項處罰】；如屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，答「是」、「否」或未答者，均可。</p> <p>3. 第九項、第十項、第十三項未填者，機關得洽廠商澄清。</p> <p>4. 本採購如屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購，第十一項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；如非屬上開採購，答「是」、「否」或未答者，均可。</p> <p>5. 本採購如屬影響國家安全之採購，第十二項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；如非屬上開採購，答「是」、「否」或未答者，均可。</p> <p>6. 本聲明書填妥後附於投標文件送交。</p> <p>7. 本採購如屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，且本廠商就本採購案，係屬公職人員利益衝突迴避法第 2 條及第 3 條所稱公職人員或其關係人者，請填「公職人員利益衝突迴避法第 14 條第 2 項公職人員及其關係人身分關係揭露表」，如未揭露者依公職人員利益衝突迴避法第 18 條第 3 項處罰。</p>		
	投標廠商名稱：		
	投標廠商章及負責人章：		
	日期：		

附 件 二

廠商資格、規格審查表

(※請務必依表列順序排放證件影本，並將本表置於證件封面)

採購名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀	採購案號	1120210527
廠商名稱		廠商統編	
負責人		廠商授權印鑑章	
聯絡人	聯絡郵件信箱		
聯絡電話	(市話) (手機)		
廠商地址	□□□□		
<p>※廠商所提資格文件影本，本校得通知廠商限期提出正本供查驗，查驗結果如與正本不符，係偽造或變造者，依採購法第 50 條規定辦理。</p>			
投標廠商資、規格審查項目		招標機關資格、規格審查	
1. 押標金(1,150,000 元)繳納憑據影本	合格 不合格	採購單位審查(項目 1-7 項)：	合格 不合格
2. 廠商登記或設立證明	合格 不合格	且聲明書已互致採購查詢非招標文件廠商資料件	合格 不合格，說明：
3. 廠商最近一期納稅證明	合格 不合格		
4. 廠商信用證明	合格 不合格	採購單位簽章：	
5. 非拒絕往來廠商查詢並列印 (請至工程會網站 web.pcc.gov.tw 查詢列印)	合格 不合格		
6. 投標廠商聲明書	合格 不合格		
7. 出席代表授權書 (負責人親自出席請勾選後得免檢附)	合格 不合格		
8. 廠商製造、供應或承做能力證明	合格 不合格	採購單位審查(項目 8-10 項)：	合格 不合格，說明：
9. 廠商維修、維護或售後服務能力證明	合格 不合格	採購單位簽章：	
10. 型錄或規格說明書	合格 不合格		
投標廠商審查結果	合格 不合格	投標廠商不符事項確認	投標廠商簽章
<p>本廠商所投標及釋疑補充之文件等，經機關審核後，不符招標文件規範經本廠商確認無誤後，謹此簽章認同。</p>			

附件三

出席代表授權書

茲授權本公司(商號或法人)所屬員工：_____先生/小姐代表本公司(商號或法人)參與貴校採購案「奈米微流液相層析高解析質譜儀」之開標/評選/議價/簽約等有關會議，且該員會議中所做之任何承諾或簽認事項直接對本公司(商號或法人)發生效力，本公司(商號或法人)均予以承受，並經本公司(商號或法人)確認被授權人之下列簽樣真實無誤。

被授權人之簽樣： 或

請惠予核備。

此致

臺北醫學大學

授權人公司(商號)：

負責人姓名：

公司(商號)統一編號：

負責人身分證統一編號：

被授權人：

身分證統一編號：

通訊地址：

聯絡電話：

中華民國 年 月 日

*註：「被授權人簽樣」得為下列形式之1，依民法第103條規定，代理人於代理權限內所為之意思表示，直接對被授權人發生效力：1.公司大小章。2.授權專用章。3.被授權人簽章。

【其他附件】第2頁，共6頁

附件四

投標標封標籤

(▼請書寫標封標籤完整資訊，並分別裁剪以下各標封標籤後張貼於各標封封面)

資、規格封

標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀 標號：TMU112-277(第一次公告)	
注意事項	1.文件檢附方式：本資、規格標封內，請依序裝入表列文件(請以A4尺寸提供，並蓋上公司授權印章)並以迴紋針固定於左上角，俾利開標審核作業。 2.押標金繳納：配合出納作業，廠商第一次投標須臨櫃辦理，請至機關出納組(醫學綜合大樓後樓1F)繳納後，將(暫)收據攜至事務組承辦同仁處影印後檢附，收據正本請逕行保管留存，敬請配合。如第二次投標，得延用第一次投標所繳之押標金，免再繳納。
應附文件	<input type="checkbox"/> 押標金收據影本。 <input type="checkbox"/> 廠商資格規格審查表(依表列順序排放證件影本並蓋章，請將本表置於證件封面)。 <input type="checkbox"/> 非拒絕往來廠商查詢並列印。 <input type="checkbox"/> 投標廠商聲明書。 <input type="checkbox"/> 出席代表授權書(投標文件須以公司授權之印章用印)：如公司負責人出席者，得免附。 <input type="checkbox"/> 廠商製造、供應或承做能力證明。 <input type="checkbox"/> 廠商維修、維護或售後服務能力之證明。 <input type="checkbox"/> 型錄或規格說明書。
投標廠商	統一編號
廠商地址	廠商聯絡人
廠商電話	聯絡人電話
聯絡郵件信箱	聯絡人手機

價格封

標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀 標號：TMU112-277(第一次公告)	
注意事項	文件檢附方式：本價格封內僅裝入標價清單，其餘投標文件一律裝入資、規格封。
投標廠商	統一編號
廠商地址	廠商聯絡人
廠商電話	聯絡人電話
聯絡郵件信箱	聯絡人手機

【其他附件】第3頁，共6頁

附件四

投標標封標籤(▼請書寫完整資訊，裁剪以下標封標籤並張貼於標封封面)

外標封

標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀 標號：TMU112-277(第一次公告)

截止投標時間：113年05月23日下午05時整 開標時間：113年05月23日下午05時30分整

11031 臺北市信義區吳興街 250 號

臺北醫學大學總務處事務組收

事務組採購承辦人 劉又蓀小姐

投標廠商 統一編號

廠商地址 廠商電話

廠商聯絡人 聯絡人電話 聯絡郵件信箱

一、投標文件遞送請注意時效，寄達本校事務組採購承辦人處如逾時視為無效標。

二、文件檢附方式：

1.本外標封內請裝入：(一)資、規格封。(二)價格封。各標封封口須封處請密封並加蓋公司授權大、小章。

2.投標文件應以適當容器裝置，外標封標籤請書寫完整基本資料後貼於標封封面，標封封處請密封並加蓋公司授權大、小章，敬請配合。

投標文件送達紀錄

※請擇一勾選：	<input type="checkbox"/> 廠商送件人簽章	<input type="checkbox"/> 機關收件人簽章
寄送方式	<input type="checkbox"/> 郵寄或快遞 (免簽章免填並時間)	
	<input type="checkbox"/> 專人送達 (須簽章及註記送達時間)	
送達日期時間：年 月 日 ； 收件日期時間：年 月 日 ；		

【其他附件】第4頁，共6頁

附件五

▼本申請書得於申請退還時另行檢附，不須裝入標封內

廠商投標文件領回申請書

一、本廠商參加【奈米微流液相層析高解析質譜儀】(第一次公告，標號：TMU112-277)之投標，茲因下列原因，請貴校退還本廠商所提之投標文件：

(一)若本案流標者：

 參加投標廠商或合格廠商未達法定家數而流標。(可領回投標文件)

(二)若本案廢標者：

 本標案開標後因故廢標。(投標文件原則不發還，可領回正本文件，另於影本上加蓋廠商及負責人印章後，由本校留存)

(三)其他：

 本廠商之投標文件，經貴校審查，不符合本案投標須知之形式審查規定。(可領回所有投標文件) 本廠商之投標文件，經審查不符合本案投標須知之 資格 規格文件審查規定。(可領回未開封之文件) 參與評審/評選作業，但未獲評為符合需要/優勝廠商。(除評審人員未返還及本校保留3份外，其餘可領回) 本標案因有政府採購法第48條第1項各款情形之一而不予開標。(可領回全部投標文件) 其他：

二、申請領回投標文件，得由負責人或委任代理人填妥本申請書(加蓋廠商及負責人印章，或與委任授權書相符之授權代理印章)，憑身分證明文件提出申請，並由本校核對後辦理退還。

三、領回清單如下：

文件名稱(請勾選填寫)	份數	文件名稱(請勾選填寫)	份數
<input type="checkbox"/> 全部投標文件	份	<input type="checkbox"/> 服務建議書或企畫書	份
<input type="checkbox"/> 未開封之價格封	份	<input type="checkbox"/> 其他：	份
<input type="checkbox"/> 未開封之規格封	份		

四、領取人姓名：

(一)姓名：

(二)身分證字號：

(三)聯絡電話：

(四)領取日期：年 月 日

五、投標廠商及負責人印章(請蓋與投標文件相同之印章)：

為投標文件相同之條件，請

六、領取人簽名：

【其他附件】第5頁，共6頁

※ 本同意書無需裝入標封內，請於得標後確認轉入時再行檢附，無轉作者免附

押標金轉作履約保證金同意書

- 一、本廠商投標臺北醫學大學招標【奈米微流液相層析高解析質譜儀】案(第一次公告，標號：TMU112-277)，經貴校宣布得標，謹此立書同意貴校逕將本廠商所繳押標金總計新臺幣__拾__萬__仟__佰元整。
(____銀行____分行(部、庫)之票據號碼____號票據乙紙。)轉作履約保證金之一部分。
- 二、如本廠商應繳納履約保證金金額超過所繳押標金時，不足部分依本案招標文件及契約相關規定於繳納期限前攜帶押標金收據至貴校一併辦理補足。

此 致

臺北醫學大學

廠商名稱：

統一編號：

負責人：

負責人身分證字號：

電 話：

(公司印摺章)

(負責人章)

中 華 民 國 年 月 日



採購案底價單

中華民國113年05月14日

請購單位	共同儀器中心
採購名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀
底價金額	新台幣： 壹 仟 壹 佰 壹 拾一萬一仟一佰一拾一元整
備註	<p>※本案開標後若因故流標，後次之開標如招標文件內容未做變更或補充，且請購單位不重估建議底價分析表時，得以原(本)核定之底價辦理。</p> <p>※依臺北醫學大學採購作業程序，底價單應於開標前，依採購分級由會議主席(或指定代理)與三位(含)以上採購委員簽署核定。</p>

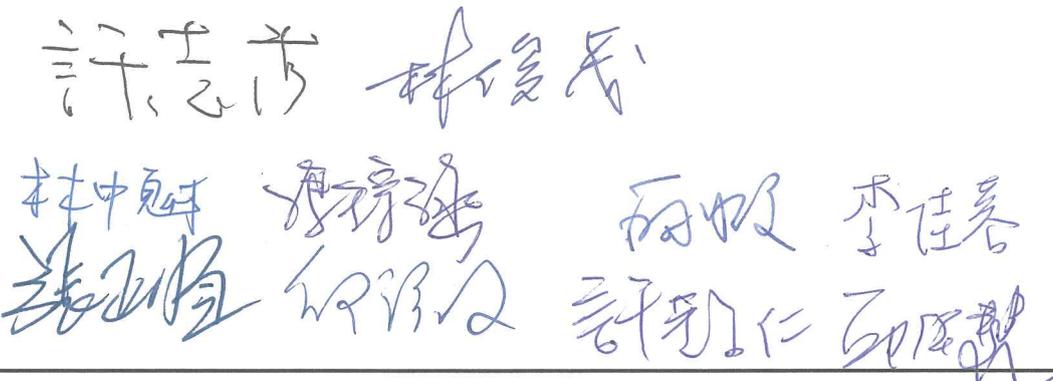
事務組經辦人簽章：

 113.05.14

事務組組長簽章：



採購委員簽章

<input type="checkbox"/> 採購小組會 <input checked="" type="checkbox"/> 採購委員會	<p>※事務組議價會則免簽。</p> <p></p>
---	--

會議主席(或指定代理)簽章

<input type="checkbox"/> 事務組議價會	<input type="checkbox"/> 採購小組會	<input checked="" type="checkbox"/> 採購委員會
		

採購名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀		採購案號	1120210527
預算來源	主：教育部獎勵私立大學校 院校務發展計畫 次：捐款基金	預算編號	主：113-3407-001-202 次：112-3407-003-400	預算金額
				主：\$22,264,000 次：\$1,236,000 合計：\$23,500,000

【本案建議價格】

本案交期：依投標須知及契約相關規定，廠商應於決標次日起 90 個日曆天內交貨安裝測試完成。

【校外類似規格採購成交紀錄】

校外採購單位1.	校外採購單位2.
採購單位：中央研究院	採購單位：衛生福利部食品藥物管理署
採購名稱：高效能高階四極桿串聯線性離子阱與傅立葉轉換電場軌道阱複合式質譜儀	採購名稱：超高效液相層析高解析四極桿串聯傅立葉轉換電場軌道質譜儀
決標廠商：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司	決標廠商：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
決標金額：新台幣 21,790,000 元整	決標金額：新台幣 17,520,000 元整
決標日期：2022/8/31	決標日期：2021/2/24
→採購內容：傅立葉轉換電場軌道阱及線性離子阱複合式質譜儀系統 1 套、奈米微流液相層析系統 1 套、儀器控制電腦 1 組、不斷電系統 15KVA 一組及保固一年。	→採購內容：傅立葉轉換電場軌道阱及線性離子阱複合式質譜儀系統、超高效液相層析系統、儀器操作控制及批次數據分析軟體系統 1 套、電腦 2 台、彩色雷射印表機 1 台、網路儲存伺服器 1 套、不斷電系統 20KVA 一套及保固三年。

【本案建議價格分析】

採購內容	數量	建議單價
一、質譜儀系統，包含： (一)離子源二組、(二)質量分析器一組	1 套	17,500,000
二、奈米微流液相層析系統壹套，包含： (一)奈米微流速溶媒梯度幫浦 1 組(二)自動進樣裝置 1 組	1 套	2,800,000
三、儀器控制及數據分析用電腦組含分析軟體，包含： (一)儀器控制用桌上型電腦(二)數據分析用桌上型電腦(三)蛋白質數據分析軟體	1 套	1,100,000
四、不斷電系統 12KVA 壹套	1 套	115,000
五、實驗桌壹張	1 套	35,000
本案建議價格合計		21,550,000

請購單位：經自行分析後，建議價格：23,500,000元。

採購單位：參考校外單位成交紀錄並比較本案採購規格差異，作成建議價格分析，本案建議價格：21,550,000 元，另可請廠商將保固期延長至三年。

本案建議價格：21,550,000 元~23,500,000 元



採購案底價分析表

請單	購位	共同儀器中心	請購人	聯絡電話：2705 蔡子南 (請親簽)	採購案號	1120210527 (無則免填)
採名	購稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀			辦理方式	<input checked="" type="checkbox"/> 公開招標 <input type="checkbox"/> 限制性招標
預編	算號	※請依請購單上預算資料填寫 主:113-3407-001-202 次:112-3407-003-400	預來	算源 <input type="checkbox"/> 校內年度預算 <input checked="" type="checkbox"/> 教育部獎補助 <input type="checkbox"/> 研究計畫補助機關： <input checked="" type="checkbox"/> 其它經費：捐款基金	預算金額	23,500,000
<p>請就廠商得標歷史資料查詢、網路上之詢報價系統、廠商參考報價等，勾選下列選項(可複選)，並分析說明相同/相似標的之價格，如有相關佐證資料請一併提供。</p> <p><input type="checkbox"/> 本校過去採購案之決標紀錄 <input type="checkbox"/> 政府電子採購網之標案 <input type="checkbox"/> 報價廠商過去販售予其他機關單位之紀錄 <input type="checkbox"/> 經不同廠商報價比較結果 <input checked="" type="checkbox"/> 其他(如：自行分析成本後計算、屬寡占/獨占市場經參考廠商報價後計算、廠商提供本校優惠價等)</p> <p>※價格分析說明：(採購品項或商情資料如較多，不敷使用可以續頁或附件方式說明)。</p> <p>預計購置之奈米微流液相層析高解析質譜儀，依據廠商以及政府電子採購網提供以下表列之前購成交價細項參考紀錄，總價為新台幣元30,507,000整含稅，但廠商願意提供特殊學術專案優惠價格，因此底價建議為23,500,000萬元整含稅。</p> <ul style="list-style-type: none"> ● 奈米微流液相層析系統乙套，中央研究院生醫轉譯研究中心標案 BTRC11002062P，決標金額為4,173,000元。 ● 高解析串聯質譜儀系統(包含可加熱式電噴灑離子源與儀器控制電腦乙套)，衛生福利部食品藥物管理署標案110TFDA-A-307，決標金額為17,520,000元。 ● 奈米微流速離子源根據廠商前購金額為900,000元 ● 高場不對稱波形離子遷移分離離子源，國立臺灣大學標案1101052，決標金額為1,995,000元。 ● 蛋白質分析軟體，國立交通大學標案 A20086，決標金額為969,000元。 ● 全責型保固服務一年方案，中央研究院生醫轉譯研究中心標案 BTRC11203009P，決標金額為4,500,000元。 ● 周邊配置(UPS/實驗桌/高階數據分析電腦等)根據廠商前購價為450,000元。 <p>另外經查校內採購案與政府電子採購網，國防部超高解析質譜儀等2項標案 HE13001L108，其中質譜儀偵測系統決標金額為31,548,000元， (請以條列或表格敘述，可包括市場上近期同款設備成交價、不同之商業條款、不同廠商報價等。)</p>						
建議底價金額	<input checked="" type="checkbox"/> 新台幣：\$ 23,500,000 <input type="checkbox"/> 外幣：(幣別)					
法依	<p>政府採購法施行細則第53條：機關訂定底價，應由規劃、設計、需求或使用單位提出預估金額及其分析後，由承辦採購單位簽報機關首長或其授權人員核定。但重複性採購或未達公告金額之採購，得由承辦採購單位逕行簽報核定。</p>					



採購案底價分析表

備 註	<p>一、本表連同底價單(或採購案相關附件)依採購分級由會議主席(或其授權人員)與三位(含)以上採購委員簽署，核定底價。</p> <p>二、本分析表欄位不敷使用時，請自行延伸之。</p> <p>三、填妥簽章後，請務必於上傳於請採購系統上，正本請於採購立案後送交至事務組。</p>
-----	---

填表人已詳閱並自我檢核如下：(請於下方簽章)

- 應以維護公共利益及公平合理為原則，對廠商不得為無正當理由之差別待遇。(採購法第6條)
- 已將所需標的物依性質、屬性等，併此案統一辦理，並未分批採購。(採購法第14條)
- 所編列之預算符合市場行情。
- 所訂定之規格內容在目的及效果上均未限制競爭。(採購法第26條)
- 所訂定之規格內容，於驗收時不需送第三公證單位檢驗、測試或認證，且其驗收內容、標準或進行方式明確，不會具有爭議性。
- 所建議之底價金額已考量廠商應繳納之稅捐或規費、合理利潤、履約風險、應繳納押標金或保證金之成本、過去採購案例...等因素而提出。

請購人已詳閱，確認簽章：

請購單位主管/計畫主持人簽章：



臺北醫學大學
TAIPEI MEDICAL UNIVERSITY

信義校區：110 臺北市信義區吳興街250號
總機電話：02-2736-1661
Xinyi Campus : No.250, Wuxing St., Xinyi Dist.,
Taipei City 110, Taiwan. Tel : 02-2736-1661

雙和校區：235 新北市中和區圓通路301號
總機電話：02-6620-2589
Shuangho Campus : No.301, Yuantong Rd., Zhonghe Dist.,
New Taipei City 235, Taiwan. Tel : 02-6620-2589

密件

臺北醫學大學採購案底價封

標 號：TMU112-277

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀

開標時間：一一三年五月二十三日下午五時三十分整

開標地點：本校醫學綜合大樓後棟一樓總務處會議室

事務組經辦人：劉又溱 113.05.14

劉又溱

外 標 封

標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀 標號：TMU112-277 (第一次公告)
截止投標時間：113年05月23日下午05時整 開標時間：113年05月23日下午05時30分整

11031 臺北市信義區吳興街 250 號

臺北醫學大學總務處事務組收

事務組採購承辦人 劉又濤小姐

投標廠商 台灣賽默飛世爾科技股份有限公司 統一編號 28685123

廠商地址 11493 台北市內湖區洲子街85號6樓之1 廠商電話 (02)8751-6655

廠商聯絡人 李淑慧 聯絡人電話 0966-716731 聯絡郵件信箱 eva.li@thermofisher.com

一、投標文件遞送請注意時效，寄達本校事務組採購承辦人處如逾時視為無效標。

二、文件檢附方式：

注意
事項

1. 本外標封內請裝入：(一)資、規格封。(二)價格封。各標封封口彌封處請密封並加蓋公司授權大、小章。
2. 投標文件應以適當容器裝置，外標封標籤請書寫完整基本資料後貼於標封封面，標封彌封處請密封並加蓋公司授權大、小章，敬請配合。

投標文件送達紀錄

※請擇一勾選：

寄送
方式

郵寄或快遞
(免簽章免填並時間)

專人送達
(須簽章及註記送達時間)

廠商送件人簽章

李淑慧

機關收件人簽章



送達日期時間：113年5月22日15:00 收件日期時間：113年05月22日15:03

臺北醫學大學暫收款收據

007696

民國113年 5月22日

繳款公司	以歐安里亞(亞爾)科技股份有限公司 電話: 02-87516655	
款項名稱	1 押標金	採購案稱 奈米紋流液相層析 高解析質譜儀
	2 圖說	
	3	
收款票據 明細	支票號碼	SD649494
	支票日期	113年 05月 15日
	付款銀行	華南商業銀行庫 民生 分行(部.庫)
收款金額	新臺幣(大寫): 一仟壹佰拾伍萬 仟 佰 拾 元整	
備註	請妥善保管此收據，得標後憑此暫收據換正式收據。	

第一聯：出納組聯(白)
第二聯：暫收據(紅)

經收人：

112.05.01



拒絕往來廠商查詢

以廠商資料查詢拒絕往來廠商名單，查詢結果如下：

查詢特定條件為								
廠商代碼 : 28685123 (台灣賽默飛世爾科技股份有限公司)								
廠商現況 : 01-核准設立								
廠商名稱 : 台灣賽默飛世爾科技股份有限公司								
								資料取得時間 : 113/05/23 16:41
項次	廠商代碼	廠商名稱	負責人姓名	工廠隸屬之事業主體統一編號及名稱	備註	機關名稱	生效日	截止日
無符合條件資料								



附件 五

▼本申請書得於申請退還時另行檢附，不須裝入標封內

廠商投標文件領回申請書

一、本廠商參加【奈米微流液相層析高解析質譜儀】案(第一次公告, 標號: TMU112-277)之投標, 茲因下列原因, 請貴校退還本廠商所提送之投標文件:

(一) 若本案流標者:

參加投標廠商或合格廠商未達法定家數而流標。(可領回投標文件)

(二) 若本標案廢標者:

本標案開標後因故廢標。(投標文件原則不發還, 可領回正本文件, 另於影本上加蓋廠商及負責人印章後, 由本校留存)

(三) 其他:

本廠商之投標文件, 經貴校審查, 不符合本案投標須知之形式審查規定。(可領回所有投標文件)

本廠商之投標文件, 經審查不符合本案投標須知之 資格 規格文件審查規定。(可領回未開封之文件)

參與評審/評選作業, 但未獲評為符合需要/優勝廠商。(除評審人員未返還及本校保留 3 份外, 其餘可領回)

本標案因有政府採購法第 48 條第 1 項各款情形之一而不予開標。(可領回全部投標文件)

其他:

二、申請領回投標文件, 得由負責人或委任代理人填妥本申請書(加蓋廠商及負責人印章, 或與委任授權書相符之授權代理印章), 憑身分證明文件提出申請, 並由本校核對後辦理退還。

三、領回清單如下:

文件名稱(請勾選填寫)	份數	文件名稱(請勾選填寫)	份數
<input checked="" type="checkbox"/> 全部投標文件	1 份	<input type="checkbox"/> 服務建議書或企畫書	份
<input type="checkbox"/> 未開封之價格封	份	<input type="checkbox"/> 其他:	份
<input type="checkbox"/> 未開封之規格封	份		

四、領取人姓名:

(一) 姓名: 李淑雯

(二) 身分證字號: N224680919

(三) 聯絡電話: 0966-716731

(四) 領取日期: 113 年 5 月 24 日

五、投標廠商及負責人印章 (請蓋與投標文件相同之印章):



六、領取人簽名:

李淑雯

列印時間：113/05/23 17:03:49

無法決標公告

公告日:113/05/24

無法決標資料	標案案號	TMU112-277
	標案名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀
	招標方式	公開招標
	新增公告傳輸次數	01
	無法決標公告序號	001
	原招標公告之刊登採購公報日期	113/05/13
	否依據採購法第106條第1項第1款辦理	否
	機關代碼	03724606
	機關名稱	臺北醫學大學
	單位名稱	臺北醫學大學
	機關地址	110 臺北市 信義區 吳興街250號
	聯絡人	劉又濤小姐
	聯絡電話	(02) 27361661 # 2312
	傳真號碼	(02) 27363327
	電子郵件信箱	rachel@tmu.edu.tw
	是否複數決標	否
	標的分類	<財物類> 482 做為測量、檢查、航行及其他目的用之儀器和裝置，除光學儀器；工業程序控制設備；上述各項之零件及附件
	採購金額級距	公告金額以上未達查核金額
	原無法決標公告日期	113/05/24
	無法決標公告日期	113/05/24
	是否刊登公報	是
	無法決標的理由	流標(無廠商投標或未達法定開標家數)
	投標商家數	有，未達法定家數
	是否沿用本案號及原招標方式續行招標	是
	附加說明	

公開招標公告

公告日：113/05/24

列印時間：113/05/23 17:12

機關資料	機關代碼	03724606
	機關名稱	臺北醫學大學
	單位名稱	臺北醫學大學
	機關地址	110臺北市信義區吳興街250號
	聯絡人	劉又溱小姐
	聯絡電話	(02)27361661#2312
	傳真號碼	(02)27363327
	電子郵件信箱	rachel@tmu.edu.tw

採購資料	案號	TMU112-277
	標案名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀
	標的分類	財物類 482-做為測量、檢查、航行及其他目的用之儀器和裝置、除光學儀器、工業程序控制設備；上述各項之零件及附件
	財物採購性質	買受,定製
	採購金額	23,500,000元 貳仟參佰伍拾萬元
	採購金額級距	公告金額以上未達查核金額
	法人團體辦理適用採購法案件之依據法條	採購法第4條
	辦理方式	補助
	依據法條	採購法第18條、第19條
	是否適用條約或協定之採購	是否適用WTO政府採購協定(GPA)：否 是否適用臺紐經濟合作協定(ANZTEC)：否 是否適用臺星經濟夥伴協定(ASTEP)：否
	採購是否屬「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」採購	否
	本採購是否屬「涉及國家安全」採購	否
	預算金額	23,500,000元 貳仟參佰伍拾萬元
	預算金額是否公開	否 預算金額不公開理由：機關認為不宜公開
	預計金額	23,500,000元 貳仟參佰伍拾萬元
	預計金額是否公開	否

後續擴充	否
是否受機關補助	是 補助機關 3.9教育部 補助金額 22,264,000元 貳仟貳佰貳拾陸萬肆仟元
是否提供英文招標文件	未提供
是否為政策及業務宣導業務	否

招標資料	招標方式	公開招標
	決標方式	最低標
	是否依政府採購法施行細則第64條之2辦理	否
	新增公告傳輸次數	02
	招標狀態	第二次及以後公開招標
	機關自定公告日	113/05/24
	是否複數決標	否
	是否訂有底價	是
	是否屬特殊採購	否
	是否已辦理公開閱覽	否
	是否屬統包	否
	是否屬共同供應契約採購	否
	是否屬二以上機關之聯合採購(不適用共同供應契約規定)	否
	是否應依公共工程專業技師簽證規則實施技師簽證	否
	是否採行協商措施	否
	是否適用採購法第104條或105條或招標期限標準第10條或第4條之1	否
是否依據採購法第106條第1項第1款辦理	否	

領投	是否提供電子領標	是	機關文件費(機關實收)	200元
----	----------	---	-------------	------

開標	系統使用費	20元
	文件代收費	10元
	總計	230元
	機關文件費指定收款機關單位：臺北醫學大學 機關文件費指定收款帳戶：財團法人臺北醫學大學	
是否提供現場領標：否		
是否提供電子投標	否	
截止投標	113/05/30 17:00	
開標時間	113/05/30 17:00	
開標地點	110臺北市信義區吳興街250號醫學綜合大樓後棟一樓總務處會議室	
是否須繳納押標金	是·尚未提供廠商線上繳納押標金 理由：押標金收款帳戶暫不允許非臨櫃存入 押標金額度：一定金額：新台幣1,150,000元整。	
投標文字	正體中文	
收受投標文件地點	110臺北市信義區吳興街250號醫學綜合大樓後棟一樓總務處事務組劉小姐處	

其他	是否依據採購法第99條	否
	履約地點	臺北市(非原住民地區)
	履約期限	詳投標須知及標單、契約相關規定。
	是否刊登公報	是
	是否依據採購法第11條之1·成立採購工作及審查小組	否
	本案採購契約是否採用主管機關訂定之範本	是
	本案採購契約是否採用主管機關訂定之最新範本	財物類財物採購契約範本最新版之時間為「112.11.23」 是
	契約是否訂有依物價指數調整價金規定	否·招標文件未訂物價指數調整條款 無預算
	廠商資格摘要	1. 廠商登記或設立之證明 投標廠商之基本資格須符合以下任一資格： 1. 具公司登記 2. 具商業登記 3. 為身心障礙福利機構團體或庇護工場 4. 為原住民廠商 2. 廠商納稅之證明·如營業稅或所得稅
	是否訂有與履約能力有關之基本資格	是 廠商應附具之基本資格證明文件或物品： 【須於招標文件載明者為限】

資格項目	附加說明
廠商具有製造、供應或承做能力之證明	如曾完成與招標標之類似之製造、供應或承做之文件、招標文件規定之樣品、現有或得標後之可取得履約所需設備、技術、財力、人力或場所之說明或品質管制能力文件等
廠商具有維修、維護或售後服務能力之證明	如維修人員經專業訓練之證明、設立或具有或承諾於得標後一定期間內建立自有或特約維修站或場所之證明等
廠商信用之證明	如票據交換機構或受理查詢之金融機構於截止投標日之前半年內所出具之非拒絕往來戶及最近三年內無退票紀錄證明、會計師簽證之財務報表或金融機構或徵信機構出具之信用證明等
附加說明	
是否刊登英文公告	否
疑義、異議、申訴及檢舉受理單位	疑義、異議受理單位 臺北醫學大學 申訴受理單位 行政院公共工程委員會採購申訴審議委員會-(地址：110臺北市信義區松仁路3號9樓、電話：02-87897530、傳真：02-87897514) 檢舉受理單位 部會署-教育部採購稽核小組-(地址：100臺北市中正區中山南路5號、電話：02-77365529、傳真：02-23583005) 法務部調查局-(地址：231新北市新店區中華路74號;新店郵政60000號信箱、電話：02-29177777、傳真：02-29188888) 法務部廉政署-(地址：100臺北市中正區博愛路166號;100006國史館郵局第153號信箱、電話：0800286586、傳真：02-23811234) 中央採購稽核小組-(地址：110臺北市信義區松仁路3號9樓、電話：02-87897548、傳真：02-87897554)
新增時間	113/05/23 17:12

註：◎招標公告是否已傳輸成功，可至功能選單「政府採購 > 招標管理 > 查詢招標公告」查詢；招標文件是否已傳輸成功，可至功能選單「政府採購 > 招標管理 > 檢驗上傳標案」確認。

以下各項招標規定內容，由機關填寫，投標廠商填寫或塗改。
各項內含選項者，由機關擇符合本採購案者勾填。

- 一、本採購適用政府採購法(以下簡稱採購法)及其主管機關所訂定之規定。
- 二、本標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀。
- 三、採購標的為：
 (1) 工程。
 (2) 財物；其性質為： 購買； 租賃； 定製； 兼具兩種以上性質者(請勾選)。
 (3) 勞務。
- 四、本採購屬：
 (1) 公告金額十分之一以下之採購。
 (2) 逾公告金額十分之一未達公告金額之採購。
 (3) 公告金額以上未達查核金額之採購。
 (4) 查核金額以上未達巨額之採購。
 (5) 巨額採購。
 已依「機關提報巨額採購使用情形及效益分析作業規定」第2點第1項，擬定預期使用情形及效益目標。
- 五、本採購：
 (1) 為共同供應契約。
 (2) 非共同供應契約。
- 六、本採購預算金額(不公告者免填；但依「投標廠商資格與特殊或巨額採購認定標準」第5條第3項規定辦理者，或屬公告金額以上採購之公開招標、選擇性招標及限制性招標之公開評選，除轉售或供製造加工後轉售之採購，預算金額涉及商業機密或機關認為不宜公開外，應公開預算金額)：
- 七、本採購預計金額(不公告者免填)：
- 八、上級機關名稱：教育部。
- 九、依採購法第4條接受補助辦理採購者，補助機關名稱及地址(非屬此等採購者免填)：教育部，臺北市中正區中山南路五號，電話代表號：(02) 7736-6666。
- 十、依採購法第5條由法人或團體代辦採購者，委託機關名稱及地址(非屬此等採購者免填)：
- 十一、依採購法第40條代辦採購者，洽辦機關名稱及地址(非屬此等採購者免填)：
- 十二、依採購法第75條，受理廠商異議之機關名稱、地址及電話：同招標機關(不同者請查明機關名稱、地址及電話)。
- 十三、依採購法第76條及第85條之1，受理廠商申訴(未達公告金額之採購，除屬採購法第31條規定不予發還或追繳押標金之爭議者外，不適用申訴制度)或履約爭議調解(無金額限制)之採購申訴審議委員會名稱、地址及電話：廠商與本機關間之招標、審標、決標、訂約、履約及驗收之爭議，得依政府採購法及相關規定向本機關提出異議或履約爭議調解。
- 十四、本採購為：
 (1) 未分批辦理。
 (2) 係分批辦理公告金額以上之採購，業經上級機關核准(文號：_____)

【投標須知】第1頁，共18頁

- 依總金額核計_____項，分別按公告金額或查核金額以上之規定辦理。
- 十五、招標方式為：
 (1) 公開招標
 (1-1) 本案為複數決標並採分項決標，廠商各項投標文件無需分項裝封，無需於大外標封標不投標項次，有3家以上廠商投標，且符合政府採購法施行細則第55條規定時，即得開標。
 (2) 選擇性招標：符合採購法第20條第1款；第2款；第3款；第4款；第5款(請勾選款次)
 (2-1) 為特定個案辦理，於廠商資格審查後，邀請所有符合資格廠商投標。
 (2-2) 為建立合格廠商名單；後續邀標方式為個別邀請所有符合資格之廠商投標； 公告邀請所有符合資格之廠商投標； 依審標順序，每次邀請_____家符合資格之廠商投標； 以抽籤方式擇定邀請符合資格之廠商投標。
 (3) 限制性招標：本案業經需求、使用或承辦採購單位敘明符合採購法第22條第1項第_____款之情形，並簽報機關首長或其授權人員核准採限制性招標。
 (3-1) 公開評選、公開開動選優勝廠商：
 (3-1-1) 依採購法第22條第1項第9款辦理； 委託專業服務； 委託技術服務； 委託資訊服務； 委託社會福利服務。
 (3-1-2) 依採購法第22條第1項第10款辦理。
 (3-1-3) 依採購法第22條第1項第11款辦理。
 (3-2) 比價； 經前次公告招標結果，無廠商投標或無合格標，且符合採購法施行細則第22條第1項規定無廠商異議或申訴在處理中者，依採購法第22條第1項第1款規定，不另公告招標，並依採購法施行細則第23條之1第1項規定，邀請過去表現優良之2家以上廠商以比價方式辦理； 符合採購法第22條第1項第_____款(請列明款次，第16款之情形須填項主管機關核准文號)； 符合採購法第104條第1項但書第_____款(請列明款次及相關機關核准文號)； 符合採購法第105條第1項第_____款(請列明款次及相關機關核准文號)； 符合中央機關未達公告金額採購招標辦法第_____條第_____項第_____款規定， 符合中央機關未達公告金額採購招標辦法第23條所定未達公告金額採購招標辦法第_____條第_____項第_____款規定。
 (3-3) 議價； 符合採購法第22條第1項第_____款(請列明款次，其未得以比價方式辦理之原因：_____；第16款之情形須填項主管機關核准文號)； 符合採購法第104條第1項第_____款(請列明款次及相關機關核准文號，非填第4款者，其未得以比價方式辦理之原因：_____)； 符合採購法第105條第1項第_____款(請列明款次及相關機關核准文號，填第1款或第2款者，其未得以比價方式辦理之原因：_____)； 符合中央機關未達公告金額採購招標辦法第_____條第_____項第_____款規定(其未得以比價方式辦理之原因：_____)； 符合地方政府依採購法第23條所定未達公告金額採購招標辦法第_____條第_____項第_____款規定。
 (3-4) 依採購法第22條第1項第_____款辦理(請列明款次)，並以公告程序徵求受邀廠商，作為邀請比、議價之用。

【投標須知】第2頁，共18頁

- (4) 依採購法第49條規定公開取得書面報價或企劃書。(限未達公告金額之採購案始得採行)。
 (4-1) 本案業經機關首長或其授權人員核准，本次公告未能取得3家以上廠商之書面報價或企劃書時，將改採限制性招標方式辦理。
- 十六、本採購：
 (1) 適用我國締結之條約或協定；其名稱為：
 世界貿易組織政府採購協定(GPA)。
1. 門檻金額：(由機關於招標時擇一勾選；未勾選者，為選項A)
 選項A：依GPA我國承諾開放清單所載門檻金額開放，惟簽署國之門檻金額較我國高者，對該簽署國適用該較高之門檻金額。
 選項B：依GPA我國承諾開放清單所載門檻金額開放。
2. 服務及工程服務：(由機關於招標時擇一勾選；未勾選者，為選項A)
 選項A：依GPA我國承諾開放清單之服務及工程服務開放，惟僅開放予對該等服務亦相對開放之簽署國。
 選項B：依GPA我國承諾開放清單之服務及工程服務開放。
 臺紐經濟合作協定。
 臺星經濟夥伴協定。
 其他(請敘明)：
非條約或協定國家之廠商：
 不可參與投標。
 下列外國廠商可以參與投標：
1. 國家或地區名稱：均可(未列明者即不允許)
2. 是否允許大陸地區廠商參與：(未勾選者即不允許；如允許者，須符合兩岸進口及貿易往來相關規定)
 是
 否
3. 給予下列差別待遇(可複選)：
 採購法第43條第1款之措施(招標文件須列明作為採購評選之項目及其比率)：
 採購法第43條第2款之措施：
 採購法第17條第2項處理辦法之措施：
如為工程採購，廠商履約過程中如有使用或供應下列材料或產品，其原產地須屬我國或其他條約或協定國家者(可複選)：
材料：
 水泥
 水泥製品
 鋼筋
 預力鋼絞線
 結構鋼
 陶瓷面磚
 透水性混凝土地磚
 砂石
 木材、竹材
 其他(由招標機關敘明)：
產品：

【投標須知】第3頁，共18頁

- 升降機
 手扶梯
 阻尼器
 監視設備
 門窗
 櫃檯
 空調設備
 消防栓
 照明燈具
 避雷針
 電氣設備
 太陽能設備
 衛浴設備
 其他(由招標機關敘明)：
- (2) 不適用我國締結之條約或協定，外國廠商：
 不可參與投標，我國廠商所供應標的(含工程、財物及勞務)之原產地須屬我國者。
 不可參與投標，但我國廠商所供應標的(含工程、財物及勞務)之原產地得為下列外國者：
1. 國家或地區名稱：(未列明者即不允許)
2. 是否允許供應大陸地區標的：(未勾選者即不允許；如允許者，須符合兩岸進口及貿易往來相關規定)
 是
 否
 下列外國廠商可以參與投標：
1. 國家或地區名稱：均可(未列明者即不允許)
2. 是否允許大陸地區廠商參與：(未勾選者即不允許；如允許者，須符合兩岸進口及貿易往來相關規定)
 是
 否
3. 給予下列差別待遇(可複選)：
 採購法第43條第1款之措施(招標文件須列明作為採購評選之項目及其比率)：
 採購法第43條第2款之措施：
 採購法第17條第2項處理辦法之措施：
如為工程採購，不論是否允許外國廠商參與投標，廠商履約過程中如有使用或供應下列材料或產品，其原產地須屬我國者(可複選)：
材料：
 水泥
 水泥製品
 鋼筋
 預力鋼絞線
 結構鋼
 陶瓷面磚
 透水性混凝土地磚
 砂石

【投標須知】第4頁，共18頁

- 木材、竹材
其他(由招標機關敘明)：
產品：

- 升降機
- 手扶梯
- 阻尼器
- 監視設備
- 門窗
- 櫥櫃
- 空調設備
- 消防栓
- 照明燈具
- 避雷針
- 電氣設備
- 太陽能設備
- 衛浴設備

其他(由招標機關敘明)：

(3)廠商所供應整體標之組成項目(例如製成品之特定組件、工程內含之材料與設施)，其不允許使用大陸地區產品之項目；本標價清單項次三。廠商亦不得使用行政院依據「各機關對危害國家資通安全產品限制使用原則」公布之廠商清單所提供之產品，或主管機關公告之禁用廠商名單，如產品係由上述廠商進行設計(Original Design Manufacturer, ODM)或製造(Original Equipment Manufacturer, OEM)者，同屬限制範圍。

(4)本採購取得或使用無人機部分應符合下列條款(與招標文件其他條款有不一致者，本條款優先適用)

(4-1)不允許大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商、在臺陸資廠商及經濟部投資審議委員會公告之陸資資訊服務業者參與，且符合下列規定：

(4-1-1)屬機關取得財物者，廠商所供應標的，應符合相關的事業主管理機關之規範，整體不得為大陸廠牌(不及於零組件之廠牌)。機關有特殊需求者，不允許使用大陸地區製造或大陸廠牌之零組件：

[例如軍、警、海巡等機關或關鍵基礎設施、重要人士在場、犯罪偵查等，由機關酌個案特性妥適訂定。]

(4-1-1-1)廠商履約所供應之無人機，應符合下列要求：

- A. 依據無人機管理規則第 17 條規定於交通部民用航空局登錄。
- B. 經無人機主管機關(交通部)及資通安全主管機關(數位發展部)認可之專業單位資安檢測通過，並持有該單位核發之資安檢測合格證明[無人機資安檢測需求詳附表]。
- C. 具射頻功能且屬國家通訊傳播委員會公告「應經核准之電信管制射頻器材」者，應取得該會核發之審驗證明。

【投標須知】第5頁，共18頁

(4-1-1-2)其他：_____。

(4-1-2)屬機關取得服務者，廠商履約人員不得為大陸籍人士；使用之無人機整體不得為大陸廠牌(不及於零組件之廠牌)。

機關有特殊需求者，不允許使用大陸地區製造或大陸廠牌之零組件：

[例如軍、警、海巡等機關或關鍵基礎設施、重要人士在場、犯罪偵查等，由機關酌個案特性妥適訂定。]

(4-1-2-1)廠商履約所使用之無人機，應符合下列要求：

- A. 依據無人機管理規則第 17 條規定於交通部民用航空局登錄。
- B. 經無人機主管機關(交通部)及資通安全主管機關(數位發展部)認可之專業單位資安檢測通過，並持有該單位核發之資安檢測合格證明[無人機資安檢測需求詳附表]。
- C. 具射頻功能且屬國家通訊傳播委員會公告「應經核准之電信管制射頻器材」者，應取得該會核發之審驗證明。

(4-1-2-2)無人機操作人員，均應具民航局核發之合格專業操作證。

(4-1-2-3)群飛活動飛經紅區者，其飛行計畫須經交通部及(或)活動所在之地方政府審核通過。

(4-1-2-4)法人應訂定作業手冊，經民航局能力審查核准，並經民航局及(或)地方政府同意飛航活動申請。

(4-1-2-5)其他：_____。

無人機資安檢測需求^(註1)

適用資安檢測等級	適用情形	排除適用情形
一、無人機產品資安測試 中階等級 ^(註2)	有下列情形之一者： 1. 飛經禁航區、限航區、民航局公告之航空站或飛行場四周或地方政府代中央機關公告之紅區 2. 無人機重量 25 公斤以上	經上級機關核轉目的事業主管機關(交通部)及資通安全主管機關(數位發展部)同意免予適用者。
二、無人機產品資安測試 初階等級 ^(註2)	飛經地方[直轄市、縣(市)]政府劃設紅區	有下列情形之一者，免予適用： 1. 無自主導航且無攝影功能。 2. 經地方政府同意免予適用者。 3. 紅區所在機關辦理之教育訓練或競賽等低機敏性活動並經地方政府備查。
三、無人機產品資安測試初階等級及群飛系統資安檢測 ^(註2及3)	群飛架數 200 架以上且預計群聚人數達 1,000 人以上 ^(註4)	

【投標須知】第6頁，共18頁

註 1：本表無人機資安檢測需求係針對一般機關採購取得或使用無人機之基本需求，機關得依個案特性提高檢測安全等級，又因機關使用情境(例如涉軍、警、海巡等機關或關鍵基礎設施、重要人士在場、犯罪偵查等)，請機關酌個案特性，以適當資安標準妥適訂定。

註 2：本表所稱產品資安檢測等級及檢測項目，係指「無人機資安聯合驗測實驗室」訂定之「無人機資安保障規範」第二部分產品資安測試安全等級及檢測項目(或其他同等級之標準或規範)，並以招標公告或邀標時適用之版本為準，履約期間如有變更資安需求者，得以契約變更方式處理。

註 3：本表所稱「群飛系統資安檢測」，係引用台灣資通產業標準協會發布之「物聯網領域資安防護評估指引」安全等級 L1 級(或其他同等級之標準或規範)，針對應用層、網路層及感知設備層所包含設備之一般性安全功能的資安要求及測試評估，並以招標公告或邀標時適用之版本為準，履約期間如有變更資安需求者，另以契約變更方式處理。

註 4：群聚人數指係參考內政部「大型群聚活動安全管理要點」對於「大型群聚活動」之定義。

註 5：機關應視個案實際情形於採購預算編列資安檢測費用，客製化之財物採購，第 1 次型式檢測費用由機關預算支應，勞務採購，機關依使用架數、使用頻率等因素評估所需檢測費用。

十七、本採購：

- (1) 依採購法第 24 條規定以統包辦理招標。
- (2) 非以統包辦理招標。

十八、本採購：

- (1) 依採購法第 25 條規定允許廠商共同投標(招標文件已附共同投標協議書範本)；廠商家數上限為□2 家；□3 家；□4 家；□5 家。
- (2) 不允許廠商共同投標。

十九、廠商得以電子資料傳輸方式於投標截止期限前遞送投標文件，該電子化資料，並視同正式文件，得免另備書面文件，供遞送之電傳號碼/網址為(不允許者免填)：

二十、廠商對招標文件內容有疑義者，應以書面向招標機關請求釋疑之期限：自公告日或邀標日起等標期之四分之一，其尾數不足 1 日者，以 1 日計。

二十一、機關以書面答復前條請求釋疑廠商之期限：投標截止期限前 1 日答復。

二十二、本採購依採購法第 33 條第 3 項：

- (1) 允許廠商於開標前補正非契約必要之點之文件。
- (2) 不允許廠商於開標前補正非契約必要之點之文件。

二十三、本採購依採購法第 35 條：

- (1) 允許廠商於在不降低原有功能條件下，可提出可縮減工期、減省經費或提高效率之替代方案(請載明允許項目)；
- (2) 不允許提出替代方案。

二十四、投標文件有效期：自投標時起至開標後 30 日止，如機關無法於前開有效期內決標，得於必要時洽請廠商延長投標文件之有效期。

二十五、廠商應遞送投標文件份數：

- (1) 1 式 1 份。
- (2) 1 式 2 份。
- (3) 1 式 3 份。

【投標須知】第7頁，共18頁

□(4) 1 式 4 份。

□(5) 1 式 5 份。

□(6) 其他(由招標機關敘明)：

二十六、投標文件使用文字：

- (1) 中文(正體字)。
- (2) 中文(正體字)，但特殊技術或材料之圖文資料得使用英文。
- (3) 其他(由招標機關敘明)：

二十七、公開開標案件之開標時間(依採購法不公開者免填)：本案採一次投標(資、規格與價格)分段開標。第一階段資、規格標審查且未通過者不得參與後續第二階段價格標之開標審查、議(比)價。第一階段資、規格標開標時間(※廠商得免派員參與)：113年05月30日下午05時00分整。

投標廠商提交各項文件資料，應符合本須知所訂條件，且經審查合格者，始得參加下一階段之開標、議(比)價。如審查時對資、規格有疑問時，得要求投標廠商澄清說明，投標廠商應於接獲本機關通知起二個日曆天(含例假日)內提供，廠商不得拒絕回答或藉機要求變動報價。如逾期未回復或補充後仍審查不合格，則視同資、規格不符，不得參加下一階段之開標、議(比)價。

二十八、公開開標案件之開標地點(依採購法不公開者免填)：臺北市信義區吳興街 250 號臺北醫學大學醫學綜合大樓樓一樓總務處會議室。

二十九、公開開標案件有權參加開標之每一投標廠商人數(依採購法不公開或不限制廠商出席人數者免填)：二人。

三十、依採購法不公開開標之依據：

- (1) 依採購法第 21 條規定辦理選擇性招標之資格審查，供建立合格廠商名單。
- (2) 依採購法第 42 條規定採分段開標，後續階段開標之時間及地點無法預先標示。
- (3) 依採購法第 57 條第 1 款規定。
- (4) 依採購法第 104 條第 1 項第 2 款規定。
- (5) 其他經主管機關認定者：_____ (請載明核准文號)；

三十一、本採購開標採：

- (1) 不分段開標，所有投標文件置於一標封內，不必按文件屬性分別裝封。
- (2) 分段開標(請勾選項目)；投標廠商應就各段標之標封分別裝封並標示內含資格標、規格標或價格標等；
 - 公開招標，資格、規格與價格一次投標分段開標。
 - 公開招標，資格與規格合併一段投標、分段開標，再邀符合招標文件規定之廠商投價格標。
 - 選擇性招標，邀請廠商就資格、與規格、價格分次投標、分段開標。
 - 選擇性招標，邀請符合資格之廠商就規格與價格一次投標、分段開標。

三十二、押標金金額(無押標金者免填)：

- (1) 一定金額：新台幣 1,150,000 元整。
- (2) 標價之一定比率：___ %。

三十三、採電子投標之廠商，押標金予以減收金額(無者免填)：

【投標須知】第8頁，共18頁

- 三十四、為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 5 條第 2 項所稱優良廠商者(公開於政府電子採購網<https://web.pcc.gov.tw/>常用查詢/優良廠商名單/有效名單列表)，押標金予以減收金額：
□行政院公共工程委員會公共工程金質獎之得獎廠商，減收原應繳額度之 50%。
□其他獎項(由招標機關敘明獎項名稱及減收額度，其減收總額不逾原定應繳總額之 50%)：
為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 33 條之 6 所稱全球化廠商者，押標金予以減收之金額(無者免填)；
為營造業法第 51 條所稱優良營造業，參與案件屬營造業法所稱營造工程之工程採購者，押標金予以減收金額，其減收金額不併入前 2 項減收總額度計算(無者免填，惟押標金、工程保證金或工程保留款應至少擇一項給予獎勵)；
- 三十五、押標金有效期(無押標金者免填)：廠商以銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀、銀行之書面連帶保證或保險公司之保證保險單繳納押標金者，其有效期應較招標文件規定之報價有效期長三十日。
- 三十六、押標金繳納期限：截止投標期限前繳納(無押標金者不適用)。
- 三十七、以現金繳納押標金之繳納處所或金融機構帳號(無押標金者免填)：本校暫不接受以現金方式繳納。
(1)政府電子採購網線上繳納。(距截止投標期限不足 5 分鐘時，將無法使用本方式繳納押標金，請廠商提早作業)本校暫不接受以線上方式繳納。
(2)未採線上繳納者，其繳納處所或金融機構帳號：本校暫不接受以匯款方式繳納。
- 三十八、無押標金之理由為：
□(1)勞務採購。
□(2)未達公告金額之工程、財物採購。
□(3)以議價方式辦理之採購。
□(4)依市場交易慣例或採購案特性，無收取押標金之必要或可能者。
- 三十九、履約保證金金額(無者免填)：□一定金額：_____；契約金額之一定比率：10%。
□廠商如以銀行之書面連帶保證或開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀繳納履約保證金者，機關得視該銀行之信譽、過去履行連帶保證之紀錄等，經機關審核後始予接受。廠商以押標金轉換為履約保證金時，亦同。
- 四十、得標廠商提出其他廠商之履約及賠償連帶保證者，履約保證金予以減收之金額(無者免填)：
- 四十一、得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 33 條之 5 第 2 項所稱優良廠商者(公開於政府電子採購網<https://web.pcc.gov.tw/>常用查詢/優良廠商名單/有效名單列表)，履約保證金予以減收金額：
□行政院公共工程委員會公共工程金質獎之得獎廠商，減收原應繳額度之 50%。
□其他獎項(由招標機關敘明獎項名稱及減收額度，其減收總額不逾原定應繳總額之 50%)：

【投標須知】第 9 頁，共 18 頁

- 得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 33 條之 6 所稱全球化廠商者，履約保證金予以減收之金額(無者免填)；
得標廠商為營造業法第 51 條所稱優良營造業，且得標案件屬營造業法所稱營造工程之工程採購者，履約保證金予以減收金額，其減收金額不併入前 2 項減收總額度計算(無者免填，惟押標金、工程保證金或工程保留款應至少擇一項給予獎勵)；
- 四十二、履約保證金有效期(無履約保證金者免填)：較契約規定之履約期限長 30 日。履約事項驗收完成且無待解決事項為止，惟廠商以銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀、銀行之書面連帶保證或保險公司之保證保險單繳納履約保證金者，其有效期應較契約約定之最後施工、供應或安裝期限長 日(由機關於招標時自行填列，未填列者，為 90 日)。但得標廠商以銀行開發之不可撤銷擔保信用狀或銀行之書面連帶保證繳納，有效期未及即逾上述有效期，須先以較短有效期繳納者，其有效期每次至少 年(由機關於招標時自行填列，未填列者，為 3 年，未次之有效期得少於 3 年)。得標廠商應於有效期屆滿前 日(由機關於招標時自行填列，未填列者，為 30 日)辦理完成繳交符合契約約定額度之保證金。
- 四十三、履約保證金繳納期限(無履約保證金者免填)：自決標次日起十四個工作天內。
- 四十四、無履約保證金之理由為：
□(1)勞務採購。
□(2)未達公告金額之工程、財物採購。
□(3)依市場交易慣例或採購案特性，無收取履約保證金之必要或可能者。
- 四十五、保固保證金金額(無者免填)：依契約金額之 3%。
- 四十六、保固保證金有效期(無保固保證金者免填)：較契約規定之保固期長 30 日。廠商以銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀、銀行之書面連帶保證或保險公司之保證保險單繳納保固保證金者，其有效期應較契約規定之保固期長九十日。
- 四十七、保固保證金繳納期限(無保固保證金者免填)：履約標的完成驗收合格後，機關付款前。
- 四十八、得標廠商提出其他廠商之履約及賠償連帶保證者，保固保證金予以減收之金額(無者免填)：
- 四十九、得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 33 條之 5 第 2 項所稱優良廠商者(公開於政府電子採購網<https://web.pcc.gov.tw/>常用查詢/優良廠商名單/有效名單列表)，保固保證金予以減收金額：
□行政院公共工程委員會公共工程金質獎之得獎廠商，減收原應繳額度之 50%。
□其他獎項(由招標機關敘明獎項名稱及減收額度，其減收總額不逾原定應繳總額之 50%)：
得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 33 條之 6 所稱全球化廠商者，保固保證金予以減收之金額(無者免填)；
得標廠商為營造業法第 51 條所稱優良營造業，且得標案件屬營造業法所稱營造工程之工程採購者，保固保證金予以減收金額，其減收金額不併入前 2 項減收總額度計算(無者免填，惟押標金、工程保證金或工程保留款應至少擇一項給予獎勵)；

【投標須知】第 10 頁，共 18 頁

- 少擇一項給予獎勵)：
- 五十、預付款款項保證金額(無者免填)：
- 五十一、預付款款項保證有效期(無預付款款項保證者免填)：
- 五十二、預付款款項保證繳納期限(無預付款款項保證者免填)：
- 五十二之一、植栽工程護養期保證金(僅適用於工程驗收合格後給付全部植栽價金之情形)額定為全部植栽價金之 % (由機關於招標時自行填列；未填列者，為 25%)，於機關給付全部植栽費用時扣回，作為廠商植栽護養之擔保，無須另行繳納。
- 五十三、各種保證金之繳納處所或金融機構帳號(無保證金者免填)：
(一)以金融本票、支票、保付支票或郵政匯票(票據請勿加「禁止背書轉讓」，以作作業)繳納者，應為即期且以本機關全銜「財團法人臺北醫學大學」為受款人。
(二)繳納方式：配合本機關出納作業，廠商繳納時須到校園櫃檯辦理。如為第一次投標，請至出納組(醫學綜合大樓後棟 1F)繳納押標金後，將(暫)收據攜至事務組承辦同仁處影印後檢附，收據正本請逕行保管留存(敬請配合)。如第二次投標，得延用第一次投標所繳之押標金，免再繳納。
(三)押標金及各種保證金退還時機，均依各階段期限屆滿後，依本機關付款程序，無息退還。
- 五十四、押標金及保證金應由廠商以現金、金融機構簽發之本票或支票、保付支票、郵政匯票、政府公債、設定質權之金融機構定期存款單、銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀繳納，或取具銀行之書面連帶保證、保險公司之連帶保證保險單繳納，並應符合本機關押標金保證金暨其他擔保作業辦法規定格式。
- 五十五、廠商有下列情形之一者，其所繳納之押標金，不予發還；其未依招標文件規定繳納或已發還者，並予追繳(無押標金之案件免列)：
(一)以虛偽不實之文件投標。
(二)借用他人名義或證件投標，或容許他人借用本人名義或證件參投標。
(三)冒用他人名義或證件投標。
(四)得標後拒不退還。
(五)得標後未於規定期限內，繳足履約保證金或提供擔保。
(六)對採購有關人員行賄、期約或交付不正利益。
(七)其他經主管機關認定有影響採購公正之違反法令行為者。
前項追繳押標金之情形，屬廠商未依招標文件規定繳納者，追繳金額依招標文件中規定之額度定之；其為標價之一定比率而無標價可供計算者，以預算金額代之。
附註：主管機關認定之情形如下(行政院公共工程委員會 108 年 9 月 16 日工程字第 1080100733 號令)：
1.有採購法第 48 條第 1 項第 2 款之「足以影響採購公正之違法行為者」情形。
2.有採購法第 50 條第 1 項第 3 款至第 5 款、第 7 款情形之一。
3.廠商或其代表人、代理人、受雇人或其他從業人員有採購法第 87 條各項構成要件事實之一。

【投標須知】第 11 頁，共 18 頁

- 還押標金之情形者，應就不發還金額中屬減收之金額補繳之，其經主管機關或相關中央的事業主管機關取消優良廠商資格或全球化廠商資格，或經各機關依採購法第 102 條第 3 項規定刊登政府採購公報，且尚在採購法第 103 條第 1 項所定期限內者，亦同。
- 五十七、本採購：
 (1)訂底價，但不公告底價。
 (2)訂底價，並公告底價。底價為：_____元。
 (3)不訂底價，理由為：訂定底價確有困難之特殊或複雜案件；以最有利標決標之採購；專業服務、技術服務、資訊服務、社會福利服務或文化創意服務者，以不訂底價之最有利標；小額採購。
- 五十八、決標原則：
 (1)最低標：以合於招標文件規定且在底價以內之最低標為得標廠商。
A. 第二階段價格標開標(議(比)價)時間(※廠商負責人或授權代表人須親自參與)：口同開標日，於資格審查後接續辦理；另訂於 113 年 06 月 06 日下午 02 時 00 分整。
B. 第二階段價格標開標(議(比)價)地點：口同開標地點；另訂於本校醫學綜合大樓前棟二樓第一會議室。
C. 投標廠商須依照機關所通知開標時間及地點，由負責人攜帶身分證或代理人攜帶授權書及身分證文件、投標印章(含負責人章)出席開標，依採購法第 51 條、第 53 條或第 54 條辦理時提出說明、減價或當場參加比減價格，非投標廠商之人員不得參與開標。廠商未派員到場者，視同放棄，喪失對投標文件提供說明或價格比減之權利。
D. 減價程序：
a. 開標後，合於招標文件規定之投標廠商僅有 1 家者，如其投標價逾底價，機關將逕洽該廠商減價，減價次數不得逾 3 次；合於招標文件規定之投標廠商如有 2 家以上者，其中之最低標超過底價時，得洽最低標廠商優先減價 1 次，減價結果如仍超過底價時，則由所有合於招標文件規定之投標廠商同時比減價格，比減價格次數不得逾 3 次。
b. 如有 2 家以上廠商標價相同，且均得為決標對象時，其比減價格次數已達採購法第 53 條規定之 3 次限制者，逕行抽籤決定之。前述標價相同，其比減價格次數未達 3 次者，應由該等廠商再行比減價格 1 次，以低價者決標。若比減後之標價仍相同者，再行抽籤決定之。
c. 標價不合理之處理：如最低標廠商之標價顯不合理，有降低品質、不能誠信履約之虞或其他特殊情形，則機關得依採購法第 58 條規定，要求最低標廠商於限內提出說明或擔保。廠商未於通知限內提出合理之說明或擔保者，機關得不決標予該廠商，並以次低標廠商為最低標廠商。
d. 投標廠商未到場參與開標者，則視同放棄說明、減價等各項權利，但不影響其為合格廠商，仍得為決標對象。
 (1-1) 非依採購法施行細則第 64 條之 2 辦理。
 (1-2) 依採購法施行細則第 64 條之 2 採評分及格最低標(審查項目

【投標須知】第 12 頁，共 18 頁

- 、標準及審查方式如附件)
- (2)最有利標(評選項目、標準及評定方式如附件)。
- (2-1) 依採購法第 56 條適用最有利標(需經上級機關核准)。
 - (2-2) 依採購法第 22 條第 1 項第 9 款；第 10 款；第 11 款；第 14 款準用最有利標。
 - (2-3) 未達公告金額之採購參考最有利標精神擇符需要者辦理議價。
- 達一定分數或序位之未得標廠商，發給一定金額之獎勵金(由機關敘明一定分數或序位及其相對應之獎勵金)
- 分數(序位)：____；獎勵金：新臺幣____元
- 分數(序位)：____；獎勵金：新臺幣____元
- 分數(序位)：____；獎勵金：新臺幣____元
- (3)最高標。

五十九、本採購採：

- ☑(1)非複數決標。
- (2)複數決標，保留採購項目或數量選擇之組合權利(項目或數量選擇之組合方式如附件。例如得由廠商分項報價之項目，或依不同數量報價之項目及數量之上、下限；投標廠商得標項目或數量之限制、開標順序、願比照得標廠商之價格者得併列為得標廠商、決標廠商家數上限等)。

六十、本採購：

- (1)預算未完成立法程序前，得先辦理保留決標，俟預算通過後始決標生效。
- (2)決標方式為：
- ☑(2-1)總價決標。
 - (2-2)分項決標。
 - (2-3)分組決標。
 - (2-4)依數量決標。
 - (2-5)單價決標(以單價乘以預估數量之和決定得標廠商)。
 - (2-6)其他(由招標機關敘明)。
- (3)屬勞動派遣(指派遺事業單位指派所僱用之勞工至機關提供勞務，接受各該機關指揮監督管理之行為)；派遣勞工(指受派遣事業單位僱用，並向各機關提供勞務者)之薪資(內含勞工依法自行負擔之勞保、健保、就業保險費用)與廠商應負擔之勞保、健保、就業保險費用、積欠工資墊償基金提繳費及勞工退休金等費用，採固定金額支付，不列入報價範圍。廠商僅需就管理費用(含利潤、相關稅捐及管理所需一切費用等)報價。決標後，廠商報價與前述固定金額合計為契約總價，詳如附件報價明細表【註：報價明細表範例如附件，機關於招標時依條件性質參酌調整後附於投標須知。派遣勞工之加班費及差旅費，不含於契約價金，如發生此等費用，其計算方式依勞動法令規定另行支付】。

六十一、無法決標時是否得依採購法第56條規定採行協商措施：

- (1)是；採行協商措施得更改之項目(請敘明)；
- ☑(2)否。

【投標須知】第13頁，共18頁

- 六十二、本採購保留未來向廠商增購之權利，擬增購之項目及內容(請載明擴充之金額、數量或期間上限，並應將預估選購或擴充項目所需金額計入採購金額。未保留增購權利者免填)；
- 六十三、本採購適用採購法：
- ☑(1)無例外情形。
 - (2)本機關係軍事機關而有採購法第 104 條第 1 項但書之例外情形。
 - (3)有採購法第 105 條第 1 項之例外情形。
 - (4)有採購法第 106 條第 1 項之例外情形。
- 六十四、投標廠商之基本資格及應附具之證明文件如下(如允許依法免申請該發本項基本資格證明文件之廠商參與投標，一併載明該等廠商免繳驗之證明文件；另如允許合作社為投標廠商，且投標廠商為合作社者，應依合作社法之規定，並附具合作社章程，且章程業務項目需涵蓋本採購委託工作項目)：
- ☑廠商登記或設立之證明文件。(如公司登記或商業登記證明文件、非屬營利事業之法人、機構或團體依法須辦理設立登記之證明文件、工廠登記證、許可登記證明文件、執業執照、開業證明、立案證明或其他由政府機關或授權機構核發合法登記或設立證明文件)(營利事業登記證於 98 年 4 月 13 日起廢止，已不再作為登記證明文件之用。公司組織依公司法辦理公司登記，請檢附公司登記證明；獨資、合夥之商業依商業登記法辦理商業登記，請檢附商業登記證明；亦可透過經濟部「全國商工行政服務入口網」(網址：http://gcis.nat.gov.tw/index.jsp商工登記資料查詢)或各直轄市、縣(市)政府資訊網站查詢商業登記資料，廠商得以列印公開於目的事業主管機關網站之資料代之。)
 - ☑廠商納稅之證明文件。(廠商最近一期納稅證明文件，廠商不及提出最近一期證明者，得以前一期之納稅證明代之，新設立且未屆第一期營業稅繳納期限者，得以營業稅主管稽徵機關核發之核准設立登記公函代之；經核定使用統一發票者，應一併檢附申領統一發票購票證相關文件。)
 - ☑廠商信用之證明：如票據交換機構或受理查詢之金融機構於截止投標日之前半年內所出具之非拒絕往來戶及最近三年內無退票紀錄證明、會計師簽證之財務報表或金融機構或信託機構出具之信用證明等。(查覆單經塗改或無查覆單位圖章者無效)。外國廠商得出具「會計師簽證之財務報表」。
 - ☑廠商製造、供應或承做能力證明：有效期限內投標物之經銷或代理證明。
 - ☑廠商有維修、維護或售後服務能力之證明：請檢附廠商維修工程師員受訓合格證明(相同機型)，或具有維持本機器能力之證明。
 - ☑型錄或規格說明書：須依標單規格分別標示清楚，以供請購單位審查。投標廠商應另行提供型錄或規格文件，且須依標單規格分別標示清楚，不得以標價清單加蓋廠商公司章作為投標廠商之規格文件，如有此情形，本機關得認定廠商未提出規格文件為規格不合格。
 - ☑廠商違法或違約行為經本機關依政府採購法第 101 條第 1 項規定通知後，於程序進行中，尚未刊登政府採購公報之廠商，該廠商不得參與本機關之採購。
 - 本採購屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購，廠商不得為大陸地區廠商、第三地區含陸資

【投標須知】第14頁，共18頁

- 成分廠商及經濟部投資審議委員會公告之陸資資訊服務業者。(上開業務範疇及陸資資訊服務業清單公開於經濟部投資審議委員會網站 http://www.moeaic.gov.tw/。(註：適用條約或協定之採購案，如勾選本項者，請依 GPA 第 3 條規定，妥適考量本須知第 16 點之勾選)。
- 本採購內容涉及國家安全，不允許大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商及在臺陸資廠商參與。(註：適用條約或協定之採購案，如勾選本項者，請依 GPA 第 3 條規定，妥適考量本須知第 16 點之勾選)

六十五、本採購屬特殊採購；符合「投標廠商資格與特殊或巨額採購認定標準」

- 第 6 條第 1 款；第 7 條第 1 款(請註明款次)。(非特殊採購者免填)

六十六、投標廠商之特定資格及應附具之證明文件如下(限特殊或巨額之採購方可規定特定資格條件)：無。

六十七、廠商所提出之資格文件影本，本機關於必要時得通知廠商限期提出正本供查驗，查驗結果如與正本不符，係不實之文件者，依採購法第 50 條規定辦理。不同投標廠商參與投標，不得由同一廠商之人員代表出席開標、評審、評選、決標等會議，如有由同一廠商之人員代表出席情形，依採購法第 50 條第 1 項第 1 款或第 7 款規定辦理。

投標廠商之標價有下列情形之一為投標文件內容不符合招標文件之規定(預算或底價未公告者免填)

- (1)高於公告之預算者。
- (2)高於公告之底價者。

機關辦理採購有下列情形之一者，得依採購法第 50 條第 1 項第 5 款「不同投標廠商間之投標文件內容有重大異常關聯者」之規定及行為事實，判斷認定是否有該款情形後處理：

- 一、投標文件內容由同一人或同一廠商繕寫或備具者。
 - 二、押標金由同一人或同一廠商繳納或申請退還者。
 - 三、投標標封或通知機關信函號碼連號，顯係同一人或同一廠商所為者。
 - 四、廠商地址、電話號碼、傳真機號碼、聯絡人或電子郵件網址相同者。
 - 五、其他顯係同一人或同一廠商所為之情形者。
- 機關辦理採購有「廠商投標文件所載負責人為同一人」之情形者，得依採購法第 50 條第 1 項第 5 款「不同投標廠商間之投標文件內容有重大異常關聯者」處理。

機關辦理採購，有 3 家以上合格廠商投標，開標後有 2 家以上廠商有下列情形之一，致僅餘 1 家廠商符合招標文件規定者，得依採購法第 48 條第 1 項第 2 款「發現有足以影響採購公正之違法或不當行為者」或第 50 條第 1 項第 7 款「其他影響採購公正之違法行為者」之規定及行為事實，判斷認定是否有該款情形後處理：

- 一、押標金未附或不符規定。
 - 二、投標文件為空白文件、無關文件或標封內空無一物。
 - 三、資格、規格或價格文件未附或不符規定。
 - 四、標價高於公告之預算或公告之底價。
 - 五、其他疑似刻意造成不合格標之情形。
- 工程採購案件，其屬營造業法所定營造工程者，投標廠商屬營造業，可為決標對象，但決標金額高於營造業法所規定之承攬造價限額時，不決標予該廠商。

【投標須知】第15頁，共18頁

- 工程採購案件，其屬營造業法所定營造工程者，投標之土木包工業須登記於工程所在地之直轄市、縣(市)或營造業法第 11 條所定毗鄰之直轄市、縣(市)。如有違反，屬投標文件內容不符合招標文件之規定。
- 六十八、外國廠商之投標資格及應提出之資格文件，附經公證或認證之中文譯本(不允許外國廠商投標者免填)；
- 六十九、以選擇性招標方式辦理者，其限制投標廠商資格之理由及其必要性(非選擇性招標者免填)：
- 七十、招標標之功能、效益、規格、標準、數量或場所等說明及得標廠商應履行之契約責任；由招標機關另備如附件。
 - 七十一、依採購法第 65 條及採購法施行細則第 87 條之規定，本採購標之下列部分及依其他法規規定應由得標廠商自行履約之部分，不得由其他廠商代為履行(視個案情形於招標時勾選；無者免填)：
 - (1)主要部分為：_____。
 - (2)應由得標廠商自行履約之部分為：_____。
 - 除前項所列者外，屬營造業法第 3 條第 1 款之營造工程，且得標廠商為營造業者，其主要部分尚包括：工地主任、工地負責人、專任工程人員、安全衛生人員均應為廠商僱用之人員。
 - 七十二、招標文件如有要求或提及特定之商標或商名、專利、設計或型式、特定來源地、生產者或供應者之情形，允許投標廠商提出同等品，其提出同等品之時機為(由機關於招標時擇一勾選；未勾選者，為選項(2))：
 - (1)應於投標文件內預先提出者，廠商應於投標文件內敘明同等品之廠牌、價格及功能、效益、標準或特性等相關資料，以供審查。
 - (2)得標廠商得於使用同等品前，依契約規定向機關提出同等品之廠牌、價格及功能、效益、標準或特性等相關資料，以供審查。
 - 七十三、投標廠商之標價條件：
 - (1)送達招標機關指定地點(由招標機關敘明地點)；
 - ☑(2)於招標機關指定地點完工(由招標機關敘明地點)；送達至本機關指定地點及招標文件所規定一切費用。
 - (3)其他(由招標機關敘明)：
 - 七十四、投標廠商標價幣別：
 - ☑(1)新臺幣。
 - (2)外幣：_____ (指定之外幣由招標機關敘明外幣種類)。
 - (3)新臺幣或外幣：_____ (指定之外幣由招標機關敘明外幣種類，該外幣並以決標前一辦公日臺灣銀行外匯交易收盤即期賣出匯率折算總價)
 - 七十五、採購標之維護修理(不需維護修理者免填)：
 - ☑(1)由得標廠商負責一定期間，費用計入標價決標(招標機關敘明其期間)；自正式驗收及試用合格日起，由廠商全責保固至少貳年，保固期間內廠商應免費保養維修及全部零件更換服務，如發生故障、零件損壞或效果不彰等情形時，廠商應於本機關通知日起二個工作天內，免費到場修復或更換，若逾此修復期限，廠商應無償提供同等品或替代方案。軟體應提供永久授權且配合硬體免費更新至最新版本。
 - (2)由機關自行負責。

【投標須知】第16頁，共18頁

□(3)另行招標。

- 七十六、廠商有下列情形之一者，不得參加投標、作為決標對象或分包廠商或協助投標廠商：
- (一) 提供規劃、設計服務之廠商，於依該規劃、設計結果辦理之採購。
 - (二) 代擬招標文件之廠商，於依該招標文件辦理之採購。
 - (三) 提供審標服務之廠商，於該服務有關之採購。
 - (四) 因履行機關契約而知悉其他廠商無法知悉或應秘密之資訊之廠商，於使用該等資訊有利於該廠商得標之採購。
 - (五) 提供專案管理服務之廠商，於該服務有關之採購。
- 前項第 1 款及第 2 款之情形，於無利益衝突或無不公平競爭之虞，經機關同意者（本項未勾選者，表示機關不同意），得不適用於後續辦理之採購。上述無利益衝突或無不公平競爭之虞之情形，於第 1 款指前階段規劃或設計服務之成果一併於招標文件公開，且經機關認為參與前階段作業之廠商無競爭優勢者。

- 七十七、全份招標文件包括：(可複選；刊登於政府電子採購網之本案招標公告為招標文件之一部分，不另檢附)
- (1) 招標投標及契約文件。
 - (2) 投標須知。
 - (3) 投標報價清單。
 - ☑(4) 投標廠商聲明書(詳附件一)。
 - (5) 契約條款。
 - (6) 招標規範。
 - (7) 技術服務或工程採購案，「廠商參與公共工程可能涉及之法律責任」及廠商切結書(行政院公共工程委員會 101 年 1 月 13 日工程企字第 10100017900 號函修訂)：

- 切結書 1
- 切結書 2 (工程技術顧問公司執業技師)
- 切結書 3 (營造業專任工程人員)
- 切結書 4 (營造業工地主任)

□(8) 資訊服務採購案，資訊服務費用估算表。

- ☑(9) 其他(由招標機關敘明，無者免填)：
- ☑ 廠商資格、規格審查表(詳附件二)：須檢附相關證件影本。
- ☑ 出席代表授權書(詳附件三)：廠商負責人得親自或授權人員參加採購案有關會議(會議當日須帶身份證明文件)，被授權人員應提交「出席代表授權書」。
- ☑ 投標標封標籤(詳附件四)：含資規格標、價格標、外標封三個標籤，請書明投標廠商名稱、地址等資訊，並就各標封分別裝封後，張貼標籤於標封封面。

- 七十八、投標廠商應依規定填妥(不得使用鉛筆)本招標所附招標投標文件、投標報價清單、連同資格文件、規格文件及招標文件所規定之其他文件，密封後投標。惟屬一次投標分段開標者，各階段之投標文件應分別密封後，再以大封套合併裝封。所有內外封套外部皆須張貼投標標封標籤(詳附件四)並書明投標廠商名稱、地址及採購案號或招標標的等資訊。廠商所提供之投標文件，建議採雙面列印，以節省紙張，愛惜資源。
- 涉及未得標廠商投標文件著作財產權，機關如欲使用該等文件，應經該廠商同意無償授權機關使用，或由機關給予報酬後，於彼此約定範圍內使用。

【投標須知】第 17 頁，共 18 頁

- 七十九、投標文件須於民國 112 年 05 月 30 日下午 05 時前，以郵遞、專人送達方式送達至下列收件地點：110 臺北市信義區吳興街 250 號臺北醫學大學醫學綜合大樓後棟一樓總務處事務組(劉又濼小姐收)。若逾時、未繳押標金或資格不符規定者，其所投之標亦視為無效。投標廠商投標後不得以任何理由要求修改標單內容或發還押標金、繳銷其報價單。

- 八十、本須知未載明之事項，依本機關採購作業辦法、作業程序及參酌政府採購相關法令辦理。

- 八十一、其他須知(請機關自行訂定。例如：採共同投標、統包、替代方案、國內廠商報價優惠、適用或準用最有利標評選作業或優先採購環保產品等方式辦理者，應注意依相關法規，將應於招標文件載明事項納入。)

(一) 本案採購單位及聯絡方式：採購單位：共同儀器中心，採購聯絡人：莊詠甯小姐，信義校區聯絡電話：2736-1661，分機：2705。

(二) 截止投標日或截止收件日，因故停止上班，以其次日辦公日之同一截止投標或收件時間代之。開標日如遇不可抗力之災害，本機關停止上班，無法如期開標時，開標原則上以次日辦公日同時同地點舉行代之。如開標時間、地點有異動則由本機關另行電話或其他方式通知投標廠商。

(三) 本機關優先採購取得環境保護標章使用許可，而其效能相同或相似之產品。產品或其原料之製造、使用過程及廢棄物處理，符合再生材質、可回收、低污染或省能源者，亦同。其他增加社會利益或減少社會成本，而效能相同或相似之產品，準用前項之規定。(請務必於投標時檢附相關證明)

(四) 為配合行政院環境保護署推動各機關綠色採購政策，投標廠商所報產品如已取得行政院環境保護署認可之環境保護產品使用許可或證明文件者，請逐項註明並於投標文件內檢附相關證明文件(並附列印公於行政院環境保護署綠色生活資訊網站之資料佐證)。交貨時立約商須檢附該證明文件以供查核。若在本契約期間提出上項環境保護產品證明文件，亦得據以列入。廠商所報產品如已取得經濟部能源局核發之節能標章證書，亦得比照上述規定辦理。

- 八十二、受理廠商檢舉之採購稽核小組連絡電話、傳真及地址與法務部調查局及機關所在地之調查站處(站、組)檢舉電話及信箱：

(一) 教育部採購稽核小組(地址：100 臺北市中正區中山南路 5 號、電話：02-77365529、傳真：02-23583005)

(二) 臺北市調查處(地址：106 臺北市大安區基隆路二段 176 號；臺北市郵政 60000 號信箱、電話：02-27328888)

(三) 法務部調查局(地址：231 新北市新店區中華路 74 號；新店郵政 60000 號信箱、電話：02-29177777、傳真：02-29188888)

(四) 中央採購稽核小組(地址：110 臺北市信義區松仁路 3 號 9 樓、電話：02-87897548、傳真：02-87897554)

- 八十三、法務部廉政署受理檢舉電話：0800-286-586；檢舉信箱：10099 國史館郵局第 153 號信箱；傳真檢舉專線：02-2381-1234；電子郵件檢舉信箱：gechief-p@mail.moj.gov.tw；24 小時檢舉中心地址：10048 臺北市中正區博愛路 166 號。

【投標須知】第 18 頁，共 18 頁

標價清單

(請列示分項價格▼)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價
奈米微流液相層析高解析質譜儀 ，所含設備及功能規格如下： 一、質譜儀系統套裝，所含組件及功能規格如下： (一)離子源二組： 1.須具加熱式且溫度可達 500°C(含)以上之電噴霧離子源一組。 2.可控溫式奈米微流電噴霧離子源一組。 3.須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能。 (二)質量分析器一組： 1.須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道阱，或飛行時間式質量分析器質譜儀，其相關解析度如下： (1)傅立葉轉換電場軌道阱質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，傅立葉轉換電場軌道阱須達到 400,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定駐點定量分析。 (2)飛行時間式質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，須為 200,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定駐點定量分析。 2.四極桿質量選擇器範圍須可達 1,200 Da。 3.質量分析器質量掃描範圍須為 m/z 6,000(含)以上。 4.須具備離子傳輸元件。 5.須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計。 6.須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度。 7.質量準確度(Mass Accuracy)須達質量外校誤差(external error) < 3 ppm，質量內校誤差(internal error) < 1 ppm。 8.掃描速度須達 40Hz(含)以上。 9.碰撞室：須具備碰撞誘導解離(CID)，或是高能量碰撞誘導解離(HCD)之碎裂方法。 10.靈敏度需達以 MS/MS 模式下以管柱進樣 100 fg reserpine 標準溶液，可測得訊號雜訊比(signal to noise ratio, S/N)達 100:1。 二、奈米微流液相層析系統套裝，所含組件及功能規格如下： (一)奈米微流液相層析系統套裝，所含組件及功能規格如下： 1.流速範圍可設定 1 nL/min~ 100 μ L/min 區間。 2.系統壓力最高可達 1000 bar(含)以上。 (二)自動進樣裝置一組： 1.進樣體積區間為 0.1~ 25 μ L。 2.具備 4~ 40 °C 溫度控制功能。 3.須具備直接進樣(Direct injection)或 Trap-and-elute injection 功能或相同功能設計。 4.須可放置 96 個(含)以上的 1.5 mL vial 瓶。 5.管柱溫度控制最高可達 60°C。 三、儀器控制及數據分析用電腦組含分析軟體套裝，所含組件及功能規格如下： (一)儀器控制用桌上型電腦套裝，功能規格如下： 1.作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。			

【投標報價清單】第 1 頁，共 3 頁

標價清單

(請列示分項價格▼)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價
2.中央處理器：Intel Core i7(含)以上。 3.記憶體：32 GB DDR5(含)以上。 4.系統硬碟：1TB SSD(含)以上。 5.資料儲存硬碟：4TB HDD(含)以上。 6.液晶螢幕：27吋(含)以上。 (二)數據分析用桌上型電腦套裝，功能規格如下： 1.作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2.中央處理器：Intel Core i9(含)以上。 3.記憶體：128 GB DDR4(含)以上。 4.系統硬碟：2TB SSD(含)以上。 5.資料儲存硬碟：16TB HDD(含)以上。 6.液晶螢幕：27吋(含)以上。 (三)蛋白質數據分析軟體套裝，功能規格如下： 1.分析軟體須可直接分析本層析儀、質譜儀之原始數據或 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據，以確保實驗數據分析之完整相容性。 2.須可支援數據依賴掃描模式(DDA)與非依賴(DIA)掃描模式之數據分析。 3.須具有內建流程圖的數據分析工作流程，並可客製化，以符合實驗設計的工作流程。 4.須具備內建智能搜索功能，於此軟體同一介面內即可呈現完整結果。 5.軟體須安裝於品項三(二)數據分析用桌上型電腦中，且須確保軟體能正常分析運作並達到上述功能，須提供軟體永久合法開通授權序號證明書以供本校驗收，保固期內須免費提供軟體版本更新(含與硬體相容之修正與更新)			
四、不斷電系統套裝，功能規格如下： (一)須與儀器運作電壓相同，且容量須為 12kVA(含)以上。 (二)須為在線式不斷電系統。 (三)不斷電系統體積高度需可置放實驗室桌上(詳採購品項五)。			
五、實驗桌套裝，功能規格如下： (一)須配合層析儀、質譜儀、儀器控制及分析用電腦等放置，桌體至少須長 180 公分、深 100 公分及高 80 公分(含)以上。 (二)須具備耐震度，可承受質譜儀系統、奈米微流液相層析系統及儀器控制電腦等設備之重量。			

採購單位：共同儀器中心 採購聯絡人：莊詠甯小姐 信義校區聯絡電話：(02)2736-1661#2705

【投標報價清單】第 2 頁，共 3 頁

標價清單 (請列示分項價格▽)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價
※交貨驗收及保固維護事項：			
一、廠商所供之規格，至少與上述相同或更高規格等級，得以符合本案之需求。			
二、為確保品質，廠商應於所供應或完成之標的應以新品交貨，不得以展示品或整修品或拼裝機交貨，請檢附儀器原廠測試報告。			
三、交貨裝機時須提供驗收文件： (一)送交驗收單(須符合標單及契約相關內容)。 (二)儀器原廠安裝測試報告，測試內容須依標單規格項目為主。 (三)中文或英文相關使用操作說明書			
(四)須可同時應用於蛋白質體非標定狀態定量方式，例如數據依賴掃描模式(DDA)與數據非依賴掃描(DIA)模式之定量分析，以及標定狀態定量方式，含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上，且於定量離子訊號須完整解析，以確定可支援臨床多量樣品定量監測，須提供軟體分析報告。			
(五)須可進行單細胞分析實驗，於 250pg 膜蛋白或 Hela 樣品進樣，須於 20 分鐘有效檢度分析時間內單次數據結果，透過分析軟體鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質，須提供軟體分析報告。			
(六)須可於離子流體例如 Ig 樣品於小於 1 μg 進樣條件下，經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下，透過分析軟體，鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果，須提供軟體分析報告。			
四、教育訓練計畫 Training schedule：配合採購單位需要進行教育訓練課程，訓練內容包括儀器操作及軟體應用、日常檢查、保養方法、校正操作、故障判斷及排除等。保固期內另配合採購單位進行全校性與內部教育訓練課程(中文或英文)，訓練內容應包括但不限於：儀器原理、大分子軟體教學、樣品前處理、儀器操作、數據分析、基本儀器維護及錯誤排除。			
五、原廠應提供可校驗之原廠標準品，以測試儀器功能。			
六、安裝作業程序需遵守職業安全衛生管理或其他相關法規規範。			
七、全責保固至少二年，保固期內須含每年二次保養及免費軟體版本更新(含與硬體相容之修正與更新)，如遇儀器無法正常運作(包含與其連線之電腦軟體應維護)需廠商維修時，最遲於三個月工作內，須派遣工程師至本校採購單位指定地點進行修護。			

投標金額合計 (請以國字大寫填入) 新臺幣 仟 佰 拾 萬 仟 佰 拾 元 整(含稅)

型號	原產地	Maker
----	-----	-------

交貨期：廠商應於決標次日起 90 個日曆天(含例假日)內，將採購標的運送採購單位指定地點，安裝測試完畢，且測試結果符合投標須知及標單、契約等規定。

備註：※保固期：全責保固至少兩年(或依原廠保固期較長者為主)。
※請務必依採購品項分別列出分項價格及廠牌。

廠商名稱： 請蓋公司授權印鑑章：
統一編號：
廠商地址：
廠商聯絡人： 電話：
聯絡人 Mail： 手機：
投標日： 年 月 日

投標廠商聲明書

本廠商參加(臺北醫學大學)招標採購奈米微流液相層析高解析質譜儀之投標，茲聲明如下：

項次	聲明事項	是(打V)	否(打V)
一	本廠商之營業項目不符合公司法或商業登記法規定，無法於得標後作為簽約廠商，合法履行契約。		
二	本廠商有違反政府採購法(以下簡稱採購法)施行細則第 33 條之情形。		
三	本廠商是採購法第 38 條規定之政黨或與政黨關係企業關係之廠商。		
四	本廠商之負責人或合夥人是採購法第 39 條第 2 項所稱同時為規劃、設計、施工或供應廠商之負責人或合夥人。		
五	本廠商是採購法第 39 條第 3 項所稱與規劃、設計、施工或供應廠商同時為關係企業或同一其他廠商之關係企業。		
六	本廠商已有或將有採購法第 59 條第 1 項所稱支付他人佣金、比例金、仲介費、後謝金或其他不正利益為條件，促成採購契約之成立之情形。		
七	本廠商、共同投標廠商或分包廠商是採購法第 103 條第 1 項、採購法施行細則第 38 條第 1 項、人口販運防治法第 41 條所規定之不得參加投標或作為決標對象或分包廠商之廠商。【投標廠商應於投標當日遞送投標文件前至工程會網站 web.pcc.gov.tw 查詢自己(包括總公司及各分公司)、共同投標廠商、分包廠商是否為採購法第 103 條第 1 項之拒絕往來廠商】		
八	本廠商就本採購案，係屬公職人員利益衝突迴避法第 2 條及第 3 條所稱公職人員或其關係人。		
九	本廠商是依法辦理公司或商業登記且符合中小企業發展條例關於中小企業認定標準之中小企業。(依該認定標準第 2 條，所稱中小企業，指依法辦理公司登記或商業登記，實收資本額在新臺幣 1 億元以下，或經常僱用員工數未滿 200 人之事業。)(答「否」者，請於下列空格填寫得標後預計分包予中小企業之項目及金額，可自備附件填寫) 項目 金額 項目 金額 合計金額		
十	本廠商目前在中華民國境內員工總人數逾 100 人。(依採購法第 98 條及其施行細則第 107 條、108 條規定，得標廠商其於國內員工總人數逾 100 人者，應於履約期間僱身心障礙者及原住民各不低於總人數百分之十，僱用不足者，除應繳納代金，並不得僱用外籍勞工取代僱用不足額部分。)(答「是」者，請填目前總人數計 人；其中屬於身心障礙人士計 人，原住民計 人。)		
十一	本廠商屬大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商或經濟部投資審議委員會公告之陸資資訊服務業者，不得從事經濟部投資審議委員會公告之「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」。【上開業務範疇及陸資資訊服務業清單公開於經濟部投資審議委員會網站 http://www.moeaic.gov.tw/】(請查閱投標文件規定本採購是否屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購)		

十一 本廠商屬大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商或在臺灣設廠廠商，不得從事影響國家安全之採購。【請查閱投標文件規定本採購是否屬影響國家安全之採購】

十二 本廠商是原住民個人或政府立案之原住民團體。
(答「否」者，請於下列空格填寫得標後預計分包予原住民個人或政府立案之原住民團體之項目及金額，可自備附件填寫。如無，得填寫「0」)
項目 金額
項目 金額
合計金額

附註：
1. 第一項至第七項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；聲明書內容有誤者，不得作為決標對象。
2. 本採購如非屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，第八項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；聲明書內容有誤者，不得作為決標對象【違反公職人員利益衝突迴避法第 14 條第 1 項規定者，依同法第 18 條第 1 項處罰】。如屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，答「是」、「否」或未答者，均可。
3. 第九項、第十項、第十三項未填者，機關得洽廠商澄清。
4. 本採購如屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購，第十一項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；如非屬上開採購，答「是」、「否」或未答者，均可。
5. 本採購如屬影響國家安全之採購，第十二項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；如非屬上開採購，答「是」、「否」或未答者，均可。
6. 本聲明書填妥後須附於投標文件遞送。
7. 本採購如屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，且本廠商就本採購案，係屬公職人員利益衝突迴避法第 2 條及第 3 條所稱公職人員或其關係人者，請填「公職人員利益衝突迴避法第 14 條第 2 項公職人員及其關係人身分關係揭露表」，如未揭露者依公職人員利益衝突迴避法第 18 條第 3 項處罰。

投標廠商名稱：
投標廠商章及負責人章：
日期：

廠商資格、規格審查表

(※請務必依表列順序排放證件影本，並請將本表置於證件封面)

※以下聯繫資訊，請務必完整清楚填寫，若因填寫資訊不明、缺漏、有誤或其他填寫不周之事，以致延誤或無法聯絡，概由廠商自行負責。

採購名稱 奈米微流液相層析高解析質譜儀 採購案號 1120210527

廠商名稱 廠商統編 廠商授權印鑑章

負責人 聯絡人 聯絡電話(手機) 廠商地址

※廠商所遞交資格文件影本，本投標機關和廠商限期提出正本供查閱，查閱結果如與正本不符，係偽造或變造者，依採購法第 50 條規定辦理。

投標廠商資格、規格審查項目	招標機關資格、規格審查
<input checked="" type="checkbox"/> 1. 押標金(1,150,000 元)繳納憑據影本 <input type="checkbox"/> 依投標須知規定，免繳納	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 2. 廠商登記或設立證明	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 3. 廠商最近一期納稅證明	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 4. 廠商信用證明	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 5. 非拒絕往來廠商查詢並列印 (請至工程會網站 web.pcc.gov.tw 查詢列印)	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 6. 投標廠商聲明書	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 7. 出席代表授權書 <input type="checkbox"/> 負責人親自出席請勿遞後免檢附	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 8. 廠商製造、供應或承做能力證明	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 9. 廠商維修、維護或售後服務能力證明	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
規格 <input checked="" type="checkbox"/> 10. 型錄或規格說明書	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格

採購單位簽章(項目 1-7 項)：
 合格
 不合格
且開標前已呈報採購查詢非拒絕往來廠商聲明書
 合格，說明：

採購單位簽章(項目 8-10 項)：
 合格
 不合格，說明：

採購單位簽章：

投標廠商資格審查結果 合格 不合格

投標廠商不符事項確認
本廠商所投標及釋疑補充之文件等，經貴機關審核後，不符招標文件規範經本廠商確認無誤後，謹此簽署認同。

投標廠商簽章

出席代表授權書

茲授權本公司(商號或法人)所屬員工：_____先生 / 小姐代表本公司(商號或法人)參與貴校採購案「奈米微流液相層析高解析質譜儀」之開標/評選/議價/簽約等有關會議，且該員會議中所做之任何承諾或簽認事項直接對本公司(商號或法人)發生效力，本公司(商號或法人)均予以承受，並經本公司(商號或法人)確認被授權人之下列簽樣真實無誤。

被授權人之簽樣： 或

請惠予核備。

此 致

臺北醫學大學

授權人公司(商號)：
負責人姓名：
公司(商號)統一編號：
負責人身分證統一編號：

被 授 權 人：
身分證統一編號：
通訊地址：
聯絡電話：

中 華 民 國 _____ 年 _____ 月 _____ 日

*註：「被授權人簽樣」得為下列形式之 1. 依民法第 103 條規定，代理人於代理權限內所為之意思表示，直接對授權人發生效力；2. 公司大小章；3. 被授權人簽章。

投標標封標籤

(▼請書寫標封標籤完整資訊，並分別裁剪以下各標封標籤後張貼於各標封封面)

資、規格封

標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀 標號：TMU112-277(第二次公告)	
注意事項	1. 文件檢附方式：本資、規格標封內，請依序裝入表列文件(請以A4尺寸提供，並蓋上公司授權印章)並以迴紋針固定於左上角，俾利開標審核作業。
	2. 押標金繳納：配合出納作業，廠商第一次投標須備辦辦理，請至機關出納組(醫學綜合大樓後棟1F)繳納後，將(暫)收據攜至事務組承辦同仁處影印後檢附，收據正本請逕行保管留存，敬請配合。如第二次投標，得延用第一次投標所繳之押標金，免再繳納。
應附文件	<input type="checkbox"/> 押標金收據影本。
	<input type="checkbox"/> 廠商資格規格審查表(依表列順序排放證件影本並蓋章，請將本表置於證件封面)。
	<input type="checkbox"/> 非拒絕往來廠商查詢並列印。
	<input type="checkbox"/> 投標廠商聲明書。
	<input type="checkbox"/> 出席代表授權書(投標文件須以公司授權之印章用印)；如公司負責人出席者，得免附。
	<input type="checkbox"/> 廠商製造、供應或承做能力證明。
<input type="checkbox"/> 廠商維修、維護或售後服務能力之證明。	
<input type="checkbox"/> 型錄或規格說明書。	
投標廠商	統一編號
廠商地址	廠商聯絡人
廠商電話	聯絡人電話
聯絡郵件信箱	聯絡人手機

價格封

標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀 標號：TMU112-277(第二次公告)	
注意事項	文件檢附方式：本價格封內僅裝入標價清單，其餘投標文件一律裝入資、規格封。
投標廠商	統一編號
廠商地址	廠商聯絡人
廠商電話	聯絡人電話
聯絡郵件信箱	聯絡人手機

投標標封標籤(▼請書寫完整資訊，裁剪以下標封標籤並張貼於標封封面)

外 標 封

標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀 標號：TMU112-277 (第二次公告)
截止投標時間：113年05月30日下午05時整 開標時間：113年05月30日下午05時00分整

11031 臺北市信義區吳興街 250 號
臺北醫學大學總務處事務組收

事務組採購承辦人 劉又添小姐

投標廠商	統一編號
廠商地址	廠商電話
廠商聯絡人	聯絡人電話
	聯絡郵件信箱

一、投標文件遞送請注意時效，寄達本校事務組採購承辦人處如逾時視為無效標。

二、文件檢附方式：
1. 本外標封內請裝入：(一)資、規格封。(二)價格封。各標封封面須密封並加蓋公司授權大、小章。
2. 投標文件應以適當容器裝置，外標封標籤請書寫完整基本資料後貼於標封封面，標封須封處請密封並加蓋公司授權大、小章，敬請配合。

投標文件遞送紀錄

寄送方式	※請擇一勾選：	廠商送件人簽章	機關收件人簽章
	<input type="checkbox"/> 郵寄或快遞 (免簽章免填並時間)		
	<input type="checkbox"/> 專人送達 (須簽章及登記送達時間)		
	送達日期時間：年 月 日 時 分	收件日期時間：年 月 日 時 分	

▼本申請書得於申請退還時另行檢附，不須裝入標封內

廠商投標文件領回申請書

一、本廠商參加【奈米微流液相層析高解析質譜儀】案(第二次公告，標號：TMU112-277)之投標，茲因下列原因，請貴校退還本廠商所提之投標文件：

- (一)若本案流標者：
 - 參加投標廠商或合格廠商未達法定家數而流標。(可領回投標文件)
- (二)若本案廢標者：
 - 本標案開標後因故廢標。(投標文件原則不發還，可領回正本文件，另於影本上加蓋廠商及負責人印章後，由本校留存)
- (三)其他：
 - 本廠商之投標文件，經貴校審查，不符合本案投標須知之形式審查規定。(可領回所有投標文件)
 - 本廠商之投標文件，經審查不符合本案投標須知之 資格 規格文件審查規定。(可領回未開封之文件)
 - 參與評審/評選作業，但未獲評為符合需要/優勝廠商。(除評審人員未返還及本校保留3份外，其餘可領回)
 - 本標案因有政府採購法第 48 條第 1 項各款情形之一而不予開標。(可領回全部投標文件)
 - 其他：

二、申請領回投標文件，得由負責人或委任代理人填妥本申請書(加蓋廠商及負責人印章，或與委任授權書相符之授權代理印章)，憑身分證證明文件提出申請，並由本校核對後辦理退還。

三、領回清單如下：

文件名稱(請勾選填寫)	份數	文件名稱(請勾選填寫)	份數
<input type="checkbox"/> 全部投標文件	份	<input type="checkbox"/> 服務建議書或企畫書	份
<input type="checkbox"/> 未開封之價格封	份	<input type="checkbox"/> 其他：	份
<input type="checkbox"/> 未開封之規格封	份		

四、領取人姓名：

- (一)姓名：
- (二)身分證字號：
- (三)聯絡電話：
- (四)領取日期：年 月 日

五、投標廠商及負責人印章(請蓋與投標文件相同之印章)：



與投標文件共同負責人章

六、領取人簽名：

附件六

※本同意書無需裝入標封內，請於得標後確認轉入時再行檢附，無轉作者免附

押標金轉作履約保證金同意書

- 一、本廠商投標臺北醫學大學招標【奈米微流液相層析高解析質譜儀】案
(第二次公告·標號：TMU112-277)，經貴校宣布得標，謹此立書同意貴校逕
將本廠商所繳押標金總計新臺幣 拾 萬 仟 佰元整。
(_____ 銀行庫 _____ 分行(部、庫)之票據號碼 _____ 號票
據乙紙。)轉作履約保證金之一部分。
- 二、如本廠商應繳納履約保證金金額超過所繳押標金時，不足部分依本案招標文
件及契約相關規定於繳納期限前攜帶押標金收據至貴校一併辦理補足。

此 致

臺北醫學大學

廠商名稱：

統一編號：

負責人：

負責人身分證字號：

電 話：

(公司印簽章)

(負責人簽)

中 華 民 國 _____ 年 _____ 月 _____ 日

附件 二

廠商資格、規格審查表

(※請務必依表列順序排放證件影本，並請將本表置於證件封面)

※以下聯繫資訊，請務必完整清楚填寫，若因填寫資訊不明、缺漏、有誤或其他填寫不周之事，以致延誤或無法聯絡，概由廠商逕行負責。

採購名稱 奈米微流液相層析高解析質譜儀

採購案號 1120210527

廠商名稱 台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

廠商統編 28685123

負責人 楊淑雯

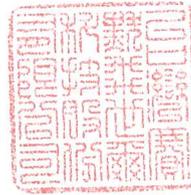
廠商授權印鑑章

聯絡人 李淑蓉

聯絡郵件信箱 eva.li@thermofisher.com

聯絡電話 (市話) (02)8751-6655
(手機) 0966-716731

廠商地址 □□□ :11493 台北市內湖區洲子街85號6樓之1



※廠商所提資格文件影本，本校得通知廠商限期提出正本供查驗，查驗結果如與正本不符，係偽造或變造者，依採購法第 50 條規定辦理。

投標廠商資、規格審查項目	招標機關資格、規格審查
<input checked="" type="checkbox"/> 1. 押標金(1,150,000 元)繳納憑據影本 <input type="checkbox"/> 依投標須知規定，免檢附	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 2. 廠商登記或設立證明	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 3. 廠商最近一期納稅證明	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 4. 廠商信用證明	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 5. 非拒絕往來廠商查詢並列印 (請至工程會網站 web.pcc.gov.tw 查詢列印)	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 6. 投標廠商聲明書	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 7. 出席代表授權書 <input type="checkbox"/> 負責人親自出席請勾選後得免檢附	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 8. 廠商製造、供應或承做能力證明	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 9. 廠商維修、維護或售後服務能力證明	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 10. 型錄或規格說明書	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格

採購單位審查(項目 1-7 項):
 合格。
 且開標前已至政採網查詢非拒絕往來廠商詳附件
 不合格，說明：

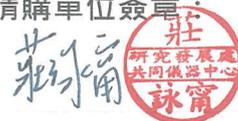
採購單位簽章：



李彥蓉

請購單位審查(項目 8-10 項):
 合格。
 不合格，說明：

請購單位簽章：



投標廠商審查結果

合格
 不合格

投標廠商不符事項確認

本廠商所投標及釋疑補充之文件等，經貴機關審核後，不符招標文件規範經本廠商確認無誤後，謹此簽章認同。

投標廠商簽章

拒絕往來廠商查詢

以廠商資料查詢拒絕往來廠商名單，查詢結果如下：

查詢特定條件為

廠商代碼：28685123

(台灣賽默飛世爾科技股份有限公司)

廠商現況：01-核准設立

廠商名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

資料取得時間：113/05/30 16:10

項次	廠商代碼	廠商名稱	負責人姓名	工廠隸屬之事業主體統一編號及名稱	備註	機關名稱	生效日	截止日
無符合條件資料								



臺北醫學大學暫收款收據

007696

民國113年 5月22日

繳款公司	永豐銀行股份有限公司 電話: 02-87516655	
款項名稱	1 押標金	採購案稱 奈米流液相層析 高解析質譜儀
	2 圖說	
	3	
收款票據 明細	支票號碼	SD649494
	支票日期	113年 05月 15日
付款銀行	華南商業銀行庫 民生 分行(部.庫)	
收款金額	新臺幣(大寫): 一仟壹佰拾伍萬一仟佰拾元整	
備註	請妥善保管此收據，得標後憑此暫收據換正式收據。	

第一聯：出納組聯(白)
第二聯：暫收據(紅)

經收人：

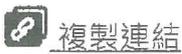
112.05.01

出納組
張齡方



列印日期:113-01-17

經濟部商工登記公示資料查詢服務



公司基本資料

統一編號	28685123
公司狀況	核准設立
股權狀況	僑外資
公司名稱	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司 101年11月02日 發文號10189205310變更名稱 (前名稱:台灣戴安股份有限公司)
章程所訂外文公司名稱	
資本總額(元)	5,000,000
實收資本額(元)	5,000,000
每股金額(元)	10
已發行股份總數(股)	500,000
代表人姓名	楊淑雯 Yeo Sho-Wen
公司所在地	臺北市內湖區洲子街85號6樓之1
登記機關	臺北市政府
核准設立日期	096年06月13日
最後核准變更日期	112年01月05日
複數表決權特別股	無
對於特定事項具否決權特別股	無
特別股股東被選為董事、監察人之禁止或限制或當選一定名額之權利	無
所營事業資料	ZZ99999 除許可業務外，得經營法令非禁止或限制之業務 F113030 精密儀器批發業 F113050 電腦及事務性機器設備批發業 F213030 電腦及事務性機器設備零售業 F213040 精密儀器零售業 F213050 度量衡器零售業 F299990 其他零售業 F401010 國際貿易業 C801030 精密化學材料製造業 C802100 化粧品製造業 CE01010 一般儀器製造業 F107200 化學原料批發業 F108031 醫療器材批發業 F108040 化粧品批發業 F113100 污染防治設備批發業 F118010 資訊軟體批發業 F119010 電子材料批發業 F207030 清潔用品零售業



207200 化學原料零售業
F207990 其他化學製品零售業
F208031 醫療器材零售業
F208040 化粧品零售業
F218010 資訊軟體零售業
F401181 度量衡器輸入業
IG01010 生物技術服務業
CE01030 光學儀器製造業
E604010 機械安裝業
EZ05010 儀器、儀表安裝工程業
J101990 其他環境衛生及污染防治服務業
F401021 電信管制射頻器材輸入業
F107060 毒性化學物質批發業
F207060 毒性化學物質零售業



營業人銷售額與稅額申報書(401)

(一般稅額計算 - 專營應稅營業人使用)

第二聯：收執聯

統一編號	28685123
營業人名稱	台灣普默飛世爾科技股份有限公司
稅籍編號	721020339

所屬年月份：113年03 - 04月

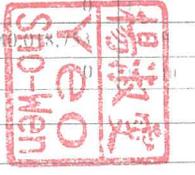
金額單位：新臺幣元

註記欄	核准按月申報	
	核准合併攤報單位	各單位分別申報

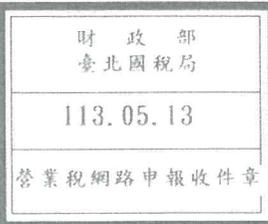
負責人姓名	楊淑雯	營業地址	臺北市內湖區洲子街85號6樓之1	使用發票份數	679份
-------	-----	------	------------------	--------	------

項 目	稅 額		營業額	代號	項 目	稅 額
	結 算 額	稅 額				
三聯式發票、電子計算機發票	0	0	(非跨海關出口應附證明文件者)	1.	本期(月)銷項稅額合計	7,406,588
收銀機發票(三聯式)及電子發票	148,130,803	7,406,588	0	7.	得扣抵進項稅額合計	7,000,793
二聯式發票、收銀機發票(二聯式)	0	0	(跨海關出口免附證明文件者)	8.	上期(月)累積留抵稅額	0
免 用 發 票	0	0	0	10.	小計(7+8)	7,000,793
成、電、回、及、折、讓	0	0	0	11.	本期(月)應實繳稅額(1-10)	405,795
合 計	148,130,803	7,406,588	0	12.	本期(月)申報留抵稅額(10-1)	0
銷 售 額 總 計	148,130,803	內含銷貨 固定資產	0 元	13.	得退稅限額合計	0
				14.	本期(月)應退稅額(如註12則為註13)	0
				15.	本期(月)累積留抵稅額(12-14)	0

項 目	得 扣 抵 進 項 稅 額		稅 額	備 註
	全 額	稅 額		
稅 票 扣 抵 額 (包括一般稅額計算之 電子計算機發票和紙聯)	進貨及費用	7,696,479	384,828	係稅區營業人按進口報關程序銷售貨物至我國境內課稅區 之重開進稅一發票銷售額
	固定資產	0	0	
三聯式收銀機發票和紙聯 及一般稅額計算之電子發票	進貨及費用	8,026,658	401,343	82
	固定資產	0	0	
設有稅額之其他憑證 (包括二聯式收銀機發票)	進貨及費用	0	0	
	固定資產	0	0	
海關代收營業稅額扣抵和折讓	進貨及費用	12,238,753	6,214,622	
	固定資產	0	0	
成、電、出、折、讓及海關退稅 證、帳、和、款	進貨及費用	0	0	
	固定資產	0	0	
合 計	進貨及費用	17,961,890	7,000,793	
	固定資產	0	0	
進項總金額(包括不得扣抵 專貨及普通收據)	進貨及費用	17,961,890	140,018,753 元	
	固定資產	0	0 元	
進口免稅貨物			0 元	
購買國外勞務			0 元	



收件編號： A286851231130488548
 申報日期： 113年05月13日
 申報次數： 001 次
 進項筆數： 1,072 筆
 法院拍賣進項資料筆數： 0 筆
 零稅率銷售額筆數： 0 筆
 營業人申報固定資產
 退稅清單筆數： 0 筆
 營業人購買貨物
 大小汽車及機車進： 0 筆
 項憑證明細筆數
 已納稅額： 0 元
 最後異動日期： 113年05月13日 21:42:15
 製表日期： 113年05月13日



申報情形	姓 名	身分證統一編號	電 話	登錄文(字)號
自行申報	楊淑雯	F22612***	02-87516655	
委任申報				

一、本申報書適用專營應稅及零稅率之營業人填報。
 二、如營業人申報當期(月)之銷售額包括有免稅、特種稅額計算銷售額者，請改用「403」申報書申報。
 三、營業人如有依財政部108年11月15日台財稅字第10804629000號令規定進行一次併報轉售併調整申報營業稅，除跨境受控交易為進口貨物外，請另填報「營業稅一次併報轉售併調整申報營業稅」並附相關證明文件，併同會計年度最後一期營業稅申報。

財政部臺北國稅局

第 1 頁 共 1 頁 1130513214215

營業稅繳款書

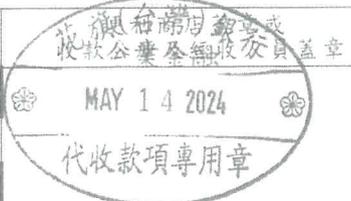
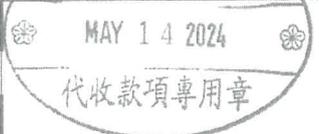
所屬年月份：113 年 03 月 04 日
(401一般稅額計算-專營應稅營業人使用)

收據聯：本聯經收款蓋章後，交納稅義務人收執存稅憑證

國稅

營業人名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
營業地址：臺北市內湖區洲子街85號6樓之1
負責人姓名：楊淑雯

營利事業統一編號：28685123
稅籍編號：A721020339
繳納期限：113年05月15日

項目	本稅	應納稅額合計	
	405,795	花旗營業部 符美雯 405,795	
公庫計算	本稅逾期 天 加徵滯納金 %	本稅逾滯納期 天 加計利息	
		總計(元)	

說明：

- 繳款前請核對各項填報資料，資料如有不符，請修正資料後再重新列印繳款書，不得直接於繳款書上修改，以避免納稅資料條碼讀取內容不符，致生爭議。
 - 按月申報之營業人，應於次月15日前繳納本月份應納稅額。按期申報之營業人，應於次期開始15日內繳納本期應納稅額。
 - 納稅義務人逾期繳納日期(如遇例假日則順延)繳納者，每逾3日按應納本稅加徵1%滯納金至30日止，逾30日仍未繳納，且未請復查者，依法移送強制執行，應納本稅於滯納期滿(30日)之次日起依各年度1月1日郵政儲金1年期定期儲金固定利率，按日加計利息，一併徵收。對加徵滯納金如有不服，應於滯納期滿(30日)之翌日起30日內，申請復查。對本稅逾滯納期加計利息加不服，應於滯納期滿(30日)次日(處分生效日)之翌日起30日內，申請復查。
 - 繳款書之代號應與填報之申報書代號相同。
 - 繳納方式：
 - 臨櫃繳納：請至代收稅款金融機構繳納(郵局不代收)，稅額3萬元以下案件，可至統一、全家、萊爾富、東來(OK)等便利商店繳納。
 - 晶片金融卡網路轉帳繳納：請至網路繳稅服務網站(網址：<https://paytax.nat.gov.tw>)進行繳納。
- *至便利商店或以晶片金融卡繳納者，繳納截止日開放至繳納期限屆滿後3日24時前，繳納期限屆滿後3日內繳納者，仍屬逾期繳納案件。

財政部臺北國稅局

1130513214215

營業稅繳款書

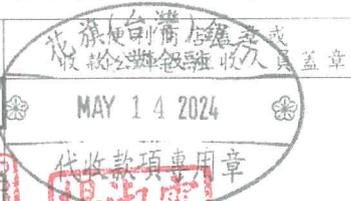
所屬年月份：113 年 03 月 04 日
(401一般稅額計算-專營應稅營業人使用)

證明聯：本聯經收款蓋章後，交納稅義務人持向稽徵機關申報。

國稅

營業人名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
營業地址：臺北市內湖區洲子街85號6樓之1
負責人姓名：楊淑雯

營利事業統一編號：28685123
稅籍編號：A721020339
繳納期限：113年05月15日

項目	本稅	應納稅額合計	
	405,795	花旗營業部 符美雯 405,795	
公庫計算	本稅逾期 天 加徵滯納金 %	本稅逾滯納期 天 加計利息	
		總計(元)	



列印 票信查詢主畫面

台灣票據交換所

查詢者：RC96805 陳津津

單位：CR10 企業資金服務處

查詢日期：113/04/24 10:05:57

第二類票據信用資料查覆單

茲將下列戶號 (帳號) 票據信用資料查覆如下，請 查照

查詢日：113年04月24日

查覆資料截止日：113年04月18日

戶名：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

戶號：0028685123

開戶行代號：000000000

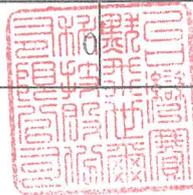
負責人戶號：AC30036637

帳號：000000000

查 覆 結 果

一、退票與清償註記總數資訊(未清償註記提供最近三年內之退票未辦理清償註記者；已清償註記提供最近六個月內已辦理退票清償註記者)

退票理由	已清償註記		未清償註記	
	張數	金額	張數	金額
1. 存款不足	0	0	0	0
2. 發票人簽章不符	0	0	0	0
3. 擅自指定金融業者為本票之擔當付款人	0	0	0	0
4. 本票提示期限經過前撤銷付款委託	0	0	0	0



二、拒絕往來資訊
無拒絕往來紀錄。

三、經通報終止為其本票擔當付款人資訊
未經通報終止為其本票擔當付款人。

四、開戶總數資訊
已在台灣地區全體金融業者開立支票存款戶共 000 戶。

五、其他重大資訊
無。

六、關係戶資訊

無。

七、退票與清償註記明細資訊 (未清償註記提供最近三年內之退票未辦理清償註記者；已清償註記提供最近六個月內已辦理退票清償註記者)

無。

說明：

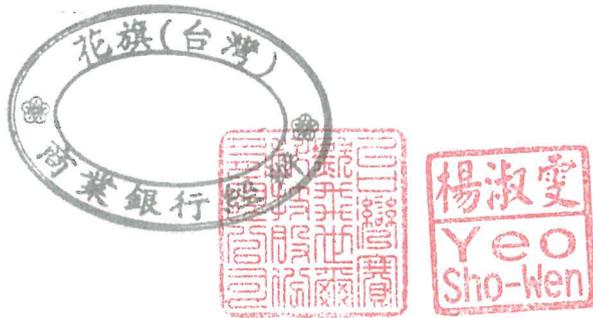
- (1) 查覆單列印之戶號後有 (*) 註記者，係指該戶號經電腦驗算為不合邏輯之資料。
- (2) 查覆單列印之負責人戶號欄位空白者，係指該查詢申請單所填載之負責人，並非本所檔案中所建立該被查詢公司之負責人，如需所填載負責人票信資料者，請以負責人個人名義申請辦理。但查詢者提供被查詢公司之負責人相關資料，並經查證正確更改本所檔案資料後，該欄位即列印查詢申請單所填載之負責人身分證統一編號。
- (3) 因建檔及註記作業時差，本查覆單「查覆結果」欄之資料，其中第一、六、七參項資訊，除有關清償註記資訊提供至查詢日之前一營業日外，其餘提供至資料截止日，另肆項資訊提供至查詢日。
- (4) 不具法人人格之行號、團體，應以其負責人個人名義申請票據信用資料查詢。
- (5) 本查覆單「查覆結果」欄之資料，第六項關係戶資訊如有戶名及戶號時，其詳細票信資料請另向本所查詢。
- (6) 本查覆單不得為竄改、複製、發布或其他不當使用。
- (7) 本查覆單以由票據交換所或受理查詢金融機構出具，始可作為證明之文件。

資料來源：台灣票據交換所

單位章

列印

票信查詢主畫面



拒絕往來廠商查詢

以廠商資料查詢拒絕往來廠商名單，查詢結果如下：

查詢特定條件為							
廠商代碼：28685123							
(台灣賽默飛世爾科技股份有限公司)							
廠商現況：01-核准設立							
廠商名稱：台灣賽默							
資料取得時間：113/05/16 16:44							

項次	廠商代碼	廠商名稱	負責人姓名	工廠隸屬之事業主體統一編號及名稱	備註	機關名稱	生效日	截止日
無符合條件資料								





附件一

投標廠商聲明書

本廠商參加(臺北醫學大學)招標採購奈米微流液相層析高解析質譜儀之投標，茲聲明如下：

項次	聲明事項	是(打V)	否(打V)
一	本廠商之營業項目不符合公司法或商業登記法規定，無法於得標後作為簽約廠商，合法履行契約。		✓
二	本廠商有違反政府採購法(以下簡稱採購法)施行細則第33條之情形。		✓
三	本廠商是採購法第38條規定之政黨或與政黨具關係企業關係之廠商。		✓
四	本廠商之負責人或合夥人是採購法第39條第2項所稱同時為規劃、設計、施工或供應廠商之負責人或合夥人。		✓
五	本廠商是採購法第39條第3項所稱與規劃、設計、施工或供應廠商同時為關係企業或同一其他廠商之關係企業。		✓
六	本廠商已有或將有採購法第59條第1項所稱支付他人佣金、比例金、仲介費、後謝金或其他不正利益為條件，促成採購契約之成立之情形。		✓
七	本廠商、共同投標廠商或分包廠商是採購法第103條第1項、採購法施行細則第38條第1項、人口販運防制法第41條所規定之不得參加投標或作為決標對象或分包廠商之廠商。【投標廠商應於投標當日遞送投標文件前至工程會網站 web.pcc.gov.tw 查詢自己(包括總公司及各分公司)、共同投標廠商、分包廠商是否為採購法第103條第1項之拒絕往來廠商】		✓
八	本廠商就本採購案，係屬公職人員利益衝突迴避法第2條及第3條所稱公職人員或其關係人。		✓
九	本廠商是依法辦理公司或商業登記且合於中小企業發展條例關於中小企業認定標準之中小企業。(依該認定標準第2條，所稱中小企業，指依法辦理公司登記或商業登記，實收資本額在新臺幣1億元以下，或經常僱用員工數未滿200人之事業。) (答「否」者，請於下列空格填寫得標後預計分包予中小企業之項目及金額，可自備附件填寫) 項目 _____ 金額 _____ 項目 _____ 金額 _____ 合計金額 _____	✓	
十	本廠商目前在中華民國境內員工總人數逾100人。(依採購法第98條及其施行細則第107條、108條規定，得標廠商其於國內員工總人數逾100人者，應於履約期間僱用身心障礙者及原住民各不低於總人數百分之一，僱用不足者，除應繳納代金，並不得僱用外籍勞工取代僱用不足額部分。) (答「是」者，請填目前總人數計 _____ 人；其中屬於身心障礙人士計 _____ 人，原住民計 _____ 人。)		✓
十一	本廠商屬大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商或經濟部投資審議委員會公告之陸資資訊服務業者，不得從事經濟部投資審議委員會公告之「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」。【上開業務範疇及陸資資訊服務業清單公開發於經濟部投資審議委員會網站 http://www.moeaic.gov.tw/ 】【請查察招標文件規定本採購是否屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購】		✓





十一	本廠商屬大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商或在臺陸資廠商，不得從事影響國家安全之採購。【請查察招標文件規定本採購是否屬影響國家安全之採購】		✓
----	--	--	---

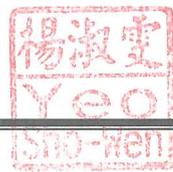
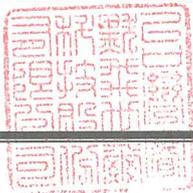
十三	<p>本廠商是原住民個人或政府立案之原住民團體。 (答「否」者，請於下列空格填寫得標後預計分包予原住民個人或政府立案之原住民團體之項目及金額，可自備附件填寫。如無，得填寫「0」)</p> <p>項目 _____ 金額 _____ 0</p> <p>項目 _____ 金額 _____</p> <p>合計金額 _____ 0</p>		✓
----	---	--	---

附註	<ol style="list-style-type: none"> 第一項至第七項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；聲明書內容有誤者，不得作為決標對象。 本採購如非屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，第八項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；聲明書內容有誤者，不得作為決標對象【違反公職人員利益衝突迴避法第 14 條第 1 項規定者，依同法第 18 條第 1 項處罰】。如屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，答「是」、「否」或未答者，均可。 第九項、第十項、第十三項未填者，機關得洽廠商澄清。 本採購如屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購，第十一項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；如非屬上開採購，答「是」、「否」或未答者，均可。 本採購如屬影響國家安全之採購，第十二項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；如非屬上開採購，答「是」、「否」或未答者，均可。 本聲明書填妥後附於投標文件遞送。 本採購如屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，且本廠商就本採購案，係屬公職人員利益衝突迴避法第 2 條及第 3 條所稱公職人員或其關係人者，請填「公職人員利益衝突迴避法第 14 條第 2 項公職人員及關係人身分關係揭露表」，如未揭露者依公職人員利益衝突迴避法第 18 條第 3 項處罰。
----	---

投標廠商名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

投標廠商章及負責人章：

日期：113.05.29



(工程會 113.1.1 版)

附件 三

出席代表授權書

茲授權本公司(商號或法人)所屬員工：李淑雯先生 / 小姐代表本公司(商號或法人)參與貴校採購案「奈米微流液相層析高解析質譜儀」之開標/評選/議價/簽約等有關會議，且該員會議中所做之任何承諾或簽認事項直接對本公司(商號或法人)發生效力，本公司(商號或法人)均予以承受，並經本公司(商號或法人)確認被授權人之下列簽樣真實無誤。

被授權人之簽樣^{*註}：李淑雯 或

請惠予核備。

此 致

臺北醫學大學

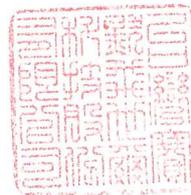


授權人公司(商號)：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

負責人姓名：楊淑雯

公司(商號)統一編號：28685123

負責人身分證統一編號：無



被授權人：李淑雯

身分證統一編號：N224680979

通訊地址：11493 台北市內湖區洲子街85號6樓之1

聯絡電話：0966-716731

中 華 民 國 113 年 05 月 29 日

*註：『被授權人簽樣』得為下列形式之1，依民法第103條規定，代理人於代理權限內所為之意思表示，直接對投標廠商發生效力：1.公司大小章。2.投標專用章。3.被授權人簽章。

Letter of Authorization

授權書

We, **Thermo Fisher Scientific Inc.**, duly established under the laws of Delaware, U.S.A., hereby authorize our wholly-owned subsidiary, **Thermo Fisher Scientific Taiwan Co., Ltd.**, duly established under the laws of the Republic of China to perform such acts as follows:

- (1) to be our full-fledged representative in Taiwan regarding all products manufactured by **Thermo Fisher Scientific Inc.** and to be sold in Taiwan;
- (2) as a member of **Thermo Fisher Scientific Inc.**, in its own name and representing the manufacturer, to make statements regarding the quality and technical specifications of the products in accordance with our formal product guidelines and specifications in relation to any bidding projects in Taiwan.

Thermo Fisher Scientific Inc., confirms the validity of the quality and technical specification statements issued by **Thermo Fisher Scientific Taiwan Co., Ltd.**, within the authorization scope as stated above.

賽默飛世爾科技股份有限公司為根據美國特拉華州法律合法成立的公司，茲此授權其全資子公司台灣賽默飛世爾科技股份有限公司(係根據中華民國法律合法成立)。

- (1) 就賽默飛世爾科技股份有限公司生產的所有產品在臺灣的銷售事宜，授權台灣賽默飛世爾科技股份有限公司為賽默飛世爾科技股份有限公司全權代表；
- (2) 授權台灣賽默飛世爾科技股份有限公司作為賽默飛世爾科技股份有限公司的成員，以其自己的名義並代表製造商，依據正式的產品指導和規格就任何在臺灣進行的投標專案出具產品品質、技術規格聲明。

台灣賽默飛世爾科技股份有限公司在上述授權範圍內簽發的產品品質、技術規格聲明，賽默飛世爾科技股份有限公司認可其效力。

On and behalf of 代表
Thermo Fisher Scientific Inc.

賽默飛世爾科技股份有限公司



Name 姓名: Vijay Chaddah
Title 職務: Senior Corporate Counsel

Term of Authority 授權期間: From (自) 1 January 2015 to (至) 31 December 2025



Certificate of Completion

This certifies that

Jenny Lin

Has successfully completed

Orbitrap Exploris Series 480/240/120 System Service Training

Valid Certificate no expire date:

三月/3/2023



Issued electronically and
approved by:

TFS - Learning Management
System, Training Mentoring,
and Certification Group
tmc.training@thermofisher.com

Certificate of Completion

This certifies that

Jordan Yang

Has successfully completed

eLearn: Vanquish Neo System Service Training

Valid Certificate no expire date

Oct/11/2021



Issued electronically and
approved by:

Thermo Fisher University LMS
Certification Management and
Compliance Group
tmc.training@thermofisher.com

電子憑據資料	機關代碼	05724606
	機關名稱	臺北醫學大學
	標案案號	TMU112-277
	公告序號	02
	標案名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀
	領標電子憑證序號	91500000000001904310
	使用者IP	223.29.216.89



thermo scientific

Extraordinary simplified

Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer



ThermoFisher
SCIENTIFIC

一、儀器儀表

(目錄)

Now, achieving the extraordinary is easier



The Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 mass spectrometer coupled to the Thermo Scientific™ Vanquish™ Horizon UHPLC system.

Obtaining comprehensive, high-confidence research insights requires new levels of instrument performance, robustness, and ease of use. Welcome to the extraordinary accuracy, certainty, confidence, and simplicity of the Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 mass spectrometer. Become empowered to translate each research step to a new level of insight with a next-generation ownership experience coupled with an intelligence-driven experimental approach. In addition to renowned qualitative performance, you'll obtain market-leading quantitative performance to solve your most complex challenges with ease. From exploratory to targeted quantitation, find the power and reliability to make large-scale studies possible, while reducing everyday hassles to increase productivity. And achieve it all, remarkably, within a compact footprint.

Making genius simpler

- **Next-generation user experience**

Built on our next-generation unified architecture, the Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer delivers ease-of-use without sacrificing high performance. Hardware and software harmonization across our LC-MS portfolio reduces procedures to learn and enables you to transfer accessories and methods, streamlining your ability to translate science to the next step.

- **High-performance, high-throughput insights**

Solve complex research issues with next-level quantitative and qualitative insights. Combine an intelligence-driven approach with market-leading sensitivity and spectral quality for game-changing productivity, proteome coverage, and maximum certainty in small and large-scale studies. Ready-to-use curated workflows based on intelligent method parameters leverage enhanced instrument performance to deliver high confidence and high throughput.

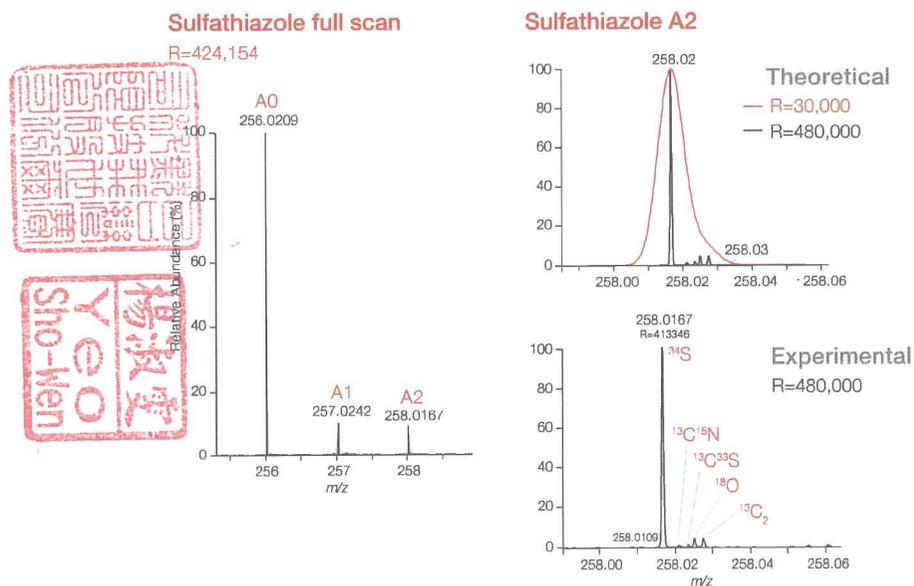
- **Robust and reliable everyday performance**

Exceptional instrument robustness and everyday reliability maximizes uptime and productivity to meet your large-scale study sample throughput requirements. The improved design architecture ensures reproducibility from one instrument to the next so you can focus your research.

- **Focus on your science, not on instrument setup**

Integrated instrument control, data processing, and servicing software allow staff of all skill levels to focus on their science. Intuitive tuning and method setup, single calibration across the mass range, along with pre-defined methods, and common data acquisition schemes and components, add to usability, data quality, and throughput.

Fine isotopic structure baseline resolution



Full-scan mass spectrum of sulfathiazole, measured using the Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer at a resolution (R) setting of 480,000 (FWHM) at *m/z* 200, demonstrates outstanding resolving power.

Twenty years of know-how, designed into our fourth generation quadrupole-Orbitrap mass spectrometer

The Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer combines technology refined over 20 years with advanced capabilities, intelligence-driven approaches, day-to-day reliability, and a compact footprint. Now scientists can more easily and extensively deploy MS for rigorous, high-throughput, high-sensitivity protein identification, quantitation, and structural characterization.

OptaMax NG electrospray ion source

Positions reliably with easy-to-change probes and needles common across next-generation Thermo Scientific mass spectrometers

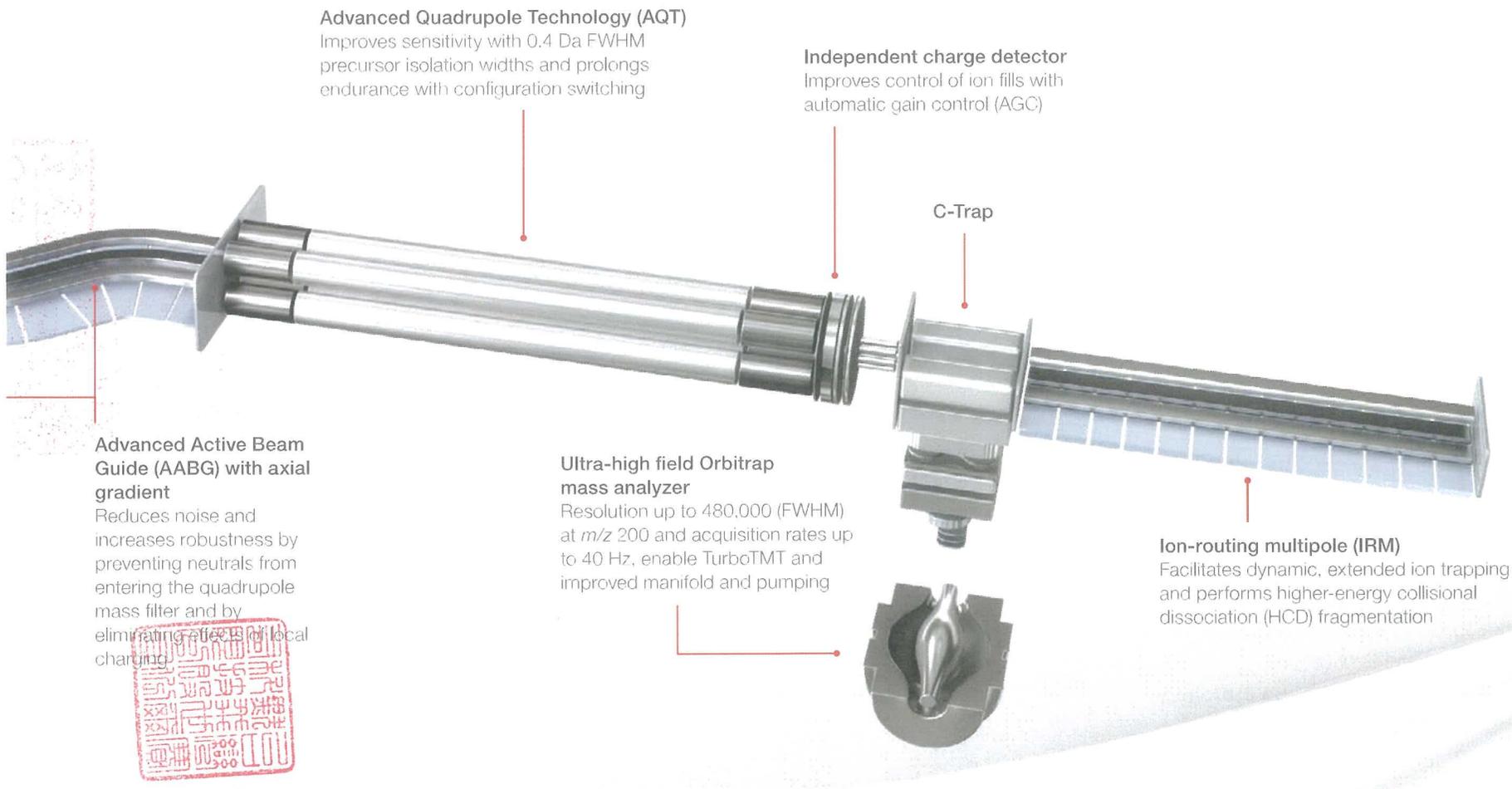
EASY-IC internal calibration source

Ensures easy, reliable real-time mass calibration of spectra in positive and negative modes

High-capacity transfer tube

Electrodynamic ion funnel





Advanced Quadrupole Technology (AQT)

Improves sensitivity with 0.4 Da FWHM precursor isolation widths and prolongs endurance with configuration switching

Independent charge detector

Improves control of ion fills with automatic gain control (AGC)

C-Trap

Ultra-high field Orbitrap mass analyzer

Resolution up to 480,000 (FWHM) at m/z 200 and acquisition rates up to 40 Hz, enable TurboTMT and improved manifold and pumping

Ion-routing multipole (IRM)

Facilitates dynamic, extended ion trapping and performs higher-energy collisional dissociation (HCD) fragmentation

Advanced Active Beam Guide (AABG) with axial gradient

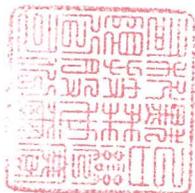
Reduces noise and increases robustness by preventing neutrals from entering the quadrupole mass filter and by eliminating effects of local charging

Add performance and experimental flexibility

- Thermo Scientific™ FAIMS Pro™ interface enhances precursor selectivity
- Thermo Scientific™ EASY-IC™ source provides real-time 1-ppm mass accuracy
- Thermo Scientific™ EASY-Spray™ NG ion source provides maximum nanoelectrospray performance
- Thermo Scientific™ APCI probe for the OptaMax NG ion source, upgradable to APPI
- Thermo Scientific™ BioPharma option extends mass transmission and detection up to m/z 8000

Reproducible, reliable, and robust everyday performance

Built for exceptional robustness and everyday reliability, the Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer maximizes uptime and productivity. To meet the needs of your large-scale studies, we designed and verified individual components as well as the entire system to ensure reproducibility from one instrument to the next.



楊淑雯
Y e o
Sho-Wen

Sustained cleanliness, streamlined maintenance

Easy-to-clean, ultra-robust ion source with probe capillary and ion transfer optics reduces quadrupole contamination to sustain sensitivity. Patented configuration switching extends quadrupole maintenance intervals up to 200%, while automatic bake-out following a power cycle saves time, getting you up and running samples faster. The six-stage pumping system controlled by a single turbo pump streamlines planned maintenance.

Calibrate once for all your analyses

One robust calibration covers the entire mass range from m/z 40 to 6,000 (or optionally to 8,000) with sub 3-ppm mass accuracy, making it remarkably easy to achieve consistently excellent mass accuracy for highest-quality data and confidence in results.

Real-time 1-ppm mass accuracy

The standard EASY-IC source adds ease and confidence with automated internal calibrant delivery to achieve constant 1-ppm mass accuracy. The source delivers calibrant ion as a lock mass, and the instrument control software uses the known mass-to-charge ratio of the calibrant mass peak to provide real-time fine adjustment of the calibration.

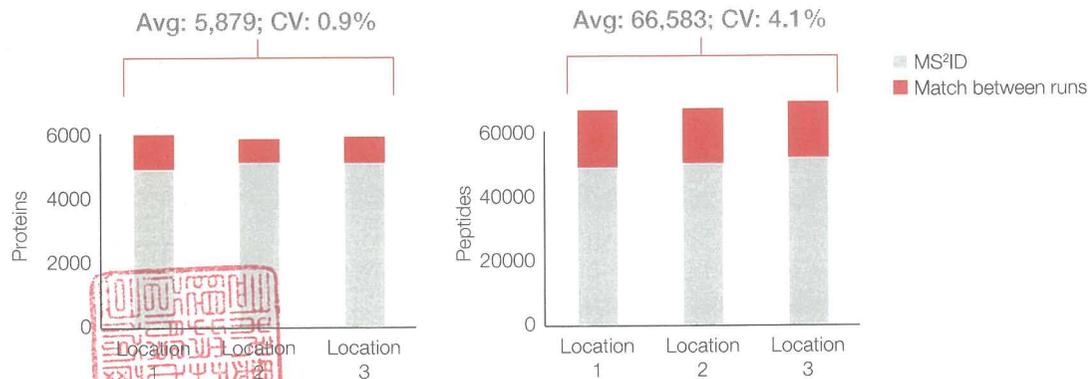


The Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer has become our go-to system for large cohort studies. Over six months of constant operation, the instrument has delivered and maintained very high performance with minimal ongoing effort. The robustness of the system is excellent, both with and without the use of the FAIMS Pro interface, and for DIA studies which utilize high ion current."

Jesper V. Olsen, Professor,
The Novo Nordisk Foundation Center for Protein Research, Denmark

Inter-system reproducibility for high-performance peptide and protein identification

The Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer defines next-generation performance for protein and peptide identifications in its class with very high reliability across instruments—a mandatory requirement for large-scale studies.



To assess instrument reproducibility, three operators at three different locations analyzed 1 µg of Thermo Scientific™ Pierce™ HeLa Protein Digest Standard (n=5). Left figure indicates the number of proteins identified at 1% false discovery rate (FDR) and the right figure shows the number of identified peptides for each of the three locations.

Focus on your science, not on instrument setup

The intuitive Method Editor features a drag-and-drop user-friendly interface with predefined optimized method templates for a wide range of applications and high-quality results, making method development routine and transferable.

The screenshot displays the 'Method Editor' software interface. At the top, there are tabs for 'Global Parameters', 'Scan Parameters', and 'Summary'. Below this is a 'Method Timeline' section with a progress bar and parameters like 'Application Mode' and 'Method Duration (min)'. The main area is divided into 'System Templates' on the left, a central workspace, and 'Properties' on the right. The 'System Templates' list includes options like 'BoxCar', 'ID', 'Peptide Mapping', 'SureQuant', and 'TMT'. A list of specific method templates is shown, such as 'AKTmTOR - SureQuant', 'AKTmTOR - Survey', 'Multipathway Phosphorylation - SureQuant', 'Multipathway Phosphorylation - Survey', 'PQ500 Plasma - SureQuant', 'PQ500 Plasma - Survey', 'User's Custom Panel - SureQuant', and 'User's Custom Panel - Survey'. A workflow diagram in the center workspace illustrates a sequence of steps: 'Sample Prep' leading to 'Sample Load', 'Sample Prep', 'Sample Load', 'Sample Prep', 'Sample Load', and 'Sample Prep', each followed by 'Sample Prep' and 'Sample Load' steps. A red circle highlights the 'Sample Prep' step in the diagram.



Effortlessly run advanced experiments with less expertise across a variety of applications using verified method templates.

Ready-to-use templates combined with intelligent data acquisition and predefined instrument parameters enable generation of high-quality data regardless of analyte of interest.

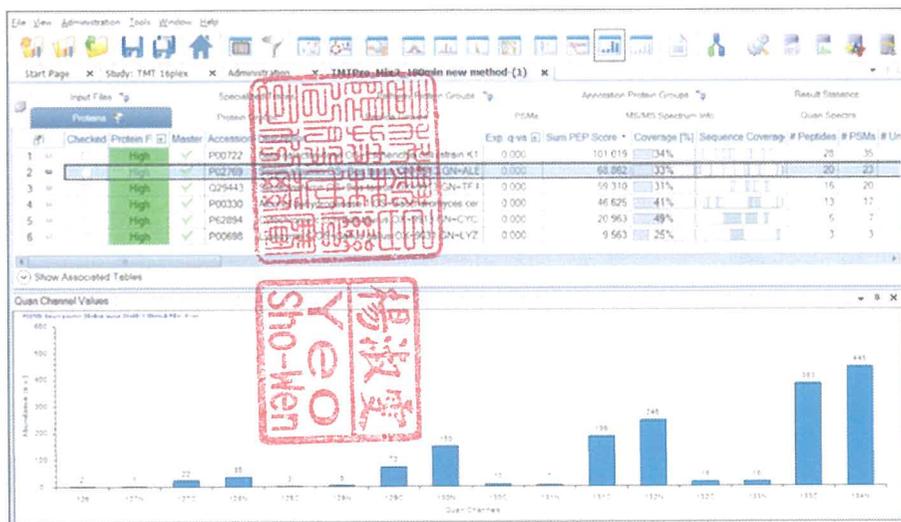
Cutting through complexity to deliver real insights

Comprehensively characterizing potentially complex proteins requires advanced data processing technologies. Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ and Thermo Scientific™ BioPharma Finder™ software can interrogate data to deliver real insights and the complete picture for your protein analyses.

Enable complete characterization of biotherapeutic proteins

Whether you are performing native or denatured intact protein mass analysis, top- and middle-down analysis, or peptide mapping workflows, BioPharma Finder software rapidly provides the insights your data contain.

Workflows facilitate comprehensive data interpretation and visualization, allowing you to confidently characterize biologics with speed and ease. From novel deconvolution algorithms that generate complete results, to easy-to-understand data visualization tools, the software helps you confidently characterize proteins.



Example of TMTpro 16-plex support in Proteome Discoverer software revision 2.4 and above.

Identification and quantitation of proteins in complex samples

Proteomics research requires more than just identification. Proteome Discoverer software simplifies the identification and quantitation of proteins in complex biological samples for a wide range of proteomic workflows, from protein and peptide identification, to PTM analysis, isobaric mass tagging, and both SILAC and label-free quantitation.

Mapping quantitation channels to biological information reveals the biological context with automated protein identification and annotation using gene ontology (GO) classifications, PTM sites, and literature references from public databases, while results are easily visualized and statistically validated.



Historically it took weeks to evaluate data, ruling out many false positives. BioPharma Finder software is a unique solution that has efficient workflows meaning that you don't need to spend hours fine-tuning parameters to get the right answer the first time. For comparative quantitative modification analyses, we have gone from two weeks of analysis down to one day for multi-batch samples."

Guilong Charles Cheng, Alexion Pharmaceutical Inc., USA

Maximum certainty for deeper, faster qualitative proteomics

Obtaining high-quality protein and peptide identifications from complex biological samples over a wide dynamic range with maximum sensitivity is a challenging but necessary aspect of bottom-up proteomics, and the foundation of all discovery research whether for protein structure-function studies or protein quantitation. Superior mass resolution, accuracy, speed, and intelligent data acquisition approaches maximize the richness and certainty of identifications. With the Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer, you make more unique peptide identifications per unit time, down to the single cell level, shortening your time-to-results so you can go beyond what you thought possible.



With FAIMS, a reduction in the precursor interference problems associated with the use of isobaric labeling in quantitative proteomics experiments can be achieved. Our research demonstrates FAIMS is now a reliable and straightforward technology to be incorporated as part of standard proteomics workflows."

Pierre Thibault, Principal Investigator,
Proteomics and Bioanalytical Mass Spectrometry Research Unit,
IRIC Proteomics Core Facility Scientific Direction, Canada

Application areas that can benefit from FAIMS

- Peptide identification
- Peptide quantitation
- TMT quantitation
- Crosslinked protein structure
- Data-independent acquisition (DIA)
- Single cell proteomics

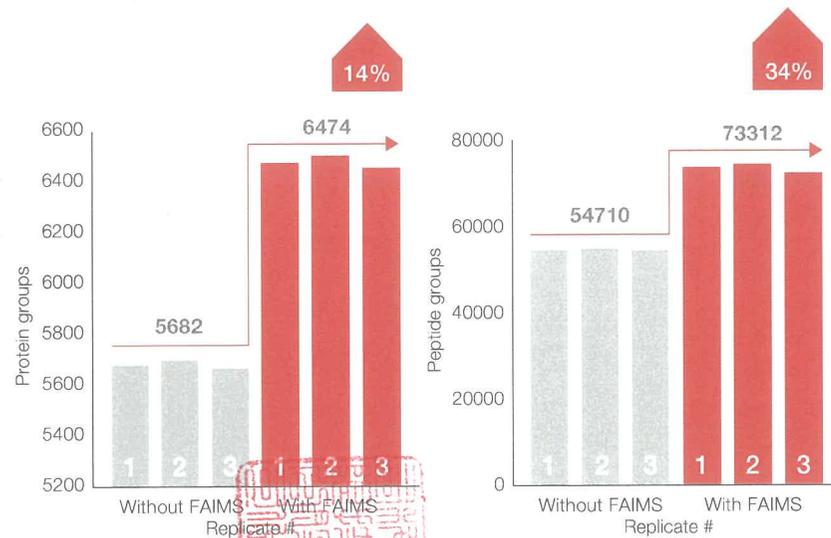


The effortless selectivity provided by the optional FAIMS Pro interface with the Orbitrap Exploris™ 480 mass spectrometer and the Thermo Scientific™ EASY-nLC™ 1200 system accelerates proteomics workflows with even broader and deeper analysis.

FAIMS increases identifications for high-throughput studies

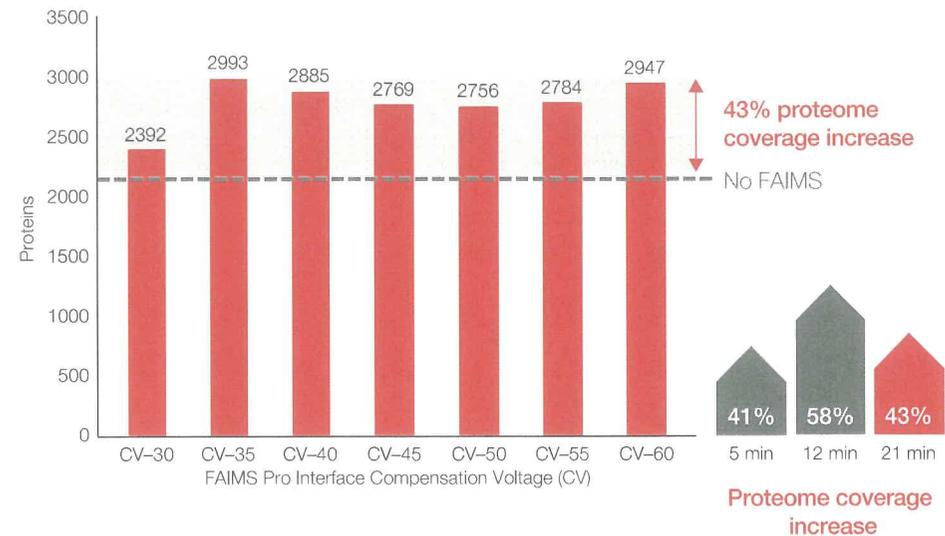
The Thermo Scientific™ FAIMS Pro™ interface minimizes co-isolation of isobaric peptides, increases the number of unique peptides identified, and improves signal-to-noise to sample low-abundance peptides, maximizing proteome coverage. Multiple CV (compensation voltage) settings may be repetitively sampled to augment protein and peptide identification rates using the same experimental parameters.

Increase peptide and protein coverage



The Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer together with the FAIMS Pro interface provides maximum coverage and outstanding reproducibility. In the analysis of a 200 ng HeLa digest over a 120-minute gradient with multiple intra-analysis CV steps between -50V and -70V, approximately 6,500 protein groups and 74,000 peptide groups were identified. Peptide group and protein group identifications were reproducible with <2% and <1% coefficient of variation respectively. The false discovery rate (FDR) was 1%.

Increase proteome coverage up to 2x while decreasing run time



500 ng HeLa Digest using Evosep One LC system (Evosep Biosystems, Odense, Denmark), over 5, 12, and 21-minute gradient, analyzed using the FAIMS Pro interface. Proteome coverage was increased from 41% to 58% for gradients ranging from 5 to 21 minutes. The interface significantly increases protein coverage with short gradients enabling high-throughput applications. Increased proteome depth was observed for all single compensation voltages from CV-30 to CV-60, and across three different gradient lengths.

Data courtesy of Jesper V. Olsen, Professor, The Novo Nordisk Foundation Center for Protein Research.

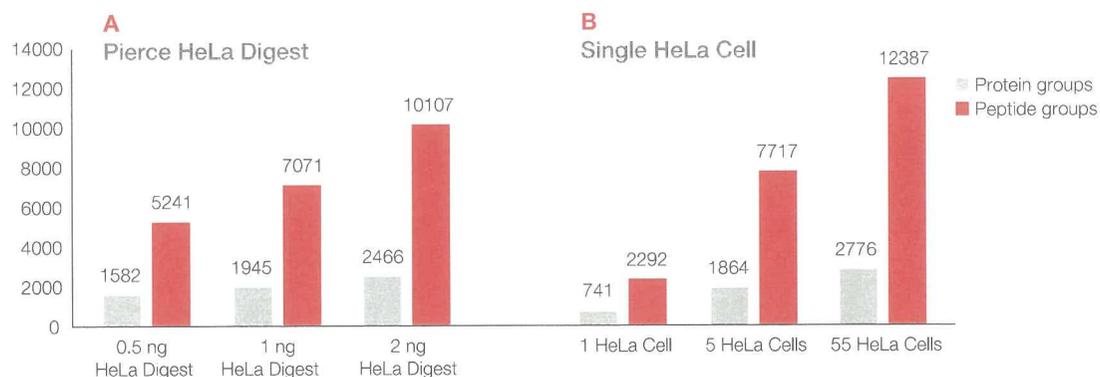
FAIMS enhances sensitivity for limited samples and single-cell proteomics

Bottom-up proteomics workflows are now routine with the analysis of hundreds of nanogram to microgram sample amounts, representing the protein profile of a few hundred-thousand cells.

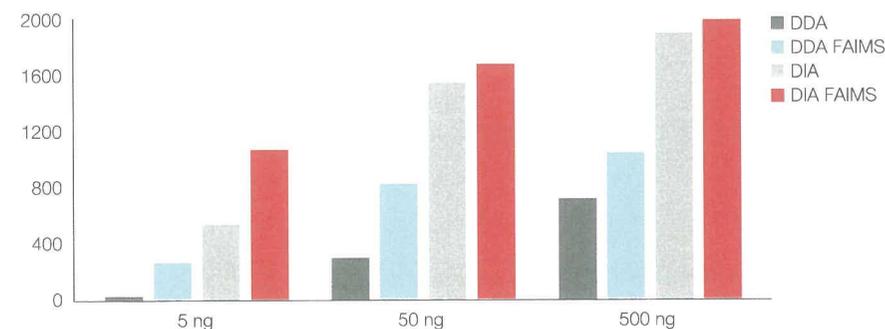
For large sample cohorts where throughput and sensitivity are priorities, the Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer coupled with the FAIMS Pro interface and a data-independent acquisition strategy offers a boost in sensitivity for short gradients.

Most importantly, the DIA-FAIMS Pro interface workflow does not compromise the quantitative accuracy obtained for the additional proteins identified. Most are reproducibly quantified with a coefficient of variation below 10%*.

However, many biologically relevant proteins are only present in trace amounts. With single-cell level sensitivity, the Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer delivers more complete biological insights from low-level proteins to rare and individual cells, overcoming the challenges of identifying only the most abundant proteins.



The Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer with the FAIMS Pro interface provides sensitivity from low-ng to single-cell levels. (A) Instrument performance at low nanogram levels (0.5-2 ng Pierce HeLa Digest Protein Standard), (B) Instrument performance at single-cell levels (1, 5, and 55 HeLa cell).



Combining the Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer with the FAIMS Pro interface and a DIA strategy enables sensitive analysis for short gradients, high throughput (>200 samples per day), and identification of 2500 peptides per minute of gradient time. Overall, proteome coverage is increased by over 35% compared with data-dependent acquisition (DDA).

* Jesper Olsen et al. <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/860643v1>

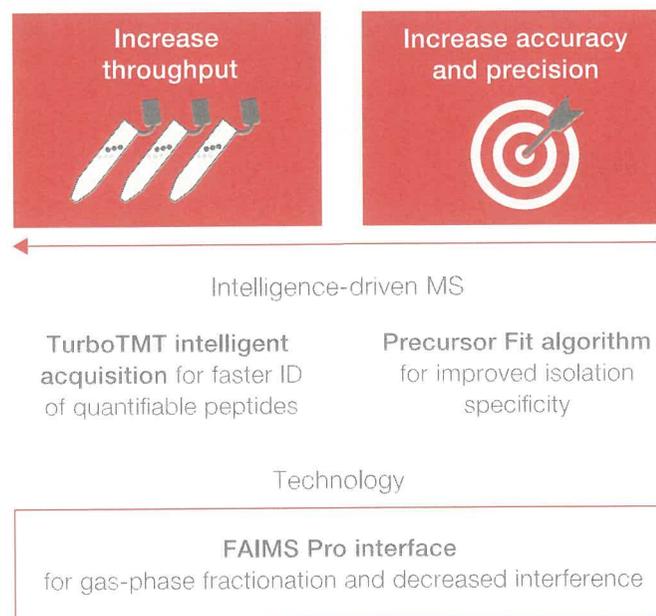
Best-in-class TMT multiplexed proteome quantification

Isobaric tagging strategies using Tandem Mass Tags (TMT) are powerful tools for functional biology studies and analyzing large sample sets. The Thermo Scientific™ Tandem Mass Tag (TMT)™ MS² workflow delivers best-in-class quantitation for multiplexed proteome analysis. By leveraging intelligent data acquisition methods, you can confidently quantify proteins with minimal setup. In combination with TMT reagents and the FAIMS Pro interface, the Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer has the resolving power and speed to perform Thermo Scientific™ TMT11plex™ and TMTpro™ 16plex experiments with unrivaled confidence and no compromise in coverage or depth.

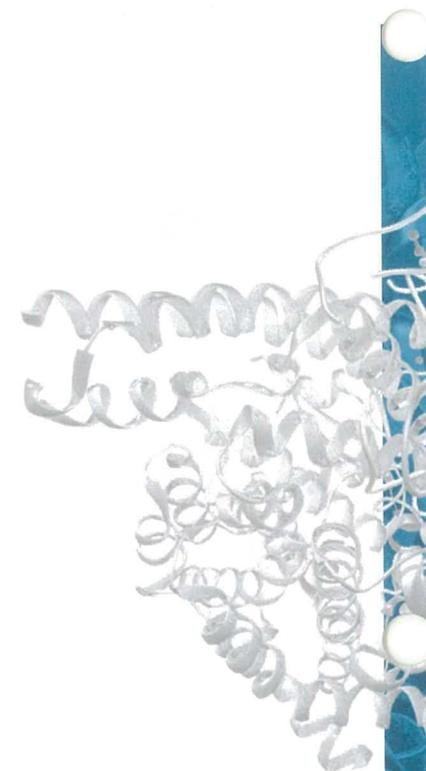


Next-level quantitative precision, accuracy, and throughput

Orbitrap mass spectrometer-based high-resolution accurate-mass (HRAM) MS with TMT-based quantitation is the most frequently published, leading isobaric tagging application available. We continue driving improvements to deliver the quantitative accuracy and precision needed to meet your research goals.



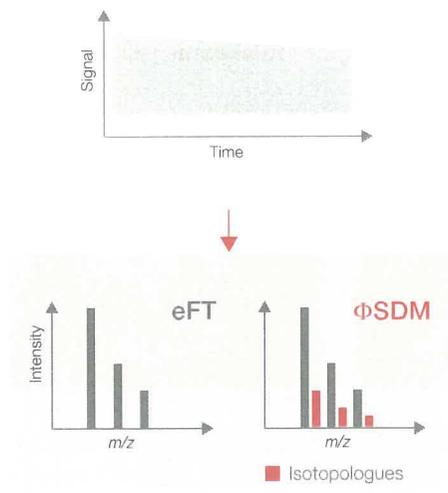
Intelligence-driven acquisition algorithms, and FAIMS Pro interface technology deliver highest-quality TMT MS/MS (MS²) quantitation.



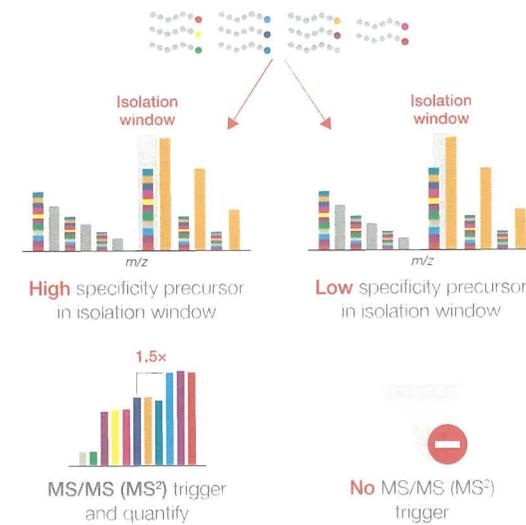
Raw spectra to highest-quality data

TurboTMT intelligent acquisition based on novel Φ SDM spectral processing further improves resolution to baseline resolve TMT reporter ion isotopologues and speed up spectral acquisition for TMT11plex experiments, increasing throughput for identification of quantifiable peptides.

The Precursor Fit algorithm reduces co-isolated ion interferences that mask true differences in protein abundance. Precursors are selected on highest specificity within the isolated window, resulting in highest MS/MS (MS^2) quality for better quantitative accuracy and proteome depth.



TurboTMT intelligent acquisition improves resolution to resolve reporter ion isotopologues

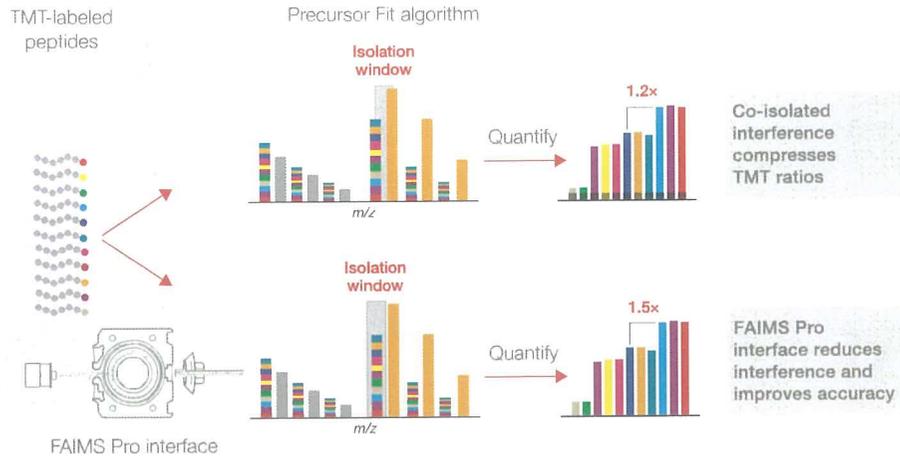


Precursor Fit algorithm improves isolation specificity

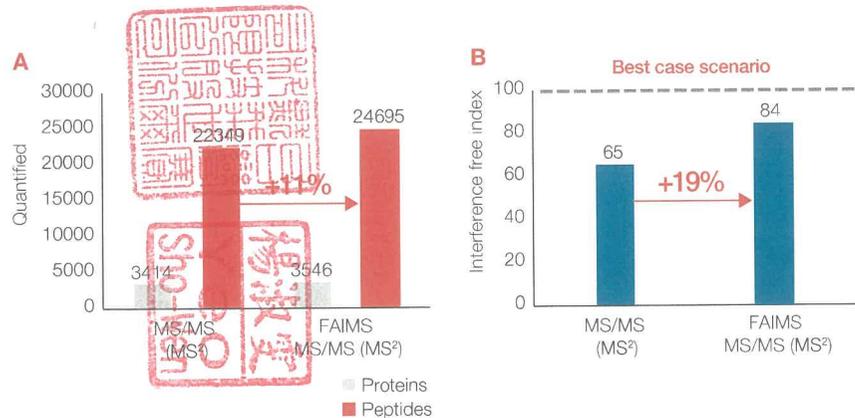
Intelligent data acquisition strategies and algorithms with enhanced mass spectrometer technology produce highest-quality data.

FAIMS reduces interferences for more accurate quantitation

Incorporating the FAIMS Pro interface in the workflow increases precursor selectivity and reduces interference using gas-phase fractionation, resulting in greater accuracy for TMT-based quantitation.



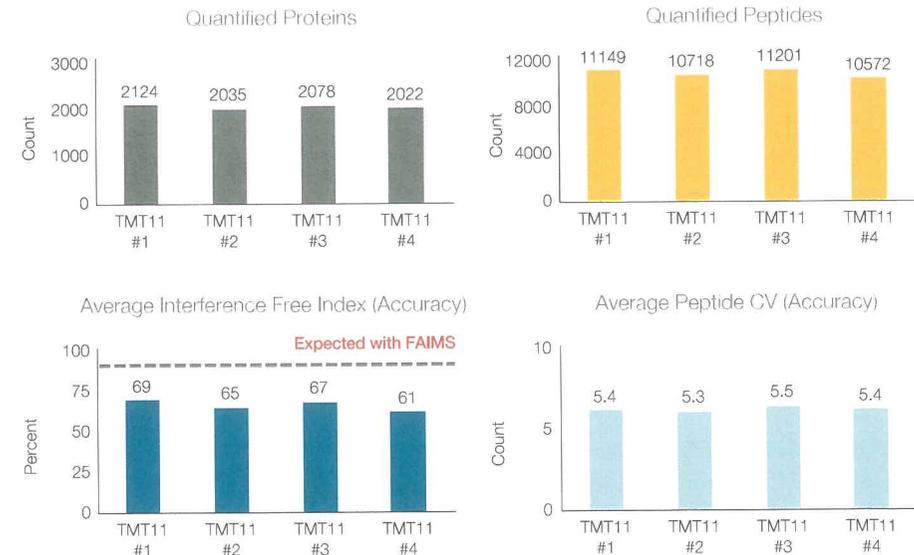
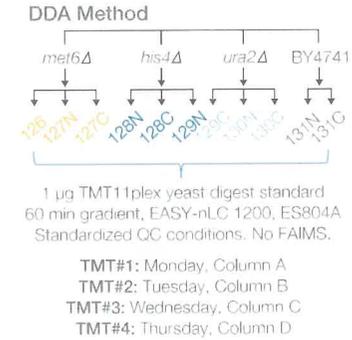
Thermo Scientific technology adds quantitative precision, accuracy, and throughput. The Precursor Fit algorithm increases precursor specificity in the isolation window, reducing co-isolated interferences.



The combination of the FAIMS Pro interface, TurboTMT mode, and Precursor Fit algorithm with the Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer enables the TMT MS² workflow to deliver TMT11plex results faster with (A) increased proteome depth and quantifiable peptides and (B) improved quantification accuracy. 1 µg of TMT11plex yeast digest standard was analyzed using a four-hour gradient.

Best-in-class reproducibility

The Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer delivers everyday reproducibility and QC performance capabilities necessary for high-throughput multiplexing studies.



TMT11plex analysis of 1 µg of a yeast digest standard analyzed using a 60 minute gradient per injection. Interference Free Index (IFI): based on met6Δ, his4Δ, or ura2Δ yeast strains used to assess ratio distortion for TMT quantitation.

New paradigm in targeted protein quantitation

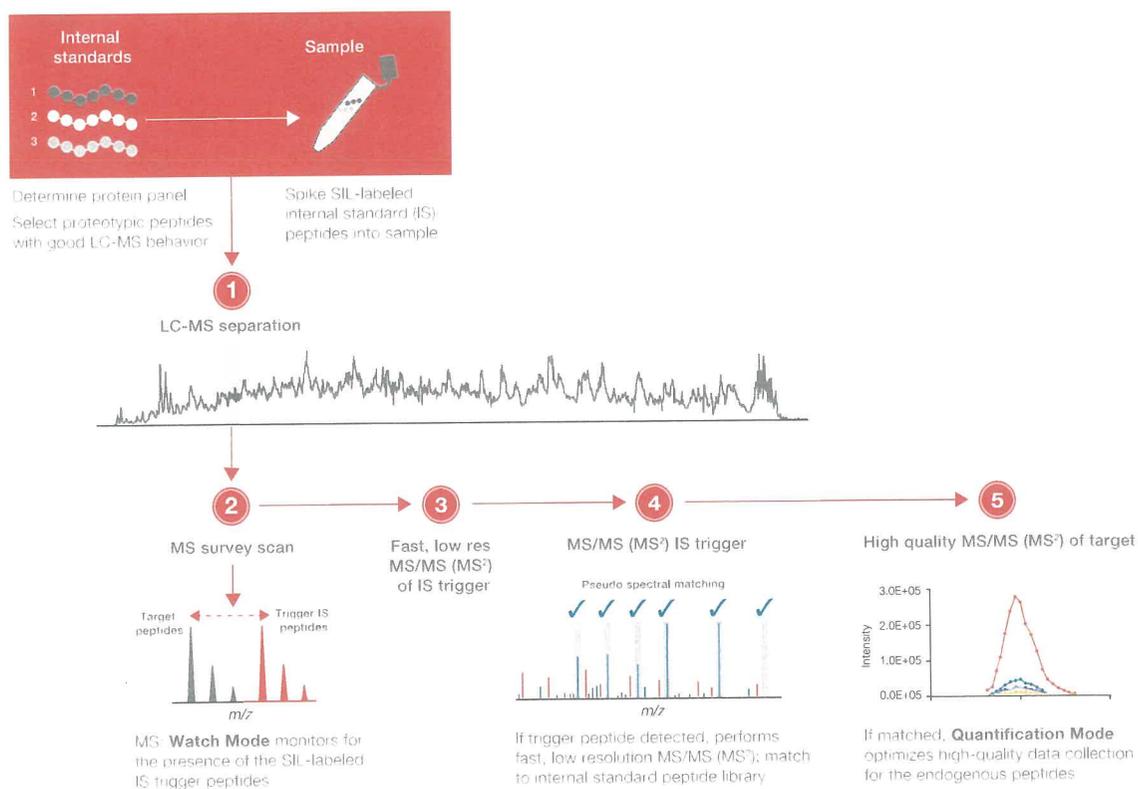
Verification of biomarkers and protein expression studies requires sensitive multiplexed quantitation of hundreds of protein targets, often in large sample studies. The Thermo Scientific™ SureQuant™ IS Targeted Protein Quantitation workflow enables life scientists to quantify proteins with the highest confidence with unique intelligent real-time monitoring of targets. By leveraging labeled internal standard peptides to guide the acquisition of endogenous peptides in real time, reliable absolute quantitation of hundreds of targets is possible with easy setup and no compromises. In combination with Thermo Scientific™ SureQuant™ targeted assay kits, we offer a complete assay, including sample preparation, for monitoring and quantitation of target peptides in a single sample.

Precise quantitative results for targeted studies

To meet today's challenges, targeted quantitation methods had to evolve from standard selected reaction monitoring (SRM) to precise quantitation of a limited peptide using high-resolution MS. New strategies enable uncompromising quantification of more targets with high precision and accuracy, as well as easy setup to address biomarker development and biological questions in pathway monitoring studies.

The new gold standard: Intelligence-driven acquisition for highest quantitative performance

By leveraging SureQuant targeted assay kits, the SureQuant method provides an easy-to-use assay that delivers quantitation of more targets without compromising sensitivity. The intelligence-driven SureQuant method uses IS to guide and dynamically manage quantitation of peptide targets, while maintaining the highest accuracy and precision.



Spiked stable-isotope-labeled (SIL) internal standards are monitored in “watch mode” as the instrument rapidly scans for the presence of the IS peptides. When an IS is detected, an MS/MS (MS²) scan is triggered and fragment ions are matched to an IS reference list. If matched, the method switches to “quantification mode” where spectra for the endogenous target peptides are acquired at high resolution for accurate quantitation.

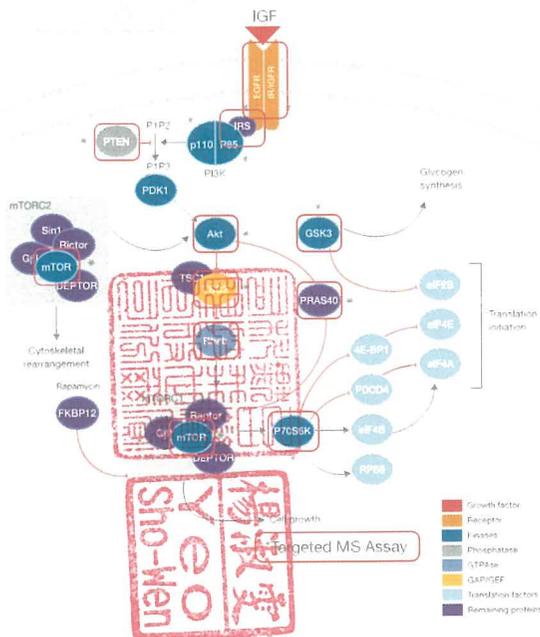
Sensitive, accurate, precise, and more complete targeted protein analysis

Compared to traditional methods, the SureQuant method increases resolution and ion fill time, without compromising cycle time, resulting in higher sensitivity and more reliable detection of peptide targets.

Flexible with higher throughput for targeted quantitation of pre-defined or custom peptides

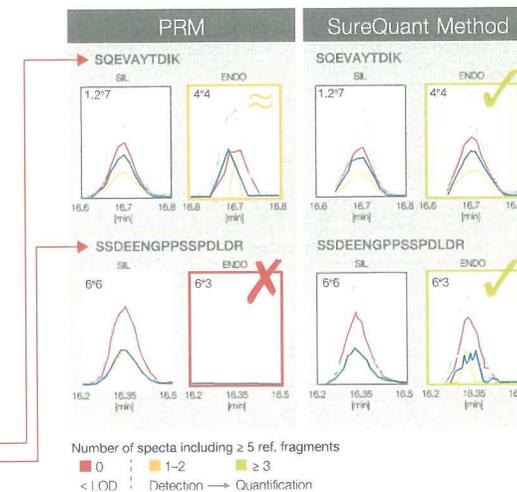
The SureQuant method is flexible and can be used to quantify custom peptide targets, and monitor large panels of proteins, such as in plasma with the PQ500 human plasma kit (Biognosys AG, Schlieren, Switzerland), with outstanding dynamic range and quantitative precision, making it possible to increase throughput without any loss in reproducibility.

AKT/mTOR key cancer biology pathway



From cancer pathway to reliable assay

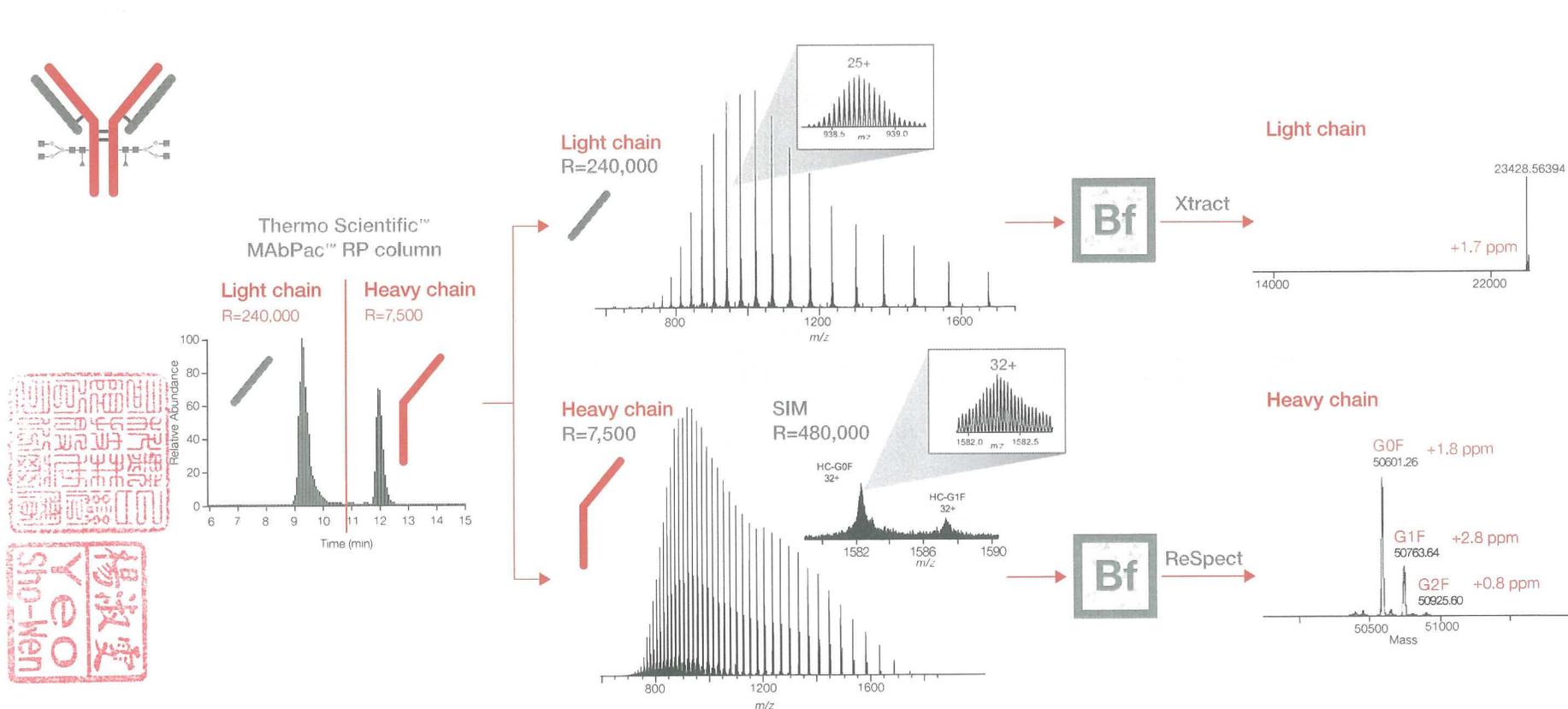
Peptide	PRM Method	SureQuant Method
AENGPRGQVILVLR	3	15
AQEALDFYGEVR	10	11
DGFYPAPDFR	0	1
ETSFNQAYGR	2	6
FEISETSNIR	0	3
GALAEAFR	5	13
GNNLQDTLR	0	6
GQPEGLPSSSPR	0	8
GYTISDSAPSR	0	5
IDIHSC[Carbamidomethyl]NHEAEK	1	12
PNHLQ[Carbamidomethyl]AER	8	15
LQ[Carbamidomethyl]DSGELVAIK	5	15
LFDAPAPLPSR	11	11
LLEVTPTAR	0	15
LPPYDQDHER	0	12
LVRPRKPGVTSETDTR	0	0
NDGTFGLYK	0	13
NMIDQVVR	5	4
SDGSPGYK	0	13
SNPTDIYPSK	0	9
SOEVAYTDIK	1	0
SSDEENGPPSSPDLDLR	0	3
VYSARQIHIPIR	0	0
TFHVDTPFER	0	0
TGIAAEVSLPR	0	0
TLDSPELR	2	10
TPPEALCI[Carbamidomethyl]SR	1	20
ITINNEYVIR	0	7
VTTWATLGGPER	5	15
YSFQTHDR	0	10
# of endogenous peptides detected	11/30	26/30



Compared to PRM methods, the SureQuant method increases resolution by a factor of four, and fill time by a factor of six, without compromising cycle time. The result is higher sensitivity and more reliable detection of targets, as shown here for peptides from the protein targets GSK3α and AKT1 from the AKT/mTOR pathway—a key cancer biology pathway.

Spectral quality and sensitivity simplify Biopharma analyses

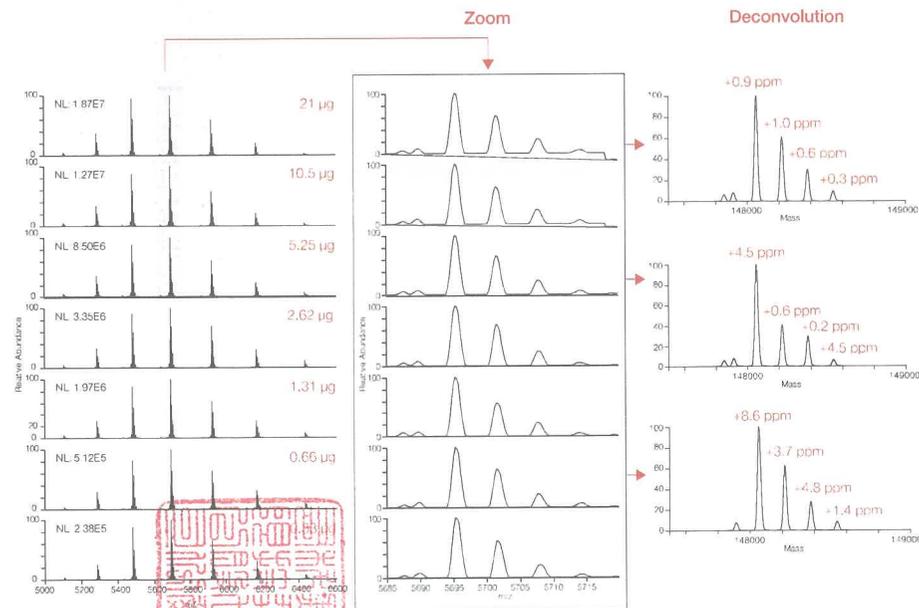
Achieve simple, robust, and high-spectral-quality intact-mass data acquisition for denatured protein analysis. The Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer pushes the boundaries of routine analyses with added resolving power of up to 480,000 (FWHM) at m/z 200. Obtaining baseline resolved peaks for a 50kDa heavy chain is now simple, providing deeper insights than previously were possible. HRAM analysis of the protein chains of monoclonal antibodies at the subunit level is easy, rapidly producing the answers you require with high mass accuracy and confidence.



Achieving structural insights at the subdomain level are effortless. Trastuzumab was reduced, and the light and heavy chains separated by reversed-phase liquid chromatography. The light- and heavy-chain spectra obtained were deconvoluted using the BioPharma Finder software Xtract and ReSpect algorithms, respectively. Information on the heavy chain with the glycoforms was revealed, while monoisotopic masses for the light chain were also provided.

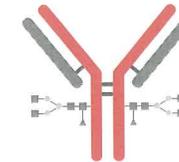
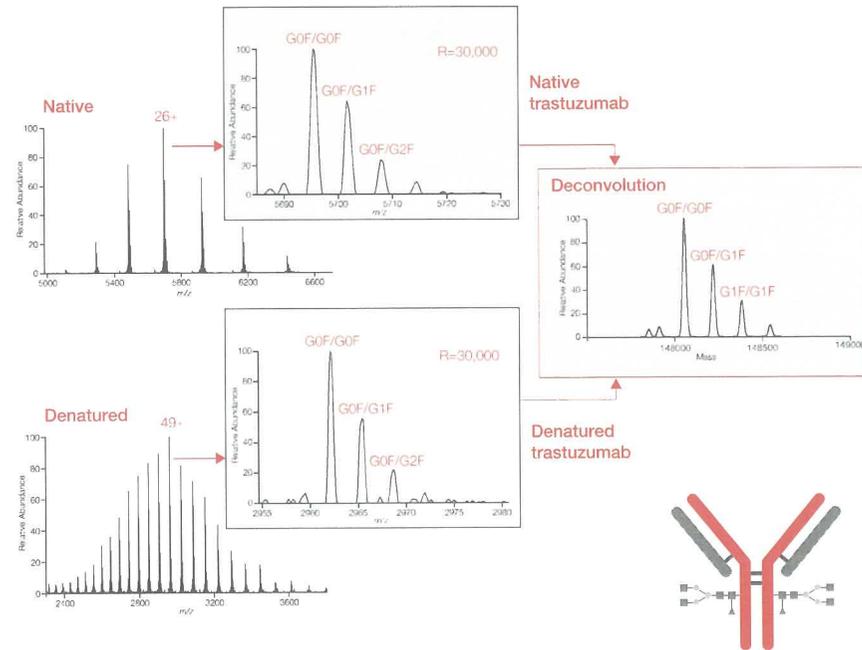
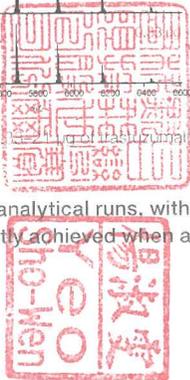
Routinely high-resolution for intact denatured and native protein analyses

The BioPharma option enables analysis of intact therapeutic proteins under native-like conditions. Superior ion transmission allows use of high-resolution settings to resolve protein modifications such as glycosylation and conjugations. Isoforms and glycoforms are easily and confidently differentiated and determined when analyzed in their intact native and denatured conditions for maximum structural insights.



Dilution series of 0.33 µg of trastuzumab injected

Over multiple analytical runs, with different sample amounts, sub 10-ppm mass accuracy was consistently achieved when analyzing proteins in native conditions.



Easily achieve accurate and robust native protein characterization with mass detection up to m/z 8000. Confirm the glycoform profile under native and denatured conditions with exceptional data quality and spectral clarity to simplify interpretation.



Almanac web-based monitoring and management

Stay connected to your science. See how the Thermo Scientific™ Almanac™ application can help you get the most out of your instruments.

thermofisher.com/almanac



Technical and online support: peak performance for your instruments

Helping you keep your instruments running at peak performance is our goal. Whether you're looking for an instrument manual or spare parts, want to submit a repair request, or check on the status of your warranty or service contract, we have every support option you're looking for.

thermofisher.com/technicalresources



Protecting your investments: unparalleled laboratory services

Unity™ Lab Services provides a single source for integrated lab service, support, and supply management. Our customized service offerings and world-class service experts have the flexibility and experience to address your laboratory's needs. We provide a complete portfolio of services and support solutions designed to help you improve productivity, reduce total cost of ownership, and ensure performance throughout your laboratory.

unitylabservices.com



Thermo Scientific™ Tandem Mass Tag™ (TMT™) Quantitation

thermofisher.com/TMT

Thermo Scientific™ SureQuant™ Targeted Quantitation workflow

thermofisher.com/SureQuantWorkflow



Thermo Scientific™ BioPharma Finder™ software

thermofisher.com/BioPharmaFinder

Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ software

thermofisher.com/ProteomeDiscoverer

Find out more at thermofisher.com/OrbitrapExploris480

一、质谱儀系統 (規格)

ThermoFisher
SCIENTIFIC

Mass spectrometry

PRODUCT SPECIFICATIONS

Orbitrap Exploris 480 Mass Spectrometer

Extraordinary simplified

Introduction

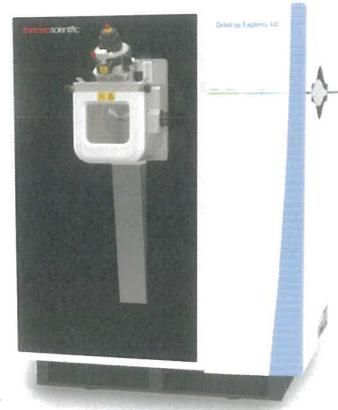
(=) . 1 .
The Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 mass spectrometer is a Thermo Scientific™ quadrupole-Orbitrap™ mass spectrometer, based on the hardware and instrument control software designs of the next-generation Thermo Scientific™ mass spectrometers and incorporates extensive customer and service engineer feedback.¹

Built on the guiding principle of ease-of-use and reliable hardware, robust system performance boosts sample throughput. Soundness of data is assured with high-resolution accurate-mass (HRAM) selectivity, high scan speed and best-in-class mass spectral quality, all within a compact footprint to conserve bench space.

Simplified operation, smart scheduling and execution of user selected scan types deliver rich, high-confidence sample insights for users of all skill levels in a wide range of applications from small molecules to peptides and intact proteins.

Benefits

- Premium quantitative and qualitative performance with the fast-scanning High-Field Thermo Scientific™ Orbitrap™ mass analyzer
- Next-generation software with intuitive tuning, single-click calibration, drag-and-drop method setup, and pre-defined experiments
- Prolonged robustness and improved serviceably increase uptime
- Hardware and software shared with next-generation Thermo Scientific™ mass spectrometers¹ streamlines method transfer and familiarization
- Compatible with Thermo Scientific™ next generation ion sources including FAIMS Pro Duo interface



- Enhanced peptide quantitation with SureQuant and TurboTMT
- Extended mass transmission and detection up to m/z 8,000 with the Thermo Scientific™ BioPharma option

Hardware features

Ion source

一、(-) 離子源

Thermo Scientific™ OptaMax™ NG ion source

- Ultimate sensitivity with an efficient, heated electrospray ionization (H-ESI) sprayer to deliver maximum performance with minimal optimization
- Additional non-heated low-flow calibrant sprayer for optimal mass and system calibration
- Flow rates from 1–1000 $\mu\text{L}/\text{min}$:
 - low flow needle 1–10 $\mu\text{L}/\text{min}$
 - high flow needle 10–1000 $\mu\text{L}/\text{min}$
- Enhanced ruggedness and reduced chemical noise with sweep gas



thermo scientific

Ion optics

The atmospheric pressure ionization (API) interface consists of:

High-capacity ion transfer tube (HCTT)

- Improved sensitivity and desolvation with increased ion flux into the vacuum system

- Vent-free maintenance

(=), 4.

Electrodynamic ion funnel (EDIF)

- A radio frequency (RF) device, efficiently captures ions as they leave the HCTT

- Automatic tuning results in broad ion transmission curves with reduced ion losses, increasing sensitivity

Advanced active beam guide (AABG)

- Reduces noise by preventing neutrals and high-velocity clusters from entering the quadrupole mass filter using a double bent design geometry

- Axial field along the length of the rods improves ion transfer robustness

Advanced quadrupole technology (AQT)

(=), > 1

- Segmented quadrupole mass filter for precursor ion selection with variable precursor isolation width from 0.4 to 1200 u

- MS/MS precursor ion selection with high transmission from m/z 40 to 2500

- Prolonged uptime due to patented configuration switching mode

Ion-routing multipole (IRM)

- Robust ion trapping for MS scans and higher energy collisional dissociation (HCD)

(=), 9.

- Nitrogen collision gas

Automatic gain control (AGC)

Reliable AGC measurements for controlled injection of the number of ions is ensured by the novel Independent Charge Detector

Thermo Scientific™ Orbitrap™ mass analyzer

- Ultra-high-field Thermo Scientific Orbitrap mass analyzer with 4 kV central electrode voltage

- Low noise detection pre-amplifier

Vacuum system

- A compact single six-stage turbomolecular pump design regulates the adequate vacuum in six stages for the aluminum high-vacuum analyzer chambers

- Advanced vacuum technology reduces pressure in the ultra-high vacuum regions, enhancing transmission of ions to the Orbitrap mass analyzer

(=), 6.

Thermo Scientific™ EASY-IC™ ion source

- Provides <1 ppm RMS mass accuracy under defined conditions with minimum effort

- Generates optional internal reference ions for real-time mass correction of spectra in both positive and negative ionization mode

- Available as field-upgrade or factory-installed option

Optional hardware

Thermo Scientific™ BioPharma option

- Analysis of large molecules including intact proteins and large complexes sprayed under denatured or native conditions

- Includes mass transmission and detection up to m/z 8000

Thermo Scientific™ EASY-Spray™ NG ion source

(=), > 1

奈米噴霧
電噴霧
離子源

- Maximum nanoelectrospray performance with minimum adjustment

Thermo Scientific™ NanoSpray Flex™ NG ion source

- Supports static and dynamic electrospray experiments

- Compatible with liquid flow rates of 50–2000 nL/min

APCI probe for OptaMax NG ion source

- Compatible with flow rates 50–1000 μ L/min without splitting

- The APCI probe can be upgraded to APPI

(=), 3.

離子遷移功能

Thermo Scientific™ FAIMS Pro™ Duo interface

- FAIMS Pro Duo interface (high field asymmetric ion mobility spectrometry) augments analytical selectivity, enabling identification and quantitation of more proteins while reducing time-consuming sample preparation

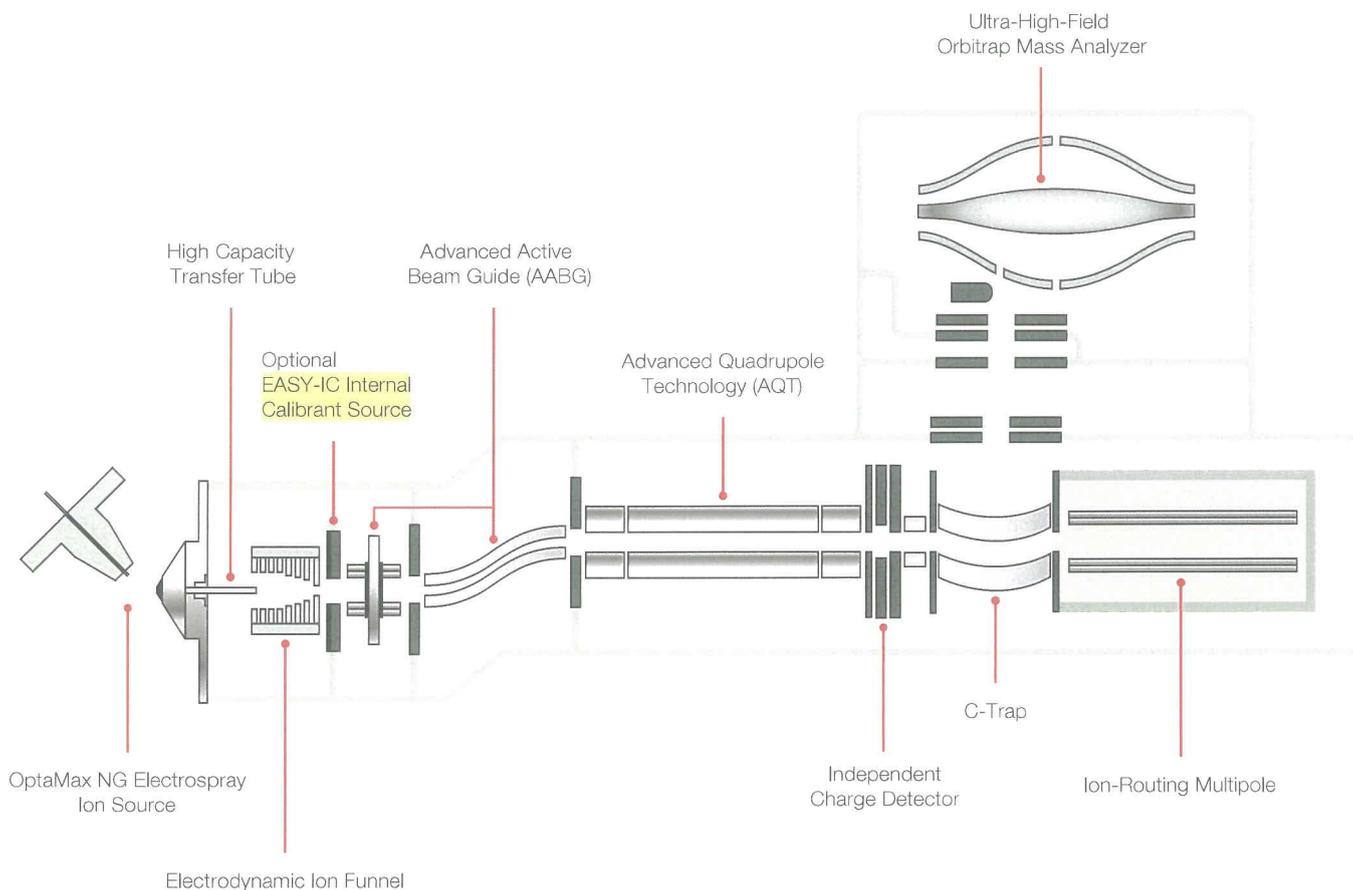
- Performs online gas-phase fractionation based on differential ion mobility

- Optimized for 0.1–1000 μ L/min flow rates

- CV switching time of 25 ms



Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer ion path



Performance specifications

Mass Range	(⇒) 3, Standard mass range m/z 40–6000, up to m/z 8000 with BioPharma option
Orbitrap Mass Analyzer	Up to 480,000 at m/z 200
Resolution	(⇒) 1, (1)
Scan Rate*	(⇒) 8, Up to 40 Hz at resolution setting at 7500
Mass Accuracy*	(⇒) 9, External calibration achieves <3 ppm RMS drift over 24 hours; Internal lock mass calibration achieves <1 ppm RMS drift over 24 hours; EASY-IC achieves <1 ppm RMS drift for at least 5 days (⇒) 6,
Sensitivity	(⇒) 10, MS/MS: 50 fg reserpine on column S/N 100:1 SIM: 50 fg reserpine on column S/N 150:1
Dynamic Range*	>5000 within a single Orbitrap mass analyzer spectrum
Polarity Switching	One Full Scan cycle** <700 ms equals >1.4 Hz One tSIM Scan cycle** <600 ms equals >1.6 Hz (⇒) 5,
Multiplexing	Up to 20 precursor ions per scan
Analog Inputs	Channel 1 analog input (± 10 V), Channel 2 analog (± 10 V)

* Under defined conditions

** One cycle consists of acquiring one Full Scan in positive mode and one Full Scan in negative mode at resolution setting 60,000
one tSIM Scan in positive mode and one tSIM Scan in negative mode at resolution setting 60,000



Data acquisition system

Data System

- High-performance PC with Intel® microprocessor
- High-resolution LED color monitor
- Microsoft® Windows® 10 Enterprise (Long Term Service version) operating system
- High-speed real-time data acquisition and instrument control
- Automatic calibration of all ion transfer and analysis parameters via instrument control software

Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ instrument control software

- Tune application for instrumental mass and system calibrations and checks, diagnostics, and manual data acquisition
- Method Editor with a comprehensive application-specific template library, method setup supported by tooltips, and a drag-and-drop user interface to facilitate method development
- Consistent instrument control software whether using Xcalibur software, Thermo Scientific™ Chromeleon™ Chromatography Data Systems (CDS) or Thermo Scientific™ TraceFinder™ for data acquisition

Thermo Scientific™ Xcalibur™ software

- Xcalibur software is the acquisition software for the next-generation Thermo Scientific mass spectrometer portfolio
- Accelerates familiarization and reduces training needs

Thermo Scientific AcquireX Intelligent Data Acquisition Workflow

AcquireX data acquisition workflows provide comprehensive small molecule sample profiling on an LC timescale using automated, logic-based sample re-injection with inter-run inclusion and exclusion lists

Operation modes

Resolution settings

Ranging from 7500 to 480,000 at m/z 200

TurboTMT intelligent data acquisition mode

Novel processing mode powered by Phased Spectrum Deconvolution Method (ΦSDM) specifically designed to improve the acquisition rate of TMT experiments

Advanced peak determination (APD)

Precursor annotation algorithm for improved charge state assignment to increase the number of precursors available for data-dependent analysis

Application-specific system templates

Sets optimal default instrument parameters and manages application-specific system templates for easy method development and execution

Application mode

Sets optimal default instrument parameters and manages application-specific system templates for easy method development and execution. Available modes are:

- Small molecule
- Peptide
- Intact protein (included with BioPharma option)

General

- Application Modes 'Small Molecule', 'Peptide', 'IntactProtein' are available
- With Application Mode 'Small Molecules', a method can apply to Xcalibur AcquireX workflows (optional); it is a global setting and applies to the entire run
- 'Mild Trapping' is available with Application Mode 'Small Molecule' and can be applied optionally for particularly labile compounds; it is a global setting and applies to the entire run
- With Application Mode 'Intact Protein', pressure regimes (low, standard and high) can be selected for best performance with native and denaturing conditions
- APD is available optionally with all Application Modes. APD can be checked for improved determination of a) charge states and b) monoisotopic m/z values of isotopic envelopes
- Multiple experiments can be set up within one method
- One experiment can contain combinations of scans
- 'Collision Energy Type' can be selected: 'Normalized (NCE)' and 'Absolute (CE)
- 'Collision Energy Mode' can be selected: 'Fixed' and 'Stepped'



Scan functions

Unique scan types are available

- Full MS scan
- AIF
- tSIM
- DIA
- tMS²

and combinable within one single experiment, such as:

- Full Scan ddMS²
- Full Scan ddSIM

Both with 'Number of Scans' (= TopN), 'Cycle Time' or 'Scans per Outcome' (branching)

In addition, multiple experiments can be created combining all of the above listed scan types.

Filters

Filters guide data-dependent (discovery and confirmational) decisions on the fly and in real time. To achieve optimum results when applying application-dependent filter settings, the user is guided with the appropriate application-dependent default parameter settings and tool-tip text

Filters can be selected as follows:

- Dynamic Exclusion
- Intensity
- Precursor Fit
- Charge State
- Targeted Mass Inclusion
- Targeted Mass Exclusion
- MIPS (Monoisotopic Precursor Selection)
- Precursor Selection Range
- Apex Detection
- Isotope Exclusion

Targeted mass trigger

Performs data-dependent scans upon the detection of a defined product ion for targeted, confirmational experimental set-ups

Optional data acquisition and analysis software

Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ software

Simplifies a wide range of proteomics workflows, from protein and peptide identification to PTM analysis to isobaric mass tagging, and SILAC and label-free quantitation

Thermo Scientific™ BioPharma Finder™ software

Provides complete protein characterization, including intact protein mass analysis, top- and middle-down analysis, peptide mapping or multi-attribute method (MAM) workflows

Thermo Scientific™ ProSightPC™ software

Stand-alone software for analyzing top-down, middle-down, and bottom-up data

Thermo Scientific™ Compound Discoverer™ software

Streamlines small molecule unknown identification, determination of real differences between samples, and elucidation of biological pathways with an integrated suite of data analysis tools

Thermo Scientific™ TraceFinder™ software

Acquire and process your high-throughput screening and quantitation with built-in intelligence, driving productivity gains from data acquisition and processing to reporting

Thermo Scientific Chromeleon Chromatography Data System (CDS)

Streamlined chromatographic and MS screening and quantitative workflows within an enterprise and compliance-ready single software application

Installation requirements

Power

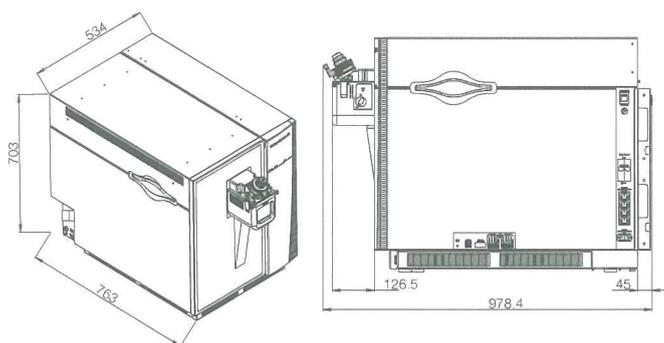
- 2×208–240 Vac single phase, 15 A, 50/60 Hz, with earth ground for instrument and source vacuum pump
- 115 or 230 Vac single phase, 15 A, 50/60 Hz, with earth ground for auxiliary forepump
- 208–240 Vac single phase, 15 A, 50/60 Hz, with earth ground for the data system



Gas

- Source gas: high-purity nitrogen gas supply (>99% pure at 600 ± 50 kPa [6.0 ± 0.5 bar, 87 ± 7 psi])
- A pre-regulator might be required to keep the source gas pressure within the required limits
- HCD collision gas: ultra-high-purity nitrogen (UHP > 99.999% pure) at 600 ± 50 kPa [6.0 ± 0.5 bar]
- For EASY IC option: ultra-high-purity nitrogen (UHP > 99.999% pure†) at 600 ± 50 kPa [6.0 ± 0.5 bar]

† with less than one ppm each water and oxygen



Dimensions (w, d, h)

- 534 × 763 × 703 mm (21 × 30 × 27.7 in)

Weight

- 120 kg (265 lb) without data system, vacuum rough pumps, and optional items

Environment

- System averages 3440 W (11,730 Btu/h) output when considering air conditioning needs
- Operating environment must be 18–27 °C (64–81 °F). Relative humidity must be 20–80% with no condensation
- Designed for indoor use at an altitude of up to 3000 m (10,000 ft) above sea level

Reference

1. Thermo Scientific™ Tribrid™ mass spectrometers, Thermo Scientific™ TSQ Altis™ mass spectrometer, Thermo Scientific™ TSQ Quantis™ mass spectrometer, and Thermo Scientific™ TSQ Fortis™ mass spectrometer

Learn more at thermofisher.com/OrbitrapExplorer480

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures. © 2019-2021 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved. Intel is a registered trademark of Intel Corporation. Microsoft and Windows are registered trademarks of Microsoft Corporation. All other trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific and its subsidiaries. This information is presented as an example of the capabilities of Thermo Fisher Scientific products. It is not intended to encourage use of these products in any manner that might infringe the intellectual property rights of others. Specifications, terms and pricing are subject to change. Not all products are available in all countries. Please consult your local sales representatives for details. **PS65449-EN 1021M**



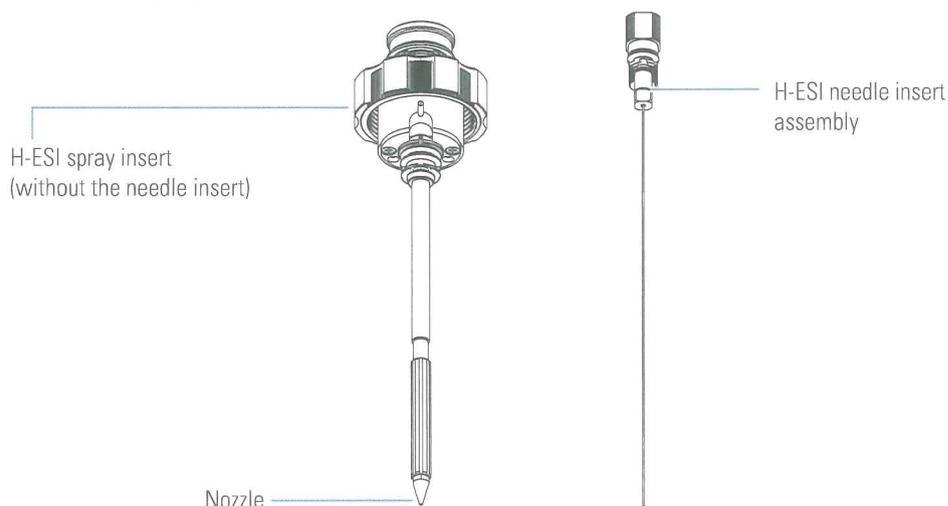
thermo scientific

H-ESI Spray Insert

The H-ESI spray insert includes a metal electrospray needle insert, a H-ESI nozzle, and the sheath gas and auxiliary gas plumbing. Sample and solvent enter the nozzle through one of two H-ESI needle inserts: one is for low flow (less than 10 $\mu\text{L}/\text{min}$) and the other, for high flow (greater than 10 $\mu\text{L}/\text{min}$). To change the needle insert, see “Replacing the H-ESI Metal Needle Insert.”

The H-ESI needle insert includes a stainless steel needle that extends from the sample inlet to approximately 1.2 mm (0.05 in.) past the end of the spray insert nozzle. Figure 11 shows the H-ESI needle insert removed from the H-ESI spray insert.

Figure 11. H-ESI spray insert and its metal needle insert



The MS applies a large negative or positive voltage (typically ± 3 to ± 5 kV) to the metal electrospray needle, which sprays the sample solution into a fine mist of charged droplets. The H-ESI spray insert delivers the sheath gas and auxiliary gas to the nozzle. The sheath gas is the inner coaxial nitrogen gas that sprays (nebulizes) the sample solution into a fine mist as it exits the electrospray needle (see the light blue lines in Figure 12). The heated auxiliary gas is the outer coaxial nitrogen gas that assists the sheath gas in the desolvation of sample solutions (see the green lines in Figure 13).

The auxiliary gas heats as it passes through the heater/vaporizer tube. The heater/vaporizer tube (Figure 7) is thermally insulated from the metal electrospray needle to prevent direct heating of the sample solution. You can control the heater/vaporizer temperature from the Thermo Scientific Tune or Method Editor application. The temperature range is from ambient room temperature to 550 $^{\circ}\text{C}$. For the recommended initial operating settings, see “Setting the Initial Ion Source Parameters.”

(-) 1.
加熱式
離子源





楊淑雯
Yeo
Sho-wen

thermo scientific



EASY-Spray technology

Plug-and-spray with state-of-the-art performance

一、(-)、>、可控端本奈米微流噴霧源離子源



ThermoFisher
SCIENTIFIC

Effortless nano electrospray ionization

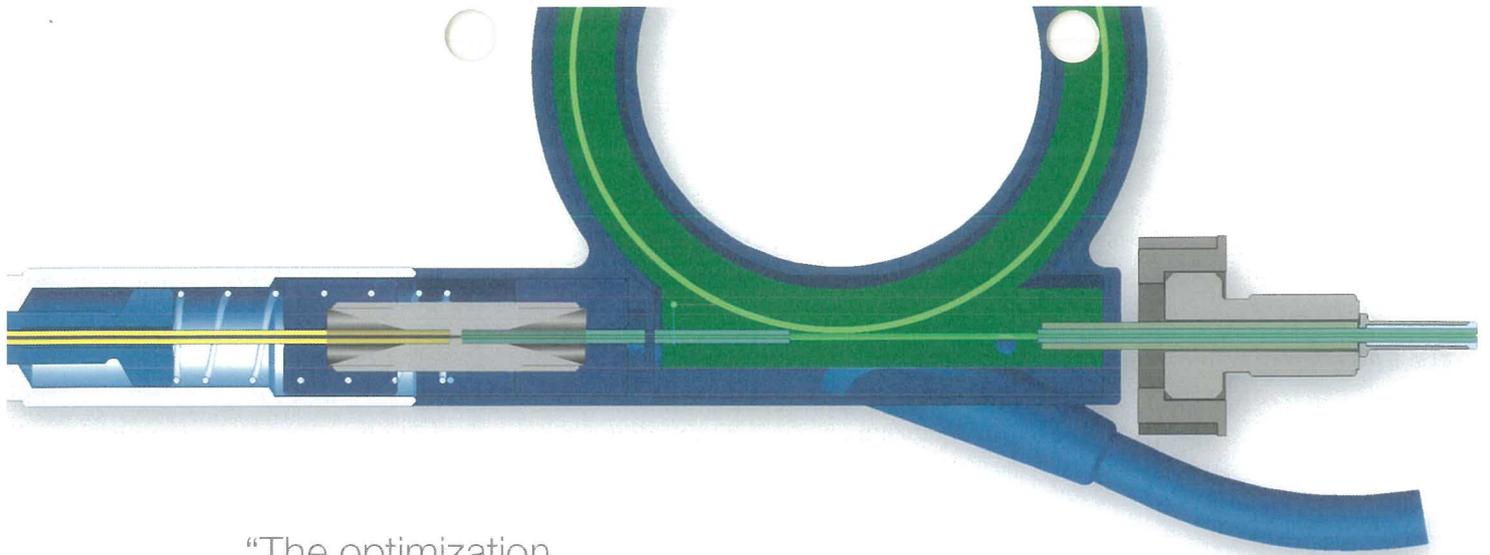


EASY-Spray source

Integrated design

Nano-flow LC-MS relies critically on perfect connections between several pieces of nano-bore tubing and high-voltage electrodes for the spray ionization. Thermo Scientific™ EASY-Spray™ technology provides an integrated and temperature-controlled column-emitter design using a single Thermo Scientific™ Dionex™ nanoViper™ connection between the LC and the EASY-Spray source to remove the most error-prone and difficult connections.

Plug-and-spray nano-electrospray ionization combined with industry-proven columns: the Thermo Scientific EASY-Spray.



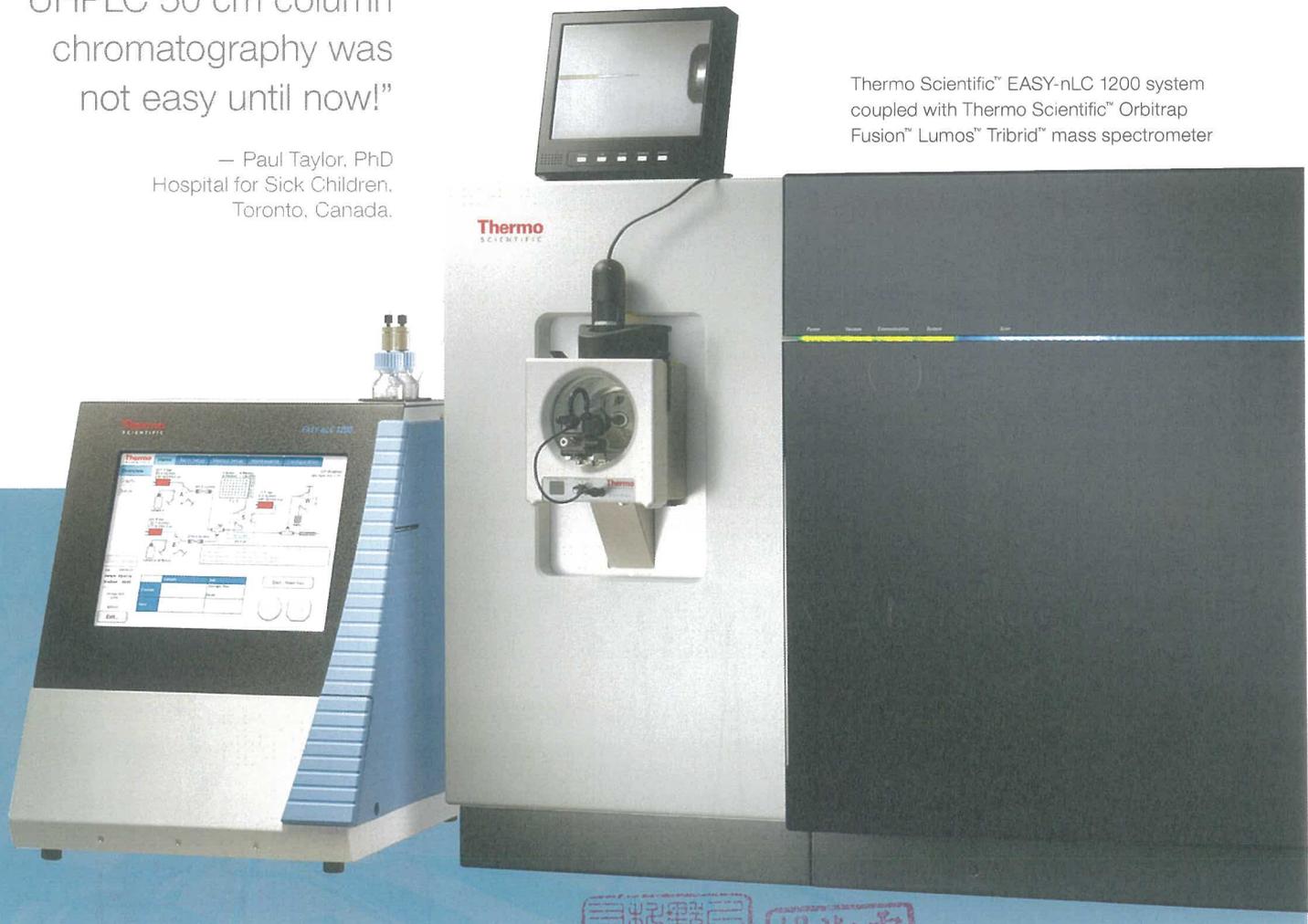
“The optimization and reproducibility achievable by years of nanospray experience are built into the device. Heated UHPLC 50 cm column chromatography was not easy until now!”

— Paul Taylor, PhD
Hospital for Sick Children,
Toronto, Canada.

More than ever before

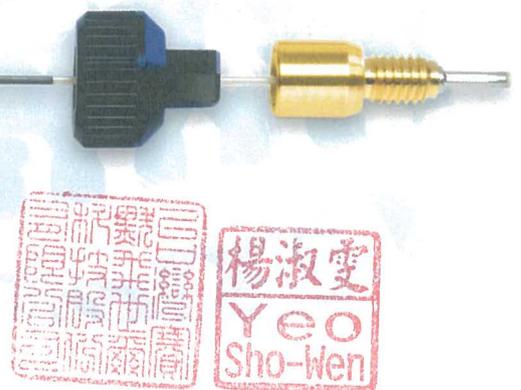
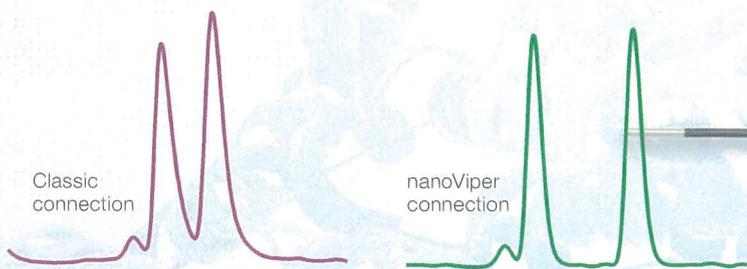
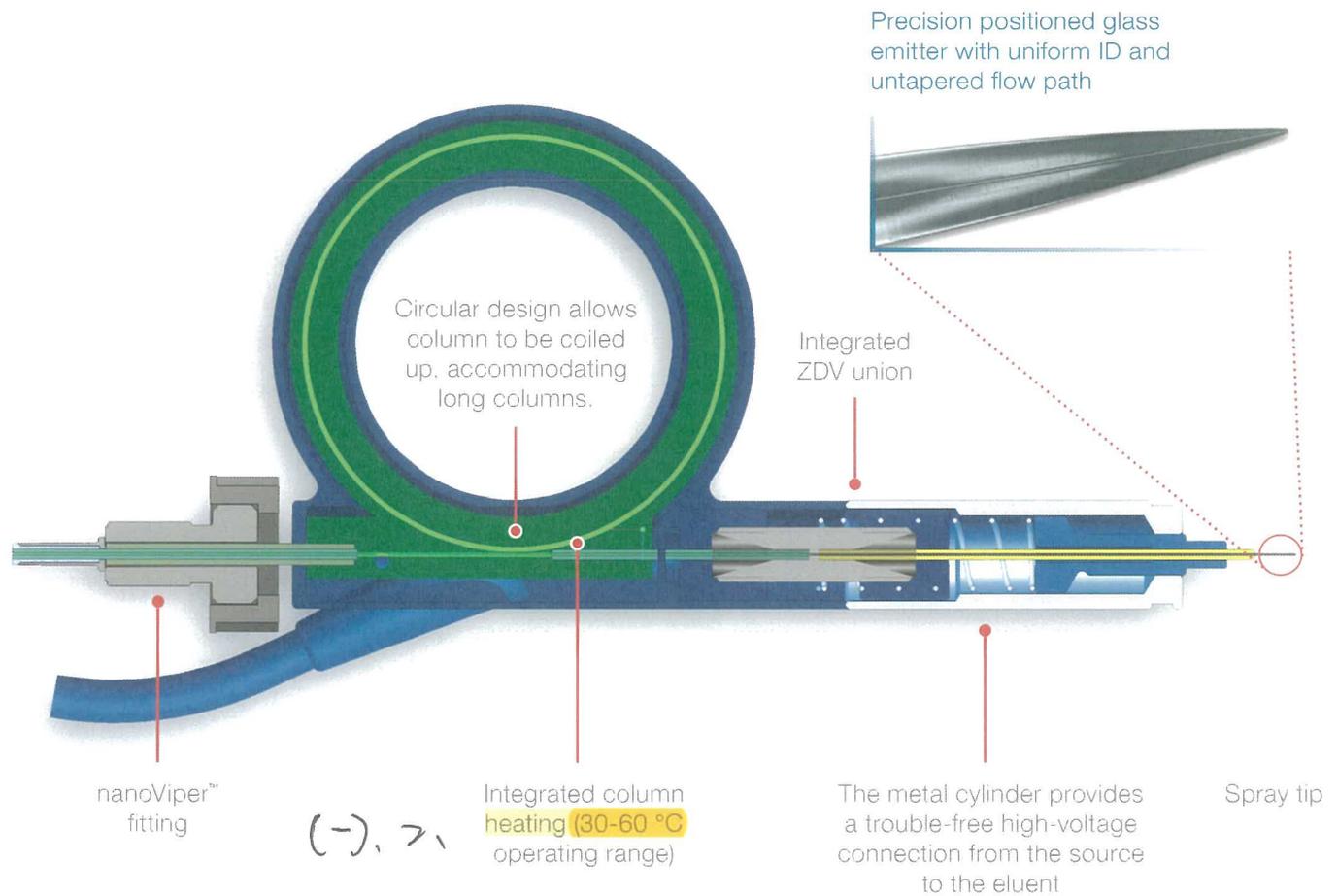
Thermo Scientific proteomics solutions are designed to give you more than ever before:
more throughput, more sensitivity, more separation power and more ease of use.

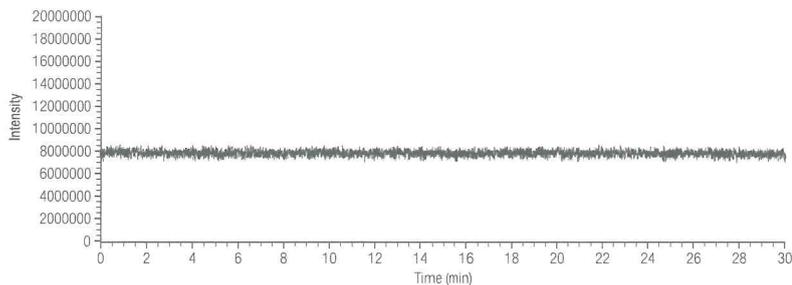
Thermo Scientific™ EASY-nLC 1200 system coupled with Thermo Scientific™ Orbitrap Fusion™ Lumos™ Tribrid™ mass spectrometer



Plug-and-spray nano-electrospray ionization

The EASY-Spray columns are high-tech assemblies that are carefully manufactured to the highest standards in nano-flow chromatography.





Excellent spray stability

Sample: Singly charged polytyrosine peptide
MS: Thermo Scientific LTQ Velos
Source setup: EASY-Spray source direct infusion emitter

Camera provides light and a convenient, magnified view of the emitter tip

Simply press until it clicks into place

Forward/backward adjustment knob

Power and sensor cable for EASY-Spray columns

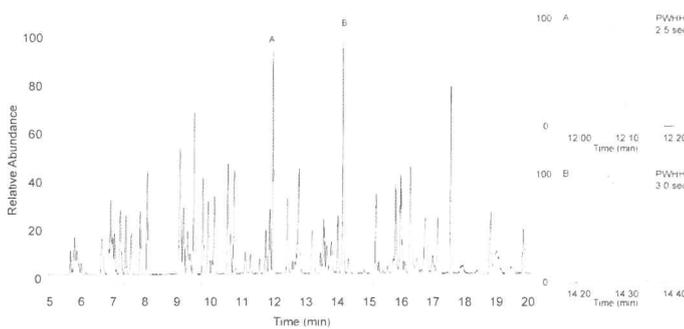
Temperature control display



State-of-the-art performance

Achieving state-of-the-art performance from nano-flow LS-MS was never easier: simply plug-and-spray

EASY-Spray delivers performance, reproducibility and reliable results.



Column: EASY-Spray ES901 (15 cm x 50 µm ID Thermo Scientific™ Acclaim™ PepMap™ RSLC C18, 2 µm)
Peak width A: 2.5s FWHM
Peak width B: 3.0s FWHM

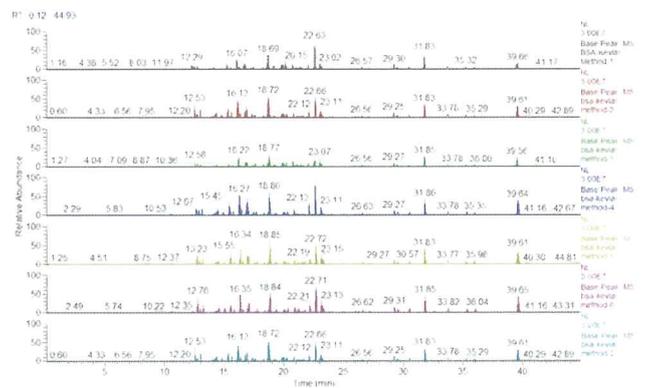
Courtesy of Karl Mechtler, Institute of Molecular Pathology (IMP), Vienna, Austria.

The combined column/sprayer fitted with nanoViper fittings eliminate dead volumes. The result: Ultra-sharp peaks (2.5-3.0 s full width half maximum) that maximize peptide coverage.

Outstanding reproducibility

7 BSA runs on a Thermo Scientific TSQ Vantage triple stage quadrupole mass spectrometer. Retention time precision less than 0.2% RSD.

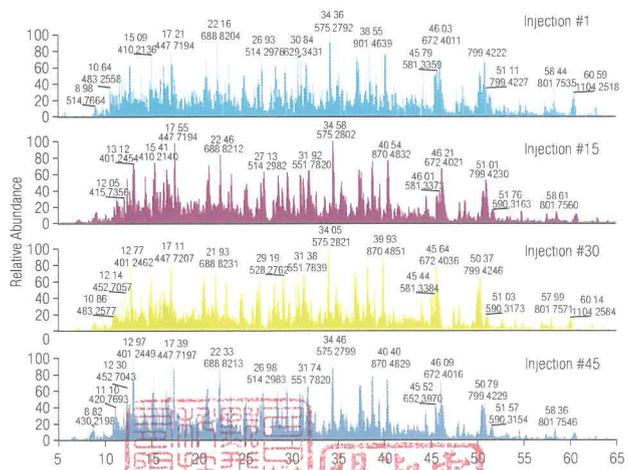
Courtesy of Paul Taylor and Thomas Kislinger, Hospital for Sick Children, Toronto, Canada.



Reliable results every time

EASY-Spray provides stable performance over time to match today's requirements for proteomics researchers.

Selected base peak chromatograms from 500 ng samples of E. coli digest analyzed on a Velos Pro Orbitrap instrument with over 45 repeat runs. A 50 µm ID x 15 cm column was used for the separation. The gradient was 5% B to 30% B in 60 min at 300 nL/min. The column heater was set at 35 °C.

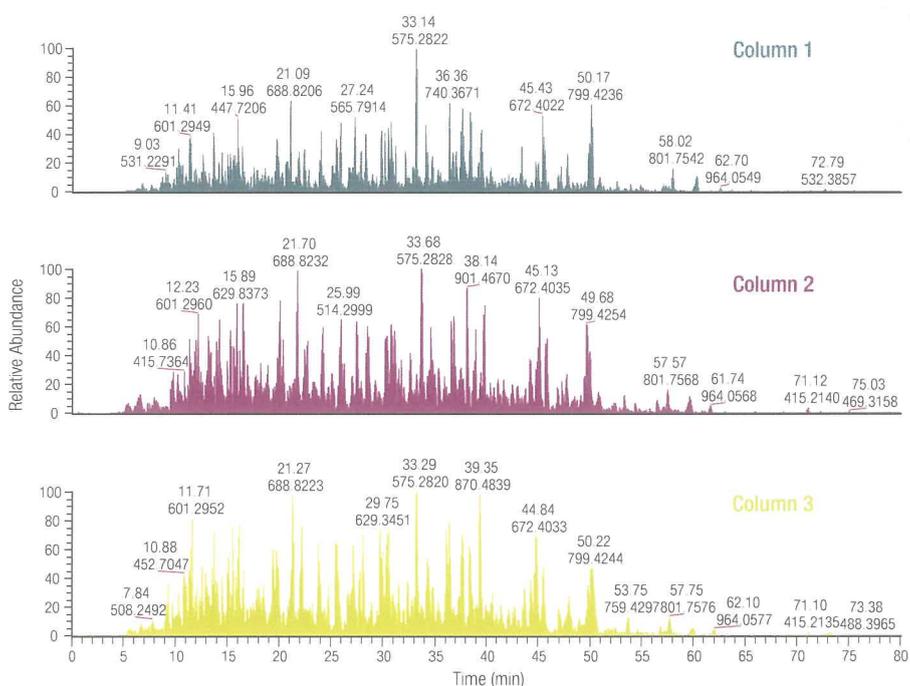


“Right off the shelf, with absolutely no optimization the first injection gave me beautiful peaks with FWHM times of 2.5-3 seconds!”

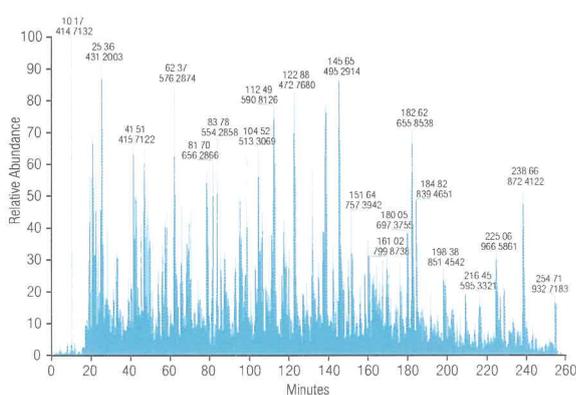
— Duncan Smith, PhD Paterson Institute for Cancer Research, Manchester, England.

Excellent inter-column reproducibility

Column-to-column reproducibility is extremely important in proteomics, particularly when running big experiments or multi-site collaborations. The exacting assembly precision of EASY-Spray columns ensures class leading performance on these parameters.



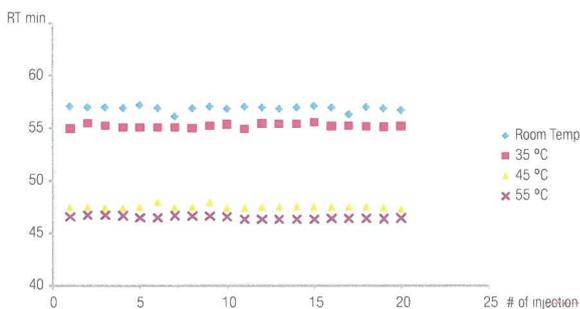
4,087 unique proteins were identified from a single HPLC separation of a 1000 ng human cell digest with a 50 cm EASY-Spray column.



Amazing peak capacity

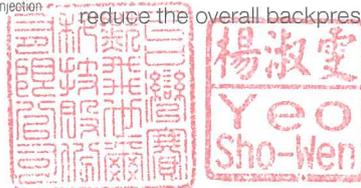
The entire assembly is designed for heavy use so you can utilize the full pressure range of your UHPLC front-end (up to 1000 bar) and benefit from small particles and long columns. Longer columns and longer gradients both contribute to more identifications.

RT reproducibility of peptide EAVNQVIALD³SGALR from 500 ng E.coli complex sample for 20 repeat runs in different temperature ranges.



Temperature control

Column temperature control immediately before the MS inlet increases run to run reproducibility and allows the use of even longer columns and/or smaller particle sizes since elevated temperatures lower eluent viscosity and reduce the overall backpressure.



thermo scientific

Full compatibility

EASY-Spray source is fully compatible with the following Thermo Scientific mass spectrometers and columns:



EASY-nLC 1200 system
Operational simplicity and excellent performance



Thermo Scientific Dionex UltiMate 3000 RSLCnano system
Versatility and unsurpassed precision

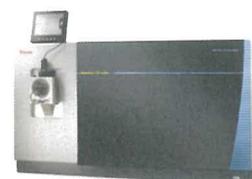
Thermo Scientific EASY-Spray source



Thermo Scientific EASY-Spray column



Thermo Scientific Q Exactive HF hybrid quadrupole-Orbitrap mass spectrometer

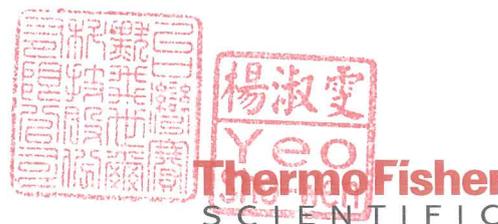


Thermo Scientific Orbitrap Fusion Lumos Tribid mass spectrometer

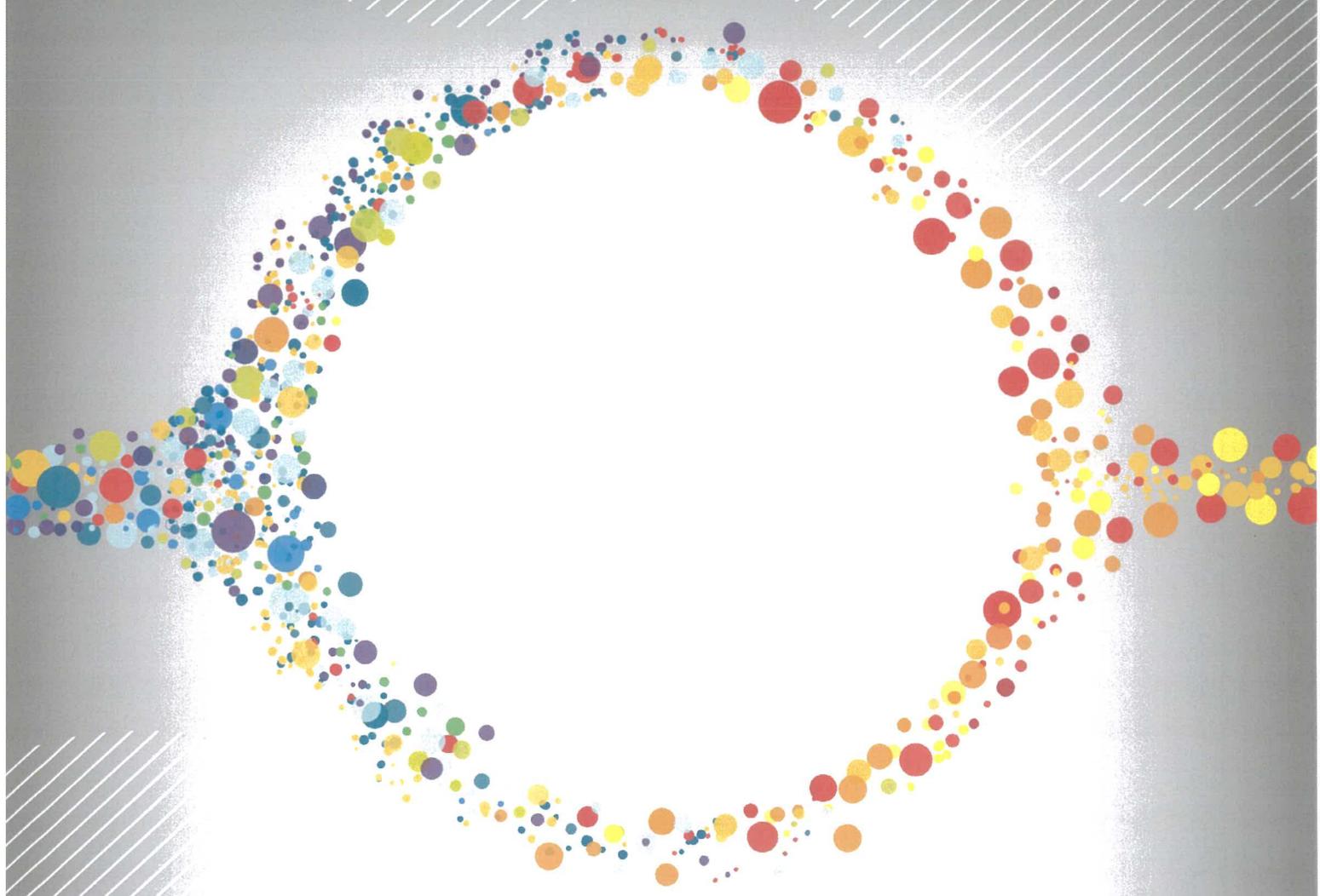


Thermo Scientific TSQ Quantiva triple quadrupole mass spectrometer

Find out more at thermofisher.com/EasySpray



©2020 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved. All trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific and its subsidiaries. This information is presented as an example of the capabilities of Thermo Fisher Scientific products. It is not intended to encourage use of these products in any manner that might infringe the intellectual property rights of others. Specifications, terms and pricing are subject to change. Not all products are available in all countries. Please consult your local sales representatives for details. BR70044-EN 0820



Mass spectrometry

Enhanced selectivity, ultimate flexibility

FAIMS Pro Duo interface

(一). 三離子遷移分離功能之裝置



thermo scientific

Enhanced selectivity accelerates your analytical workflow

The growing complexities of qualitative and quantitative analyses in both research and routine applications demand more selective and sensitive analytical techniques, reduced sample preparation, and confident data processing for a wider range of compound types. With industry-leading technical depth in mass spectrometry innovation, Thermo Fisher Scientific enables broader and deeper qualitative and quantitative analyses for small- and large-molecule applications than ever before.

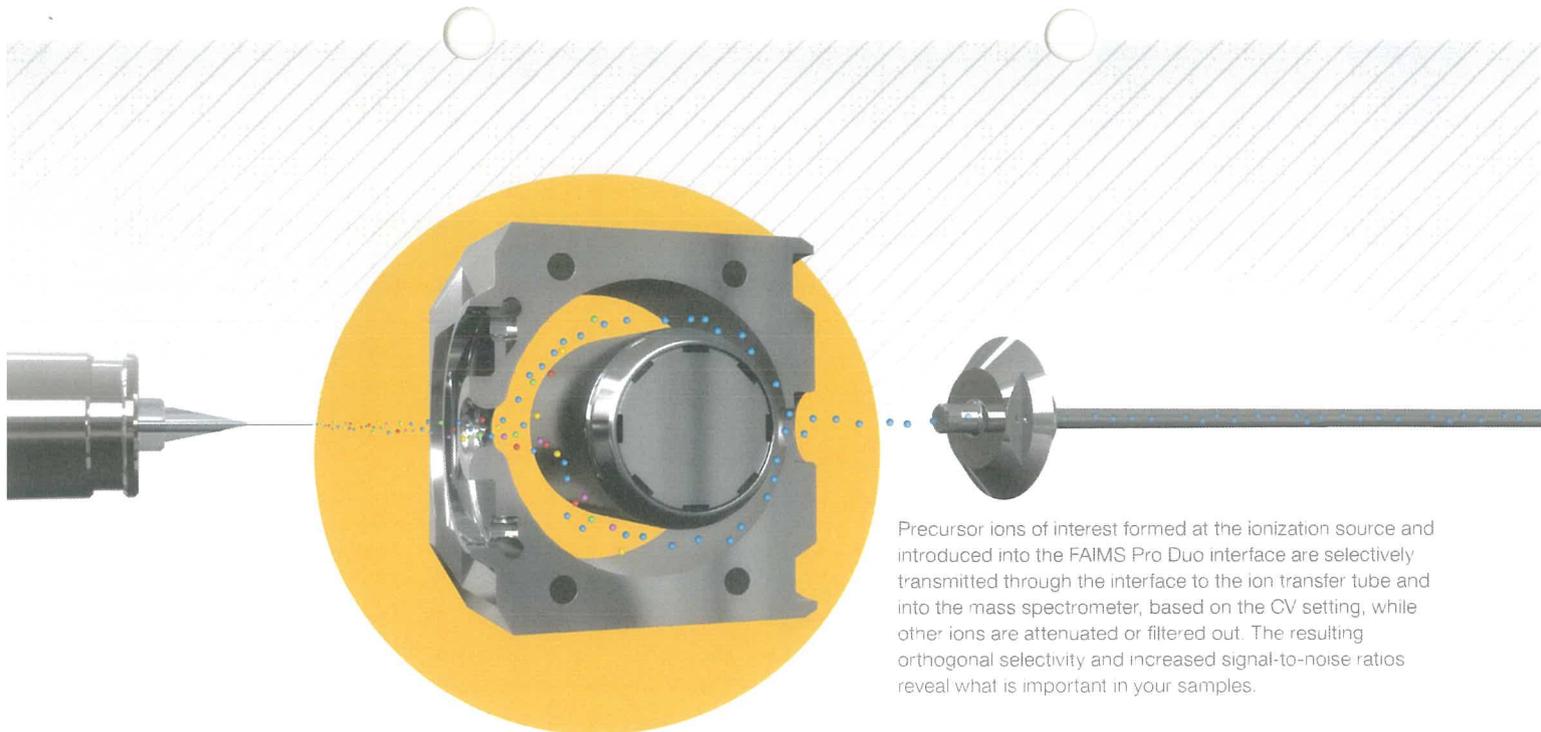
(-) 3、

The Thermo Scientific™ FAIMS Pro Duo interface extends differential ion mobility capability to multiple Thermo Scientific™ next-generation mass spectrometers, overcoming sample complexity and matrix interferences regardless of chromatographic flow rate or sample loading amount. Whether it's the discovery of novel analytes and putative biomarker panels, or a need for enhanced quantitative performance, the orthogonal selectivity offered by the FAIMS Pro Duo interface delivers increased productivity and data quality for every user.



The FAIMS Pro Duo interface is incorporated with Thermo Scientific™ LC and MS systems such as the Thermo Scientific™ EASY-nLC™ 1200 system and the Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 mass spectrometer to provide selective identification of more proteins and unique peptides, increasing coverage without extra work.





Precursor ions of interest formed at the ionization source and introduced into the FAIMS Pro Duo interface are selectively transmitted through the interface to the ion transfer tube and into the mass spectrometer, based on the CV setting, while other ions are attenuated or filtered out. The resulting orthogonal selectivity and increased signal-to-noise ratios reveal what is important in your samples.

Flexible to fit your work

Easily incorporated into existing targeted and untargeted workflows, maximizes sample profiling across wide dynamic loading amounts and chromatographic flow rates to increase experimental productivity.

Easy to install, use, and maintain

One-way assembly and installation without breaking instrument vacuum, simple calibration, and online Compensation Voltage (CV) optimization routines ensure ultimate usability and high-quality data for users of all skill levels.

Increases depth of analysis without extra work

Minimizes the time, expense, and variability of offline LC fractionation by carrying out online gas-phase fractionation prior to ion introduction into the mass spectrometer.

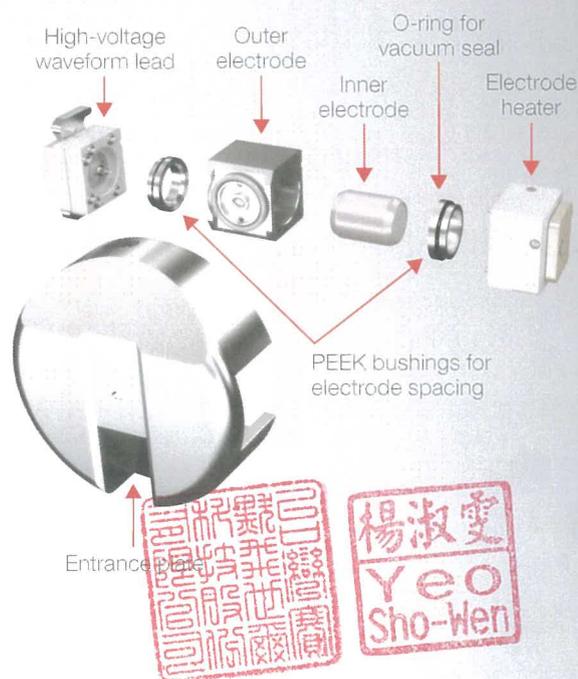
Conserves sample

Increases selectivity and sensitivity to maximize signal-to-noise ratios and sample coverage while conserving sample.

State-of-the-art interface enhances performance and usability

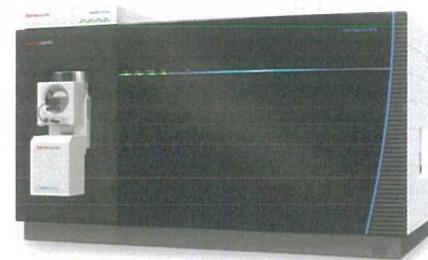
With advanced hardware, the FAIMS Pro Duo interface not only enhances experimental performance and data quality, a unique design also makes it easy to set up, use, and maintain.

- Optimized cylindrical geometry substantially increases ion transmission to the mass spectrometer with short residence times, allowing multiple CV settings per data acquisition method
- Operates ideally across a wide range of chromatographic flow rates (100 nL to 1 mL/min) or direct infusion
- Assembly and disassembly are fast and do not require breaking vacuum
- Assembly, including mounting to the instrument, takes less than two minutes and is one-way with perfect alignment and no fine-tuning
- Does not require standards for calibration



Orthogonal selectivity adds efficiency to proteomics workflows

The FAIMS Pro Duo interface integrates directly into existing workflows to enhance selectivity for a wide range of nanoflow proteomics applications, including post-translational modification (PTM) characterization, single-cell proteomics, structural biology, and targeted quantification. Gas-phase fractionation through differential ion mobility can increase proteome coverage and improve qualitative and quantitative data confidence. In many cases, the FAIMS Pro Duo interface provides the same coverage as time-consuming offline preparation.



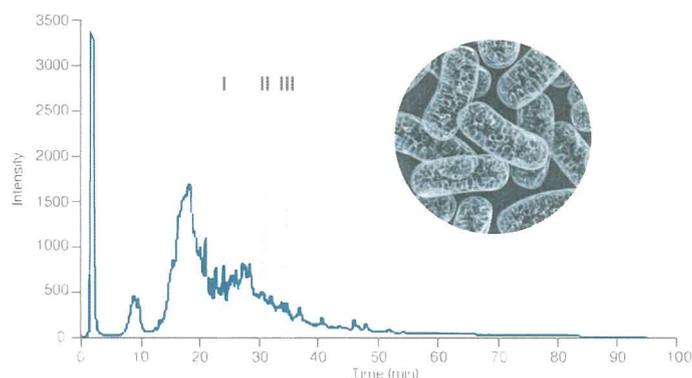
The FAIMS Pro Duo interface integrated with the Thermo Scientific™ Orbitrap Eclipse™ Tribrid™ mass spectrometer.

Enhanced selectivity, expanded sample coverage

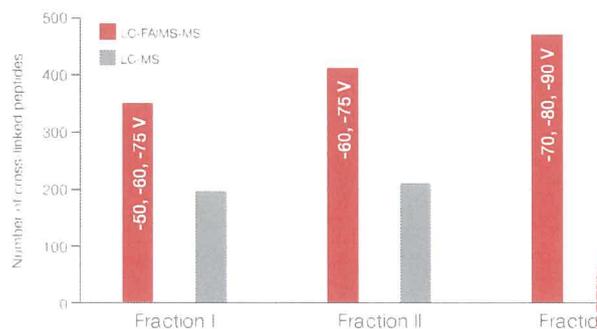
The FAIMS Pro Duo interface provides orthogonal precursor ion selectivity based on differential gas-phase mobility. The CV setting determines which group of ions are transmitted to the mass spectrometer for detection. To expand sample coverage in one experiment, multiple CV settings can be used and repetitively sampled to increase the number and type of

precursors detected and sequenced. The CV settings can be optimized to enhance transmission for subclasses of peptides and proteins, such as cross-linked peptides which generally have higher precursor charge states and molecular weights than co-eluting unmodified tryptic peptides. Compared to experiments performed without FAIMS separation,

stepping CV values results in gas-phase fractionation that increases detection of desired peptide types. By simply changing CV values, FAIMS selectivity can provide results that are similar to offline physical methods such as strong cation exchange (SCX) or size-exclusion chromatography (SEC).



Mouse-heart mitochondrial interactome fractions were evaluated for cross-linked peptide identification to demonstrate the benefit of the FAIMS Pro Duo interface. The three SCX fractions were collected at the shaded retention times and analyzed using LC-XL-MS (standard method) and LC-FAIMS-XL-MS. Additionally, three replicate injections were performed using different combinations of CV values. The bar graph shows an approximately twofold increase in the number of cross-linked peptides identified when FAIMS selectivity was applied. Interestingly, later SCX fractions required higher CVs as the charge-state distribution increased.*



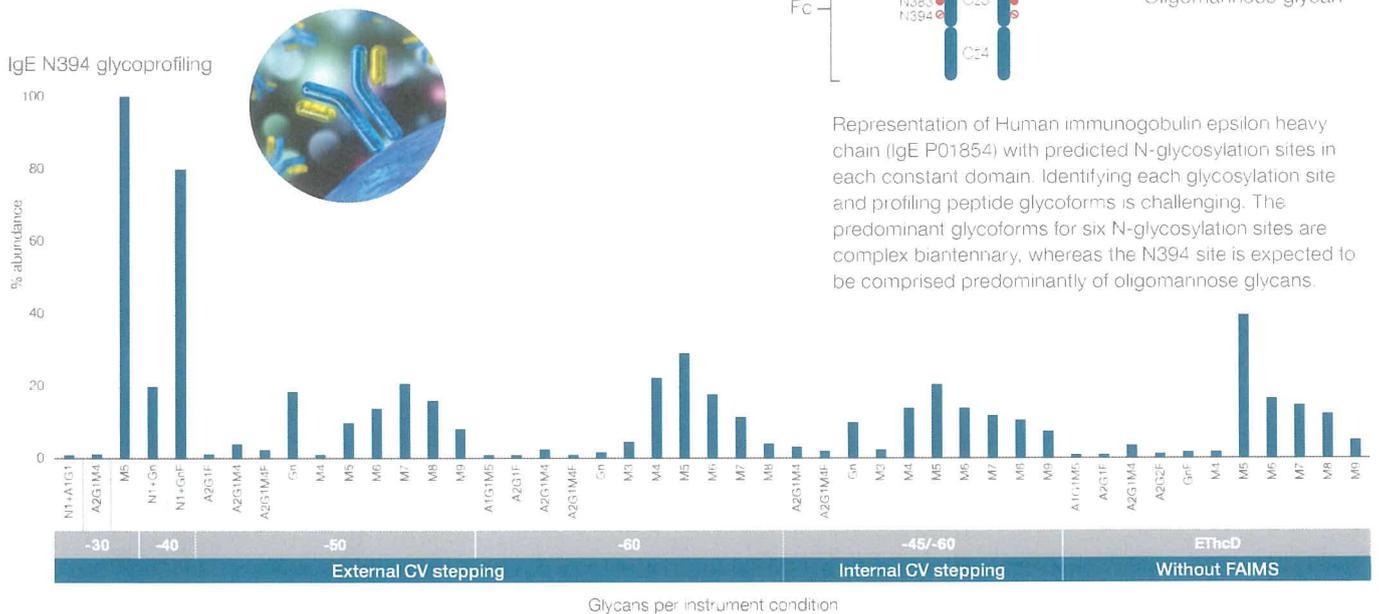
* Schnirch, L et al. *Anal. Chem.* 2020, 92(15), 10495.



Selectivity expands confidence for characterization of glycoproteins

Glycosylation is an abundant protein PTM that plays fundamental roles in various biological processes. A specific challenge in profiling protein glycosylation using LC-MSⁿ is identifying all glycosylation sites and determining the microheterogeneity at each site. The resulting digested sample can be extremely complex, containing modified and unmodified peptides. Additionally, the same peptide can be modified with different glycans that have minimal chromatographic separation and are present over wide dynamic ranges. Acquiring informative product ion spectra for lower abundance glycopeptides can also be difficult. The FAIMS Pro Duo interface enhances N- and O-linked glycoproteomics by modifying gas-phase fractionation using different CV settings to improve signal-to-noise ratios for glycopeptides, resulting in greater coverage and confidence.**

Increased glycoprotein characterization, simplified



Comprehensive N-linked glycosylation profiling of the IgE N394 site was evaluated using LC-MS and LC-FAIMS-MS. External CV stepping (one CV setting per analysis) and internal CV stepping (two CV settings per analysis) experiments were performed to determine optimal parameters to improve signal-to-noise ratios for enhanced detection of glycoforms and quality of resulting HCD and ETHcD product ion spectra. The bar graph shows that changing the CV settings provided greater glycoform coverage and relative abundance compared to experiments performed without FAIMS selectivity.†

	Without FAIMS	With FAIMS				
		-30 CV	-40 CV	-50 CV	-60 CV	-45/-60 CV
N140	A2S1G1F	Nonglycos	A2S2F	A2S2FB	A2G0F	A2G0F
N168	A2S1G1B	Nonglycos	A2S2B	A2S1G1	A2G1	A2G1
N218	A2S2F	Nonglycos	A2S2F	A2S2F	A2S1G1F	A2S2F
N265	A2G2F	Nonglycos	A2S2	A2S2	A2S1G1FB	A2S2
N371	A2S1G1FB	A2S1G1	A2S2FB	A2S1G1FB	A2S1G0FB	A2S1G1FB
N383	A2G2F	A2G2F	A2S2FB	A2G2F	A2G2F	A2G2F
N394	M5	M5	GnF	M7	M5	M5

This table lists the most abundant IgE glycoform identified per site without and with the FAIMS Pro Duo interface operated at different CV values. A CV setting of -30 V enabled glycoform characterization of the unmodified peptide. In addition, more negative CV settings enhanced glycoform detection and abundance. This study demonstrated that FAIMS selectivity provided detection and characterization of a large number of N-linked glycoforms, both non-glycosylated and glycosylated states.

** Izaham, ARA et al. *J. Proteome. Res.* 2021, 20(1), 599.

† Makau, A et al. ASMS 2020 and Thermo Fisher Scientific poster PQ656801EN-0422S.

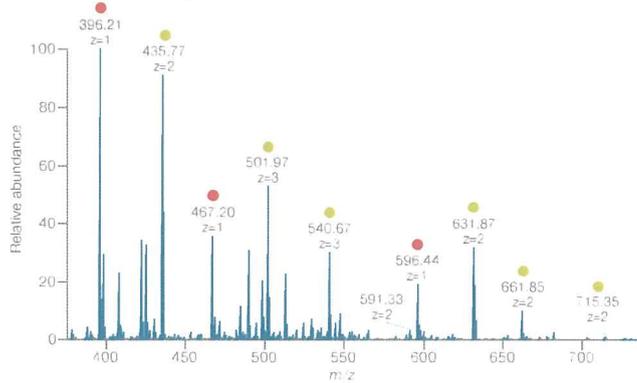
Increased confidence for low-level protein coverage

Recent research has focused on developing LC-MS methods capable of performing routine proteome profiling of very low protein loading amounts, including single-cell lysates. While extraction, sample preparation, and chromatography have been optimized to introduce peptides into the mass spectrometer, **orthogonal selectivity is needed to enhance accumulation of multiply charged ions relative to the more abundant singly charged background solvent and matrix ions.** The FAIMS Pro Duo interface performs gas-phase fractionation, enabling preferred accumulation of multiply charged ions to maximize the efficiency of data-dependent acquisition (DDA) routines and increase proteome coverage. Short-ion residence time in the FAIMS Pro Duo interface electrode assembly enables use of multiple CV settings in a single run to increase proteome coverage. The improved signal-to-noise ratios provide higher match scores that reduce false discovery rates (FDR) and that enable researchers to maintain high proteome coverage when using shorter chromatographic gradients and improve quantitative accuracy when using Thermo Scientific™ Tandem Mass Tag (TMT™) multiplexing.

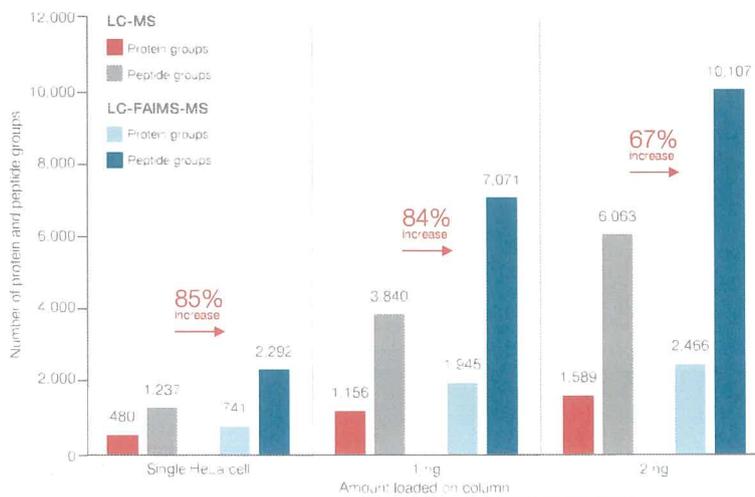
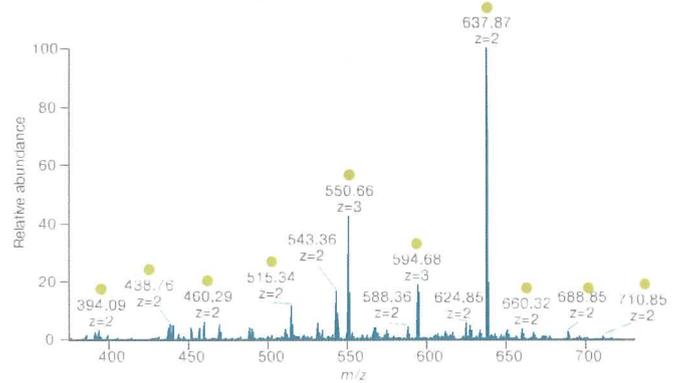
(1)
3.

Preferentially transmits peptides, not solvent ions, for improved sample coverage

LC-MS DDA analysis



LC-FAIMS-MS DDA analysis



Comparative performance for proteome coverage at low loading amounts of digested HeLa cell lysate analyzed with an Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer. The full-scan spectra acquired using LC-MS and LC-FAIMS-MS demonstrate the benefits of orthogonal selectivity in attenuating singly charged ion transmission through the FAIMS Pro Duo interface, resulting in increased accumulation of multiply charged precursors that are attributed to peptides. The bar chart shows the increased proteome coverage obtained from differential ion mobility. The percent increase in protein and peptide groups identified is even greater at lower loading amounts.



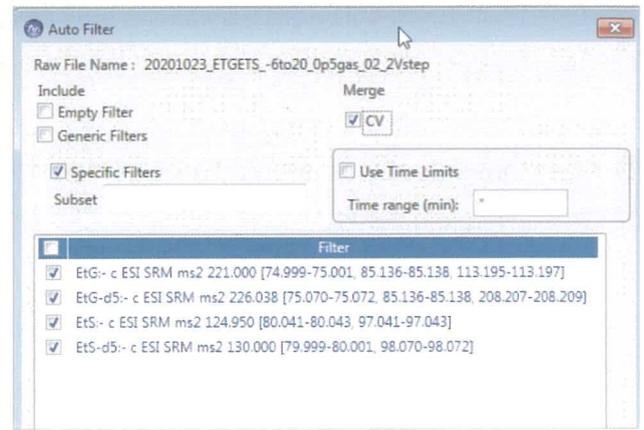
Everyday usability ensures performance

Intuitive tuning and CV optimization for one compound or many using direct infusion or online chromatographic separation simplify setup and use of the FAIMS Pro Duo interface with Thermo Scientific next-generation mass spectrometers. Simplified optimization routines enhance experimental performance regardless of user experience or availability of purified standards. Seamless integration is designed to support maximum productivity for your most demanding science.

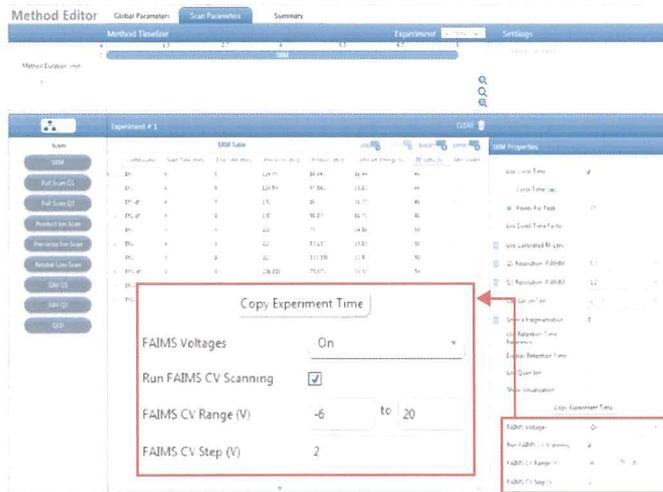
CV optimization routines for Orbitrap and triple quadrupole mass spectrometers



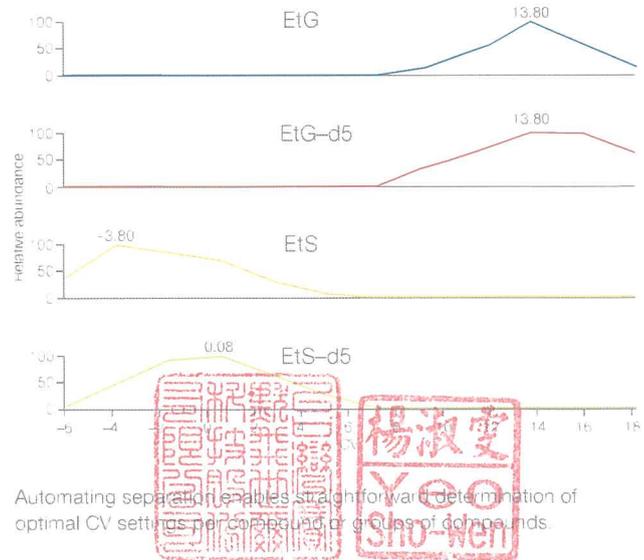
Screen capture displaying the data acquisition method used to perform online CV optimization for Thermo Scientific™ Orbitrap™-based mass spectrometers. CV optimization can be performed for a wide range of sample components. The number of CV steps repeatedly cycled through depends on the chromatographic peak width up to 20 CV settings.



Thermo Scientific™ FreeStyle™ software is used to process the CV optimization data from both instrument types. For each compound, the RAW data contains measured intensities at each CV setting. In FreeStyle software, checked options automate data extraction based on scan filters used to acquire the data. This is an example of SRM optimization on a TSQ Altis mass spectrometer.



CV optimization of selected reaction monitoring (SRM) methods for Thermo Scientific™ TSQ Altis™ and Quantis™ mass spectrometers. The inset shows the parameter settings that define the range of CV voltages and the step size throughout the direct infusion or LC gradient.



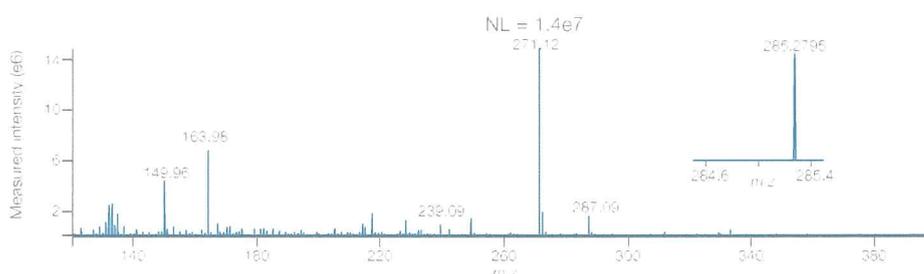
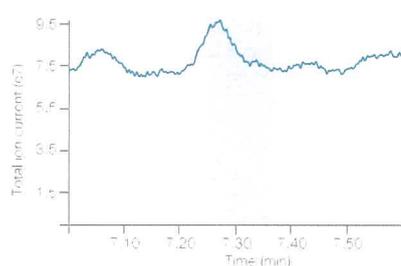
Automating separation enables straightforward determination of optimal CV settings for compounds or groups of compounds.

Improved targeted quantification using full-scan HRAM MS methods

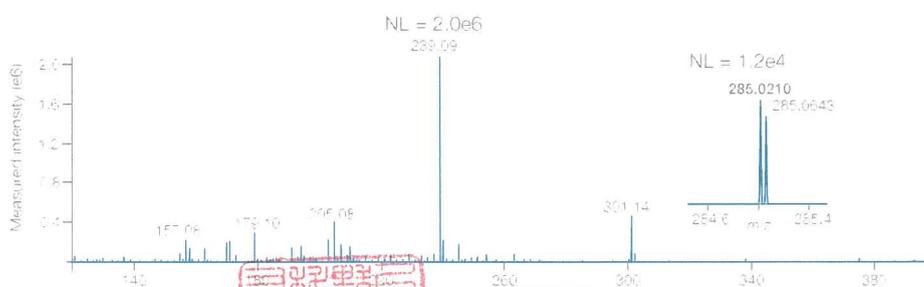
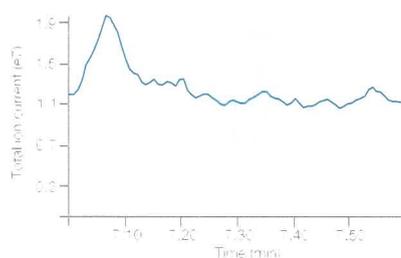
Confident targeted quantification across a wide dynamic range must be robust, accurate, and precise while maintaining throughput. Full-scan high-resolution, accurate-mass (HRAM) MS detection can simplify method development for small-molecule screening and quantification by using a single instrument setting to simultaneously acquire data on all precursor ions with m/z values within the user-defined range. While the resolution and mass accuracy achieved using Thermo Scientific™ Orbitrap™ mass analyzers is sufficient to separate ions associated with compounds of interest from co-eluting background ions, intense background ions transmitted through the quadrupole mass filter can limit the intra-scan dynamic range for very low-level targets. Incorporating the FAIMS Pro Duo interface into existing full-scan HRAM MS methods introduces orthogonal selectivity that can extend the lower limit of detection (LOD) and quantification (LOQ) by eliminating unwanted matrix ions before they enter the mass spectrometer. Multiple CV settings can be scheduled to enhance screening and quantification on multiple compounds.

Orthogonal selectivity lowers limits of detection

LC-MS



LC-FAIMS-MS



Sulfachlorpyridazine spiked into an acetonitrile extract of meat-muscle matrix at 0.1 ppm, ionized, and analyzed with and without the FAIMS Pro Duo interface using optimized CV values for enhanced performance. The total ion current (TIC) plots at left show the benefits of FAIMS selectivity in suppressing transmission of unwanted background ions through the interface by almost sevenfold during elution (marked in grey) compared to the standard method. The comparative full-scan mass spectra shows that the highly abundant background ions are greatly attenuated by FAIMS selectivity and that the m/z 239 ion, which was one of the lower abundance ions measured without FAIMS selectivity, becomes the most abundant ion measured. The inset shows the narrow mass range for the monoisotopic ion of sulfachlorpyridazine (m/z 285.0210) that was only detected with LC-FAIMS-MS. The selectivity of the Orbitrap mass analyzer measurement was sufficient to perform post-acquisition data extraction with mass measurement accuracy below 1 ppm.



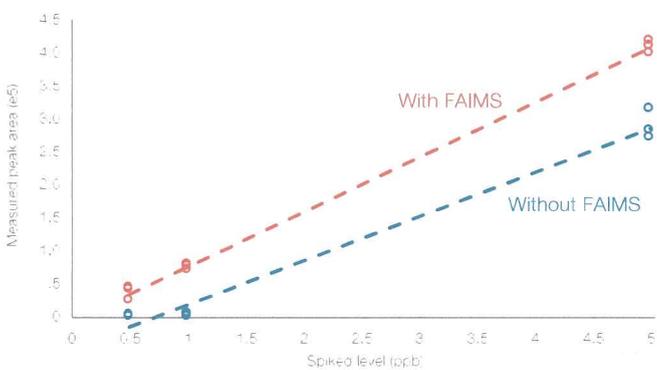
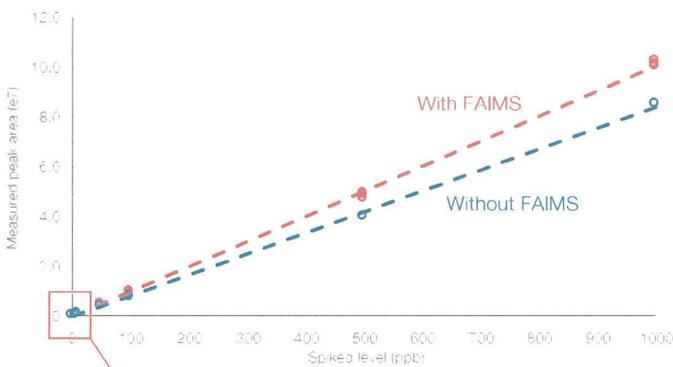
Automated data processing

Complex, targeted FAIMS Pro Duo interface LC-MS data are easily processed for high-level data interrogation. Thermo Scientific™ Tracefinder™ software manages data acquired at different CV settings and then merges the results into a concise, actionable report. In addition to detected and quantified compounds, processed results can also include dose-response, linearity, and LOD/LOQ.

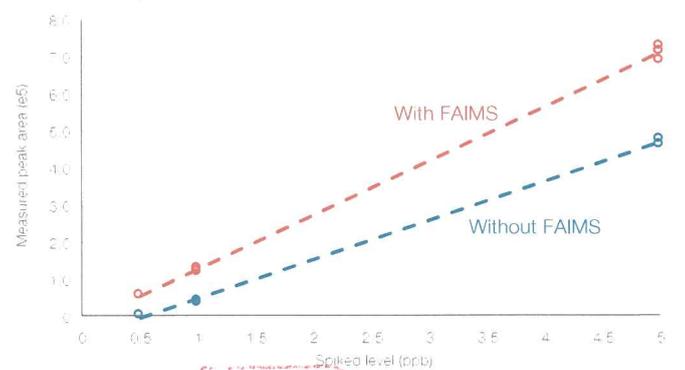
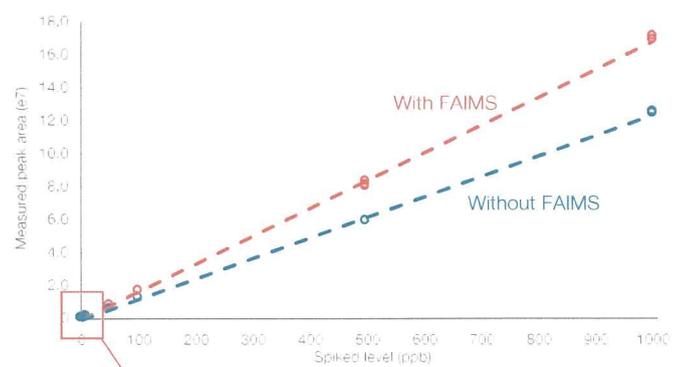
The FAIMS Pro Duo interface integrated with the Thermo Scientific™ Vanquish™ Core HPLC system with the Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 240 mass spectrometer.

Extends orthogonal selectivity over wide dynamic ranges

Sulfachlorpyridazine



Sulfamerazine



Veterinary drugs were spiked into an acetonitrile extract of meat-muscle matrix across a wide dynamic range (0.5 to 1000 ppb) to compare detection and quantification performance for a standard method versus a method with the FAIMS Pro Duo interface. Improved FAIMS selectivity demonstrated linear performance for both sulfachlorpyridazine and sulfamerazine, with a linear regression ≥ 0.99 without internal standards. All levels met the 20% reproducibility requirement. Performance was similar to the standard method, except the FAIMS method lowered the LOD to 0.5 ppb (bottom graphs covering the lowest three spiking levels).



Suppress chemical noise for improved SRM quantification

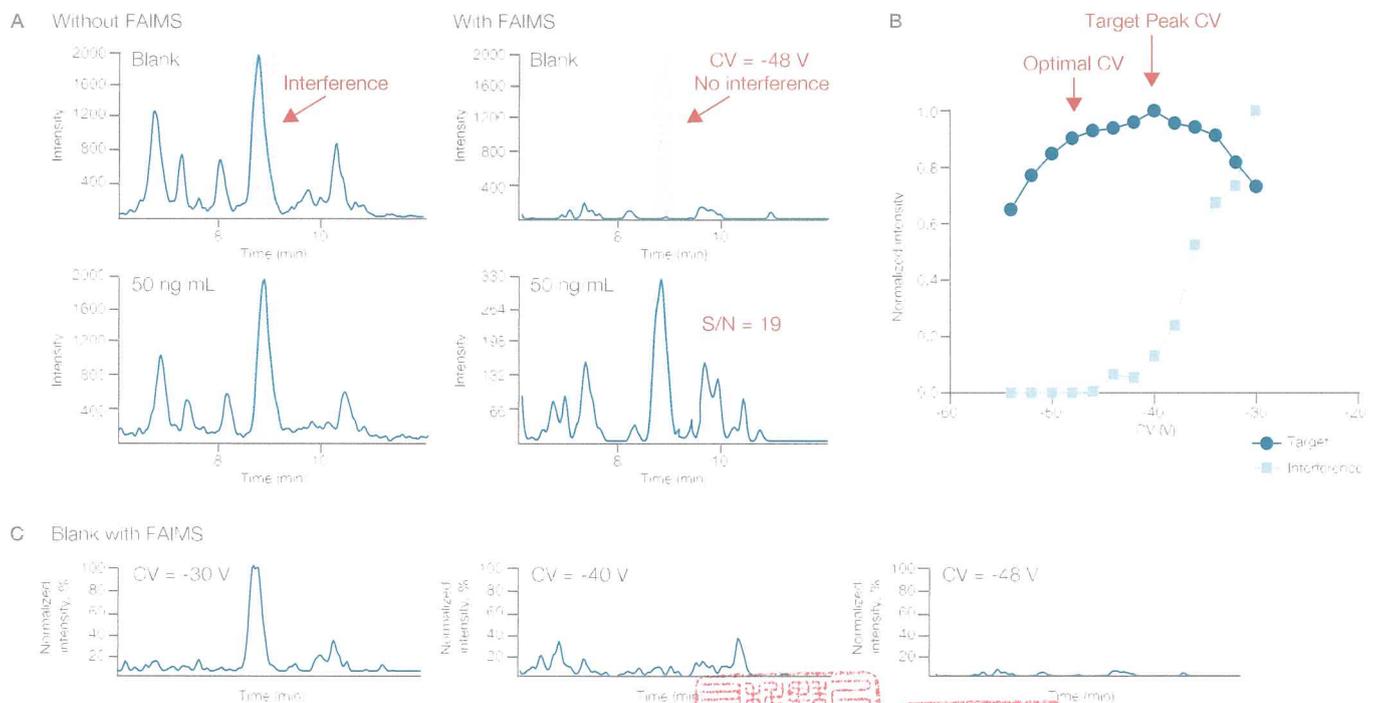
Targeted biotherapeutic quantification in biological matrices relies on enzymatic digestion to improve detection. Quantifying surrogate peptides covering unique protein sequence regions can improve the detection performance to enable reliable Pharmacokinetics (PK) studies. Protein digestion, however, increases complexity by converting every protein into tens to hundreds of peptides, resulting in an increased probability of isobaric interference with SRM transitions, failure to detect a true blank, and lower LOQ. Researchers often develop antibody-based extraction to improve selectivity, which is costly and time-consuming. The FAIMS Pro Duo interface can be used to suppress chemical noise for one or more peptides, independently, improving LOQ using the optimal CV value to improve workflow efficiency.



“The primary factor limiting the sensitivity of targeted protein quantification is the high interference from numerous peptides in highly complicated digested samples, rather than MS or SRM signal intensity. The FAIMS Pro Duo interface provides orthogonal selectivity that effectively separates the target from chemical noise with high reproducibility and robustness and can be integrated into an existing workflow to dramatically improve quantitative sensitivity without antibody enrichment.”

Jun Qu, Professor, SUNY Buffalo

Selectively removes chemical noise to improve LOQ



(A) High-throughput targeted biotherapeutic quantitative analysis in mouse plasma using a nano-FAIMS-MS/MS workflow. The targeted protein analysis was based on surrogate peptide measurements that used a high-flow spray rate along with a 25 μm chromatographic flow rate to balance loading capacity, sample throughput, and sensitivity. FAIMS selectivity removed chemical noise, enabling determination of a true blank and a 50 ng/mL LOQ. Without orthogonal selectivity, a loading amount of 1600 ng/mL was required to overcome the chemical noise for the targeted peptide. (B) Evaluation of the optimal CV setting to best attenuate chemical noise while preferentially transmitting the targeted peptide through the FAIMS Pro Duo interface. (C) Evaluation of the chemical noise suppression at the three marked CV settings using the FAIMS Pro Duo interface.¹

¹ Data provided courtesy of Prof. Jun Qu, The Dept. of Pharmaceutical Sciences, Univ. of Buffalo, State Univ. of New York. Background information on $\mu\text{Trapping}$ LC-MS/MS methods can be found in *Ana. Chem.* 2020, 92, 15152-15161.

Integrated intelligence

a foundation for compatibility between systems

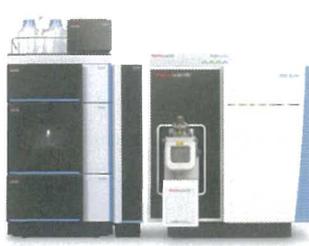
The FAIMS Pro Duo interface is compatible with a range of Thermo Scientific next-generation mass spectrometers, all of which deliver ease of use without sacrificing high performance. Combining the FAIMS Pro Duo interface with the intelligent acquisition strategies that are built into the instrument control software offers parameter portability across multiple platforms for a true sample-to-knowledge workflow solution. Common capabilities include One-Click method setup, Application mode with best-practice default parameters, and a common instrument method interface on the Thermo Scientific™ Orbitrap™ Tribrid™ mass spectrometer and Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ mass spectrometer platforms, as well as the TSQ Altis and TSQ Quantis triple quadrupole mass spectrometers.

The FAIMS Pro Duo interface is compatible with:

- Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ mass spectrometers
- Thermo Scientific™ Orbitrap™ Tribrid™ mass spectrometers
- Thermo Scientific™ TSQ Altis™ mass spectrometer
- Thermo Scientific™ TSQ Quantis™ mass spectrometer
- Thermo Scientific™ EASY-Spray™ source
- Thermo Scientific™ Nanospray Flex™ ion source
- Thermo Scientific™ VeriSpray™ PaperSpray ion source
- Thermo Scientific™ OptaMax™ NG ion source



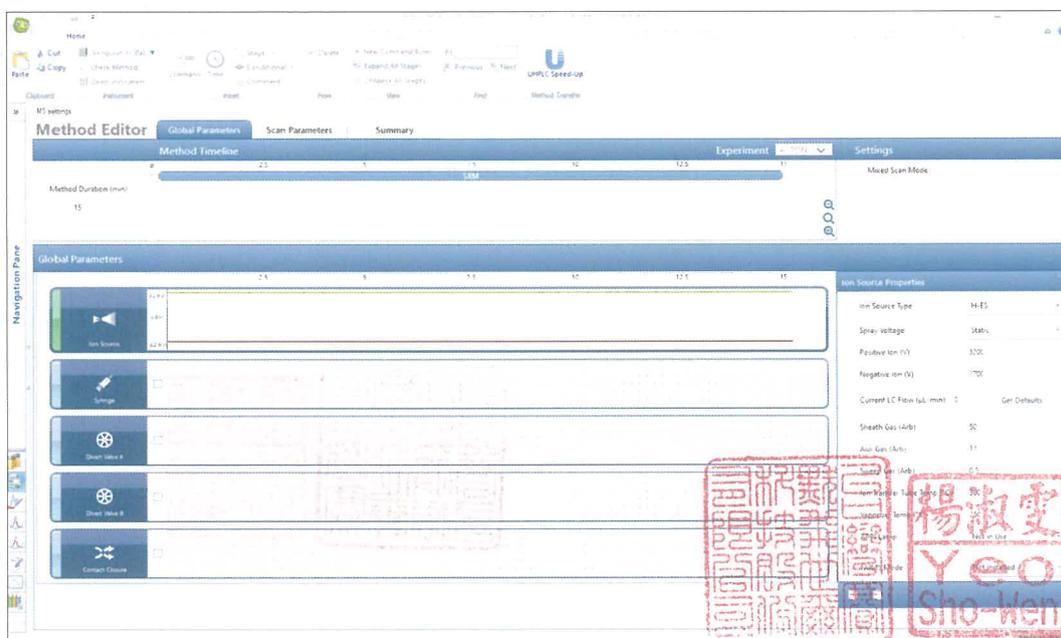
The Thermo Scientific Vanquish Core HPLC system with the Orbitrap Exploris 240 mass spectrometer.



The Thermo Scientific Vanquish™ Horizon UHPLC system with the TSQ Altis mass spectrometer.



The Thermo Scientific EASY-nLC 1200 with the Orbitrap Eclipse Tribrid mass spectrometer.



The Method Editor that is consistent across the Thermo Scientific next-generation mass spectrometers.



Almanac web-based monitoring and management

Stay connected to your science. See how the Thermo Scientific™ Almanac™ application can help you get the most out of your instruments.

thermofisher.com/almanac



Technical and online support: peak performance for your instruments

Helping you keep your instruments running at peak performance is our goal. Whether you're looking for an instrument manual or spare parts, want to submit a repair request, or check on the status of your warranty or service contract, we have every support option you're looking for.

thermofisher.com/technicalresources



Protecting your investments: unparalleled laboratory services

Unity™ Lab Services provides a single source for integrated lab service, support, and supply management. Our customized service offerings and world-class service experts have the flexibility and experience to address your laboratory's needs. We provide a complete portfolio of services and support solutions designed to help you improve productivity, reduce total cost of ownership, and ensure performance throughout your laboratory.

unitylabservices.com



Thermo Scientific™ Xcalibur™ software

thermofisher.com/Xcalibur



Thermo Scientific™ BioPharma Finder™ software

thermofisher.com/BioPharmaFinder



Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ software

thermofisher.com/ProteomeDiscoverer



Thermo Scientific™ TraceFinder™ software

thermofisher.com/TraceFinder



Learn more at thermofisher.com/FAIMSProDuo

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures. © 2021 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved. Tandem Mass Tag and TMT are trademarks of Proteome Sciences plc. All other trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific and its subsidiaries unless otherwise specified. This information is presented as an example of the capabilities of Thermo Fisher Scientific Inc. products. It is not intended to encourage use of these products in any manner that might infringe the intellectual property rights of others. BR66007-EN 0521M

ThermoFisher
SCIENTIFIC



Vanquish Neo UHPLC System
Beyond brilliant



thermo scientific



The new standard in nano-, capillary-, and micro-flow LC

For researchers pursuing the next scientific breakthrough, the Thermo Scientific[™] Vanquish[™] Neo UHPLC system offers the highest performance, productivity, and usability of any nano-, capillary-, and micro-flow UHPLC system.

Beyond discovery

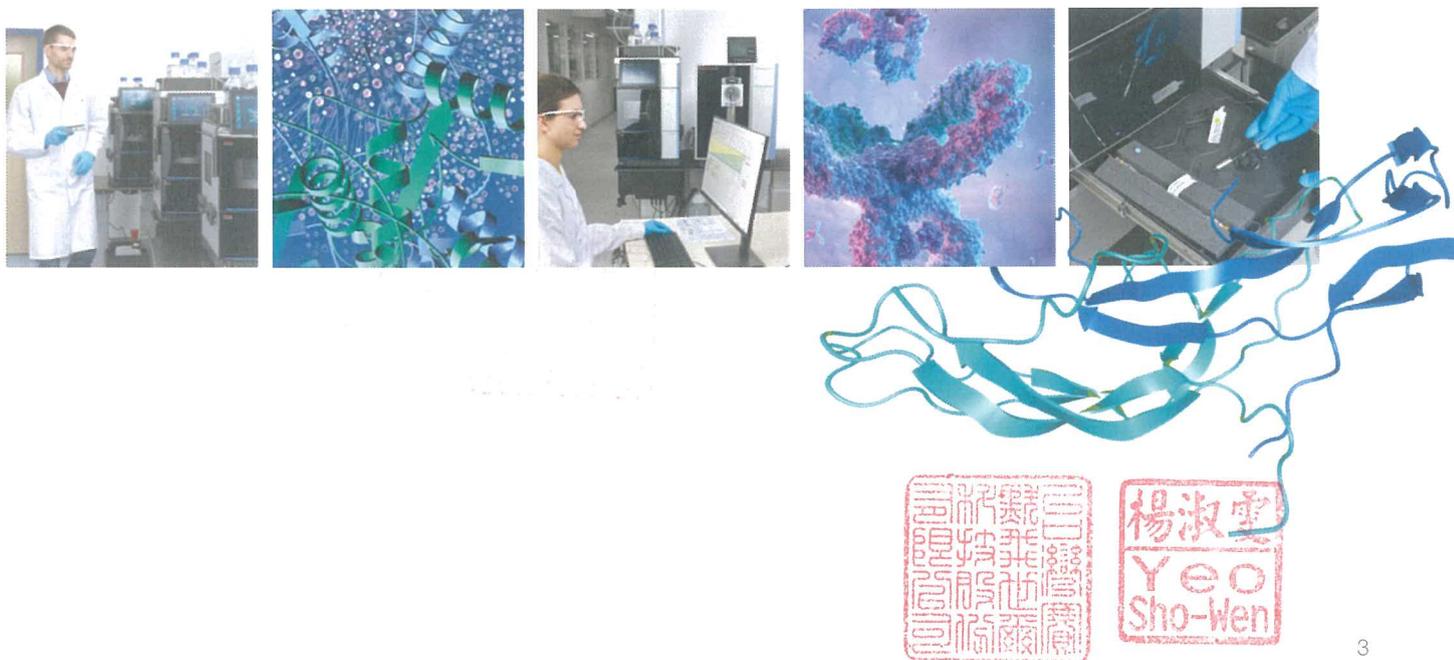
All-in-one nano-, capillary-, and micro-flow LC for high sensitivity LC-MS workflows.

Beyond innovation

Accelerating productivity with long-term, trouble-free operation at maximum performance.

Beyond possibilities

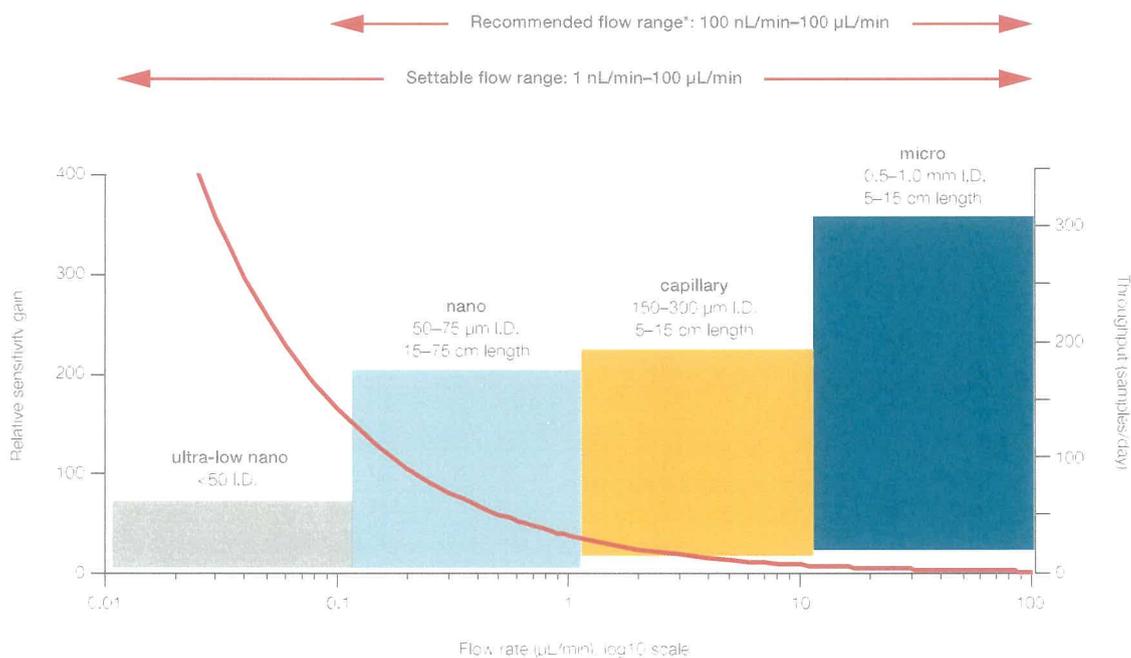
Enabling LC-MS experts and novice users to get high-quality results, every time.



All-in-one low-flow UHPLC system

Discover more in every sample with excellent system performance and unmatched retention time precision for shallow gradients, high-throughput applications, and anything in between. Vanquish Neo is the first UHPLC system built not only to operate, but to excel across the entire low-flow range ideal for LC-MS applications.

- Thermo Scientific™ ProFlow™ XR active flow control for robust operation from nano up to 100 $\mu\text{L}/\text{min}$ flow without pump hardware changes
- Factory multi-point flow calibration for precise and reproducible flow delivery of standard solvent blends
- Ultra-low 0.5 μL gradient delay volume (GDV) maintains efficiency and ensures rapid gradient delivery for maximum sample throughput



The Vanquish Neo UHPLC system delivers flow rates from 1 nL/min to 100 $\mu\text{L}/\text{min}$ to support a broad range of high-sensitivity LC-MS workflows. Sensitivity gain (red trace) relative to a 2.1 mm I.D. column operated at 450 $\mu\text{L}/\text{min}$ corresponds to increased electrospray ionization efficiency at lower LC flow rates. The Vanquish Neo UHPLC system permits maximum sample throughput for a broad range of low-flow columns and applications (colored bars).

* Within specifications for retention time precision ($\leq 0.2\%$ PSD or ≤ 0.1 SD).

Enabling precise temperature control

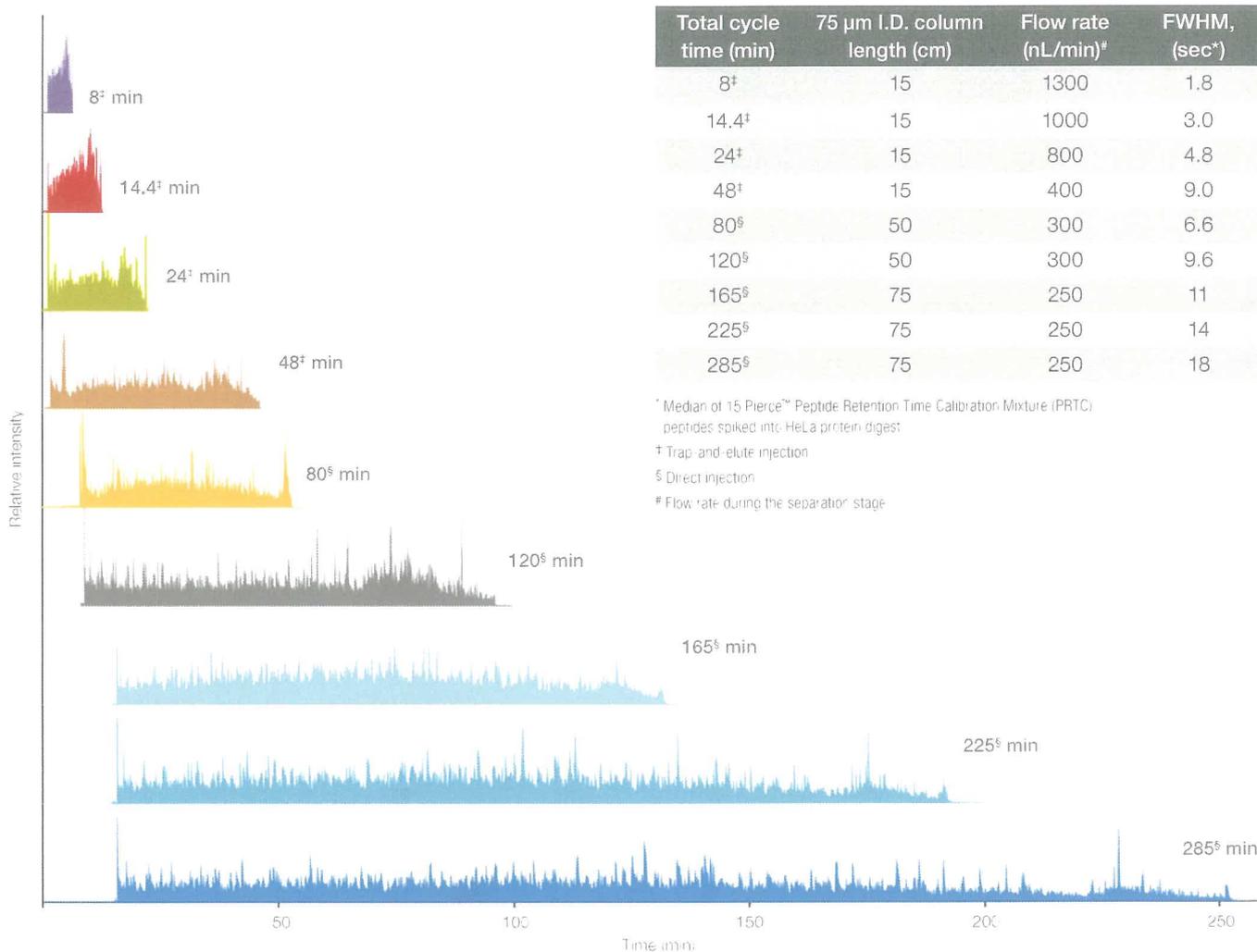
Ideal for micro-flow LC-MS applications, the optional Vanquish Neo column compartment provides stable temperature control for linear columns, coiled capillary columns, and trap columns.



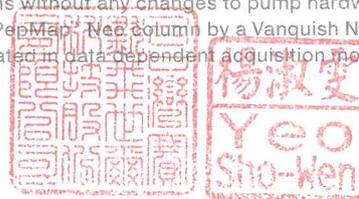
Versatile high-sensitivity LC-MS workflows

From maximizing peptide identifications in discovery proteomics to high-throughput precision medicine, the Vanquish Neo UHPLC system was designed with the versatility to tackle all your high-sensitivity analyses.

- Industry-leading flow-pressure footprint enables high-resolution separations on ultra-long columns, high-throughput analysis on 1.0 mm I.D. columns and ultra-high sensitivity analysis on 75 μ m I.D. columns without changes to pump hardware
- Optimized configurations including direct and trap-and-elute injections improve productivity and ensure superior performance within a broad range of LC-MS workflows



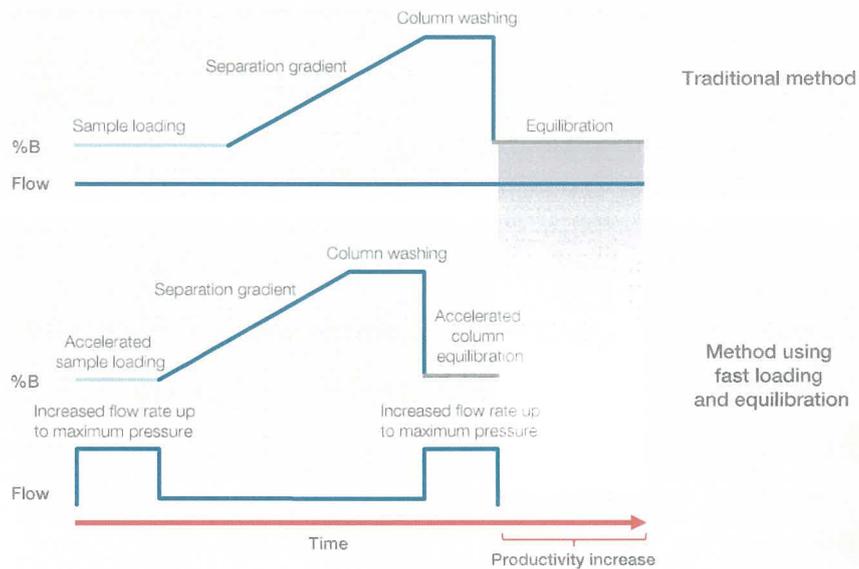
The Vanquish Neo UHPLC system supports a broad range of flow rates and gradient lengths without any changes to pump hardware. For all runs, 1 μ g of HeLa protein digest was separated on a Thermo Scientific™ EASY-Spray™ Peptide Neo column by a Vanquish Neo UHPLC system interfaced to a Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 mass spectrometer operated in data-dependent acquisition mode.



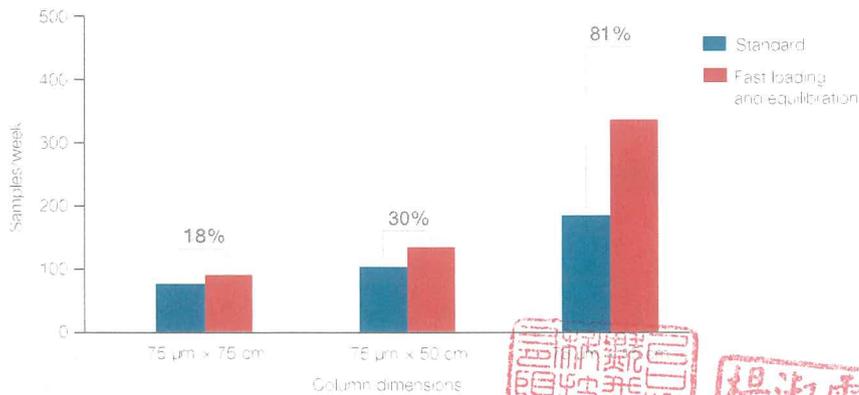
Accelerate productivity

In your lab, system performance and productivity shouldn't be at odds. The Vanquish Neo UHPLC system enables you to consistently generate high quality data while maximizing MS utilization.

- High pressure capabilities and an ultra-low GDV ensure maximum sample throughput for a broad range of column diameters and lengths
- Fast sample loading and column equilibration reduce overhead time and improve MS utilization



Fast sample loading and equilibration increase system productivity.



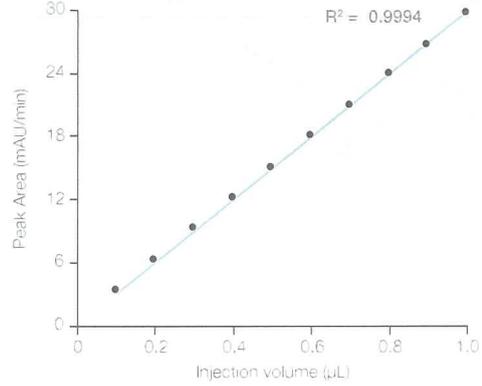
Comparison of sample throughput with and without fast sample loading and column equilibration. Estimated increase in sample throughput ranges from 18-81%, depending on column dimensions.



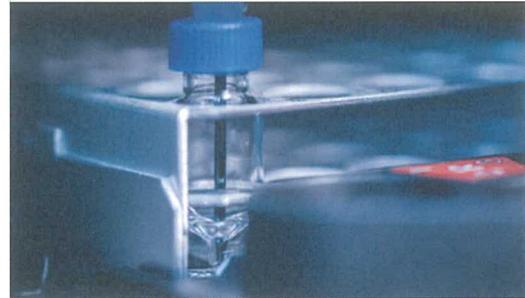
Maximize performance

Built from the ground up in order to redefine the low-flow chromatographic system, the innovative Vanquish Neo Split Sampler NT provides superior sample injection performance.

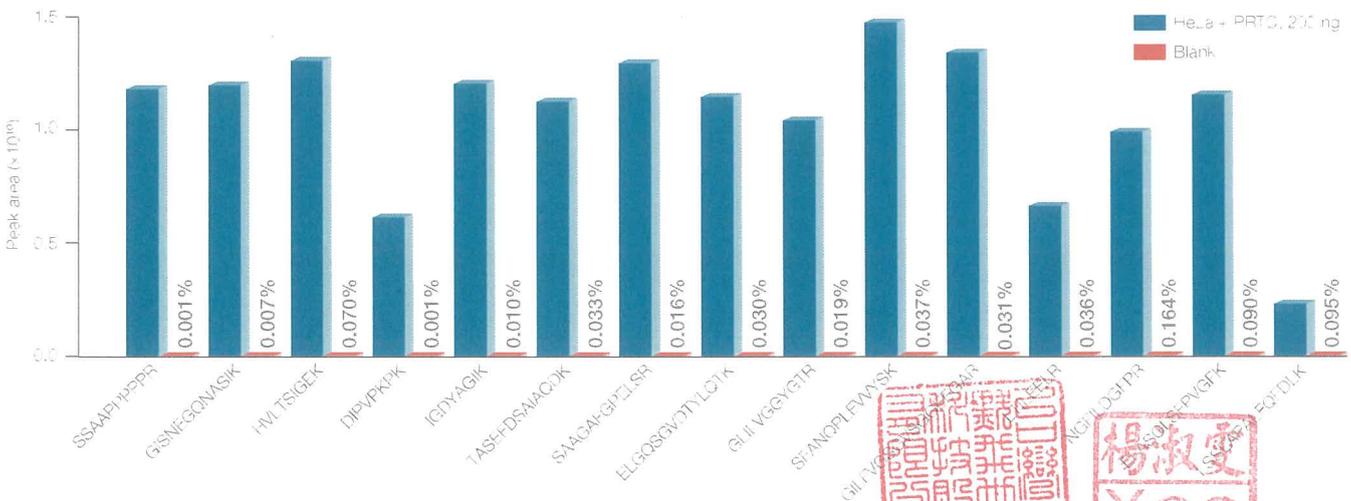
- Unique low-flow split-loop autosampler design limits sample dispersion, system carryover, and sample usage to maximize sensitivity and data quality
- Novel valve and fluidic designs ensure low gradient delay volume for increased system productivity
- Metering device delivers wide injection volume linearity, high injection volume precision and accuracy, and multi-draw capabilities for enhanced quantitation
- Multi-wash injection routines minimize system carryover for improved sensitivity of low-level analytes
- Vial bottom detection technology enables precise and accurate injection from limited sample volumes, decreasing sample waste



Injection volume linearity of a caffeine standard from 0.1 to 1.0 µL using flow injection analysis.



Vial bottom detection technology enhances injection volume linearity and precision while minimizing waste of limited samples.

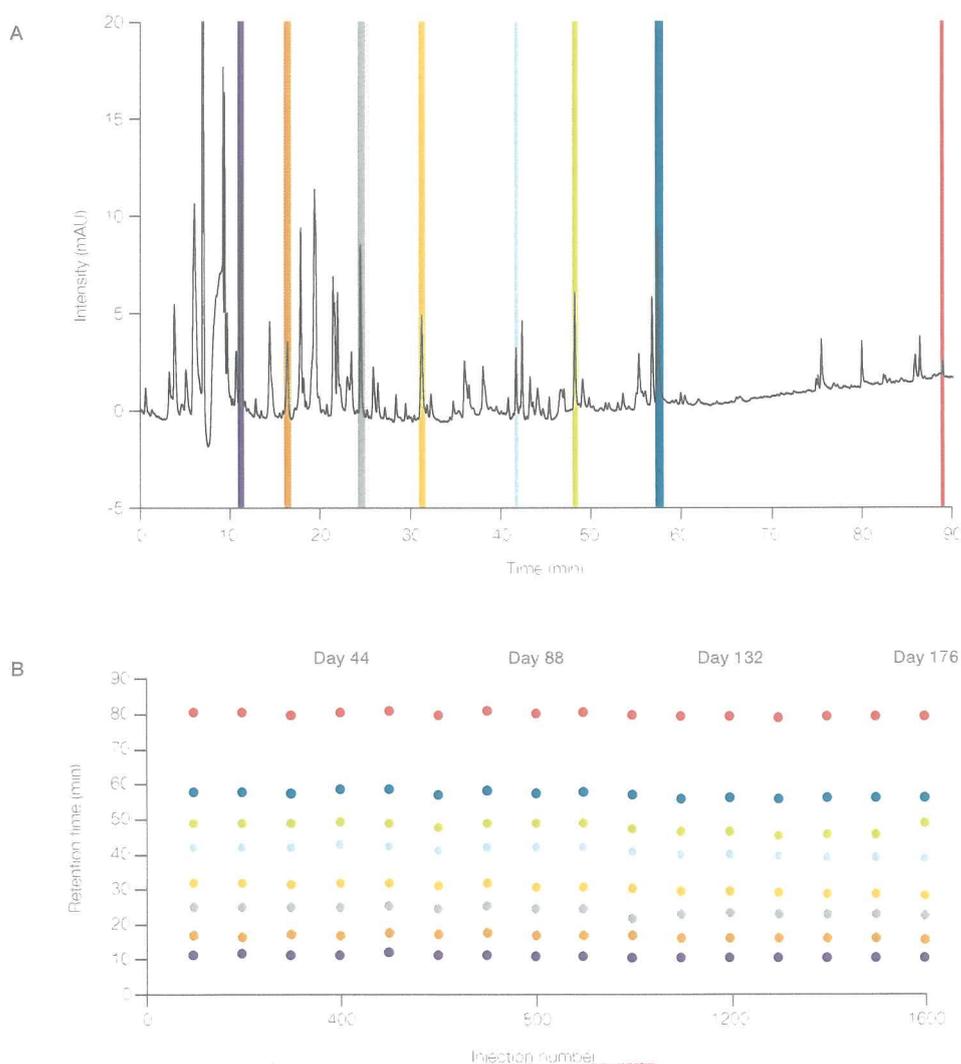


Carryover for 15 PRTC peptide standards spiked into HeLa protein digest. 200 ng was injected on a 75 µm ID × 70 cm column followed by a blank injection using a Vanquish Neo UHPLC system coupled to an Orbitrap Exploris 480 operating in data dependent acquisition mode. Percent carryover is listed above the peak area for each blank injection. The flow rate was 250 nL/min during the separation phase.

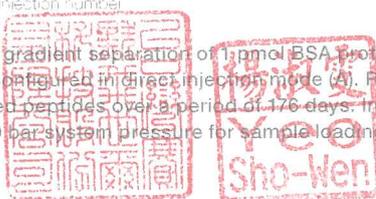
Long-term, trouble-free LC-MS analysis

Modern proteomics, lipidomics, metabolomics, translational research, and bioanalysis depend on LC-MS instrumentation capable of identifying and quantifying subtle analyte concentration differences across large sample cohorts. The Vanquish Neo UHPLC system instills confidence in your results by delivering efficient separations 24/7 without compromising robustness.

- Improved column lifetime and retention time precision with SmartInject technology
- Reduced cost per sample through decreased downtime, less maintenance, lower solvent consumption and waste generation
- Thermo Scientific™ Viper™ and Thermo Scientific™ nanoViper™ fittings ensure near-zero dead volume, leak-free connections



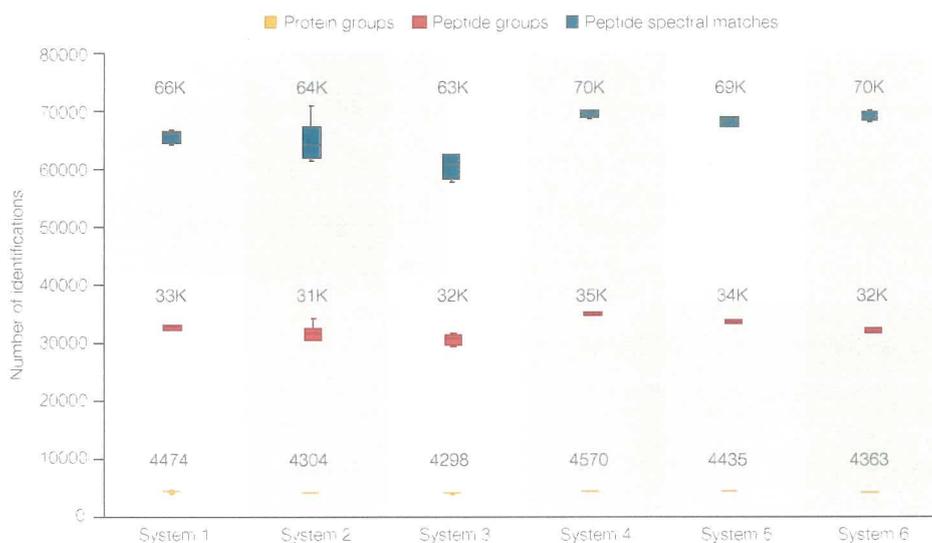
8 peptides were selected from a 90 minute gradient separation of 1 pmol BSA protein digest performed at 300 nL/min with the system configured in direct injection mode (A). Retention time stability was monitored for the selected peptides over a period of 176 days. In total, 1600 injections were performed using 1500 bar system pressure for sample loading and column equilibration.



Confidence in your results

Every Vanquish Neo UHPLC system is designed and rigorously tested to guarantee high quality separations and system-to-system reproducibility, both within labs and around the globe. Standardized configurations improve your user experience throughout the instrument's lifetime.

- Factory pre-assembled, configured, calibrated, and tested during the production process for fast installation, enabling you to perform high quality separations from day 1 on all Vanquish Neo UHPLC systems
- Slide-in pump and autosampler modules simplify maintenance while the built-in tool and consumable drawer enhances convenience
- Capillary, solvent, and waste line guides for trouble-free connections



Results of 200 ng HeLa protein digest profiling with 6 different Vanquish Neo UHPLC systems coupled to Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 240 systems. 75 μm × 50 cm, 2 μm EASY-Spray PepMap Neo column, 90 min gradient, 300 nL/min flow rate, direct injection, 1500 bar sample loading and column equilibration were used.

Viper and nanoViper fittings

The Vanquish Neo UHPLC system is equipped with Viper and nanoViper fittings for leak-free operation up to 1500 bar, preventing time-consuming troubleshooting of system fluidics. Viper capillaries limit extra column dispersion by utilizing a PEEK tip seal and bushing instead of a traditional ferrule for improved separation performance. All 1500 bar nanoViper fittings are biocompatible and offer high capillary-to-capillary reproducibility.



Superior usability

The Vanquish Neo UHPLC system delivers uncompromised results to expert LC-MS users while expanding the toolbox for novice users for nano-, capillary-, and micro-flow LC-MS applications. An intuitive user interface and intelligent system control help to make the Vanquish Neo UHPLC system the most user-friendly low-flow UHPLC system ever built. The Thermo Scientific™ Vanquish™ User Interface provides:

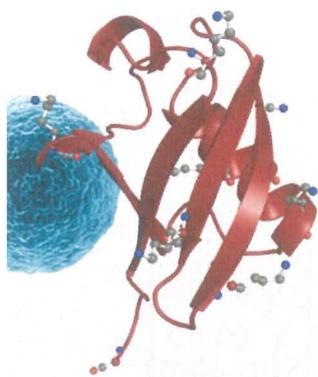
- Easy system status monitoring through direct visualization of key system parameters
- Direct instrument control without requiring a PC during system preparation, maintenance, and diagnostics
- Automated system procedures, which can be triggered remotely, include start-up, self-checks, and leak tests for daily operational convenience
- Streamlined instrument troubleshooting with built-in diagnostic procedures and guided tutorials for increased uptime and reduced costs per injection



Guided maintenance procedures minimize instrument downtime.



Walk-up and remote system status monitoring.

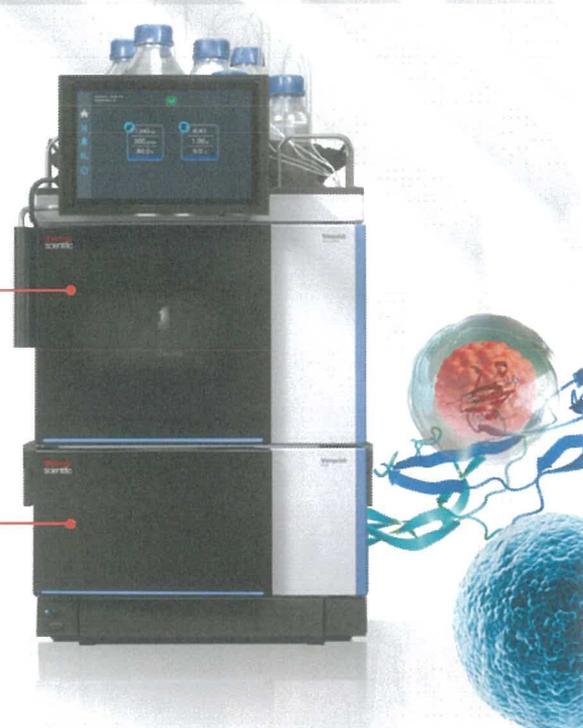


Built-in diagnostic procedures reduces time-consuming troubleshooting steps.

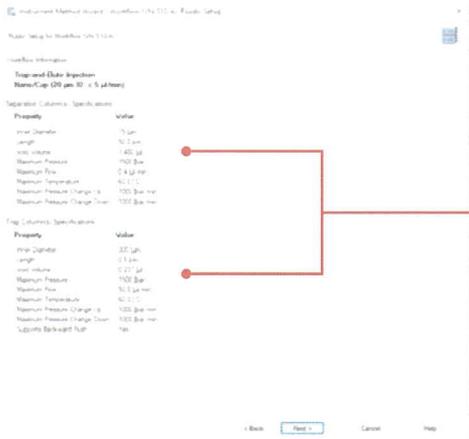


Intelligent operation

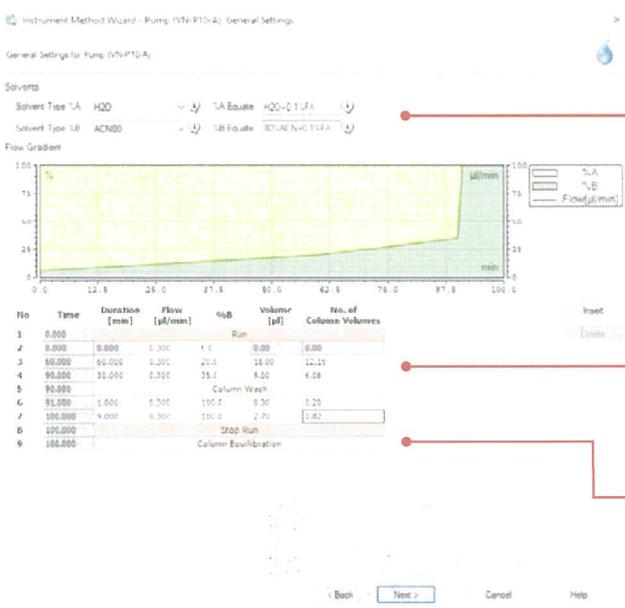
The Vanquish Neo UHPLC system features a new level of system intelligence with inter-module communication. Automated injection routines with optimized parameters for sample loading and fluidics washing deliver high chromatographic performance and reproducibility. The instrument method editor wizard ensures column compatibility with separation parameters.



The system interlink and single system driver provide an optimal user experience through intelligent, direct communication between modules, harmonizing all aspects of the chromatographic method execution.



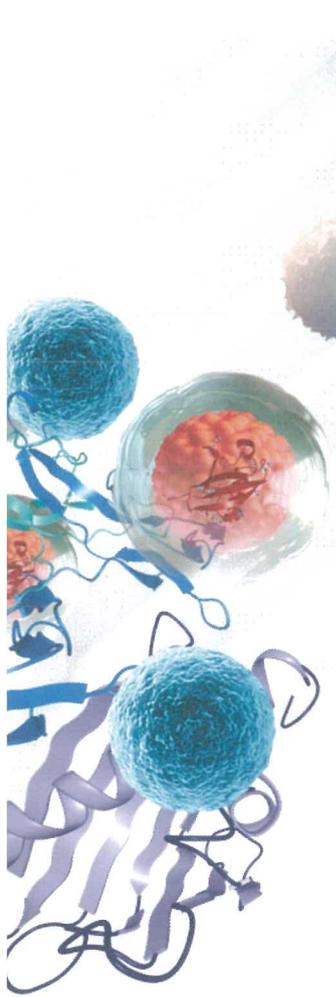
Enhanced ease of use, method robustness, and standardization through active integration of consumable information such as column dimensions, pressure, and flow limits to ensure methods adhere to consumable specifications.



Factory pre-calibrated for common LC-MS mobile phases, plus guided calibration procedures for additional solvents.

Simplified gradient programming guided by time and flow permits the generation of standardized methods based on gradient or column volume.

Reduced user errors with active notifications which appear when operating out of the recommended range for method parameters such as flow rate and column washing/equilibration times.



楊淑雯
Yeo
Sho-wen

Innovating for you

1 Vanquish User Interface

Provides smart system operation through system status monitoring, automatic start-up procedures, and direct instrument control without requiring a PC connection for high operational convenience.

2 Ease-of-use

Straightforward fluidic design with labeled lines and pre-defined solvent bottle positions in the solvent rack.

3 SmartInject Technology

Reduces pressure drop for both direct and trap-and-elute injection, yielding high retention time precision and extending column lifetime.

4 High-precision metering device

Accurate injection volumes from 10 nL to 100 μ L. Sample multiple-draw functionality extends the injection range up to 500 μ L for sample analysis using the trap-and-elute workflow.

5 Workflow versatility

Choose between direct injection and trap-and-elute workflows. For trap-and-elute, switch between forward-flush or backward-flush modes without replumbing fluidics.

6 Multi-wash injection routines

Negligible system carryover through inner and outer injection needle and fluidics wash routines automatically executed in parallel to the sample analysis.

7 Vial bottom detection technology

Injection from limited sample volumes with near zero sample loss (up to 2.5 out of 3 μ L).

8 Standardized fluidic framework

Nano-, capillary-, and micro-flow LC at up to 1500 bar. Leak-free nanoViper fittings minimize extra column dispersion and GDV, maximizing throughput and separation quality.

9 ProFlow XR technology

Active flow control across the nano-, capillary-, and micro-flow ranges and factory multipoint flow calibration deliver industry-leading gradient accuracy, gradient precision, and system-to-system reproducibility.

10 Fast sample loading and column equilibration

Accelerated sample loading and column equilibration with increased flow rate and pressure, reducing analysis time.

11 System interlink

Direct inter-module communication provides superior user experience and system intelligence.

12 Keep your lab tidy

A practical drawer allows the storage of consumables and tools for user convenience.



Intelligent operation

Smart guided method creation linked to consumable and fluidic parameters ensures robustness through optimal operation, fast sample loading, and sufficient column washing and equilibration.

Optional column compartment

Temperature-controlled direct injection or heated trap-and-elute injections provide increased system versatility.

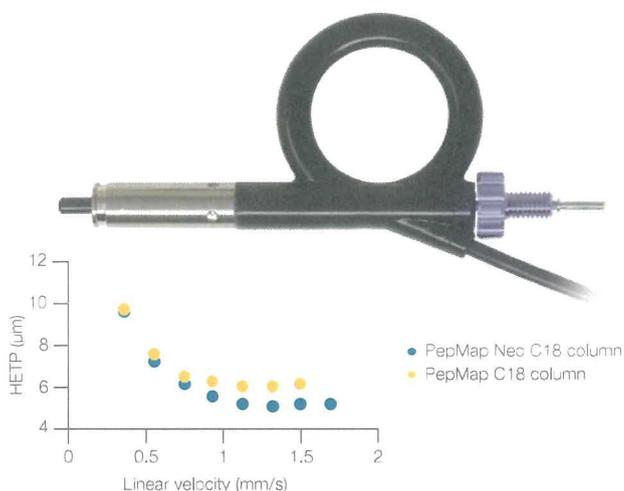


Brilliant separations

We offer robust and reproducible nano-, capillary-, and micro-flow columns for ultimate sensitivity and resolution. Built alongside the 1500 bar capable Vanquish Neo UHPLC system, Thermo Scientific™ PepMap™ Neo columns enable simple, tool-free set up and configuration. Thermo Scientific columns range from 75 µm to 1 mm I.D. for improved separation performance across the entire Vanquish Neo UHPLC system low-flow range; ideal for LC-MS applications.

EASY-Spray columns

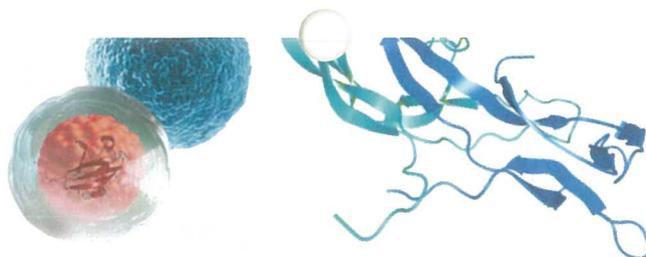
Thermo Scientific™ EASY-Spray™ PepMap Neo columns ensure robust nano- and capillary-flow LC-MS analysis. The EASY-Spray integrated column and emitter design virtually eliminates dead volume and is temperature-controlled for maximum reliability and performance.



PepMap Neo C18 columns (teal) outperform Thermo Scientific™ PepMap™ C18 (orange) columns of the same format—50 cm × 75 µm I.D., 2 µm particle diameter

Trap columns

Trap columns help accelerate sample loading and permit on-line sample concentration and desalting as well as ensuring protection of our entire low-flow column portfolio. The Thermo Scientific™ PepMap™ Neo trap is 1500 bar pressure compatible.



Linear nano- and capillary-flow columns

Standalone columns for nano- and capillary-flow are designed with single nanoViper and double nanoViper trouble-free connectors for robust separation. Compatible with any MS system source design, they deliver excellent resolution, long column lifetime, and low carry-over.



Micro-flow columns

For outstanding peak shapes in micro-flow chromatography, 1 mm I.D. columns are available in a range of chemistries



Emitters

Nano and capillary emitters act as a column-independent sprayer, allowing the introduction of flow from nano and capillary columns without the troublesome handling of traditional emitters and connectors.



Seamless MS hyphenation

The Vanquish Neo UHPLC system is designed for a wide range of high-sensitivity LC-MS applications and flawless integration with industry-leading Thermo Scientific mass spectrometry portfolio and ESI sources.

- Unsurpassed resolution, mass accuracy, and versatility with Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ series and Orbitrap Tribrid™ series mass spectrometers

- Exceptional speed, robustness, and sensitivity with Thermo Scientific™ TSQ™ triple quadrupole mass spectrometers
- A broad range of electrospray ionization sources allow optimal MS integration for your separation
- System control with Thermo Scientific Standard Instrument Integration (SII) for Xcalibur™ or Thermo Scientific™ Chromeleon™ CDS software



Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ mass spectrometers



Thermo Scientific™ EASY-Spray™ source



SII for Xcalibur



Chromeleon™ CDS



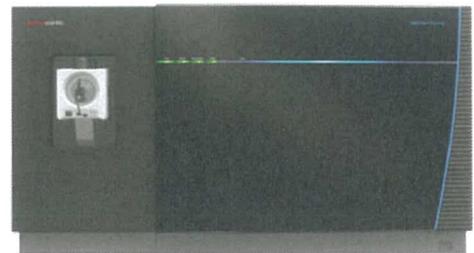
Thermo Scientific™ Nanospray Flex™ ion source



Thermo Scientific™ TSQ™ triple quadrupole mass spectrometers



Thermo Scientific™ OptaMax™ NG ion source



Thermo Scientific™ Orbitrap Tribrid™ mass spectrometers



Thermo Scientific LC portfolio overview

Analytical HPLC and UHPLC

Application-specific HPLC and UHPLC

- Thermo Scientific™ Vanquish™ Duo LC Systems
- Thermo Scientific™ Vanquish™ Method Development LC Systems
- Thermo Scientific™ Vanquish™ Online 2D-LC Systems
- Thermo Scientific™ Transcend™ LX and TLX LC Systems

Nano-, cap-, micro-flow UHPLC

Dependability



Thermo Scientific™ Vanquish™ Core HPLC Systems

- High-pressure binary, low-pressure quaternary solvent blending or isocratic flow delivery
- Workhorse instrument
- Seamless method transfer
- System intelligence for improved productivity

700 bar

Flexibility



Thermo Scientific™ Vanquish™ Flex UHPLC Systems

- High pressure binary and low-pressure quaternary solvent blending
- Biocompatible
- Unparalleled flexibility and control

1000 bar

Performance



Thermo Scientific™ Vanquish™ Horizon UHPLC System

- High-pressure binary solvent blending
- Biocompatible
- Industry-leading specifications
- Unmatched detection sensitivity

1500 bar

Sensitivity



Thermo Scientific Vanquish Neo UHPLC System

- All-in-one nano-, capillary-, and micro-flow LC systems
- Accelerating productivity with long-term, trouble-free operation
- Intelligent at-system or remote control, method setup, diagnostics, and troubleshooting

1500 bar



Learn more at thermofisher.com/vanquishneo

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures. © 2021 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved. All trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific and its subsidiaries unless otherwise specified. This information is presented as an example of the capabilities of Thermo Fisher Scientific Inc. products. It is not intended to encourage use of these products in any manner that might infringe the intellectual property rights of others. BR74142-EN 0721M

thermoscientific

Vanquish Neo UHPLC System

The new standard in nano-, capillary-, and micro-flow LC

Beyond discovery

The Thermo Scientific™ Vanquish™ Neo UHPLC system is all-in-one nano-, capillary-, and micro-flow LC system that is ready for high sensitivity LC-MS workflows from discovery research with limited sample amounts to high-throughput validation in large sample cohorts.

- Thermo Scientific™ ProFlow™ XR pump technology enables robust operation up to 1500 bar with a flow range from 1 nL/min to 100 µL/min
- Active flow control for the entire flow range ensures excellent retention time precision for long gradients as well as ultra-short run times
- Vial bottom detection technology enables injections from limited sample amounts and automated multi-wash of injection fluidics reduces system carryover to negligible levels



Beyond innovation

The Vanquish Neo UHPLC system is designed to accelerate productivity with long-term, trouble-free operation at maximum performance.

- Autosampler split-loop design with 1500 bar compatible low-dispersion maintenance-free ceramic valves, multifunctional metering device and Thermo Scientific™ nanoViper™ fittings maximizes productivity and enables robust operation without compromise
- Next generation SmartInject technology minimizes column pressure shock for direct as well as trap-and-elute injections resulting in improved retention time precision, longer column lifetime, and stable electrospray ionization response
- Fast sample loading and column equilibration modes with pump operating at constant elevated pressure reduce overhead time and boost throughput

Beyond possibilities

The Vanquish Neo UHPLC system enables LC-MS experts and novice users to get high-quality results every time.

- Integrated system intelligence with standardized configurations for automated method setup is guiding the creation of optimal LC methods for reproducible LC-MS results
- Automatic procedures for rapid and reliable return of the system to operation after solvent exchange or system maintenance
- Thermo Scientific™ Vanquish™ User Interface with intuitive at-system control and system status monitoring enables access to guidelines, standalone diagnostics and maintenance routines



Specifications

二、(-)

Vanquish Neo UHPLC System— Binary Pump N, Split Sampler NT, Solvent Rack, Vanquish User Interface (VUI), System base with drawer, Ship kit	
Settable flow range	1、 1 nL/min–100 µL/min, in 1 nL increments
Recommended flow-range	100 nL/min–100 µL/min
Pressure range	>、 150 MPa, (1500 bar, 21,750 psi) <small>Note: the total available column pressure depends on the mobile phase viscosity and flow rate (see the manual)</small>
Biocompatible	Yes
Gradient delay volume	<ul style="list-style-type: none"> <0.5 µL in nano/cap direct injection configuration with 20 µm I.D. capillaries <2.0 µL in micro direct injection configuration with 50 µm I.D. capillaries
pH range	2–10
Retention time precision	≤0.2% RSD or ≤0.1 SD min whichever is greater for TGQAPGFSYTDANK Cytochrome C protein digest peptide based on the installation qualification procedure
Carryover (typical application)	≤0.1% for TGQAPGFSYTDANK Cytochrome C protein digest peptide using the installation qualification procedure
Vanquish User Interface (Vanquish System Controller and Vanquish Display)	<ul style="list-style-type: none"> System monitoring Direct system control At-system diagnostics and troubleshooting Remote access option (depending on on-site IT infrastructure)
Pump type and operation principle	<ul style="list-style-type: none"> High-pressure binary gradient pump with active flow control Serial dual-piston with independent piston drives
Pump solvent channels	2 (one per pump block); pre-calibrated for <ul style="list-style-type: none"> 100% acetonitrile 100% water 80/20 acetonitrile/water (% v/v) 90/10 methanol/water (% v/v) <small>Note: guided custom solvent calibration procedure is available to calibrate other solvents</small>
Contribution of the pump to the system gradient delay volume	<25 nL
Autosampler operating principle	Split-loop injection
Autosampler liquids	4 wash liquids: outer and inner needle wash, weak and strong each
Injection needle and fluidics wash	<ul style="list-style-type: none"> Dip rinse and continuous rinse of outer needle surface with two independent wash liquids Sample loop and inner needle rinse with two independent wash liquids
Degassing channels	2 built-in degassing channels for autosampler metering device wash liquids
Vial bottom detection technology	Yes, 2.5 µL out of 3 µL with vial bottom detection and recommended vials <small>Note: ≤0.5% RSD for injections from multiple vials</small>
SmartInject technology	Yes, with active pressure monitoring
Injection modes	二、(=) 3、 <ul style="list-style-type: none"> Direct injection with loop inline Direct injection with loop offline Trap-and-elute injection with back-flush or forward-flush elution Heated trap-and-elute injection with back-flush or forward-flush elution (Column Compartment N with one 2-position 6-port switching valve is required)
Automation features	Barcode reading: <ul style="list-style-type: none"> Empty segment detection Rack/well plate identification Inventory management



(=>)

**Vanquish Neo UHPLC System—
Binary Pump N, Split Sampler NT, Solvent Rack, Vanquish User Interface (VUI), System base with drawer, Ship kit**

Injection volume range	1、 Default: 0.01–25 µL, min step 0.01 µL Optional: 0.01–100 µL, min step 0.01 µL High volume trapping by multiple draw-and-trap cycles up to 500 µL using 100 µL sample loop
Injection volume precision	From 0.05 to 0.20 µL: ≤5.0% RSD From 0.20 to 0.50 µL: ≤1.5% RSD From 0.50 to 2.00 µL: ≤0.5% RSD Above 2µL: ≤0.25% RSD
Injection accuracy	Typically, ±0.5% for injection volume 5 µL (caffeine aqueous solution)
Injection linearity	R ≥ 0.9999
Autosampler cooling	2、 4–40 °C, ≥23 K below ambient at <80% relative humidity
Sample temperature stability	±1 °C
Sample formats and capacity	Any four of the following • 54 × 12 mm OD vials (≤1.5 mL) 4×54=216個. • 96 × 6, 7, and 8 mm OD vials (≤1.2 mL) • 16 × 15 mm OD vials (≤4 mL) • 9 × 22.5 mm OD vials (≤10 mL) • Well plates (96 and 384, deep and shallow, with SBS footprint) + capacity of 12 × 22.5 mm OD vials (≤10 mL) in the carousel
Safety features	Leak detection and safe leak handling; excess pressure monitoring; temperature monitoring
System interlink	4 × system interlink connectors (2 pairs, RJ45-8)
PC connection	USB 2.0 3-port-HUB to connect further Vanquish modules LAN
I/O interfaces	2 × USB 2.0 (Host) 1 × LAN 2 × 6 pin Mini-Din connectors each having functionality: 1 input, 1 relay out
GLP features	• System wellness monitoring • Predictive performance functions for scheduling maintenance procedures based on the actual operating and usage conditions • System parameters logged in the Thermo Scientific™ Chromeleon™ Chromatography Data System (CDS) audit trail
Environmental conditions	5 °C – 35 °C 20–80% relative humidity (non-condensing) Max. altitude 2000 m above sea-level
Power requirements	Binary Pump N: 100–240 V AC, ±10%; 50/60 Hz; max. 525 W / 550 VA Split Sampler NT: 100–240 V AC, ±10%; 50/60 Hz; max. 525 W / 550 VA VUI: 100–240 V AC ± 0%; 50/60 Hz; max. 50 W / 150 VA
Dimensions (h × w × d)	740 mm × 450 mm × 650 mm (29.1 in. × 17.7 in. × 25.6 in.) (Vanquish Display is positioned in front of the solvent rack)
Weight	66 kg (29.9 lbs)
Software control	
Vanquish Neo stand-alone (no MS detector)	Chromeleon CDS Version 7.2.10 MUD
Vanquish Neo with Thermo Scientific MS instruments	Chromeleon CDS Version 7.2.10 MUD with MS instruments supported by Chromeleon CDS Thermo Scientific™ Standard Instrument Integration Software (Version 1.5.1)



Optional modules

Column Compartment N

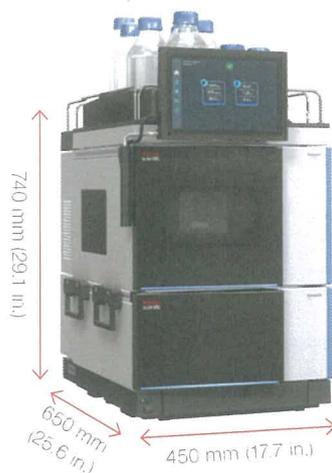
Thermostating principle	Forced air mode, no cooling
Orientation	Horizontal
Temperature range	Min: 5 K above room temperature Max: 80 °C without valves installed Max: 60 °C with Vanquish valves installed
Temperature precision	±0.1 K
Temperature accuracy	±0.5 K (at 50 °C setpoint)
Heat-up time	Less than 12 min from 35 °C to 65 °C ±1 K
Column compatibility	<ul style="list-style-type: none"> Coiled fused silica columns Linear columns with maximum available length for column plus fittings: 300 mm
Compartment dimensions (h x w x d)	343 mm x 78 mm x 37 mm (13.5 in. x 3.1 in. x 1.5 in.)
Switching valves	<p>Optional, inside the column compartment, grounded Mixed configurations with compatible Vanquish and VICI® valves are possible VICI valve drive has to be removed/installed by a certified engineer Up to 2 valves</p> <ul style="list-style-type: none"> Vanquish valves <ul style="list-style-type: none"> 2-position 6-port Vanquish low-dispersion (LD) 1500 bar valve VICI valves: <ul style="list-style-type: none"> 2-position 6-port C82 1034 bar valve 2-position 6-port C82 1/32 VICI C2N 344 bar valve
Passive pre-heater	Installable, optional accessory 0.1 mm I.D. x 530 mm, MP35N
Biocompatible	Yes
System interlink	2 system interlink connectors (RJ45-8)
PC connection	USB 2.0
GLP features	Predictive performance functions for scheduling maintenance procedures based on the actual operating and usage conditions of the column compartment All system parameters are logged in the Chromeleon CDS audit trail
Environmental operating conditions	5 °C – 35 °C 20–80% relative humidity (non-condensing) Max. altitude 2000 m above sea-level
Power requirements	100–240 V AC, ±10%; 50/60 Hz; max. 525 W / 550 VA
Outer dimensions (h x w x d)	159 mm x 420 mm x 620 mm (6.3 in. x 16.5 in. x 24.4 in.)
Weight	11 kg (24.3 lbs) (without switching valves)



=, (⇒), 5.

Binary Pump N

Pump type and operation principle	High-pressure binary gradient pump with active flow-control Serial dual-piston with independent piston drives
Settable flow range	1 nL/min–100 µL/min, in 1 nL increments
Recommended flow-range	100 nL/min–100 µL/min
Pressure range	150 MPa, (1500 bar, 21,750 psi) <small>Note: the total available column pressure depends on the mobile phase viscosity and flow rate (see the manual)</small>
Pump solvent channels	2 (one per pump block); pre-calibrated for <ul style="list-style-type: none"> • 100% acetonitrile • 100% water • 80/20 acetonitrile/water (% v/v) • 90/10 methanol/water (% v/v) <small>Note: guided custom solvent calibration procedure are available to calibrate other solvents</small>
Contribution of the pump to the system gradient delay volume	<25 nL
Biocompatible	Yes
Safety features	Leak detection and safe leak handling; excess pressure monitoring
System interlink	2 system interlink connectors (RJ45-8)
PC connection	USB 2.0 3-port-HUB to connect further Vanquish modules
I/O interfaces	2 × 6 pin Mini-DIN connectors each having functionality: 1 input, 1 relay out
GLP features	Predictive performance functions for scheduling maintenance procedures based on the actual operating and usage conditions of the column compartment All system parameters are logged in the Chromeleon CDS audit trail
Environmental operating conditions	5–35 °C 20–80% relative humidity (non-condensing) Max. altitude 2000 m above sea-level
Power requirements	100–240 V AC, ±10%; 50/60 Hz; max. 525 W / 550 VA
Dimensions (h × w × d)	192 mm × 420 mm × 620 mm (7.6 in. × 16.5 in. × 24.4 in.)
Weight	26 kg (57.3 lbs)



Vanquish Neo UHPLC system



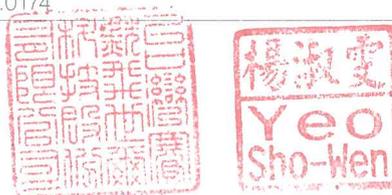
Vanquish Neo UHPLC system with Column Compartment N



Ordering information

Description	Part Number
System	
Vanquish Neo UHPLC System	VN-S10-A-01 and 6036.1180 Vanquish Display (required)
	Includes: Binary Pump N, Split Sampler NT, Solvent Rack, Vanquish User Interface (VUI), System base with drawer, Ship kit
	The Ship kit includes all items required for following workflows: Direct injection Trap-and-elute (2-column setup) Heated trap-and-elute (requires Column Compartment N and 1 × 2pos-6port valve)
Optional modules	
Column Compartment N	VN-C10-A-01
Binary Pump N	VN-P10-A-01
Accessories	
Valve drive VICI, VN-C*	6253.1640
Vanquish Low-Dispersion valve 2pos-6port, 1500 bar	6250.1520
VICI valve 2pos-6port, 1034 bar*	6041.0001B
VICI valve 2pos-6port, 1/32 low pressure, PAEK*	6820.6232
VICI Valve Lock Ring, VN-C	6253.1651
Sample Loop, 25 µL	6252.1940
Sample Loop, 100 µL	6252.1950
Sample Loop, 10 µL	6252.1960
IonBench with Stack Mounting Kit	6036.1720
Stack Stabilizer Kit	6036.1710
Passive pre-heater, 0.1 × 530 mm, MP35N, VH/VN-C	6732.0174

*VICI valve drive has to be removed/installed by a certified engineer



Learn more at thermofisher.com/vanquishneo

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures. © 2021 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved. VICI® is a registered trademark of Valco Instruments Co. Inc. All other trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific and its subsidiaries. This information is presented as an example of the capabilities of Thermo Fisher Scientific Inc. products. It is not intended to encourage use of these products in any manners that might infringe the intellectual property rights of others. Specifications, terms and pricing are subject to change. Not all products are available in all countries. Please consult your local sales representative for details. **PS74081-EN 0721M**

標號：TMU112-277

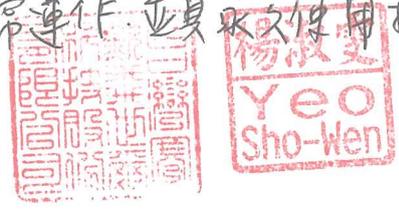
奈米微流液相層析高解析質譜儀壹套

電腦規格確認提供與標案需求之相符規格

<p>三、儀器控制及數據分析用電腦組合分析軟體壹套，所含組件及功能規格如下：</p>	
<p>(一)儀器控制用桌上型電腦壹套，功能規格如下：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 中央處理器：Intel Core i7(含)以上。 3. 記憶體：32 GB DDR5(含)以上。 4. 系統硬碟：1TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：4TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋(含)以上。 	壹套
<p>(二)數據分析用桌上型電腦壹套，功能規格如下：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 中央處理器：Intel Core i9 (含)以上。 3. 記憶體：128 GB DDR4(含)以上。 4. 系統硬碟：2TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：16TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋 (含)以上。 	壹套

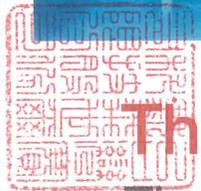
(三)
5.
確保

(三) 硬碟數據分析軟體之安裝與正常運作並具永久使用授權。





三、(三) 蛋白质 数据 分析 软件



The intelligent protein informatics platform

Thermo Scientific Proteome Discoverer software

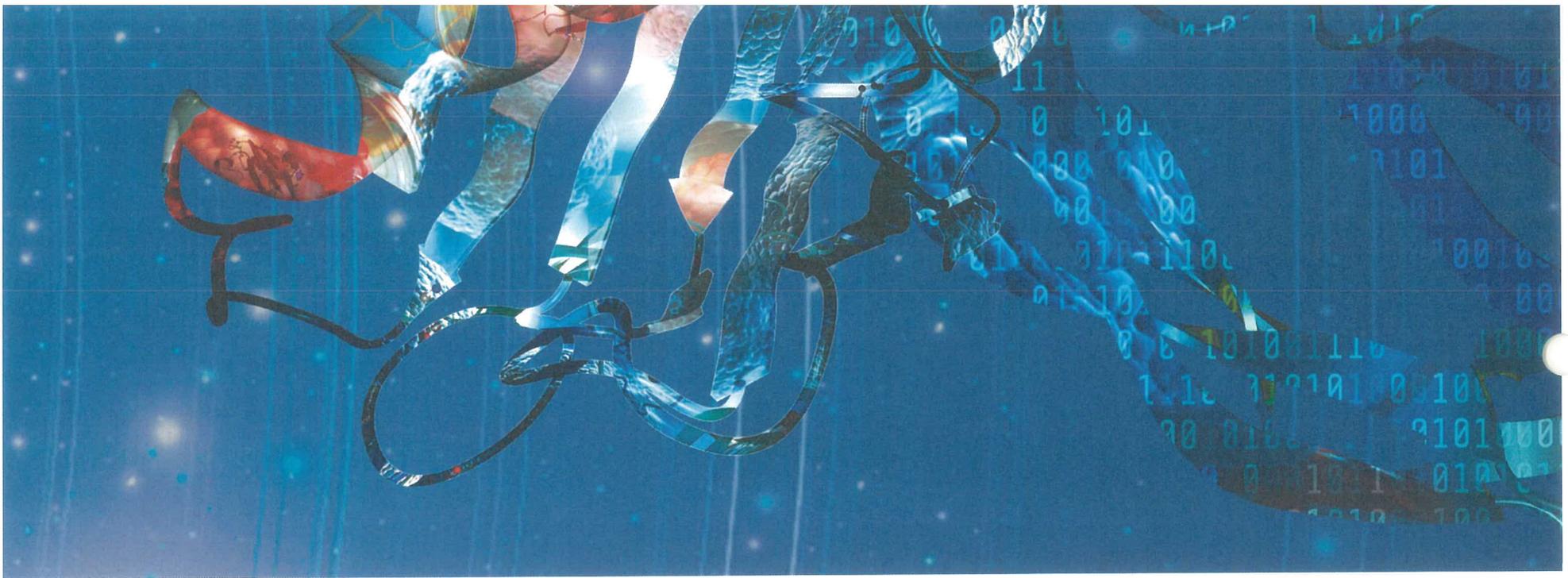
thermo scientific



Transform proteomics mass spectrometry data into insights

Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ software enables comprehensive proteomics data processing workflows empowered by artificial intelligence.

- **Powerful and flexible framework:** Optimized analysis for data generated by the sophisticated acquisition methods of Thermo Scientific™ Orbitrap™ mass spectrometers. Easily analyze MS² and MSⁿ data or multiple fragmentation modes in the same analysis. Dig deeper into data using artificial intelligence with INFERYYS™ Rescoring and the CHIMERYYS™ intelligent search algorithm. Mix and match multiple search engines in series or in parallel to maximize insights with built-for-purpose workflows. Use third party-developed nodes within an extensible framework.
- **Study management:** Integrated management of raw data files, search results, and quantification methods. Map study factors to quantification channels to set up replicates and statistical analyses to easily match results to experimental variables.
- **Biological annotation:** Match identified proteins with gene ontology, gene symbol, and pathway terms. Further enhance biological interpretation using enrichment analysis to help transform data into biological insights.
- **Powerful and flexible result visualization and interpretation:** Results are presented hierarchically, with dynamic links between proteins, peptides, peptide spectrum matches (PSMs), and quantification tables. Easily filter data to view only those results of primary interest. Use interactive data plots that directly link to their source tables to dynamically interact with results. Find which proteins or peptides are up- or down-regulated through the volcano plot, which samples are related via a PCA plot, or visualize abundance patterns across files using the heat map.

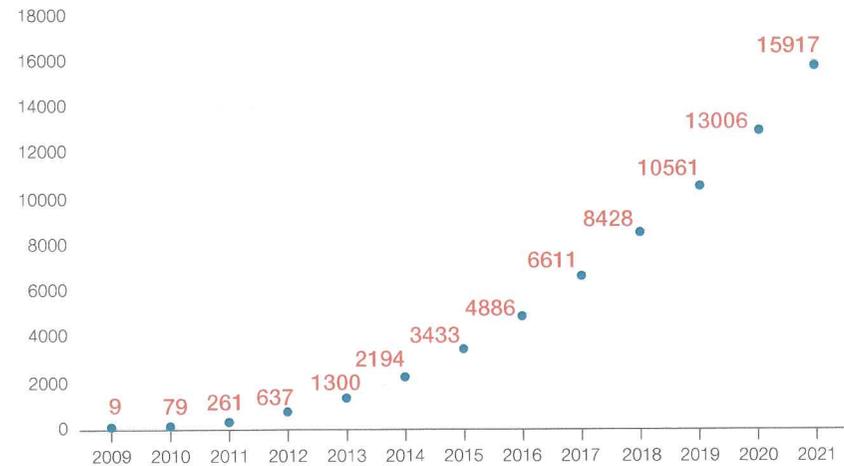


Since releasing in 2009, Proteome Discoverer software has been featured in thousands of publications across multiple proteomics applications including:

- Bottom-up peptide and protein Identification
- Label-Free Quantification (LFQ)
- Isobaric Mass Tagging (including Thermo Scientific™ TMT and Thermo Scientific™ TMTpro™) Peptide Quantification
- Single-cell proteomics
- Immuno-peptidomics
- Metaproteomics
- Top-down Proteoform Identification and Quantification with Thermo Scientific™ ProSightPD™ software
- Crosslinked peptide identification using XlinkX software
- Post-Translational Modification (PTM) Analysis



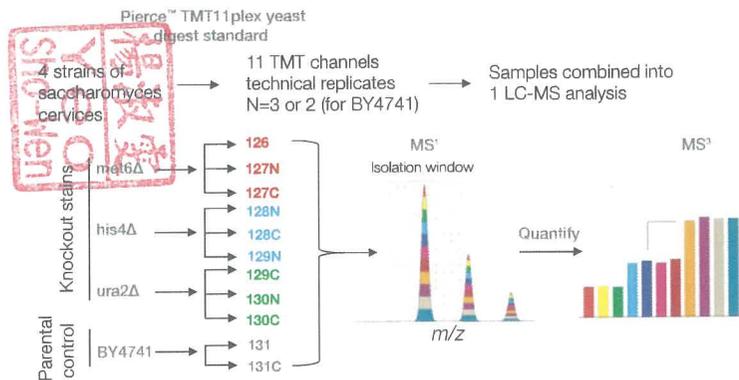
Proteome Discoverer software in peer reviewed articles



Transform proteomics mass spectrometry data into insights

Integrated study management

Performing complex proteomics experiments requires the ability to map data files to experimental study conditions to organize and make sense of results. Proteome Discoverer software uses a built-in study design feature to assign qualitative and quantitative variables. The study allows selection of data files, association of the data files with a quantification method, the creation of experimental variables as study factors, and the mapping of study factors to data files and quantification channels. Each data file or collection of fractionated data files can be mapped to one or more study factors and then used to perform comparative and statistical analyses.



Schematic representation of Pierce TMT11plex Yeast Digest Standard and replicates as an example of study management with Proteome Discoverer software. The standard is composed of four *Saccharomyces cerevisiae* strains: three lines respectively lacking the non-essential proteins Met6, His4, or Ura2, and the parental strain BY4741 for reference.¹

Yeast strain			Analysis Results		
			Sample Type	Quan Channel	Yeast Strain
His4			Sample	126	Met6
Met6			Sample	127N	Met6
Parental			Sample	127C	Met6
Ura2			Sample	128N	His4
S5	F2	TKOTT11_1ms3_1-[128N]	Sample	128C	His4
S6	F2	TKOTT11_1ms3_1-[128C]	Sample	129N	His4
S7	F2	TKOTT11_1ms3_1-[129N]	Sample	129C	Ura2
S8	F2	TKOTT11_1ms3_1-[129C]	Sample	130N	Ura2
S9	F2	TKOTT11_1ms3_1-[130N]	Sample	130C	Ura2
S10	F2	TKOTT11_1ms3_1-[130C]	Control	131N	Parental
S11	F2	TKOTT11_1ms3_1-[131N]	Control	131C	Parental
S12	F2	TKOTT11_1ms3_1-[131C]			

Proteome Discoverer software enables the creation and mapping of sample types, study factors, and quantification channels to data files for simplified and integrated study management.

Study Definition Input Files Samples Analysis Results Workflows **Grouping & Quantification**

Sample Group and Quan Ratio Specification

Study Variables

- File
- Quan Channel
- Yeast Strain

Generated Sample Groups

His4

- 126N Sample F2 TKOTT11_1ms3_1
- 126C Sample F2 TKOTT11_1ms3_1
- 126N Sample F2 TKOTT11_1ms3_1

Met6

- 127N Sample F2 TKOTT11_1ms3_1
- 127C Sample F2 TKOTT11_1ms3_1
- 127N Sample F2 TKOTT11_1ms3_1

Parental

Generated Ratios Clear All

- His4 / Parental
- Met6 / Parental
- Ura2 / Parental

Manual Ratio Generation

Numerator: N:1 Ratio

Denominator: N:1 Ratio

Bulk Ratio Generation

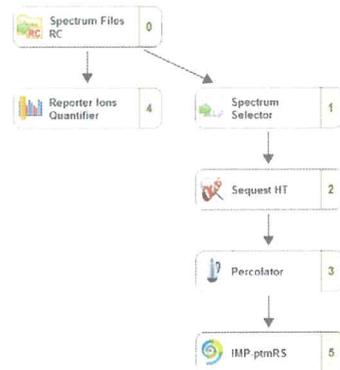
Denominators to be used

- Yeast Strain: His4
- Yeast Strain: Met6
- Yeast Strain: Parental
- Yeast Strain: Ura2

Generate ratios from study variables or sample types for comparative and statistical analyses.

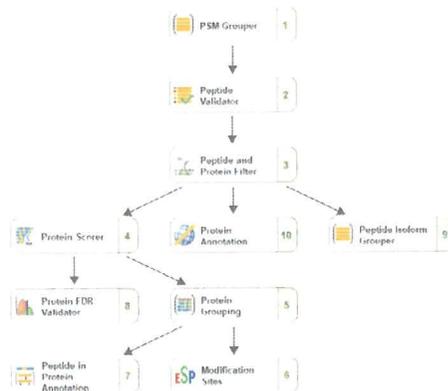
Pre-defined and customizable processing workflows

The Proteome Discoverer software workflow system is composed of a node-based architecture that can connect in linear or branched pathways to maximize the amount of information that can be gleaned from a proteomics dataset. The workflow system allows for new users to quickly and easily deploy pre-defined workflows for TMT, LFQ, PTM identification, and crosslinked peptide identification and offers flexibility for expert users to assemble advanced workflows to analyze the most complex proteomics data sets. Spectra are introduced into the top of the workflow and pass through nodes that perform filtering, peptide identification, quantification, false discovery rate (FDR) calculations, PTM site localization, bioinformatic analysis, and more.



The workflow system in Proteome Discoverer allows for customizable workflows to analyze complex proteomics data. The workflow system is composed of nodes that can connect in linear or branched pathways. While these workflows are highly customizable, pre-defined workflows for common workflows such as TMT, LFQ, PTM identification and cross-linked peptide ID are included.

The consensus workflow adds additional grouping and validation steps along with biological interpretation. The Protein Annotation node adds result tables to group proteins with pathway annotation and GO and Pfam annotations for built in bioinformatic analysis, such as enrichment. Workflows can also be customized using the Scripting Node to run executables to integrate results from custom scripts directly into Proteome Discoverer software results.



Spectra are streamed from the top of the workflow and pass through nodes that perform filtering, peptide ID, quantification, FDR calculation, PTM site localization, bioinformatic analysis, and more.

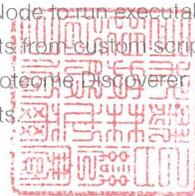
Powerful data processing workflows tailored to fit advanced instrument acquisition strategies

Proteomics experiments can require multiple fragmentation types to generate the necessary information for a given study. Proteome Discoverer software supports all Orbitrap mass spectrometer fragmentation methods for MS² or MSⁿ data including higher energy collisional dissociation (HCD), collision-induced dissociation (CID), electron transfer dissociation (ETD), electron transfer higher energy collisional dissociation (EThcD), ultraviolet photodissociation (UVPD), proton transfer charge reduction (PTCR) and combinations thereof. Uncover more peptides and proteins using the Thermo Scientific™ FAIMS Pro Duo interface for identification and quantitation. Customize workflows for multiple MSⁿ modes with alternating CID and ETD fragmentation using the Scan Event Filter and multiple search engines to improve annotation. Deploy the most confident TMT quantification strategies with synchronous precursor selection MS³ (SPS MS³) and Real-Time Search-Aided TMT SPS MS³ with Sequest™ HT and INFERYS Rescoring, the CHIMERYYS intelligent search algorithm, or Comet and use the Reporter Ions Quantifier node to quantify. Use MS² and MS³ information to identify and quantify crosslinked peptides with the XlinkX node. Perform top-down proteomics with the best sequence coverage with a combination of UVPD, ETD, EThcD, HCD, CID, and PTCR with ProSightPD software. Identify the most PTMs with multi-stage activation and EThcD using Sequest HT and IMP-ptmRS.

Workflow	Pre-built Proteome Discoverer software workflows	Additional benefit
Real-time Search Aided TMT SPS MS ³	PWF_Tribrid_TMT_Quan_SPS_MS3_SequestHT_Percolator, PWF_Tribrid_TMPro_Quan_SPS_MS3_SequestHT_Percolator	Can also use Comet search engine to more closely match the RTS results
LFQ	PWF_Hybrid_LFQ_INFERYS_Rescoring_SequestHT_Percolator_2stage, PWF_Tribrid_Precursor_Quan_and_LFQ_IT_HCD_SequestHT_Percolator, PWF_Hybrid_LFQ_CHIMERYYS	Also supports FAIMS LFQ
PTMs	PWF_Hybrid_SequestHT_MSAmanda_Percolator_ptmRS.pdProcessingWF	Identify and localize PTMs and can be used with quan nodes
Immunopeptidomics	PWF_Hybrid_INFERYS_Rescoring_SequestHT_Percolator	INFERYS Rescoring helps confirm peptides that have low Xcorr but high correlation to the prediction spectrum for the identified peptide
MS ² -MS ³ analysis of cleavable crosslinking	DSSO_MS2_MS3_TMT6quan	Proteome Discoverer software can quantify crosslinked peptide data using either TMT or LFQ
Top down analysis	PSPD 1 percent FDR LFO for Med HI data, PSPD Truncation Subsequence Search with FDR, PSPD Single Proteoform	Enables identification and quantification of large (>50 kDa) proteoforms. Also supports PTCR.

Utilize pre-built Proteome Discoverer software workflows to easily turn data into meaningful results.

③, 2. 环境分析

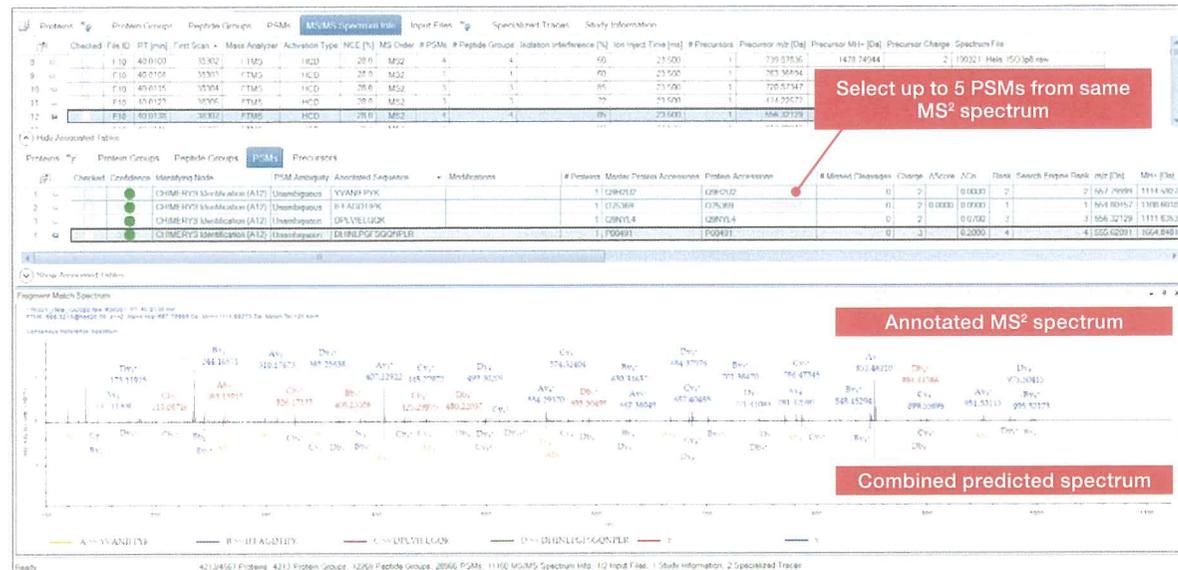


Comprehensive search capabilities empowered by artificial intelligence

A deeper mining of proteomics data by reimagining the analysis of tandem mass spectra

Deconvolution of chimeric spectra with artificial intelligence

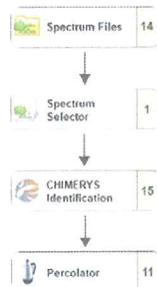
The new CHIMERYs intelligent search algorithm utilizes artificial intelligence to rethink the analysis of tandem mass spectra from the ground up. CHIMERYs overcomes the challenges of mixed peptide MS² spectra by providing accurate peptide spectrum and retention time predictions through deep learning combined with a powerful deconvolution algorithm. This revolutionary approach leads to a deeper mining of data and substantially increases the number of PSMs found in data-dependent acquisition data. In comparison to previous strategies, CHIMERYs finds more PSMs per tandem mass spectrum and markedly improves the identification rate, with fewer spectra returning no PSMs and many spectra returning three or more PSMs. This results in a substantial improvement in the number of unique peptides and proteins identified and quantified in typical proteomics datasets compared to other approaches.



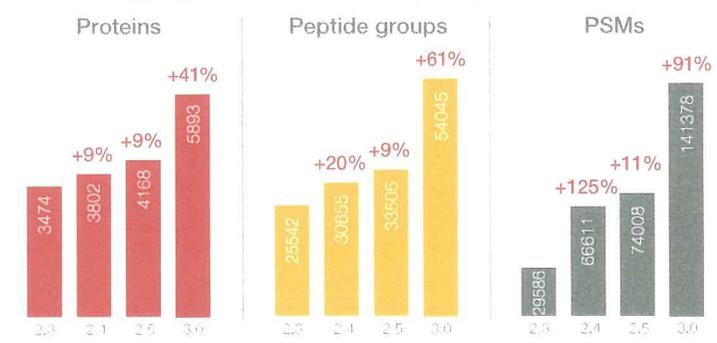
Deconvolution and visualization of chimeric spectra. The experimental and predicted spectrum can be visualized by selecting up to 5 PSMs at a time to display a mirror plot.

(三) 加速智能搜索功能
CHIMERYs

CHIMERYs intelligent search algorithm workflow



Continuous innovation to dig deeper into data

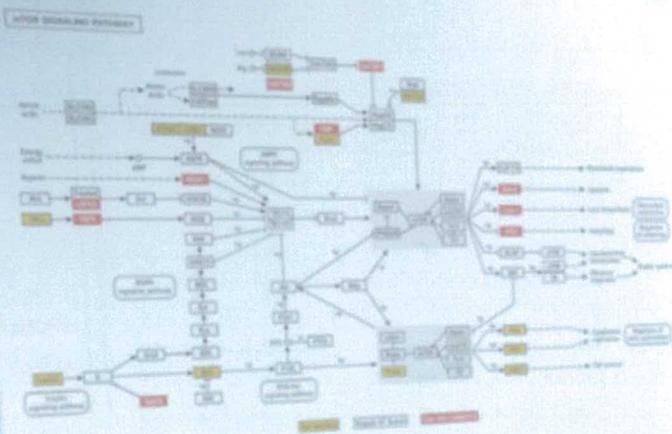
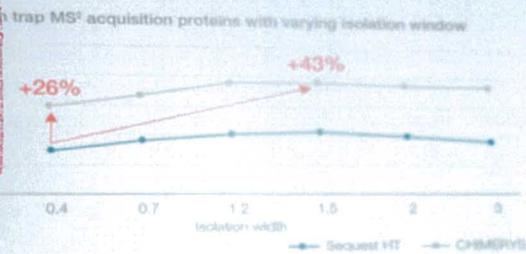
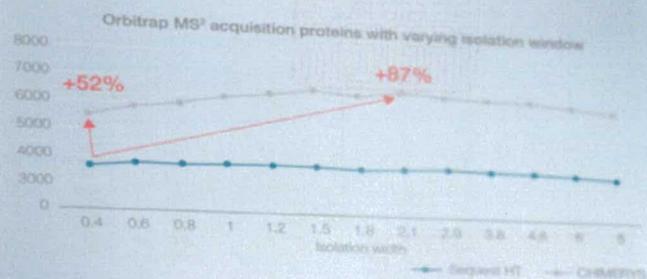


The CHIMERYs intelligent search algorithm workflow produces 70% more proteins, more than 2x more unique peptides, and almost 5x as many PSMs as Proteome Discoverer 2.3 software using the same data from a typical 90-minute run.

Not just software— wide window acquisition

Optimize instrument acquisition
methods with Proteome Discoverer
software with CHIMERY5

The data-dependent acquisition of proteomics samples traditionally utilizes narrow isolation windows to reduce the co-isolation of multiple peptides due to limitations in the ability of search engines to deconvolute chimeric spectra. In contrast to these traditional constraints, the CHIMERY5 intelligent search algorithm utilizes artificial intelligence to rethink the analysis of tandem mass spectra from the ground up to enable the deconvolution of complex chimeric spectra and enables new strategies of data acquisition. Employing wider precursor isolation windows for MS² data acquisition paired with data processing using CHIMERY5 allows for even larger increases in performance for both Orbitrap/Orbitrap and Orbitrap/Ion Trap acquisition methods. Acquiring MS² data with the Orbitrap provides the biggest improvements with isolation widths between 2–4 Th and Ion Trap data acquisition plateaus around 1.5 Th. The pairing of optimized data acquisition and processing strategies provides synergistic benefits by increasing instrument utilization through the simultaneous fragmentation of more peptides per tandem mass spectrum collected and the deconvolution of the resulting chimeric spectra to accurately interpret the resulting data complexity with CHIMERY5.

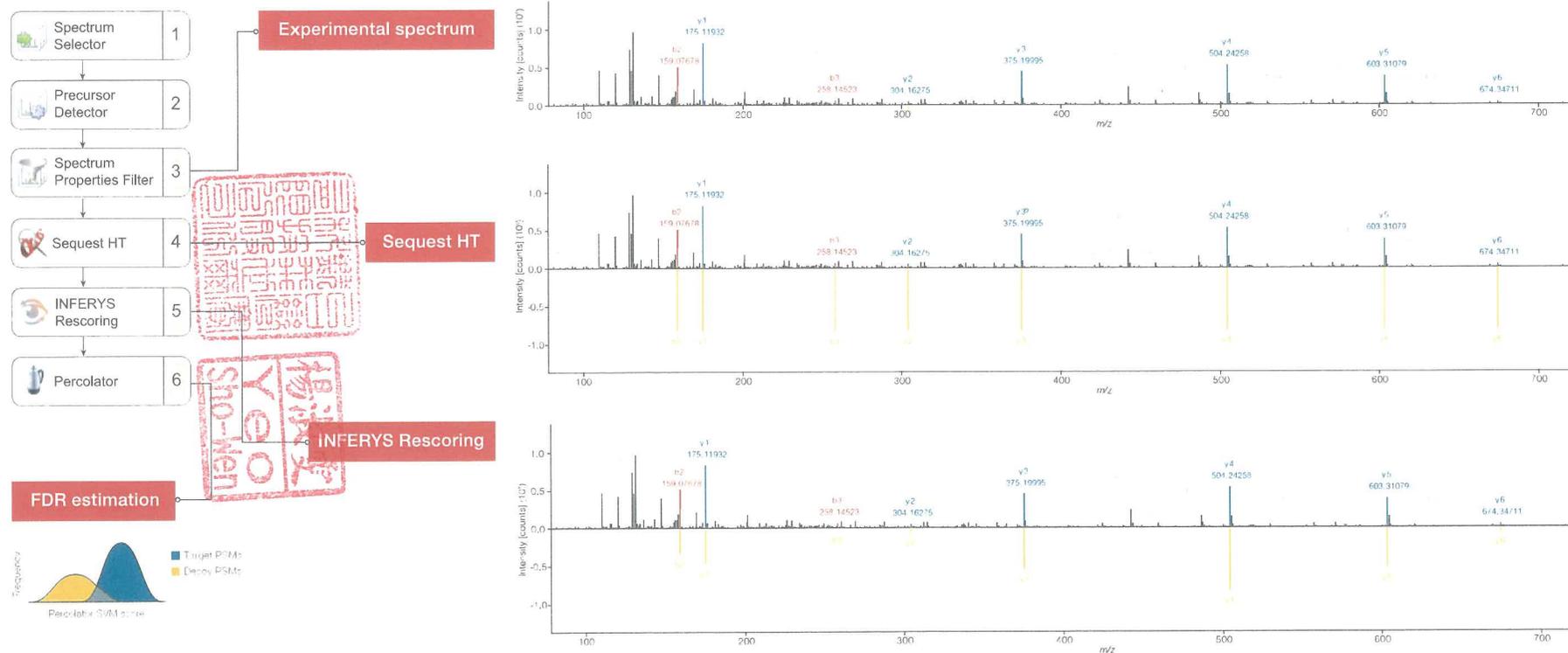


Improving confidence in search results using INFERYS Rescoring

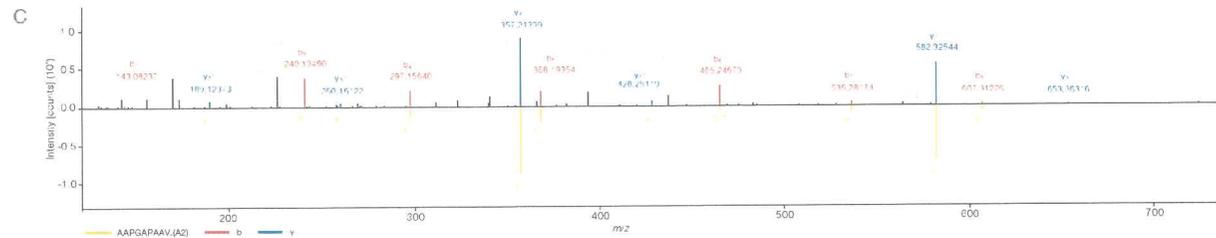
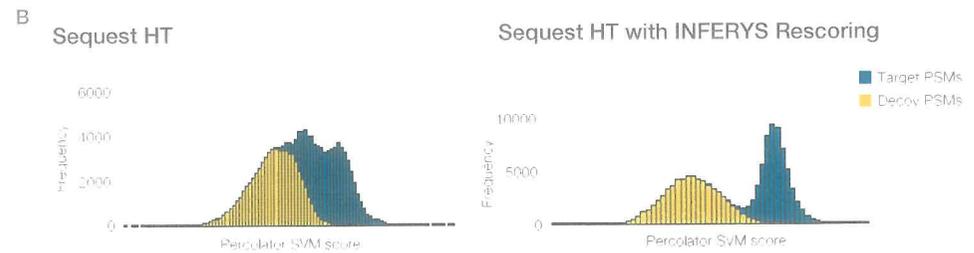
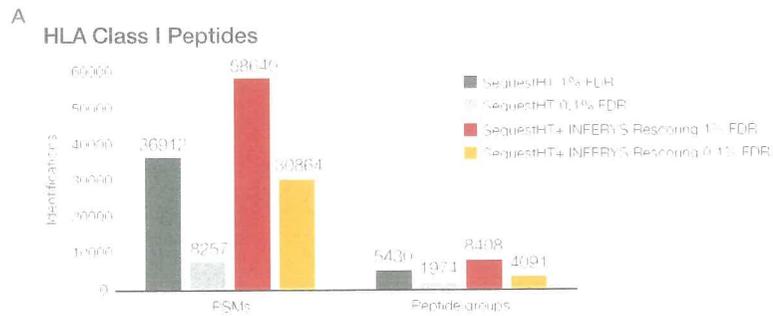
To improve the confidence in peptide identification for Sequest HT, the INFERYS Rescoring deep learning-based model calculates all predicted spectra from all target and decoy hits and calculates figures-of-merit for the correlation of predicted and measured spectra. This extra information generated by INFERYS Rescoring is added into the Percolator calculation for FDR thresholds. This results in an improvement in the number of unique peptides and proteins identified and quantified in typical proteomics datasets compared to other approaches.

While the additional confidence provided by INFERYS Rescoring increases the number of identified and quantified proteins for all proteomics applications, it provides specific benefits for single-cell proteomics, metaproteomics, and immunopeptidomics. By including a metric for the fragment ion intensities, INFERYS Rescoring can identify targets that are hard to separate from decoys based on classical scores.

Accurate predictions of fragment ion intensities enable the calculation of intensity-based scores, which increases the confidence in results. The additional confidence provided by INFERYS Rescoring is particularly important for immunopeptidomics, where there is a huge search space and many very similar peptides with similar properties. For example, in a HLA Class I data set from a patient derived melanoma cell line immunopeptidomics study, INFERYS Rescoring provides a 58% increase in PSMs and 55% increase in peptide identifications compared to Sequest HT alone. INFERYS Rescoring also increases the confidence in identifications when very low protein loads are used leading to low abundance MS² spectra, such as for single-cell proteomics. By adding extra figures of merit, peptides which may otherwise be missed can be rescued to improve the coverage and identify and quantify more proteins and peptides per sample. This results in 15–20% more peptide IDs versus Sequest HT alone.



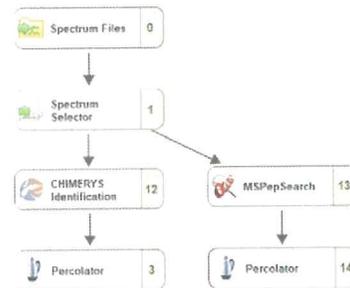
The INFERYS Rescoring workflow. Experimental MS² spectra are scored by Sequest HT by matching all theoretical b and y ions, each weighted equally by the search engine. The INFERYS Rescoring node subsequently reads the peptide sequences identified by Sequest HT, predicts their fragment intensities, and correlates the predicted spectrum to the original. Values corresponding to this correlation are included as features in Percolator, helping increase confidence for PSMs whose fragment abundances closely match those from the prediction.



(A) INFERY'S Rescoring predicts peptides on-the-fly during a workflow only for those peptides identified by Sequest HT in the target and decoy database searches to provide additional figures-of-merit to increase the confidence for any given PSM. INFERY'S Rescoring substantially improves the analysis of HLA peptides due to the very large search space required. At the same 1% FDR threshold, with the inclusion of INFERY'S Rescoring, the number of PSMs increase by 58%, and the unique peptides by 55%. (B) INFERY'S Rescoring predictions are done accurately based on fragmentation method, including HCD and CID, and collision energy. The prediction has also been improved to include TMT and TMTpro. This results in an increased Percolator SVM score for well matched Target PSMs. (C) The mirror plot shows how close the predicted spectrum below matches to the experimental MS/MS spectrum above for the selected PSM.

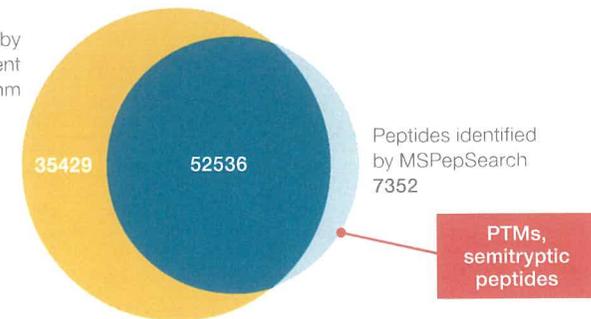
Mix and match search engines with an extensible framework

The extensible framework of Proteome Discoverer software allows for flexible workflows and the deployment of multiple search engines. Sequest HT is the default search engine and is used to identify peptides in tandem mass spectra. Sequest HT evaluates protein sequences from the provided database and calculates a list of peptides that could be present given the precursor information. Sequest HT calculates a theoretical tandem mass spectrum for this list of candidate peptides and compares the theoretical spectrum to the experimental spectrum to find the Xcorr score for ranking. In addition to Sequest HT, a series of third party search engines are available to use in Proteome Discoverer software.



The flexible workflows of Proteome Discoverer software allows for search engines to be used independently, in series, or in parallel to significantly increase the number of peptide and protein identifications.

Peptides identified by CHIMERY'S Intelligent Search Algorithm



The extensible framework of Proteome Discoverer software workflows allows for the use of multiple search engines to glean more results from your raw data. Tailor search strategies to increase peptides even further by using library search or other search engines specializing in PTMs, such as MSPEPSearch.

Label-free quantification workflows

Key features/benefits of label-free quantification workflows

Support for single or multidimensional separations

- "Add Files" or "Add Fractions"
- For multidimensional data, RT alignment happens for the same fraction



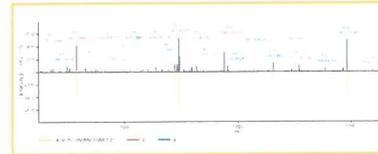
Predefined LFQ workflows

- Support for all Thermo Scientific Orbitrap mass spectrometers
- FAIMS Pro Duo Interface support



Peptide identification

- Multiple search engines
- Precursor Detector
- INFERYS Rescoring
- CHIMERY5 Intelligent Search Algorithm



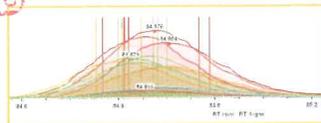
Unique approach for ratio and p-value calculation

- Protein ratios calculated as the median of peptide ratios including replicates
- "Background-based" p-value uses distribution of background proteins at different abundance levels to calculate p-value



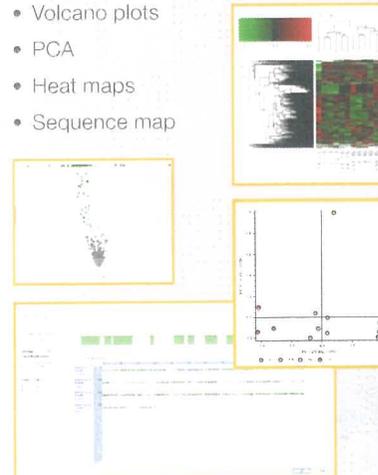
LFQ visualization tools

- Chromatograms, aligned and unaligned
- Abundance plots
- Extracted ion chromatograms



Statistical analysis and visualization tools

- Volcano plots
- PCA
- Heat maps
- Sequence map

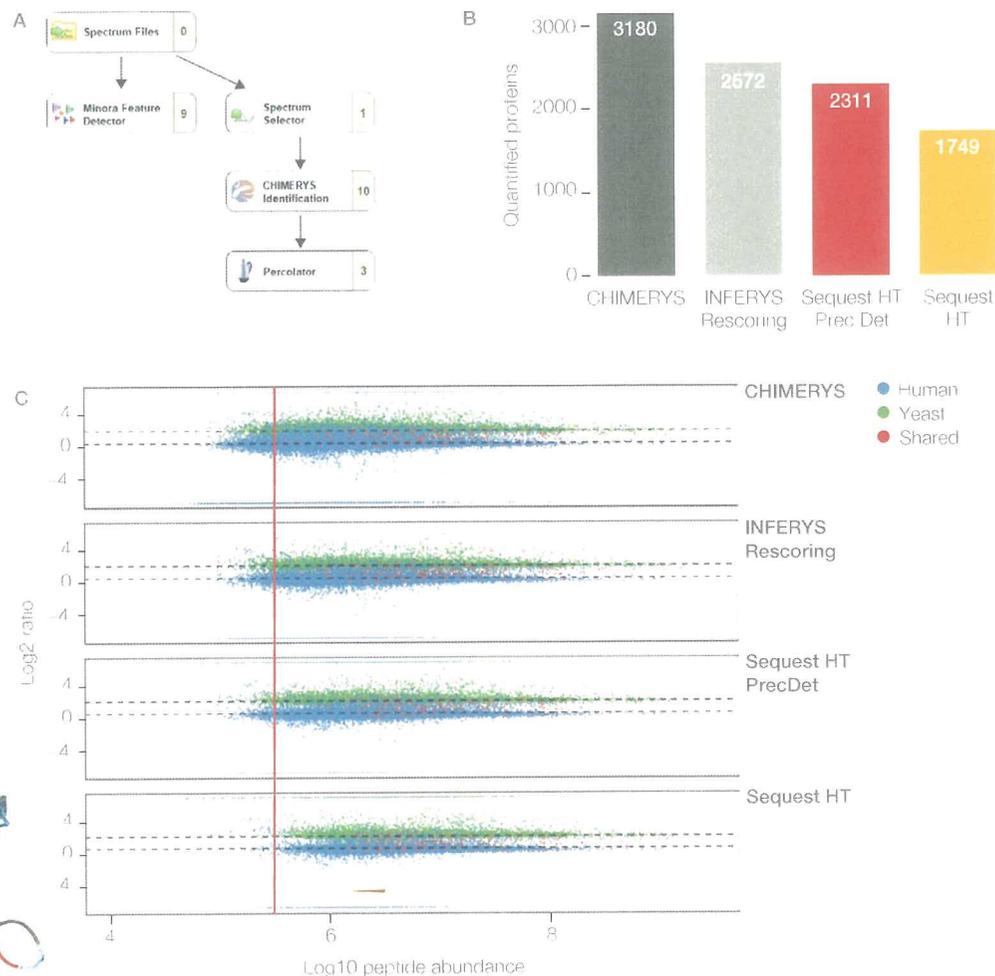
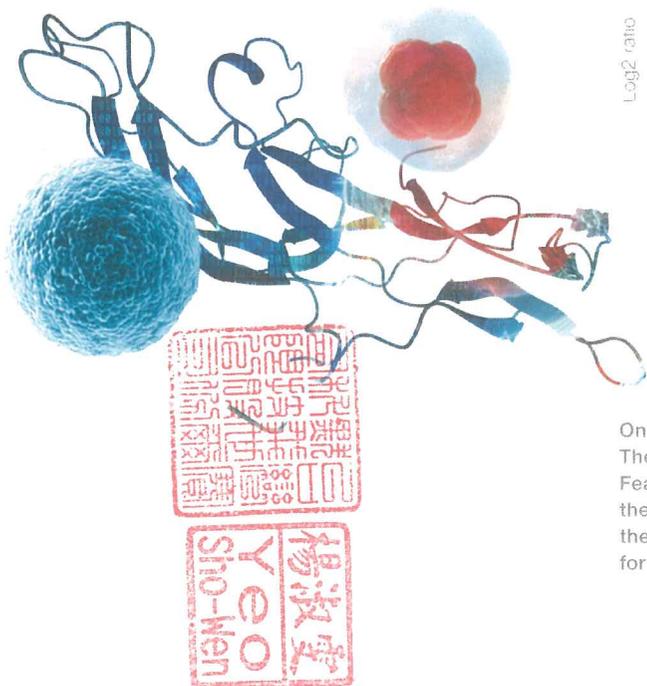


Comprehensive quantification capabilities

Proteome Discoverer software enables LFQ analyses with comprehensive capabilities. Both single or multidimensional separations can be utilized through the addition of files or fractions. Predefined LFQ workflows provide support for all Orbitrap mass spectrometers as well as support for data generated with the FAIMS Pro Duo interface. The Minora Feature Detector node detects and quantifies the isotopic clusters in the MS¹ data and then maps the clusters to PSMs from the search engines used in the workflow across all data files. Proteome Discoverer software also uses a unique approach for ratio and p-value calculations by using a pairwise ratio method to produce accurate ratios and a p-value calculation that uses the distribution of "background" proteins to determine whether or not any single protein is differentially expressed. To aid in the visualization and filtering of LFQ results the software also includes visualization and statistical analysis tools, such as abundance plots and heat maps, with direct connectivity to the results for dynamic filtering and plotting.

Identify and quantify more proteins and peptides with artificial intelligence

LFQ workflows can utilize the CHIMERYYS intelligent search algorithm or Sequest HT with INFERYYS Rescoring to identify and quantify more proteins. By digging deeper into the data to identify more peptides, CHIMERYYS paired with the Minora Feature Detector quantifies more peptides and proteins. Similarly, adding INFERYYS Rescoring into workflows using Sequest HT adds figures-of-merit from the comparison of the predicted spectra from INFERYYS Rescoring for each target and decoy hit to the experimental fragmentation spectrum that produced those PSMs. Percolator uses this information to further separate the distribution of true matches from random ones to produce more identified and quantified peptides and proteins.



One hour data-dependent acquisition of 250 ng HeLa/125 ng Yeast lysate analyzed in triplicate on a Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 mass spectrometer. (A) A typical LFQ workflow using Minora Feature Detector and CHIMERYYS Identification. (B) The CHIMERYYS intelligent search algorithm increases the number of quantified proteins compared to other strategies for typical LFQ analyses. (C) The addition of the CHIMERYYS intelligent search algorithm allows for increased identification and quantification, particularly for lower abundance peptides, resulting in improved sensitivity and a lower limit of quantification.

Integrated statistical analysis and visualization tools

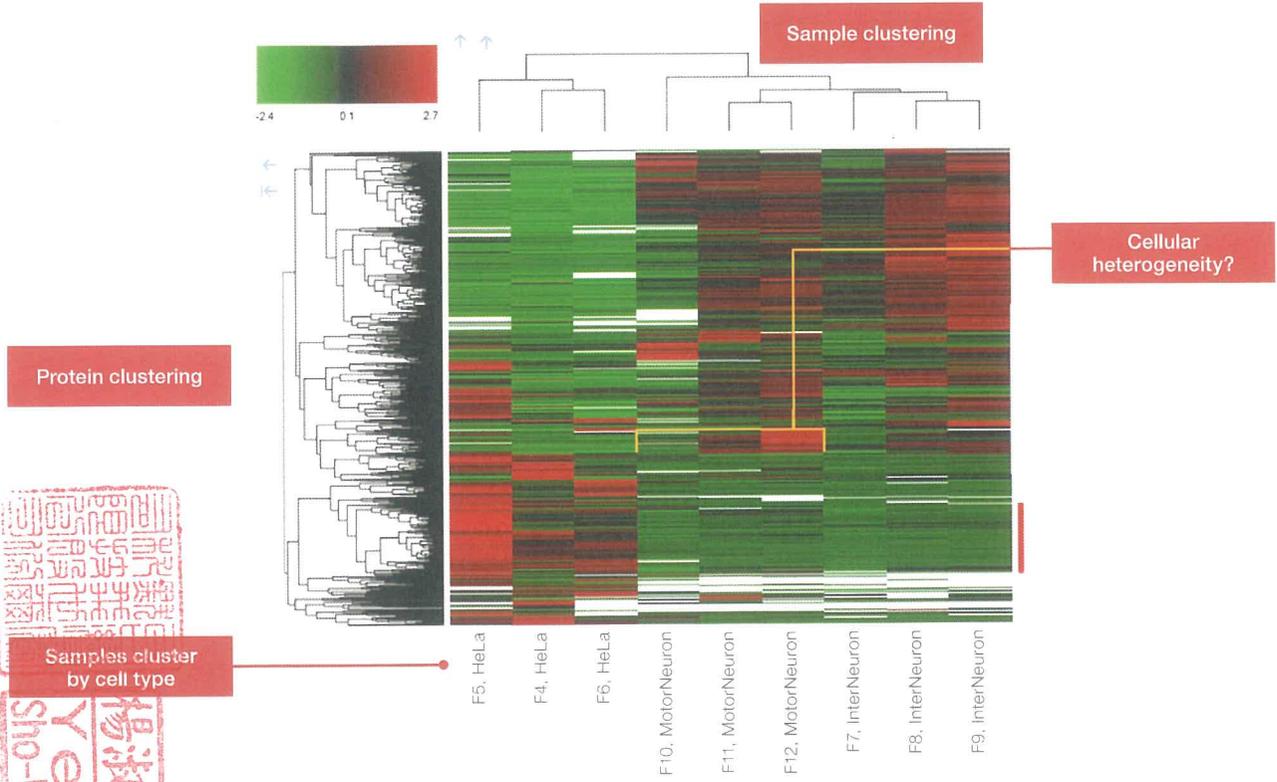
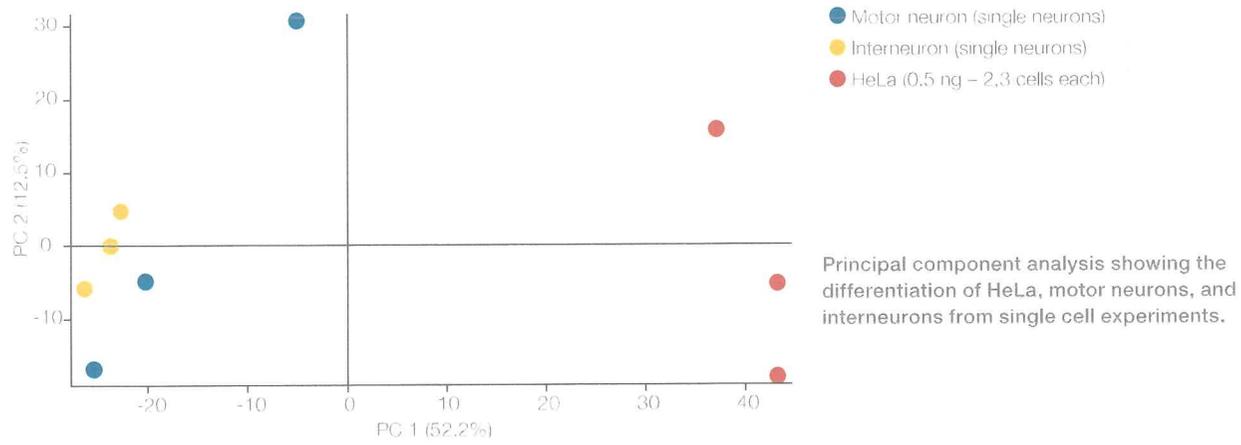
The statistical analysis and visualization tools built into Proteome Discoverer software allow for rapid filtering, visualization, and interpretation of results. LFQ results include chromatograms, Principal Component Analysis (PCA) plots, heat maps, quantification channel charts, and more. Quantification channel charts can quickly display changes for a given peptide or protein group across different experimental variables in tandem with chromatogram traces to visualize the detected peaks across all conditions.

Complex datasets in applications with samples containing diverse protein expression, such as single cell proteomics, can be quickly visualized using multivariate tools such as PCA plots and hierarchical clustering heat maps. These plots are highly interactive, making it easy to select and filter sets of peptides or proteins that differentiate groups. For example, the heat map and PCA plots can be used to classify different cell types in single cell proteomics data.²

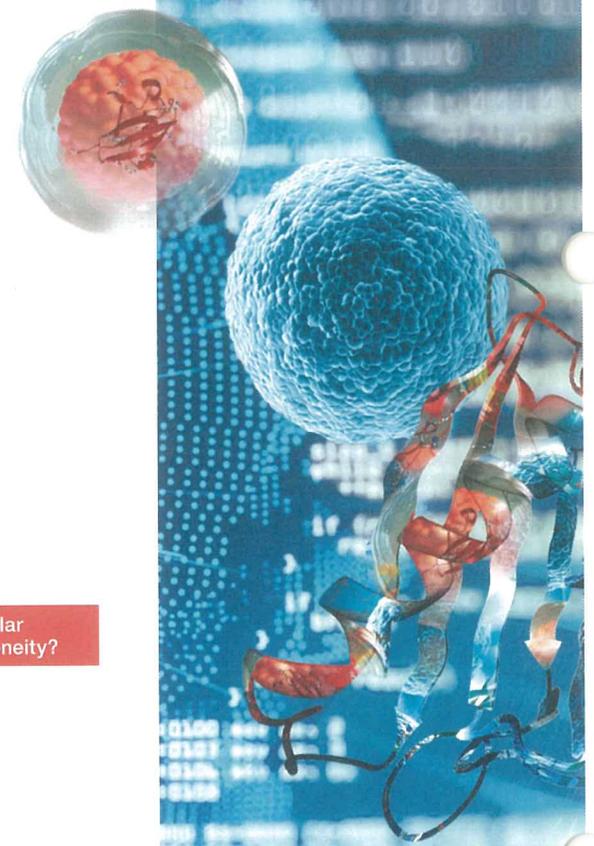
LFQ results presentation



LFQ results can be visualized with chromatograms, principal component analysis plots, heat maps, quantification channel charts, and more within the Proteome Discoverer software framework, allowing for quick and easy interpretation of results.



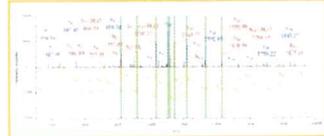
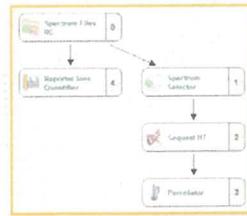
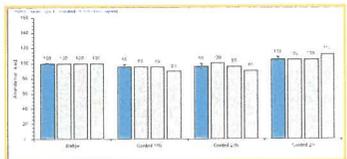
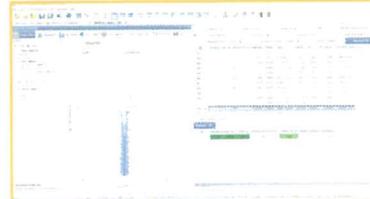
Heat map analysis showing the differentiation of HeLa, motor neurons, and interneurons from single cell experiments.



Isobaric Mass Tagging (TMT and TMTpro) Labeled Peptide Quantification

一、(二) (1) 10 組以上 同位素標定 肽 定量 分析 功能

Key features/benefits of TMT quantification workflows

Default TMT methods	Support for advanced acquisition methods	Predefined workflows
<ul style="list-style-type: none"> TMT 2plex, 6plex, iodo TMT 6plex, 10plex, 11plex, and TMTpro 16plex and 18plex Correction factors 	<ul style="list-style-type: none"> FAIMS TurboTMT TMT SPS MS³ 	<ul style="list-style-type: none"> Support for ion trap, hybrid and tribrid instruments MS² and MS³-based quantification Customize to increase IDs 
Unique approach for TMT protein quantification	Powerful visualization and analytical tools	Extensibility
<ul style="list-style-type: none"> S/N-based peptide filters for improved accuracy Summed protein abundances Scale to pool/control channel for larger datasets 	<ul style="list-style-type: none"> PCA plots Volcano plots Heat maps Enrichment analysis 	<ul style="list-style-type: none"> Connect to external tools via the Scripting Node Integration with MSstatsTMT via custom script 

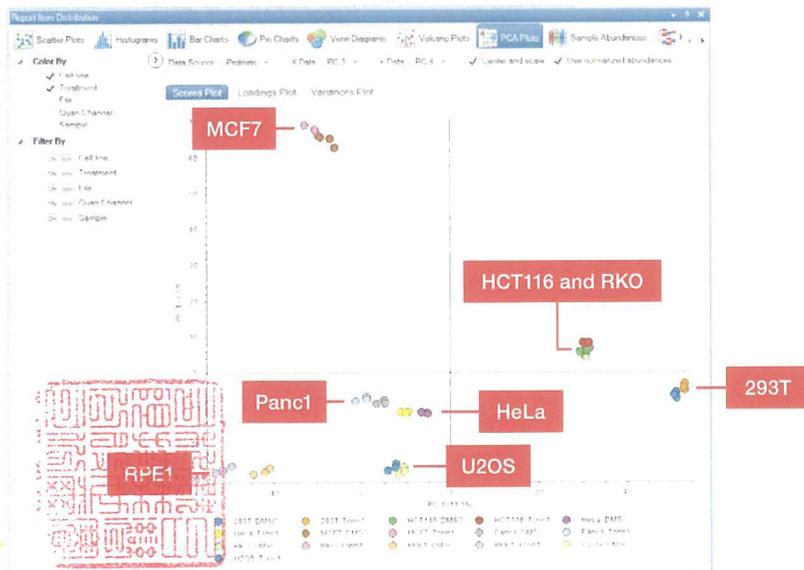
Integrate intelligent data acquisition strategies with sophisticated data analysis to maximize insights

TMT and TMTpro reagents allow for the multiplexing of proteomics samples with robust and efficient derivatization for better quantitative accuracy and precision. Proteome Discoverer software offers default TMT methods to match the various reagents to provide the most accurate and precise results. Proteome Discoverer software offers predefined workflows to support all Orbitrap mass spectrometers with the capability to do both MS² and MS³-based quantification, along with the ability to customize workflows to increase the number of identified and quantified peptides and proteins. TMT protein quantification is performed using signal to noise summed protein abundances from the peptide to protein level values for improved confidence in quantification accuracy and precision. Larger datasets with multiple runs are supported using scaling with pools or control channels. Results are easily visualized and filtered and can be customized using the Scripting Node, for example with integration of the MSstatsTMT R libraries.

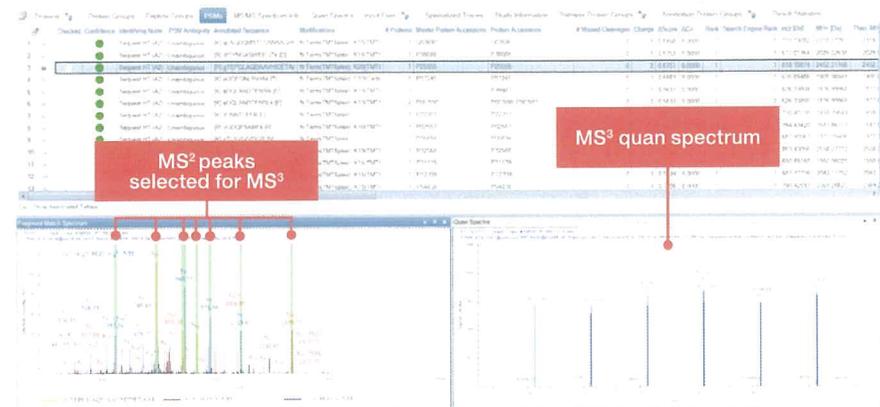


Visualization of TMT and TMTpro results

Multiplexing samples across different groups can provide extensive information but can require the use of multivariate visualization to identify similarities and differences. For example, the comparison of eight different human cell lines with and without torin stimulation yields clustering by similarity that can be visualized with the built-in PCA and Heat Map plots. Tying the study factors and samples together via study management paired with the built-in visualization provides clear differentiation between groups, with HCT116 and RKO as well as HeLa and Panc1 clustering together due to the similarity of the cell lines.



The multivariate analysis of different groups, such as multiple cancer cell lines as seen in this PCA plot, is integrated directly into the results visualization. Three replicates for eight different human cell lines each with and without torin stimulation that are quantified with TMTpro reagent labeling leads to clustering by cell lines that are similar and a slight shift in response to torin stimulation.³



TMT accuracy and precision is enhanced by utilizing TMT SPS MS³ methods and the number of identified peptides is improved with Real-Time Search-Aided methods. Proteome Discoverer software results allow for the visualization of MS² fragment ions that are selected for MS³ and the visualization of the MS³ quantitation spectrum for maximum confidence in results.

Match Real-Time Search-Aided TMT SPS MS³ results with the Comet search engine

The Real-Time Search-Aided TMT SPS MS³ functionality uses the Comet search engine for intelligent triggering of MS³ scans based on the identification of a PSM in the preceding MS² scan to improve accuracy, increase the number of quantified proteins, and provide interference free spectra. The Comet search engine has been added into the Proteome Discoverer software framework to more closely match the peptides identified during acquisition and can be used to process data alone or in conjunction with other search engines.

Improved identification and confidence for TMT workflows

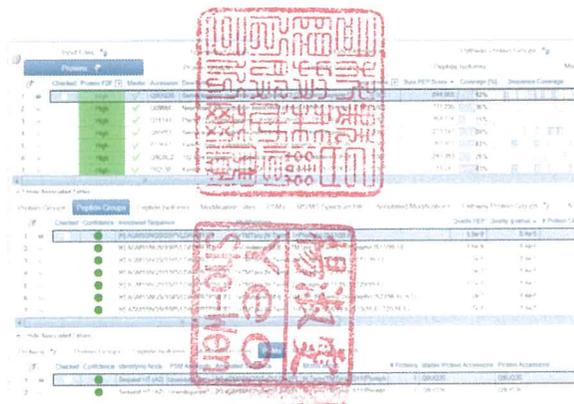
Adding artificial intelligence capabilities to TMT workflows allows for additional identifications and more confident quantification. Using the CHIMERYs intelligent search algorithm in MS²-based TMT workflows will provide confidence that peptides used for quantification are not derived from chimeric spectra, which would result in errors in quantification. Both CHIMERYs and INFERYs Rescoring can also help improve the number of identified and quantified peptides and proteins by digging deeper into the data.

Data visualization

Proteome Discoverer software offers an intuitive interface for results interpretation, including exceptional connectivity between data tables and plots to allow rapid interpretation, filtering, and visualization for a faster time to results.

Peptide views

Results are presented using a nested table where PSMs are directly linked to unique peptides, proteins, and annotated MSⁿ spectra in an interactive fashion. This allows for dynamic filtering and connectivity across tables, graphical charts, spectra, and chromatograms for more thorough investigation and interpretation.



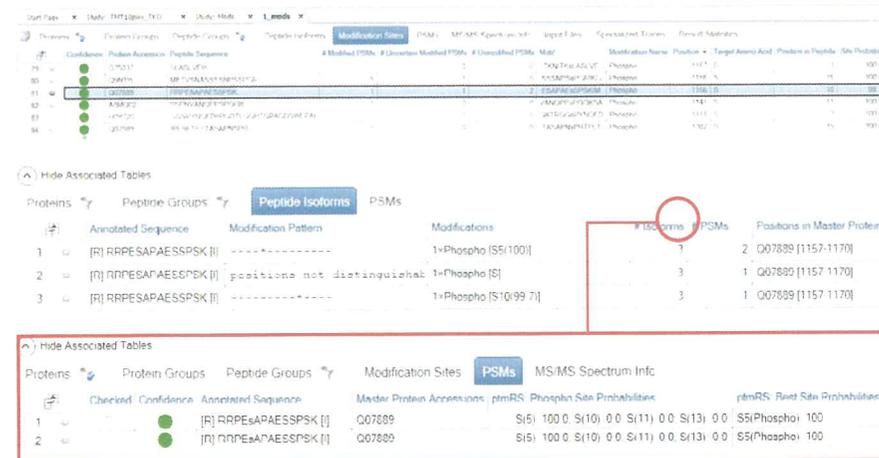
The hierarchical nesting of tables helps organize results to link proteins, peptides, and PSMs together to simplify the navigation through complex results.

Post translational modification identification and visualization

Understanding the function of proteins requires the identification of not only unmodified peptide sequences but also the localization and presence of PTMs. The Proteome Discoverer software framework includes the IMP-ptmRS search node, which uses the peptide sequence determined by the main search engine, calculates the masses of residues considering all possible positional isoforms, identifies and detects the diagnostic fragment ions, scores the hits, and calculates a probability of localization for each PTM.³ In addition, Proteome Discoverer software includes a chemical modifications table and modifications dialog to easily annotate additional peaks in tandem mass spectra for neutral losses and/or diagnostic ions. This unique capability streamlines the analysis and interpretation for PTMs of interest. Further insights can be gleaned by using an error tolerant search through the Mascot node. The linked Modification Sites, Peptide Isoforms, and PSMs tables can be used to find differentially expressed PTMs in complex proteomics data.



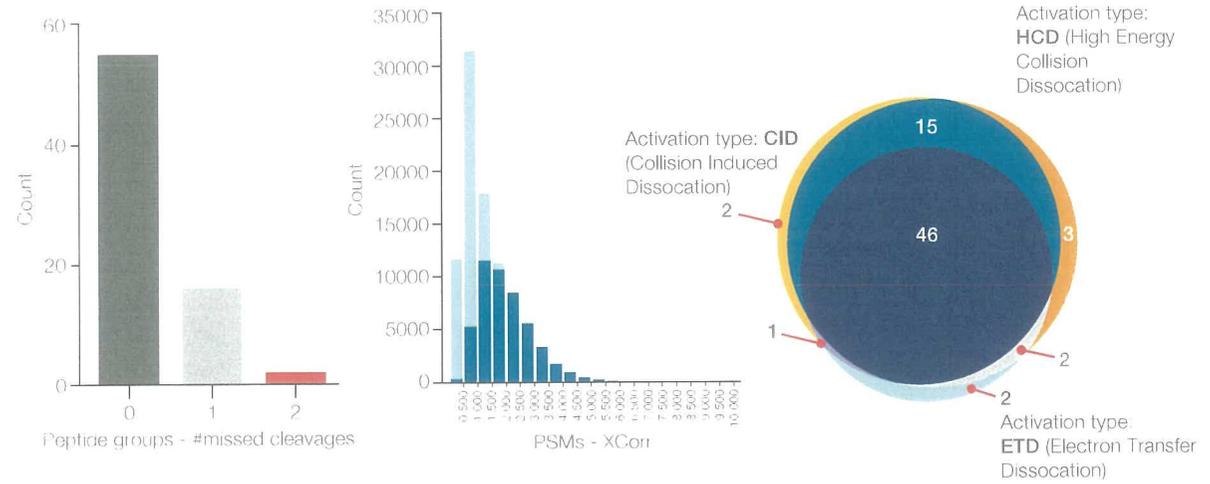
The protein sequence coverage view shows the location of identified peptides as well as identified and localized post-translational modifications. If the Protein Annotation node is used in the Consensus workflow, the PTMs annotated in UniProt for the selected protein will be displayed.



PTMs can be easily identified and visualized through the modification sites table, which allows for the selection of peptide sequences and the display of peptide isoforms. Within each peptide isoform the modification pattern can be identified and annotated through the use of ptmRS site probabilities and best site probabilities score for site specificity and increased confidence in annotation.

Deeper insights into data

Proteome Discoverer software offers multiple plotting capabilities related to both raw data and data processing results. Information about raw data can be used to optimize sample preparation or acquisition strategies and can also be used to troubleshoot. Distribution charts can display any metric with scatter plots, histograms, and bar charts. For example, the number of missed cleavages can be displayed in a bar chart to confirm full protein digestion or a histogram chart of Xcorr values can be used to show which PSMs pass the FDR threshold filter, or a comparison of identified peptides using different fragmentation techniques can be seen with a Venn diagram. These retrospective analyses help offer a more complete understanding of the generation and processing of data to move forward with informed decision making to deploy optimized sample preparation, acquisition, and processing strategies to achieve the best data quality and results

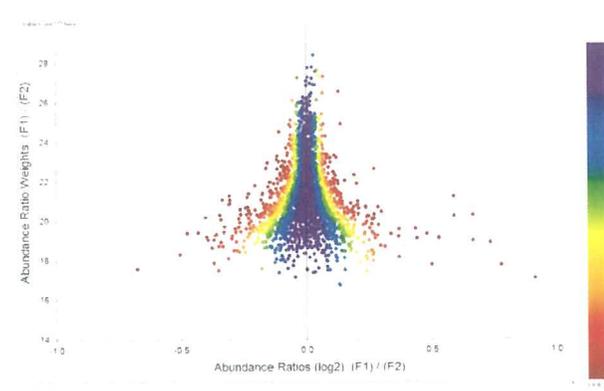


Distribution charts can be utilized to visualize, interpret, and optimize experimental procedures, data acquisition settings, and results. For example, a bar graph can display the number of missed cleavages, a histogram can show the Xcorr values for PSMs passing the pre-set FDR filter (dark red) and excluded hits (salmon), and Venn diagrams can display peptide sequences identified by different fragmentation techniques.

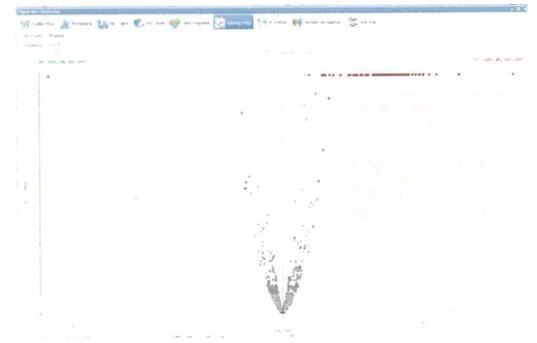
Integrated statistical analysis tools

Interpreting the results of large proteomics experiments requires the ability to map study factors and samples to relevant statistical tests and ratio generation with flexible filtering and visualization capabilities to determine the relevant experimental results. Proteome Discoverer software allows for a large number of study factor variables to handle biological factors, experimental categorical factors, and technical replicates. In order to provide the best quantitative and qualitative results, normalization and scaling can be performed along with protein ratio calculations based on either protein abundance or pairwise ratios. Statistical analyses can be performed with a t-test. Results can also be visualized using volcano plots to show pairwise comparisons of proteins or peptides with adjustable P-value and log2 fold change values to select and filter based on desired changes.

Confidence interval chart with abundance ratios



Volcano plot



Interactive abundance ratios comparing groups can be visualized with shading according to the confidence interval, allowing for a more confident interpretation of proteome changes across a large dynamic ratio range using a background-based p-value calculation. Volcano plots allow for the visualization and selection of proteins or peptides in comparisons with customizable p-value and log2 fold change values.

Annotation and pathway mapping

In addition to the identification and quantification of peptides and proteins, Proteome Discoverer software provides biological interpretation of results. The addition of the Protein Annotation node to the consensus workflow creates the Pathway Protein Groups and Annotation Protein Groups result tables. In addition, proteins can be selected from Volcano Plots, PCA plots, and Heat Maps to generate an Enrichment table to display overrepresented or underrepresented pathways, GO, and Pfam terms to quickly convert results into biological insights. The annotation service is regularly updated to provide the most up to date terms. The service also allows full proteome FASTA file downloads and allows for easy updates over time as entries are modified in the database.

Interactive enrichment table from graphical results to find overrepresented pathways

Check all up-regulated proteins in volcano plot

Enrichment table automatically updates based on checked protein list

Up-regulated Reactome pathways

Interactive enrichment tables allow for the selection of up- or down-regulated proteins or peptides in any view, including volcano plots, PCA plots, and heat maps, and the visualization of corresponding Reactome pathways from the checked proteins to help derive biological interpretation of results. In addition to Reactome pathways, KEGG and Wikipathways as well as gene ontology terms and protein families can be visualized in the enrichment table.

GO Annotation: identify biological processes, cellular components, and molecular functions. Map results onto pathways to understand biological context.

An annotation service with frequent updates allows for the display of overrepresented pathways, GO, and Pfam terms associated with selected proteins.

Pathways can also be directly visualized, providing biological context and background literature references using pathway maps.

Protein crosslinking with XlinkX

Combine crosslinked peptide identification with TMT and LFQ analysis for quantitative structural biology insights

Key features for XlinkX for Proteome Discoverer software	Crosslink modifications	User interface for crosslink modification definition	Predefined workflows	LFQ and TMT quantification	Annotated XlinkX spectra	Export to third party tools
	<ul style="list-style-type: none"> Predefined crosslinks Cleavable and non-cleavable Heterobifunctional crosslinkers 	<ul style="list-style-type: none"> Users can add their own cross-linker 	<ul style="list-style-type: none"> Cleavable and non-cleavable Support for different acquisition modes 	<ul style="list-style-type: none"> Uses same nodes as for standard proteomics workflows 	<ul style="list-style-type: none"> Chromatograms, aligned and unaligned Abundance plots Extracted ion chromatograms 	<ul style="list-style-type: none"> xiView PyMOL

Protein crosslinking enables structural proteomics studies to be performed using mass spectrometry to pinpoint residues in close proximity to the interaction interfaces between protein complexes and interfaces. The XlinkX nodes in Proteome Discoverer software allow for easy analysis of crosslinked peptide data, supporting both cleavable and non-cleavable crosslinkers. These nodes can also be combined with the TMT and the LFQ nodes in Proteome Discoverer software for quantification. * XlinkX developed in collaboration with Utrecht University.

Top-down proteomics with ProSightPD software

Comprehensive top-down data analysis and visualization, supporting multiple fragmentation modes, FAIMS Pro Duo interface, and detailed proteoform analysis

Key features of ProSightPD software	Prebuilt and Flexible Top-down workflows	Supports advanced acquisition methods and quantification	Powerful database management	Versatile proteoform identification	Unique top-down results visualization	Extensive reporting capabilities
	<ul style="list-style-type: none"> Discovery LC-MS Native top-down Complex-down MS,² and more 	<ul style="list-style-type: none"> PTCR LFQ ETD, EThcD, UVPD FAIMS Pro Duo Interface 	<ul style="list-style-type: none"> ProSight Annotator <ul style="list-style-type: none"> Precise control of all proteoforms Intuitive user interface 	<ul style="list-style-type: none"> Fast ProSight database search algorithms <ul style="list-style-type: none"> Searches include truncated forms and unknown modifications via Δm mode. Supports unresolved precursors 	<ul style="list-style-type: none"> Visualizations from Proteome Discover software TD Validator Fragment Map View 	<ul style="list-style-type: none"> TD Viewer ProForma Annotated Sequences

ProSightPD software enables the identification, characterization, and quantification of Top-down proteomics datasets within the Proteome Discoverer software framework. ProSightPD software includes a Database Manager to import proteins of interest and add or remove isoforms or PTMs in tandem with workflows equipped to address the challenges of finding and annotating known and unknown proteoforms, including processing capabilities for all fragmentation modes such as HCD, CID, ETD, EThcD, UVPD, and PTCR, along with FAIMS Pro Duo interface data. Mix and match search types and deconvolution strategies to match acquisition and processing strategies to identify intact proteoforms and sub-sequences of proteoforms. Visualize and filter results with the capabilities of Proteome Discoverer software including automated discovery and characterization of proteoforms and instantly validate results with TD Validator.



Almanac web-based monitoring and management

Stay connected to your science. See how the Thermo Scientific™ Almanac™ application can help you get the most out of your instruments.

thermofisher.com/almanac



Technical and online support: peak performance for your instruments

Helping you keep your instruments running at peak performance is our goal. Whether you're looking for an instrument manual or spare parts, want to submit a repair request, or check on the status of your warranty or service contract, we have every support option you're looking for.

thermofisher.com/technicalresources



Stay up and running with unparalleled laboratory services

Unity™ Lab Services provides a single source for integrated instrument service and support as well as laboratory and supply management. Our customized service offerings and highly experienced world-class service experts have the flexibility and expertise to address your lab's unique needs. We provide a complete portfolio of services and support designed with the VIAL workflow in mind to help you improve productivity, reduce total cost of ownership, and help ensure performance of your instruments and workflows.

unitylabservices.com/serviceadvantages

Thermo Scientific Orbitrap mass spectrometers

thermofisher.com/orbitrap

Thermo Scientific Vanquish Neo UHPLC system

thermofisher.com/vanquishneo

¹ Schweppe et al. Anal. Chem. (2019), 91, 6, 4010–4016.

² <https://pubs.rsc.org/en/content/articlehtml/2021/sc/d0sc03636f>

³ Li et al. Nature methods <https://doi.org/10.1038/s41592-020-0781-4>

⁴ Taus, T. et al. J Proteome Res., 10, 5354-5362 (2011). doi: 10.1021/pr200611n

Learn more at thermofisher.com/proteomediscoverer

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures. © 2022 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved. CHIMERYS and INFERYS are trademarks of MSAID. Mascot is a trademark of Matrix Science. SEQUEST is a trademark of the University of Washington. ProSightPD is a trademark of Proteome Sciences, Inc. Tandem Mass Tags (TMT) is a registered trademark of Proteome Sciences. All other trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific and its subsidiaries. This information is presented as an example of the capabilities of Thermo Fisher Scientific products. It is not intended to encourage use of these products in any manner that might infringe the intellectual property rights of others. Specifications, terms and pricing are subject to change. Not all products are available in all countries. Please consult your local sales representatives for details. **BR000131-EN 0522M**

Overview

The topics in this chapter introduce you to the Proteome Discoverer application and describe its features and functionality.

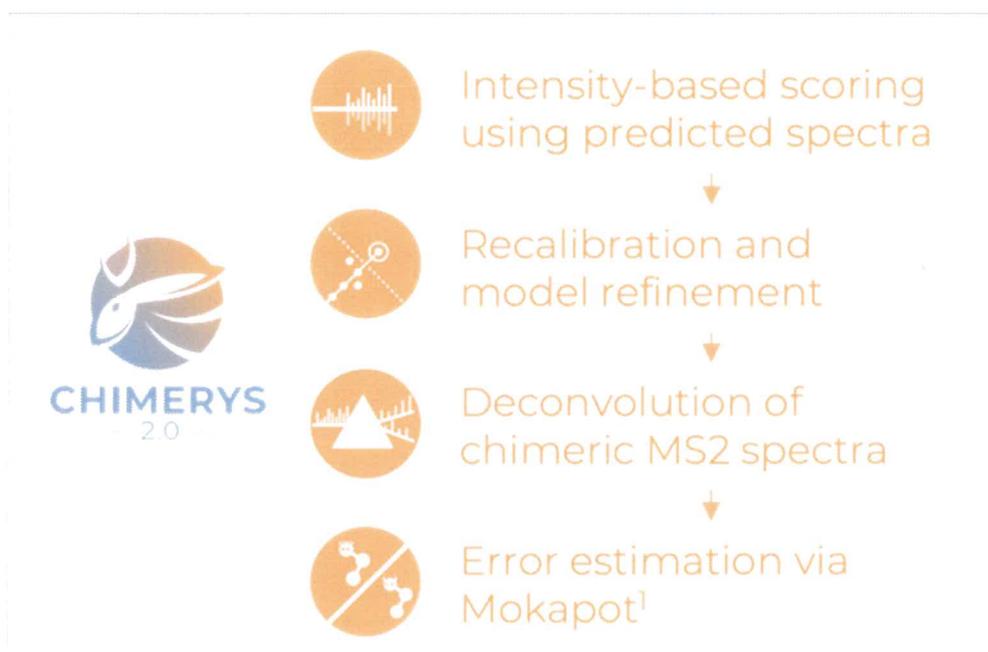
- Introduction to the Proteome Discoverer application
- Proteome Discoverer task flow overview
- Open and close the application
- View the Start page
- Access Help

Introduction to the Proteome Discoverer application

The Proteome Discoverer application is a client-server application that uses workflows to process and report mass spectrometry data. It compares the raw data obtained via mass spectrometry to the information from a selected FASTA database and identifies peptides from tandem mass spectra. You can use this application to analyze mass spectral data from all Thermo Scientific mass spectrometers and other mass spectrometers. Specifically, the application does the following:

- Works with peptide identification search engines, such as Sequest™ HT and Mascot, to process all data types collected from low- and high-mass-accuracy mass spectrometry (MS) instruments.
- Produces complementary data from a variety of dissociation methods and data-dependent stages of tandem mass spectrometry.
- Combines, filters, and annotates results from several database search engines and from multiple analysis iterations.





The CHIMERYYS workflow contains four main steps, where the workflow does the following:

1. Performs a first pass search.
2. Recalibrates the masses, the retention times, and the fragmentation energies based on results of the first pass search.
3. Performs a first main search, which deconvolutes each spectrum and produces a list of peptide spectrum matches (PSMs) for each MS/MS spectrum.
4. Calculates the FDR for all PSMs using Mokapot⁵.

These four main steps are performed for DDA, DIA, and PRM datasets. However, for DIA and PRM data, CHIMERYYS performs the following extra steps:

1. Combines PSMs regardless of their confidence with any PSMs from the CHIMERYYS Inclusion File (if one was selected).
2. Performs a second main search with the search space restricted to the combined list of PSMs.

For more information on how to create an inclusion file, see Export CHIMERYYS Inclusion File.

⁵ William E. Fondrie and William S. Noble. mokapot: Fast and Flexible Semisupervised Learning for Peptide Detection. Journal of Proteome Research 2021 20 (4), 1966-1971 DOI: 10.1021/acs.jproteome.0c01010.

Label-free quantification proceeds as follows:

1. First, the algorithm detects LC/MS peaks in the individual raw data files and maps them to identified PSMs, when available.
2. Next, it creates new features from peaks that were not previously associated with any other feature. It takes all LC/MS peaks within a small retention-time range and checks for peaks that build isotope patterns.

Data Independent Analysis (DIA) quantification with CHIMERYs

You can analyze up to 50 representative datasets in the same workflow using CHIMERYs (on Ardia™ Platform or cloud).

For more information, see [Understanding how the CHIMERYs algorithm quantifies data produced by Data Independent Acquisition](#).

Statistics for differential expression

P-values provide a measure of confidence in quantitative proteomic results. The protein annotation service also allows downloading of full proteome databases by taxonomy number. For more information on p-values, see [Calculate p-values and adjusted p-values for quantification results](#).

Protein annotation

The Proteome Discoverer application gives you access to protein annotation information from a web service that provides the following from the UniProt database:

- Gene ontology (GO) molecular function, cellular component, and biological process terms
- Reactome and WikiPathways pathway annotations
- Protein Family (Pfam) classification information
- HGNC gene symbols and Entrez gene identifications
- Genomic annotations of genetically sequenced organisms from the Ensembl genome database
- Post-translational modification information



- FASTA databases
- Supported files

FASTA databases

The Proteome Discoverer application includes FASTA databases, including several example FASTA databases and example RAW data files. Use these files when exploring and learning how to use the application. For a description of the different types of FASTA databases and their purpose, see [Using FASTA databases](#).

Supported files

You can use the Proteome Discoverer application to process Thermo Fisher Scientific raw data collected from the following mass spectrometers: Hybrid mass spectrometers and Tribrid mass spectrometers. Thermo Fisher Scientific also supports open formats such as MGF, mzData, mzXML, and mzML with limited functionality.

(三),



ProSightPD software

The ProSightPD™ software consists of a set of nodes within the Proteome Discoverer application and is used for the analysis of top-down proteomics data. The ProSightPD software is a product of Proteinaceous, Inc., exclusively licensed to Thermo Fisher Scientific. For more information, visit proteinaceous.net. A 60-day free trial version is available. Versions of the ProSightPD software are available from the Proteome Discoverer Third-Party Node Installer.

標號：TMU112-277

奈米微流液相層析高解析質譜儀壹套

不斷線系統與實驗桌規格確認提供與標案需求之相符規格

四、不斷電系統壹套 ，功能規格如下： (一) 須與儀器運作電壓相同，且容量須為 12KVA(含)以上。 (二) 須為在線式不斷電系統。 (三) 不斷電系統體積高度需可置放實驗桌下(詳採購品項五)。	壹套
五、實驗桌壹張 ，功能規格如下： (一) 須配合層析儀、質譜儀、儀器控制及分析用電腦等放置，桌體至少須長 180 公分、深 100 公分及高 80 公分(含)以上。 (二) 須具耐重度，可承受質譜儀系統、奈米微流液相層析系統及儀器控制電腦等設備之重量。	壹張



外 標 封

標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀 標號：TMU112-277 (第二次公告)
截止投標時間：113年05月30日下午05時整 開標時間：113年05月30日下午05時00分整

11031 臺北市信義區吳興街 250 號

臺北醫學大學總務處事務組收

事務組採購承辦人 劉又溱小姐

投標廠商 台灣賽默飛世爾科技股份有限公司 統一編號 28685123

廠商地址 11493 台北市內湖區洲子街85號6樓之1 廠商電話 (02)8751-6655

廠商聯絡人 李淑慧 聯絡人電話 0966-716731 聯絡郵件信箱 eva.li@thermofisher.com

一、投標文件遞送請注意時效，寄達本校事務組採購承辦人處如逾時視為無效標。

二、文件檢附方式：

注意
事項
1. 本外標封內請裝入：(一)資、規格封。(二)價格封。各標封封口彌封處請密封並加蓋公司授權大、小章。
2. 投標文件應以適當容器裝置，外標封標籤請書寫完整基本資料後貼於標封封面，標封彌封處請密封並加蓋公司授權大、小章，敬請配合。

投標文件送達紀錄

※請擇一勾選：

廠商送件人簽章

機關收件人簽章

寄送

郵寄或快遞
(免簽章免填並時間)

李淑慧



資、規格封

標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜 標號：TMU112-277(第二次公告)

注意事項

1. 文件檢附方式：本資、規格標封內，請依序裝入表列文件（請以A4尺寸提供，並蓋上公司授權印章）並以迴紋針固定於左上角，俾利開標審核作業。
2. 押標金繳納：配合出納作業，廠商第一次投標須臨櫃辦理，請至機關出納組（醫學綜合大樓後棟1F）繳納後，將(暫)收據攜至事務組承辦同仁處影印後檢附，收據正本請逕行保管留存，敬請配合。如第二次投標，得延用第一次投標所繳之押標金，免再繳納。

應附文件
▶請逕自檢核

- 押標金收據影本。
- 廠商資格規格審查表（依表列順序排放證件影本並蓋章，請將本表置於證件封面）。
- 非拒絕往來廠商查詢並列印。
- 投標廠商聲明書。
- 出席代表授權書（投標文件須以公司授權之印章用印）：如公司負責人出席者，得免附。
- 廠商製造、供應或承做能力證明。
- 廠商維修、維護或售後服務能力之證明。
- 型錄或規格說明書。

投標廠商	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司		統一編號	28685128
廠商地址	11493 台北市內湖區洲子街85號6樓	廠商聯絡人	李永慧	
廠商電話	(02)8751-6655	聯絡人電話	(02)8751-6655	
聯絡郵件信箱	eva.li@thermofisher.com	聯絡人手機	0966-716731	

拒絕往來廠商查詢

以廠商資料查詢拒絕往來廠商名單，查詢結果如下：

查詢特定條件為

廠商代碼：28685123

(台灣賽默飛世爾科技股份有限公司)

廠商現況：01-核准設立

廠商名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

資料取得時間：113/06/06 13:32

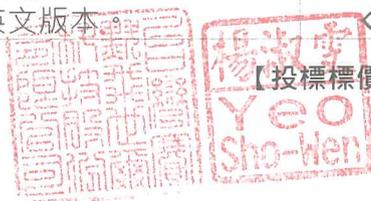
項次	廠商代碼	廠商名稱	負責人姓名	工廠隸屬之事業主體統一編號及名稱	備註	機關名稱	生效日	截止日
無符合條件資料								



標價清單

(請列示分項價格▼)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價
奈米微流液相層析高解析質譜儀壹套 ，所含設備及功能規格如下：			
一、質譜儀系統壹套 ，所含組件及功能規格如下： (一)離子源二組： 1.須具加熱式且溫度可達 500°C(含)以上之電噴灑離子源一組。 2.可控溫式奈米微流電噴灑離子源一組。 3.須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能。 (二)質量分析器一組： 1.須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道阱，或飛行時間式質量分析器質譜儀。其相關解析度如下： (1)傅立葉轉換電場軌道阱質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，傅立葉轉換電場軌道阱須達到 400,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定勝肽定量解析。 (2)飛行時間式質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，須為 200,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定勝肽定量解析。 2.四極桿質量選擇器範圍須可達 1,200 Da。 3.質量分析器質量掃描範圍須為達 m/z 6,000(含)以上。 4.須具備具備離子傳輸元件。 5.須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計。 6.須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度。 7.質量準確度(Mass Accuracy)須達質量外校誤差(external error) < 3 ppm，質量內校誤差(internal error) < 1 ppm。 8.掃描速度須達 40Hz(含)以上。 9.碰撞室：須具碰撞誘導解離(CID)，或是高能量碰撞誘導解離(HCD)之碎裂方法。 10.靈敏度需達以 MS/MS 模式下以管柱進樣 100 fg reserpine 標準溶液，可測得訊號雜訊比(signal to noise ratio, S/N)達 100:1。	壹套	>1,130,000	>1,130,000
<p style="text-align: right;"><廠牌: ThermoScientific></p>			
二、奈米微流液相層析系統壹套 ，所含組件及功能規格如下： (一)奈米微流速溶媒梯度幫浦一組，功能規格如下： 1.流速範圍可設定 1 nL/min- 100 μ L/min 區間。 2.系統壓力最高可達 1000 bar(含)以上。 (二)自動進樣裝置一組： 1.進樣體積區間為 0.1- 25 μ L。 2.具備 4- 40 °C 溫控功能。 3.須具直接進樣(Direct injection)或 Trap-and-elute injection 功能或相同功能設計。 4.須可放置 96 個(含)以上的 1.5 mL vial 瓶。 5.管柱溫控範圍最高可達 60°C。	壹套	359,000	359,000
<p style="text-align: right;"><廠牌: ThermoScientific></p>			
三、儀器控制及數據分析用電腦組含分析軟體壹套 ，所含組件及功能規格如下： (一)儀器控制用桌上型電腦壹套，功能規格如下： 1.作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。	壹套	143,000	143,000
<p style="text-align: right;"><廠牌: Dell></p>			



標價清單

(請列示分項價格▼)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價
2. 中央處理器：Intel Core i7(含)以上。 3. 記憶體：32 GB DDR5(含)以上。 4. 系統硬碟：1TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：4TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋(含)以上。			
(二)數據分析用桌上型電腦壹套 ，功能規格如下： 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 中央處理器：Intel Core i9 (含)以上。 3. 記憶體：128 GB DDR4(含)以上。 4. 系統硬碟：2TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：16TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋 (含)以上。	壹套	132,000	132,000 <廠牌 Genuine>
(三)蛋白質數據分析軟體壹套 ，功能規格如下： 1. 分析軟體須可直接分析本層析儀、質譜儀之原始數據或 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據，以確保實驗數據分析之完整相容性。 2. 須可支援數據依賴掃描模式(DDA)與非依賴(DIA)掃描模式之數據分析。 3. 須具有內建流程圖的數據分析工作流程，並可客製化，以符合實驗設計的工作流程。 4. 須具內建智能搜索功能，於此軟體同一介面內即可呈現完整結果。 5. 軟體須安裝於品項三(二)數據分析用桌上型電腦中，且須確保軟體能正常分析運作並達到上述功能。須提供軟體永久合法開通授權序號證明書以供本校驗收。保固期內須免費提供軟體版本更新 (含與硬體相容之修正與更新)	壹套	1,100,000	1,100,000 <廠牌 ThermoScientific>
四、不斷電系統壹套 ，功能規格如下： (一)須與儀器運作電壓相同，且容量須為 12KVA(含)以上。 (二)須為在線式不斷電系統。 (三)不斷電系統體積高度需可置放實驗桌下(詳採購品項五)。	壹套	140,000	140,000 <廠牌飛碟>
五、實驗桌壹張 ，功能規格如下： (一)須配合層析儀、質譜儀、儀器控制及分析用電腦等放置，桌體至少須長 180 公分、深 100 公分及高 80 公分(含)以上。 (二)須具耐重度，可承受質譜儀系統、奈米微流液相層析系統及儀器控制電腦等設備之重量。	壹張	45,000	45,000 <客制化>
請購單位：共同儀器中心 請購聯絡人：莊詠甯小姐 信義校區聯絡電話：(02)2736-1661#2705			



標價清單

(請列示分項價格▼)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價
<p>※交貨驗收及保固維護事項：</p> <p>一、廠商所提供之規格，至少與上述相同或更高規格等級，得以符合本案之需求。</p> <p>二、為確保品質，廠商履約所供應或完成之標的應以新品交貨，不得以展示品或整修品或拼裝機交貨，請檢附儀器原廠測試報告。</p> <p>三、交貨裝機時須提供驗收文件：</p> <p>(一)送貨簽收單(須符合標單及契約相關內容)。</p> <p>(二)儀器原廠安裝測試報告，測試內容須依標單規格項目為主。</p> <p>(三)中文或英文相關使用操作說明書</p> <p>(四)須可同時應用於蛋白質體非標定胜肽定量方式，例如數據依賴掃描模式(DDA)與數據非依賴掃描(DIA)模式之定量分析，以及標定胜肽定量方式，含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上，且於定量離子訊號須完整解析，以確定可支援臨床多重樣品定量監測，須提供軟體分析報告。</p> <p>(五)須可進行單細胞分析實驗，於 250pg 膜蛋白或 Hela 樣品進樣，須於 20 分鐘有效梯度分析時間內單次數據結果，透過分析軟體鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質，須提供軟體分析報告。</p> <p>(六)須可於臨床檢體例如 Ig 樣品於小於 1 μg 進樣條件下，經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下，透過分析軟體，鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果，須提供軟體分析報告。</p> <p>四、教育訓練計畫 Training schedule：配合請購單位需要進行教育訓練課程。訓練內容包括儀器操作及軟體應用、日常檢查、保養方法、校正操作、故障判斷及排除等。保固期內另配合請購單位進行全校性與內部教育訓練課程(中文或英文)。訓練內容應包括但不限於：儀器原理、大分子軟體教學、樣品前處理、儀器操作、數據分析、基本儀器維護及錯誤排除。</p> <p>五、原廠應提供可校驗之原廠標準品，以測試儀器功能。</p> <p>六、安裝作業程序需遵守職業安全衛生管理或其他相關法規規範。</p> <p>七、全責保固至少二年，保固期內須含每年二次保養及免費提供軟體版本更新(含與硬體相容之修正與更新)。如遇儀器無法正常運作(包含與其連線之電腦軟硬體維修)需廠商維修時，最遲於三個工作日內，須派遣工程師至本校請購單位指定地點進行修護。</p>			

投標金額合計
(請以國字大寫填入)

新臺幣 貳仟陸佰貳拾捌萬 仟 佰 拾 元整(含稅)

型號 Orbitrap Exploris 480 原產地 德國

Maker ThermoScientific

交貨期 廠商應於決標次日起 90 個日曆天(含例假日)內，將採購標的送達請購單位指定地點，安裝測試完畢，且測試結果符合投標須知及標單、契約等規定。

備註 ※保固期：全責保固至少貳年(或依原廠保固期較長為主)。
※請務必依採購品項分別列出分項價格及廠牌。

請蓋公司授權印鑑章：

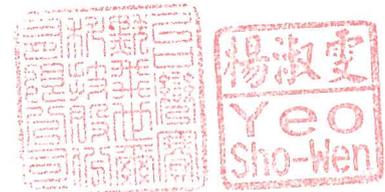
廠商名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

統一編號：28685123

廠商地址：11493 台北市內湖區洲子街85號6樓之1

廠商聯絡人：李淑慧 電話：(02)8751-6655

聯絡人 Mail：eva.li@thermofisher.com 手機：0966-716731



投標日：113年05月29日

價格封

標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀 標號：TMU112-277(第二次公告)

注意事項 文件檢附方式：本價格封內僅裝入標價清單，其餘投標文件一律裝入資、規格封。

投標廠商 台灣賽默飛世爾科技股份有限公司 統一編號 28685128

廠商地址 11493 台北市內湖區洲子街85號6樓 廠商聯絡人 李淑慧

廠商電話 (02)8751-6655 聯絡人電話 (02)8751-6655

聯絡郵件信箱 eva.li@thermofisher.com 聯絡人手機 0966-716731

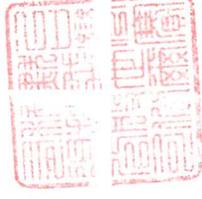
Handwritten text in the left margin, including the name "楊淑雯" and other illegible characters.



楊淑雯
YEO
Sho-Men



楊淑雯
YEO
Sho Men



楊淑雯
YEO
Sho-Men

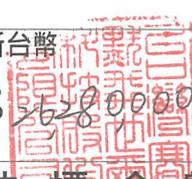




投標廠商【議價、比減價單】

議價日期	中華民國一一三年六月六日
議價地點	本校醫學綜合大樓前棟三樓第一會議室
議價會議	一一二學年度採購委員會第二十四次會議
請購單位	共同儀器中心
採購名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀
履約期限	依投標須知及標單、契約等相關規定。
備註	<p>※ 本案標價條件：新臺幣含稅報價。</p> <p>※ 標價含開狀手續費、報關費、提貨、倉租、運至本校指定地點、裝機、測試完成及教育訓練等，完成履約所需之一切費用。</p> <p>※ 本案係採總價承包，未列入契約範圍之項目或數量，其已於採購規格或契約載明應由廠商施作或供應或為廠商完成履約所必須者，仍應由廠商負責，不得據以請求加價，廠商亦不得因工資、材料、物價上漲或其他理由，要求本校增加給付。</p>

比減價紀錄

標價	優先減價後之標價	第一次比減價後之標價	第二次比減價後之標價	第三次比減價後之標價
新台幣 \$ 2680000 	新台幣 \$ <small>※ 開標結果各廠商標超底價洽最低標廠商減價一次。</small>	新台幣 \$ 2680000 <small>※ 需低於優先減價，否則請註明「無法再減」字樣</small>	新台幣 \$ 2400000 	新台幣 \$ 2200000 
決標金額 <small>※ 請以中文大寫填入</small>	新台幣 貳 仟 貳 佰 一 拾 萬 仟 佰 拾 元 整。(含稅)			
<small>※ 備註事項</small>	1. 保固期延長三年 2. 3.			

投標廠商資料	投標廠統編：28685123
	投標廠名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
	投標代表人：李淑雯
	投標商電話：02-8751-6655
	投標商地址：台北市內湖區洲子街85號6F之1

投標廠商蓋章






開標/議價/決標/流標/廢標紀錄

時間：113年06月06日下午02時00分

地點：本校醫學綜合大樓前棟三樓第一會議室

採購案號	1120210527	請購單位	共同儀器中心		
標的名稱及數量摘要	奈米微流液相層析高解析質譜儀	開標次別	第二次		
公告日期	113/05/24	招標方式	<input checked="" type="checkbox"/> 公開招標 <input type="checkbox"/> 限制性招標		
投標廠商	標價	優先減價後之標價	第一次比減價格後之標價	第二次比減價格後之標價	第三次比減價格後之標價
台灣賽默飛世爾科技股份有限公司	826280000	--	826280000	822900000	822000000

本校（以下簡稱甲方）與得標廠商（以下簡稱乙方）同意就首揭財物議定下列條款：

一、經開標議、比價後，以含稅價格新臺幣\$ 822900000 決標。 以 CIP _____ 決標。
（開標當日依決標前一辦公日臺灣銀行外匯交易收盤即期賣出匯率為 1：_____；如匯率超過 1：_____，其差額由廠商負擔。）

二、乙方應於決標翌日起十四個工作天內依契約金額之一定比率：10%繳交履約保證金。

三、乙方須於 _____ 年 _____ 月 _____ 日前，提供履約標之供應（含安裝測試）。 決標次日起 90 個日曆天內提供履約標之供應 含安裝測試 結匯計算單開出後 _____ 天內交貨 其他：_____。

四、雙方同意 另訂契約（本紀錄視為契約之一部分）。 本紀錄視同契約。

五、保固期限：自驗收合格之日起，保固二年。 無保固 自驗收合格之日起，保固 _____。 保固 _____ 年 其他：_____；保固保證金以契約金額 _____% 計算。

六、如屬財物採購，乙方須負責運送及安裝，國外採購案並須負擔開狀、結匯、提貨、倉租等相關費用。

七、其他約定條款如後：

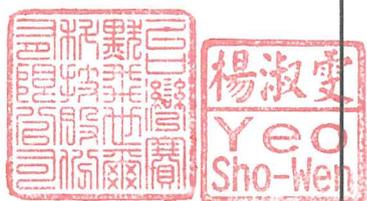
1. 乙方保證金：履約完成，驗收合格且無待解決事項後無息發還，如乙方對甲方負有因本紀錄而生之債務，甲方就乙方所繳保證金有優先扣抵之權。
2. 交貨/履約地點：交貨地點為甲方所在地或甲方指定之場所，如貨品於裝運途中，因裝箱不良等原因，在開箱清點時發現有破損時，乙方應負責照數賠償。
3. 驗收：乙方於可得驗收時，應通知甲方辦理驗收。乙方所交貨品或履約結果，如經甲方驗收使用結果發現內容與原附圖說資料，及甲方所審定規格不符或性能效果不佳時，均應限期無條件調換、改善、拆除、重作、退貨或換貨（以下簡稱改正），其一切損失應由乙方自理。如未在調換期限內交貨或逾期未改正者，概按照逾期違約金之規定辦理。
4. 逾期違約金：乙方如未依照規定期限履約，應按逾期日數，每日依全部契約價金總額 3% 計算支付逾期違約金予甲方。但未完成履約之部分不影響其他已完成部分之使用者，得按未完成履約部分之契約價金，每日依其 3% 計算逾期違約金。其他：詳契約書相關條款規定。逾期違約金總額，以全部契約價金總額之百分之二十為上限，甲方得自應付價金中扣抵，其有不足者，通知乙方繳納或自保證金扣抵。但遇天災或事變等不可抗力或不可歸責於乙方之事由提有證明者，經甲方查明同意，確非人力所能抗拒者，不在此限。如逾期達三十天，乙方無正當理由而不履行契約者，甲方得解除契約，乙方所繳納之保證金不予發還。
5. 付款辦法：驗收合格後一次付款 分期付款，條件：_____。契約訂妥並俟外匯核准後，開發信用狀 其他 _____。
6. 如有押標金，押標金不予發還之情形，依政府採購法第三十一條第二項規定辦理。
7. 本紀錄如有未規定事項，悉依政府採購法及民法等相關法令規定辦理。
8. 乙方於國內員工總人數逾一百人，履約期間僱用身心障礙者及原住民人數各應達國內員工總人數百分之一，並均以整數為計算標準，未達整數部分不予計入。僱用不足者，應分別依規定向所在地之直轄市或縣（市）勞工主管機關設立之身心障礙者就業基金專戶及原住民中央主管機關設立之原住民族就業基金專戶，繳納上月之代金；並不得僱用外籍勞工取代僱用不足額部分。甲方應將國內員工總人數逾一百人之乙方資料公開於政府採購資訊公告系統，以供勞工及原住民主管機關查核代金繳納情形，甲方不另辦理查核。

<p>審標結果 /流標原因 /廢標原因</p>	<p>一、本案經政府電子採購網第二次公告後投標廠商計 1 家，開標前合格投標廠商計 1 家，經資、規格標審標結果 1 家符合招標文件規定，其餘 0 家不合格，提本會進行議價。</p> <p>二、台灣賽默飛世爾科技股份有限公司報價（減價後）新臺幣（下同）822900000 元整最低，且在底價新臺幣 826280000 元整以內，經主持人當場依政府採購法第 52 條第一項第一款宣布決標。</p> <p>三、<input type="checkbox"/>投標廠商未達 3 家，經主持人當場宣布流標。</p> <p>四、<input type="checkbox"/>開標後經審標結果，無得為決標對象之廠商，經主持人當場宣布廢標。</p> <p>五、其他：</p>
---------------------------------	---

開標/議價/決標/流標/廢標紀錄

時間：113年06月06日下午02時00分

地點：本校醫學綜合大樓前棟三樓第一會議室

決標原則、得標廠商及決標金額	決標原則：依政府採購法第52條第一項第二款。 得標廠商：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司 決標金額：新台幣 <u>貳仟貳佰零拾零萬零仟零佰零拾零</u> 元整。(含稅)(中文大寫) 押標金：新台幣 <u>1,150,000</u> 元整。 履約保證金： <input checked="" type="checkbox"/> 依契約金額之一定比率： <u>10%</u> <input type="checkbox"/> 同押標金。 保固期限： <input checked="" type="checkbox"/> 保固 <u>三年</u> <input type="checkbox"/> 無保固 <input type="checkbox"/> 其他： <u> </u> 。 其他： <u>保固延長為三年</u> 。 (起底價決標時須另註明起底價之金額、比率及必須決標之緊急情事)	得標廠商代表簽名(或蓋章)  (不通知投標廠商到場者，免簽名或蓋章)
決標過程	請參詳上表。 (註明減價/比減價格/起底價決標/協商/綜合評選之過程)	
異議或申訴事件	無 (註明尚未解決之異議或申訴事件之處理情形)	
備註	(Blank space for notes)	
主持人	<u>朱娟秀</u> (簽章)	監辦人員 (依規定由本校財務處人員擔任)  (簽章)
請購單位人員	<u>莊冰南</u> (簽章)	記錄  113.06.06 (簽章)
事務組經辦人員	 113.06.06 (簽章)	事務組組長 <u>李奇嘉</u> (簽章)
採購委員 <input type="checkbox"/> 採購小組會 <input checked="" type="checkbox"/> 採購委員會	※事務組議價會則免簽。 <u>許志清 林煜君</u> <u>李陸基 林中魁 何順 廖瑋瑜</u> <u>黃雅玲 邱詠仁 邱德輝</u> (簽章)	

檔 號：113/
保存年限：
電子簽核 結案日期：113年06月11日

收發文號：
收發日期：
創稿文號：1132101884
1132101884

簽 於 事務組 日期：中華民國113年06月07日

附 件：(1件) 1132101884_1_112採購委員會第24次會議-會議紀錄113.06.06.pdf
(附件1)

主旨：檢陳112學年度採購委員會第二十四次會議紀錄一份，詳如附件，請 鑒核。

創稿文號：1132101884

項次	簽核名單	代理/加簽	簽核單位	簽收時間	核稿時間	狀態
1	劉又濤專員		事務組		113-06-07 09:47	創文
2	李彥蓉組長		事務組	113-06-07 09:50	113-06-07 09:51	串簽
擬： 1.檢陳112學年度採購委員會第二十四次會議紀錄。 2.依簽呈決議辦理並存參備查。						
3	沈盛達副總務長		總務處	113-06-07 10:45	113-06-07 10:55	串簽
擬如事務組所擬陳核。						
4	張正恆總務長		總務處	113-06-07 12:04	113-06-07 12:05	串簽
1事務組所擬。陳請核示。						
5	秘書處單位		秘書處	113-06-07 15:11	113-06-07 15:19	串簽
6	吳逸文主任秘書	[秘書處加簽]	秘書處	113-06-11 15:50	113-06-11 16:02	串簽
擬如張總務長擬。						
7	朱娟秀副校長	[秘書處加簽]	副校長室	113-06-11 16:04	113-06-11 16:06	串簽
擬如主秘擬。						
8	吳麥斯校長	[秘書處加簽]	校長室	113-06-11 17:31	113-06-11 17:33	決行
如擬						
9	劉又濤專員		事務組	113-06-11 18:25		擲回



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱 一一二學年度採購委員會 會議次別 第二十四次會議

時間：113年06月06日(週四)下午02:00

地點：本校醫學綜合大樓前棟三樓第一會議室

主席：吳麥斯校長(朱娟秀副校長代)

(以下稱謂敬略)

出席：朱娟秀、張正恆、許淑群、許銘仁、邱泓文、簡怡雯、林中魁、邱佳慧、馮琮涵、李佳蓉、許志璋、林俊茂

列席：李彥蓉、劉又濤、李清萬、方仁琦、陳靖怡、張庭碩、陳怡伶、蔡坤志(吳澤祥代)、薛文軒、何淑如、莊詠甯、李啟鳴、莊蕃如、何佳芸、楊子欣(全世良代)、陳韋仲、林紓宇、彭建豪、黃朝晟(戴孜仔代) 記錄：劉又濤

壹、主席致詞：略

貳、前次會議追蹤事項：無

參、討論案：

一、「北醫人校友專刊 22-23 製作費」，擬採限制性招標方式辦理，陳請討論。

請購單位說明：

因校內近兩年募款資源較少，為使校友能如期收到刊物，擬先行委由「遠足文化事業股份有限公司」製作寄送，業經簽呈核可，擬依本校限制性招標單第 16 款辦理，陳請討論。

決議：同意本案採限制性招標方式辦理。

二、「法務管理暨用印申請系統」，擬辦理維護費率上限變更，陳請討論。

請購單位說明：

1. 本案業經 106 學年度採購委員會第四次會議決議，由捷思達數位開發有限公司以新台幣壹佰肆拾萬元整得標，另同意保固期滿後維護費率不逾總價 6%。

2. 現廠商來函表示因系統開發至今，各項營運及薪資成本已顯著增加，擬請求調整維護費率為「不逾總價 12%」，經使用單位及相關單位會議進行協商討論後，認為廠商要求尚符市場價格，會議紀錄並經簽呈核可，提本會辦理維護費率上限變更，陳請討論。

決議：同意本案維護費率上限變更為「不逾總價 12%」。

三、「小鼠正位肝癌治療模式療效測試動物試驗」，擬辦理採購規格變更，陳請討論。

請購單位說明：

1. 本案業經 112 學年度採購委員會第九次會議決議，由財團法人國家實驗研究院國家實驗動物中心以新台幣柒拾萬元整得標，後於採購委員會第 20 次會議決議，同意展延履約期限至 113 年 06 月 21 日。

2. 因試驗中不同濃度測試將修改為測試高濃度組別，將原有 6 組實驗鼠(每組 8 隻，共計 48 隻)，變更為 2 組(每組 8 隻，共計 16 隻)。

3. 擬辦理採購規格及契約總金額變更，契約總金額變更如下表，陳請討論。

項目	變更前	變更後	說明
	金額(台幣)	金額(台幣)	
小鼠正位肝癌治療模式療效測試動物試驗			
動物費及動物代養費用	\$280,000	\$120,000	1.動物隻數由60隻減少為20隻 2.減少40隻動物代養費 3.減少40隻動物屍體處理費
動物操作費用	\$430,000	\$155,000	1.減少40隻動物投藥次數 2.減少40隻動物冷光操作費 3.增加腫瘤細胞培養
雜支	\$10,000	\$14,000	行政支出由於變更增加
Total	\$720,000	\$289,000	

決議：同意本案規格及契約變更，變更後契約總金額為新台幣貳拾捌萬玖仟元整。



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱 一一二學年度採購委員會 會議次別 第二十四次會議

四、「Oxford EMI Training 線上師培課程」擬辦理現況結案，陳請討論。

請購單位說明：

1. 本案業經 112 學年度採購委員會第二十次會議決議，由 Oxford EMI Training 以英鎊參萬壹仟貳佰伍拾元整得標，並同意加贈授權名額 2 組；另依契約規定，於簽約日起算開通授權一年。
2. 現為調整預算來源，擬辦理現況結案後重新立案，業經簽呈核可，陳請討論。

決議：同意本案辦理現況結案，另重新立案後，採購內容沿用 112 學年度第二十次採購委員會決議。

肆、採購議案：

一、「奈米微流液相層析高解析質譜儀」

請購單位：共同儀器中心，採購案號：1120210527，預算來源：(主預算)教育部獎勵私立大學校院校務發展計畫 113-3407-001-202。(次預算)捐款基金 112-3407-003-400，預算金額：(主預算)22,264,000元(次預算)1,236,000元，預算合計：23,500,000元

說明：本案經政府電子採購網二次公告後僅「台灣賽默飛世爾科技股份有限公司」投標，且資、規格標審標結果符合招標文件規定，提本會進行議價。

議價紀錄

項次	廠商名稱	開標價格	優先減價	第一次減價	第二次減價	第三次減價	決標價格
1	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司	\$26,280,000	--	\$23,680,000	\$22,900,000	\$22,000,000	\$22,000,000

決議：由台灣賽默飛世爾科技股份有限公司以新台幣貳仟貳佰萬元整得標，並同意保固期延長為參年。

二、「雙和生醫 12 樓醫院資訊中心辦公室裝修工程」

請購單位：管理發展中心，採購案號：1120210686，預算來源：管發校院基金 112-1600-003-400，預算金額：11,144,137元

說明：本案經校內採購招標公告網第一次公告後共計三家廠商投標，經資格標審標結果三家廠商皆符合招標文件規定，提本會進行比減價。

比減價紀錄

項次	廠商名稱	開標價格	優先減價	第一次減價	第二次減價	第三次減價	決標價格
1	宣元隆室內裝修有限公司	\$11,000,000	\$10,680,000	\$10,500,000	\$10,300,000	\$9,900,000	\$9,900,000
2	生源室內裝修有限公司	\$13,301,246	--	無法再減	--	--	--
3	有舜室內裝修設計有限公司	\$12,276,629	--	無法再減	--	--	--

決議：由宣元隆室內裝修有限公司以新台幣玖佰玖拾萬元整得標。

三、「數位牙科訓練儀」

請購單位：教學資源中心(口腔醫學院)，採購案號：1120210965，預算來源：(主預算)教育部-深耕計畫 112-2604-014-400。(次預算)捐款基金 4152E1-E02-3，預算金額：(主預算)2,343,365元(次預算)4,334,635元，預算合計：6,678,000元

說明：本案經校內採購招標公告網二次公告後僅「憶生堂生化科技股份有限公司」投標，且資、規格標審標結果符合招標文件規定，提本會進行議價。



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱 一一二學年度採購委員會 會議次別 第二十四次會議

議價紀錄

項次	廠商名稱	開標價格	優先減價	第一次減價	第二次減價	第三次減價	決標價格
1	憶生堂生化科技股份有限公司	\$6,678,000	--	\$6,200,000	\$6,050,000	\$5,750,000	\$5,750,000

決議：由憶生堂生化科技股份有限公司以新台幣伍佰柒拾伍萬元整得標，並同意保固期延長為參年。

四、「雙和校區醫科院室內裝修改善工程」

請購單位：營繕組，採購案號：1120210623，預算來源：校內預算 111-3004-016-112，預算金額：7,500,000元

說明：本案經校內採購招標公告網二次公告後僅「佑聖工程顧問股份有限公司」投標，且資格標審標結果符合招標文件規定，提本會進行議價。

議價紀錄

項次	廠商名稱	開標價格	優先減價	第一次減價	第二次減價	第三次減價	決標價格
1	佑聖工程顧問股份有限公司	\$9,349,179	--	\$9,000,000	\$8,000,000	\$6,900,000	\$6,900,000

決議：由佑聖工程顧問股份有限公司以新台幣陸佰玖拾萬元整得標，另同意發票送達後一個月內付款。

五、「校園網路行為管控平台」

請購單位：網路通訊組，採購案號：1120210675，預算來源：教育部獎勵私立大學校院校務發展計畫 113-3608-001-202，預算金額：2,500,000元

說明：本案經政府電子採購網第一次公告後共計三家廠商投標，且資、規格標審標結果三家廠商皆符合招標文件規定，提本會進行比減價。

比減價紀錄

項次	廠商名稱	開標價格	優先減價	第一次減價	第二次減價	第三次減價	決標價格
1	國元科技股份有限公司	\$3,081,750	--	不克到場放棄減價	--	--	--
2	晨鑫系統整合有限公司	\$3,182,000	--	無法再減	--	--	--
3	關貿網路股份有限公司	\$2,812,500	\$2,612,000	\$2,590,000	\$2,520,000	\$2,400,000	\$2,400,000

決議：由關貿網路股份有限公司以新台幣貳佰肆拾萬元整得標。

六、「建構智慧化氣候友善校園-拇山學苑空調設備更新工程」

請購單位：營繕組，採購案號：1120211211，預算來源：校內預算 112-3004-020-102，預算金額：2,170,000元

說明：本案經校內採購招標公告網第一次公告後共計三家廠商投標，經資格標審標結果三家廠商皆符合招標文件規定，提本會進行比減價。



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱 一一二學年度採購委員會 會議次別 第二十四次會議

比減價紀錄

項次	廠商名稱	開標價格	優先減價	第一次減價	第二次減價	第三次減價	決標價格
1	佑發空調工程服務有限公司	\$2,457,840	\$2,350,000	\$2,300,000	\$2,200,000	\$1,950,000	\$1,950,000
2	奕詠空調有限公司	\$2,636,922	--	無法再減	--	--	--
3	三澤工程股份有限公司	\$2,593,315	--	無法再減	--	--	--

決議：由佑發空調工程服務有限公司以新台幣壹佰玖拾伍萬元整得標，另同意發票送達後一個月內付款。

七、「細胞斷層掃描分析儀擴增設備」

請購單位：臨床醫學研究所，採購案號：1120210608，預算來源：教育部獎勵私立大學校院校務發展計畫 113-5433-001-202，預算金額：1,100,000元

說明：本案經校內採購招標公告網二次公告後僅「尚博生物科技有限公司」投標，且資、規格標審標結果符合招標文件規定，提本會進行議價。

議價紀錄

項次	廠商名稱	開標價格	優先減價	第一次減價	第二次減價	第三次減價	決標價格
1	尚博生物科技有限公司	\$1,450,000	--	\$1,350,000	\$1,250,000	\$1,050,000	\$1,050,000

決議：由尚博生物科技有限公司以新台幣壹佰零伍萬元整得標。

八、「LED 燈採購及安裝工程」

請購單位：營繕組，採購案號：1120210892，預算來源：校內預算 112-3004-019-101，預算金額：1,100,000元

說明：本案經校內採購招標公告網第一次公告後共計三家廠商投標，經資格標審標結果三家廠商皆符合招標文件規定，提本會進行比減價。

比減價紀錄

項次	廠商名稱	開標價格	優先減價	第一次減價	第二次減價	第三次減價	決標價格
1	巨騰科技有限公司	\$1,047,816	--	--	--	--	--
2	大業照明有限公司	\$753,690	\$720,000	進入底價	--	--	\$720,000
3	巨曦有限公司	\$1,209,600	--	--	--	--	--

決議：由大業照明有限公司以新台幣柒拾貳萬元整得標，並同意本校得依本次議定單價每盞\$655(含安裝)作後續加購至114年6月5日止，每次加購數量不可少於200盞。

九、「儲存設備採購案」

請購單位：資訊發展組，採購案號：1120210683，預算來源：校內預算 112-1603-001-102，預算金額：1,000,000元

說明：本案經校內採購招標公告網第二次公告後僅「宏碁資訊服務股份有限公司」投標，且資、規格標審標結果符合招標文件規定，提本會進行議價。



臺北醫學大學會議紀錄

會議名稱 一一二學年度採購委員會 會議次別 第二十四次會議

議價紀錄

項次	廠商名稱	開標價格	優先減價	第一次減價	第二次減價	第三次減價	決標價格
1	宏碁資訊服務股份有限公司	\$998,500	--	\$990,000	\$960,000	\$940,000	\$940,000

決議：由宏碁資訊服務股份有限公司以新台幣玖拾肆萬元整得標。

十、「北醫人校友專刊 22-23 製作費」

請購單位：校友服務組，採購案號：1120211206，預算來源：校內預算 112-4204-003-111，預算金額：1,163,242元

說明：本案採限制性招標方式辦理。

議價紀錄

項次	廠商名稱	開標價格	優先減價	第一次減價	第二次減價	第三次減價	決標價格
1	遠足文化事業股份有限公司	\$1,163,242	--	\$1,160,000	進入底價	--	\$1,160,000

決議：由遠足文化事業股份有限公司以新台幣壹佰壹拾陸萬元整得標，另同意免收履約保證金，並免簽訂契約。

伍、臨時動議：無

陸、結束時間：下午 03：45



臺北醫學大學
一一二學年度採購委員會第二十四次會議
會議簽到單

日期：113年06月06日
主席：朱娟秀副校長

採購委員會會議時間：14:00~16:00
會議地點：本校醫學綜合大樓前棟三樓第一會議室

出席委員

職稱	姓名	簽到
校長	吳麥斯	朱娟秀
副校長	朱娟秀	朱娟秀
總務長	張正恆	張正恆
財務長	許淑群	許淑群
醫學資訊研究所	邱泓文	邱泓文
解剖學暨細胞生物學科	馮琮涵	馮琮涵
牙體技術學系	林中魁	林中魁
管理發展中心	許志璋	許志璋
保健營養學系	簡怡雯	簡怡雯
藥理學科	許銘仁	許銘仁
中草藥臨床藥物研發博士學位學程	李佳蓉	李佳蓉
通識教育中心	邱佳慧	邱佳慧
生物化學暨細胞分子生物學科	林俊茂	林俊茂
列席人員 (職稱敬略)		
單位	姓名	簽到
總務處事務組	李彥蓉	李彥蓉



臺北醫學大學
一一二學年度採購委員會第二十四次會議
會議簽到單

日期：113年06月06日
主席：朱娟秀副校長

採購委員會會議時間：14:00~16:00
會議地點：本校醫學綜合大樓前棟三樓第一會議室

列席人員 (職稱敬略)

單位	姓名	簽到
總務處事務組	劉又溱	劉又溱
總務處事務組	陳靖怡	陳靖怡
總務處事務組	方仁琦	方仁琦
總務處事務組	李清萬	李清萬
總務處事務組	張庭碩	張庭碩
校友服務組	陳怡伶	陳怡伶
臨床醫學研究所	蔡坤志	吳澤祥 (代)
行政業務組	薛文軒	薛文軒 何淑如
雙語教育推動中心	黃朝晟	黃朝晟 (代)
共同儀器中心	莊詠甯	莊詠甯 李彥蓉
教學資源中心 (口腔醫學院)	莊菁如	莊菁如
臨床醫學研究所	何佳芸	何佳芸
總務處營繕組	楊子欣	楊子欣
總務處營繕組	彭建豪	彭建豪
網路通訊組	陳章伸	陳章伸
資訊發展組	林紓宇	林紓宇
管理發展中心	林紓宇	林紓宇
應到：13人；實到：13人；請假：0人；出席率：100%		
(出席率僅計算出席人員出席率)		

列印時間：113/06/06 17:34:19

決標公告

公告日: 113/06/11

機關資料	機關代碼	03724606
	機關名稱	臺北醫學大學
	單位名稱	臺北醫學大學
	機關地址	110 臺北市 信義區 吳興街250號
	聯絡人	劉又濤小姐
	聯絡電話	(02) 27361661 # 2312
	傳真號碼	(02) 27363327
	電子郵件信箱	rachel@tmu.edu.tw

已公告資料	標案案號	TMU112-277
	招標方式	公開招標
	決標方式	最低標
	是否依政府採購法施行細則第64條之2辦理	否
	新增公告傳輸次數	02
	是否依據採購法第106條第1項第1款辦理	否
	標案名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀
	決標資料類別	決標公告
	是否屬共同供應契約採購	否
	是否屬二以上機關之聯合採購(不適用共同供應契約規定)	否
	是否複數決標	否
	是否共同投標	否

是否依據採購法第99條	否								
標的分類	<財物類> 482 做為測量、檢查、航行及其他目的用之儀器和裝置、除光學儀器; 工業程序控制設備; 上述各項之零件及附件								
是否屬統包	否								
是否應依公共工程專業技師簽證規則實施技師簽證	否								
開標時間	113/05/30 17:00								
原公告日期	113/05/24 原公告日期係指最近1次招標公告或更正日期								
採購金額	23,500,000元 貳仟參佰伍拾萬元								
採購金額級距	公告金額以上未達查核金額								
辦理方式	補助								
是否適用條約或協定之採購	是否適用WTO政府採購協定(GPA) : 否 是否適用臺紐經濟合作協定(ANZTEC) : 否 是否適用臺星經濟夥伴協定(ASTEP) : 否								
本採購是否屬「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」採購	否								
本採購是否屬「涉及國家安全」採購	否								
預算金額是否公開	否 機關認為不宜公開								
預算金額	23,500,000元 貳仟參佰伍拾萬元								
是否訂有底價	是								
是否受機關補助	是								
	<table border="1"> <thead> <tr> <th>項次</th> <th>補助機關代碼</th> <th>補助機關名稱</th> <th>補助金額</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1</td> <td>3.9</td> <td>教育部</td> <td>22,264,000元 貳仟貳佰貳拾</td> </tr> </tbody> </table>	項次	補助機關代碼	補助機關名稱	補助金額	1	3.9	教育部	22,264,000元 貳仟貳佰貳拾
項次	補助機關代碼	補助機關名稱	補助金額						
1	3.9	教育部	22,264,000元 貳仟貳佰貳拾						

	陸萬肆仟元
履約地點	臺北市(非原住民地區)
履約地點(含地區)	臺北市 - 信義區
履約標的是否包含環境保護產品	否
本案採購契約是否採用主管機關訂定之範本	是
本案採購契約是否採用主管機關訂定之最新版範本	財物類財物採購契約範本最新版之時間為「112.11.23」 是
是否為政策及業務宣導業務	否

投標廠商	投標廠商家數	1
	投標廠商1	
	廠商代碼	28685123
	廠商名稱	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
	是否得標	是
	組織型態	公司登記
	廠商業別	其他
	廠商地址	114 臺北市 內湖區 洲子街85號6樓之1
	廠商電話	(02) 87516655
	決標金額	22,000,000元 貳仟貳佰萬元
	得標廠商國別	中華民國(Republic of China (Taiwan))
	是否為中小企業	是
	是否為原住民個人或政府立案之原住民團體	否 預計分包予原住民個人或政府立案之原住民團體之金額：0元
履約起迄日期	113/06/07 - 113/09/04 (預估)	
雇員員工總人數是否超過100人	否	

決標品項	決標品項數	1
	第1品項	
	品項名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀
	是否以單價及預估需求數量之乘積決定最低標	否
	得標廠商1	
	得標廠商	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
	預估需求數量	1
	得標廠商原始投標金額	26,280,000元 貳仟陸佰貳拾捌萬元
	決標金額	22,000,000元 貳仟貳佰萬元
	底價金額	22,100,000元 貳仟貳佰壹拾萬元
標比大於等於99%之理由	廠商減價金額在底價以內	
標比	99.55%	
原產地國別	原產地國別 德國(Germany)(歐盟) 原產地國別 22,000,000元 得標金額 貳仟貳佰萬元	

決標資料	決標公告序號	001
	決標日期	113/06/06
	決標公告日期	113/06/11
	契約編號	TMU112-G036
	是否刊登公報	是
	是否依據採購法第11條之1·成立採購工作及審查小組	否
	底價金額	22,100,000元 貳仟貳佰壹拾萬元

底價金額是否公開	是
總決標金額	22,000,000元 貳仟貳佰萬元
決標金額是否係依預估條件估算之預估金額	否
總決標金額是否公開	是
是否依採購法第58條規定採次低標或次次低標決標	否
約是否訂有依物價指數調整價金規定	否，招標文件未訂物價指數調整條款 無預算
履約執行機關	機關代碼：03724606 機關名稱：臺北醫學大學
機關主（會）計是否派員監辦	是，實地監辦
機關有關單位（機關內之政風、監查（察）、督察、檢核或稽核單位）是否派員監辦	是，實地監辦
附加說明	

核准日期:民國49年6月1日
核准文號:教育部台(49)高第6598號

地址:台北市吳興街250號
No. 250, WuXing Street, Taipei 11031 Taiwan, R.O.C
統一編號Company Tax ID: 03724606

財團法人臺北醫學大學收款收據

日期 : 2024/06/17
Date

Taipei Medical University Receipt

收據號碼 : AA11203598
Receipt NO

繳款人姓名或單位名稱

台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

Payer Name or Payer Department

身分證字號或統一編號

28685123

ID Card Number or Company Tax

收費項目 Charge Item	金額 Amount	收費項目 Charge Item	金額 Amount
存入保證金(履保.保固)	2,200,000		
以下空白			

總計金額
Total Amount

新臺幣 貳佰貳拾萬元整 (NTD\$2,200,000)

用途說明
Instructions

奈米微流液相層析高解析質譜儀 TMU112-G036 履保金
SD6494942 \$1150000
SD6502725 \$1050000

備註 [票號]:SD6494942 [到期日]:2024/05/15
Remark

主辦人員
Handler



主辦出納

Chief Cashier



主辦會計

Chief Accountant

1080801118817



校長

President



*本收據若經塗改或未蓋主辦人員章無效

Invalid if Altered or Altered Without Handler's Signature

收執聯

正本
 副本

臺北醫學大學 財物採購契約書

採購標的：奈米微流液相層析高解析質譜儀

契約編號：TMU112-G036 號

得標廠商：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

臺北醫學大學(以下簡稱機關)及得標廠商台灣賽默飛世爾科技股份有限公司(以下簡稱廠商)雙方同意依政府採購法(以下簡稱採購法)及其主管機關訂定之規定訂定本契約，共同遵守，其條款如下：

第一條 契約文件及效力

- 一、契約包括下列文件：
 - (一) 招標文件及其變更或補充。
 - (二) 投標文件及其變更或補充。
 - (三) 決標文件及其變更或補充。
 - (四) 契約本文、附件及其變更或補充。
 - (五) 依契約所提出之履約文件或資料。
- 二、契約文件，包括以書面、錄音、錄影、照相、微縮、電子數位資料或樣品等方式呈現之原件或複製品。
- 三、契約所含各種文件之內容如有不一致之處，除另有規定外，依下列原則處理：
 - (一) 招標文件內之投標須知及契約條款優於招標文件內之其他文件所附記之條款。但附記之條款有特別聲明者，不在此限。
 - (二) 招標文件之內容優於投標文件之內容。但投標文件之內容經機關審定優於招標文件之內容者，不在此限。招標文件如允許廠商於投標文件內特別聲明，並經機關於審標時接受者，以投標文件之內容為準。
 - (三) 文件經機關審定之日期較新者優於審定日期較舊者。
 - (四) 大比例尺圖者優於小比例尺圖者。
 - (五) 決標紀錄之內容優於開標或議價紀錄之內容。
 - (六) 同一優先順位之文件，其內容有不一致之處，屬機關文件者，以對廠商有利者為準；屬廠商文件者，以對機關有利者為準。
 - (七) 本契約之附件與本契約內之廠商文件，其內容與本契約條文有歧異者，除對機關較有利者外，其歧異部分無效。
 - (八) 招標文件內之標價清單，其品項名稱、規格、數量，優於招標文件內其他文件之內容。
- 四、契約文件之一切規定得互為補充，如仍有不明確之處，應依公平合理原則解釋之。如有爭議，依採購法之規定處理。
- 五、契約文字：
 - (一) 契約文字以中文為準。但下列情形得以外文為準：
 1. 特殊技術或材料之圖文資料。
 2. 國際組織、外國政府或其授權機構、公會或商會所出具之文件。
 3. 其他經機關認定確有必要者。
 - (二) 契約文字有中文譯文，其與外文文意不符者，除資格文件外，以中文為準。其因譯文有誤致生損害者，由提供譯文之一方負責賠償。
 - (三) 契約所稱申請、報告、同意、指示、核准、通知、解釋及其他類似行為所為之意思表示，除契約另有規定或當事人同意外，應以中文(正體字)書面為之。書面之遞交，得以面交簽收、郵寄、傳真或電子資料傳輸至雙方預為約定之人員或處所。
- 六、契約所使用之度量衡單位，除另有規定者外，以法定度量衡單位為之。
- 七、契約所定事項如有違反法令或無法執行之部分，該部分無效。但除去該部分，契約亦可成立者，不影響其他部分之有效性。該無效之部分，機關及廠商必要時得依契約原定目的變更之。
- 八、經雙方代表人或其授權人簽署契約正本二份，機關及廠商各執一份，並由雙方各依印花稅法之規定繳納印花稅。副本二份(請載明)，由機關及機關相關單位分



別執用。副本如有誤繕，以正本為準。

第二條 履約標的

- 一、廠商應給付之標的及工作事項：奈米微流液相層析高解析質譜儀壹套，並同意保固期延長為參年，餘詳附件一：採購規格書、附件三：決標單價分析表等相關規定辦理。
- 二、機關辦理事項：無。

第三條 契約價金之給付

契約價金之給付，得為下列方式(由機關擇一於招標時載明)：

- 依契約價金總額：新台幣貳仟貳佰萬元整(含稅)結算。契約總價含運送至機關指定地點、保險、稅捐、規費、裝機、測試完成及教育訓練等及其他履約所需之一切費用。因契約變更致履約標的項目或數量有增減時，就變更部分予以加減價結算。若有相關項目如稅捐、利潤或管理費等另列一式計價者，應依結算總價與原契約價金總額比例增減之。但契約已訂明不適用比例增減條件，或其性質與比例增減無關者，不在此限。
- 依實際供應之項目及數量結算，以契約中所列履約標的項目及單價，依完成履約實際供應之項目及數量給付。若有相關項目如稅捐、利潤或管理費等另列一式計價者，應依結算總價與原契約價金總額比例增減之。但契約已訂明不適用比例增減條件，或其性質與比例增減無關者，不在此限。
- 部分依契約價金總額結算，部分依實際供應之項目及數量結算。屬於依契約價金總額結算之部分，因契約變更致履約標的項目或數量有增減時，就變更部分予以加減價結算。屬於依實際供應之項目及數量結算之部分，以契約中所列履約標的項目及單價，依完成履約實際供應之項目及數量給付。若有相關項目如稅捐、利潤或管理費等另列一式計價者，應依結算總價與契約價金總額比例增減之。但契約已訂明不適用比例增減條件，或其性質與比例增減無關者，不在此限。
- 其他：_____

第四條 契約價金之調整

- 一、驗收結果與規定不符，而不妨礙安全及使用需求，亦無減少通常效用或契約預定效用，經本校檢討不必拆換、更換或拆換、更換確有困難，或不必補交者，得於必要時減價收受。
 - (一) 採減價收受者，按不符項目標的之契約單價 100% (由機關視需要於招標時載明；未載明者，依採購法施行細則第 98 條第 2 項規定) 與不符數量之乘積減價，並處以減價金額 100%(由機關視需要於招標時載明；未載明者為 20%)之違約金。但其屬尺寸不符規定者，減價金額得就尺寸差異之比率計算之；屬工料不符規定者，減價金額得按工料差額計算之；非屬尺寸、工料不符規定者，減價金額得就重量、權重等差異之比率計算之。
 - (二) 個別項目減價及違約金之合計，以標價清單或詳細價目表該項目所載之複價金額為限。
- 二、依契約價金總額結算給付者，未列入標價數量清單之項目或數量，其已於契約載明應由廠商供應或為廠商完成履約所必須者，仍應由廠商負責供應，不得據以請求加價。如經機關確認屬漏列且未於其他項目中編列者，應以契約變更增加契約價金。
- 三、契約價金，除另有規定外，含廠商及其人員依中華民國法令應繳納之稅捐、規費及強制性保險之保險費。依法令應以本校名義申請之許可或執照，由廠商備具文件代為申請者，其需繳納之規費不含於契約價金，由廠商代為繳納後本校覈實支付，但已明列項目而含於契約價金者，不在此限。
- 四、中華民國以外其他國家或地區之稅捐、規費或關稅，由廠商負擔。

- 五、廠商履約遇有下列政府行為之一，致履約費用增加或減少者，契約價金得予調整：
- (一) 政府法令之新增或變更。
 - (二) 稅捐或規費之新增或變更。
 - (三) 政府公告、公定或管制費率之變更。
- 六、前款情形，屬中華民國政府所為，致履約成本增加者，其所增加之必要費用，由本校負擔；致履約成本減少者，其所減少之部分，得自契約價金中扣除。其他國家政府所為，致履約成本增加或減少者，契約價金不予調整。
- 七、廠商為履約須進口自用機具、設備或材料者，其進口及復運出口所需手續及費用，由廠商負責。
- 八、契約規定廠商履約標的應經第三人檢驗者，除另有規定外，其檢驗所需費用，由廠商負擔。

第五條 契約價金之給付條件

- 一、除契約另有約定外，契約價金之給付為驗收合格後一次付款，並依機關付款程序辦理：

(一) 預付款(無者免填)：

1. 契約預付款為契約價金總額___%(由機關於招標時載明；其額度以不逾契約價金總額或契約價金上限之30%為原則)，付款條件如下：_____。
2. 預付款於雙方簽定契約，廠商辦妥履約各項保證，並提供預付款還款保證，經機關核可後在___日(由機關於招標時載明)內撥付。
3. 預付款應於銀行開立專戶，專用於本採購，機關得隨時查核其使用情形。
4. 預付款之扣回方式如下：_____。

(二) 分期付款(無者免填)：

1. 契約分期付款為契約價金總額___%(由機關於招標時載明)，其各期之付款條件：_____。
2. 廠商於符合前述各期付款條件後提出證明文件及預付款還款保證(契約未約定預付款還款保證者則免)。機關於完成審核程序後，通知廠商提出請款單據，並於接到廠商請款單據後按機關付款流程付款。但涉及向補助機關申請核撥補助款者，依撥款時程及機關付款流程付款。

(三) 分批付款(無者免填)：

- 分批交貨，分批付款，每批數交貨完畢後付款。廠商於符合前述付款條件後提出證明文件。機關於完成審核程序後，通知廠商提出請款單據，並於接到廠商請款單據後按機關付款流程付款。但涉及向補助機關申請核撥補助款者，依撥款時程及機關付款流程付款。
- 得分批交貨，但全部批數交貨完畢後付款。廠商於符合前述付款條件後提出證明文件。機關於完成審核程序後，通知廠商提出請款單據，並於接到廠商請款單據後按機關付款流程付款。但涉及向補助機關申請核撥補助款者，依撥款時程及機關付款流程付款。

(四) 訓練費之付款(由機關視需要於招標時載明，無者免填)：

- 訓練完成後付款。廠商於符合前述付款條件後提出證明文件。機關於完成審核程序後，通知廠商提出請款單據，並於接到廠商請款單據後按機關付款流程付款。但涉及向補助機關申請核撥補助款者，依撥款時程及機關付款流程付款。
- 其他：_____。

(五) 安裝測試費之付款(由機關視需要於招標時載明，無者免填)：

- 安裝測試完成後付款。廠商於符合前述付款條件後提出證明文件。機關於完成審核程序後，通知廠商提出請款單據，並於接到廠商請款單據後按機關付款流程付款。但涉及向補助機關申請核撥補助款者，依撥款時程及機關付款流程付款。
- 其他：_____。

- (六) 驗收後付款：於驗收合格後（契約未明定需繳納保固保證金者則免），機關於接到廠商提出請款單據後按機關付款流程，一次無息結付尾款。但涉及向補助機關申請核撥補助款者，依撥款時程及機關付款流程付款。
- (七) 其他付款條件：_____。
- 外國廠商得標之付款：_____。
1. 付款方式：
- 以信用狀方式付款（ 衍生費用由廠商負責）。
- 驗收合格後以電匯方式付款（ 衍生費用由廠商負責）。
- 其他：_____。
2. 貿易條件：
- CIP。（適用於任何運送方式）
- CIF。（適用於海運或內陸水路運送）
- 其他：_____。（由機關參依新版國貿條規載明）
3. 其他：_____。
- (八) 機關辦理付款及審核程序，如發現廠商有文件不符、不足或有疑義而需補正或澄清者，機關應通知廠商澄清或補正，不得分次辦理。其審核及付款期限，自資料澄清或補正之次日重新起算。
- (九) 廠商履約有下列情形之一者，機關得暫停給付契約價金至情形消滅為止：
1. 履約實際進度因可歸責於廠商之事由。
 2. 履約有瑕疵經書面通知改善而逾期未改善者。
 3. 未履行契約應辦事項，經通知仍延不履行者。
 4. 廠商履約人員不適任，經通知更換仍延不辦理者。
 5. 其他違反法令或契約情形。
- (十) 物價指數調整（無者免填）：
1. 履約進行期間，如遇物價波動時，得依行政院主計總處公布之_____物價指數（由機關載明指數名稱），就漲跌幅超過 5% 之部分，調整契約價金（由機關於招標時載明得調整之標的項目）。
 2. 適用物價指數基期更換者，其換基當月起完成之履約標的，自動適用新基期指數核算履約標的調整款，原依舊基期指數結清之履約標的款不予追溯核算。每月公布之物價指數修正時，處理原則亦同。
- (十一) 契約價金得依前目或_____（如指定指數，由機關於招標時載明，無者免填）調整者，應註明下列事項：
1. 得調整之成本項目及金額。
 2. 調整所依據之一定物價指數及基期。
 3. 得調整及不予調整之情形。
 4. 調整公式。
 5. 廠商應提出之調整數據及佐證資料。
 6. 管理費及利潤不予調整。
 7. 逾履約期限之部分，以契約規定之履約期限當時之物價指數（如指定指數，由機關於招標時載明，無者免填）為當期資料。但逾期履約係可歸責於機關者，
不在此限。
- (十二) 契約價金總額曾經減價而確定，其所組成之各單項價格得依約定或合意方式調整（例如減價之金額僅自部分項目扣減）；未約定或合意調整方式者，如廠商所報各單項價格未有不合理之處，視同就廠商所報各單項價格依同一減價比率（決標金額/投標金額）調整。投標文件中報價之分項價格合計數額與決標金額不同者，依決標金額與該合計數額之比率調整之。但人力項目之報價不隨之調低。
- (十三) 廠商計價領款之印章，除另有約定外，以廠商於投標文件所蓋之章為之。
- (十四) 廠商應依身心障礙者權益保障法、原住民族工作權保障法及採購法規定僱用身心障礙者及原住民。僱用不足者，應依規定分別向所在地之直轄市或縣(市)

勞工主管機關設立之身心障礙者就業基金及原住民族中央主管機關設立之原住民族綜合發展基金之就業基金，定期繳納差額補助費及代金；並不得僱用外籍勞工取代僱用不足額部分。機關應將國內員工總人數逾 100 人之廠商資料公開於政府電子採購網，以供勞工及原住民族主管機關查核差額補助費及代金繳納情形，機關不另辦理查核。

- (十五) 契約價金總額，除另有規定外，為完成契約所需全部材料、人工、機具、設備及施工所必須之費用。
- (十六) 因非可歸責於廠商之事由，機關有延遲付款之情形，廠商投訴對象：
1. 採購機關之政風單位；
 2. 採購機關之上級機關；
 3. 法務部廉政署；
 4. 採購稽核小組；
 5. 採購法主管機關；
 6. 行政院主計總處。
- 二、廠商請領契約價金時應提出電子或紙本統一發票，依法免用統一發票者應提出收據。
- 三、廠商請領契約價金時應提出之其他文件為(由機關於招標時載明，無者免填)：
- 外國廠商之商業發票。
 - 成本或費用證明。
 - 海運、空運提單或其他運送證明。
 - 送貨簽收單。
 - 裝箱單。
 - 重量證明。
 - 檢驗或檢疫證明。
 - 保險單或保險證明。
 - 保固證明。
 - 契約規定之其他給付憑證文件。
 - 依採購規格書、投標須知及標單等相關規定應檢附之佐證文件等。
- 四、前款文件，應有出具人之簽名或蓋章。但慣例無需簽名或蓋章者，不在此限。
- 五、履約標的自中華民國境外輸入，契約允許以不可撤銷信用狀支付外國廠商契約價金，廠商遲延押匯或所提示之文件不符契約或信用狀規定，致機關無法提貨時，不論機關是否辦理擔保提貨，其因此而發生之額外倉租及其他費用，概由廠商負擔。
- 六、廠商履約有逾期違約金、損害賠償、採購標的損壞或短缺、不實行為、未完全履約、不符契約規定、溢領價金或減少履約事項等情形時，機關得自應付價金中扣抵；其有不足者，得通知廠商給付或自保證金扣抵。
- 七、履約範圍包括代辦訓練操作或維護人員者，其費用除廠商本身所需者外，有關受訓人員之旅費及生活費用，由機關自訂標準支給，不包括在契約價金內。
- 八、分包契約依採購法第 67 條第 2 項報備於機關，並經廠商就分包部分設定權利質權予分包廠商者，該分包契約所載付款條件應符合本條前列各款規定(採購法第 98 條之規定除外)，或與機關另行議定。
- 九、廠商於履約期間給與全職從事本採購案之員工薪資，如採按月計酬者，至少為 元(由機關於招標時載明，不得低於勞動基準法規定之最低基本工資；未載明者，為新臺幣 3 萬元)。

第六條 稅捐

- 一、以新臺幣報價之項目，除招標文件另有規定外，應含稅，包括營業稅。由自然人投標者，不含營業稅，但仍包括其必要之稅捐。
- 二、廠商為進口施工或測試設備、臨時設施、於我國境內製造財物所需設備或材料、換新或補充前已進口之設備或材料等所生關稅、貨物稅及營業稅等稅捐、規費，

由廠商負擔。

三、進口財物或臨時設施，其於中華民國以外之任何稅捐、規費或關稅，由廠商負擔。

第七條 履約期限

一、履約期限：詳「本案採購摘要」。

廠商應於 年 月 日以前或(決標日機關簽約日機關通知日收到信用狀日)起 天/月內將採購標的送達 (指定之場所)/完成(交易條件)。

廠商應於 年 月 日以前或(決標次日簽約日收到信用狀日)起 90 個日曆天/月內將採購標的送達機關請購單位(指定之場所)，安裝測試完畢，且測試結果符合契約規定。

分批交貨之期限：_____

完成交貨之期限：_____

完成安裝測試之期限：_____

其他：包含教育訓練，餘詳採購規格書、投標須知及標單等相關規定。

二、測試期間(無者免填)：_____

三、本契約所稱日(天)數，除已明定為日曆天或工作天者外，以日曆天 工作天計算(由機關於招標時勾選；未勾選者，為日曆天)：

(一)以日曆天計算者，所有日數均應計入。

(二)以工作天計算者，下列放假日，均應不計入：

1. 星期六(補行上班日除外)及星期日。但與 2 至 6 放假日相互重疊者，不得重複計算。

2. 中華民國開國紀念日(1月1日)、和平紀念日(2月28日)、兒童節(4月4日，放假日依「紀念日及節日實施辦法」規定)、勞動節(5月1日)、國慶日(10月10日)。

3. 勞動節之補假(依勞動部規定)；軍人節(9月3日)之放假及補假(依國防部規定，但僅以國軍之採購為限)。

4. 農曆除夕及補假、春節及補假、民族掃墓節、端午節、中秋節。

5. 行政院人事行政總處公布之調整放假日及補假。

6. 全國性選舉投票日及行政院所屬中央各業務主管機關公告放假日。

(三)履約項目如包括工程之施工，免計工作天之日，以不得施工、施作或供應為原則。廠商如欲施工、施作或供應，應先徵得機關書面同意，該日數應；免計入履約期限(由機關於招標時勾選，未勾選者，免計入履約期限)。

(四)其他：_____ (由機關於招標時載明)。

前述期間全天之工作時間為上午 08 時 00 分至下午 05 時 00 分，中午休息時間為中午 12 時 00 分至下午 01 時 00 分；半天之工作時間為上午 08 時 00 分至中午 12 時 00 分。

四、契約如需辦理變更，其履約標的項目或數量有增減時，變更部分之履約期限由雙方視實際需要議定增減之。不受增減項目或數量影響之部分，契約原約定之履約期限不予變更。

五、履約期限展延：

(一)履約期限內，有下列情形之一，且確非可歸責於廠商，而需展延履約期限者，廠商應於事故發生或消失後 日內(由機關於招標時載明；未載明者，為 7 日)通知機關，並檢具事證，以書面向機關申請展延履約期限。機關得審酌其情形後，以書面同意延長履約期限，不計算逾期違約金。其事由未逾半日者，以半日計；逾半日未達 1 日者，以 1 日計。

1. 發生契約規定不可抗力之事故。

2. 因天候影響無法施工。

3. 本校要求全部或部分暫停履約。

4. 因辦理契約變更或增加履約標的數量或項目。
5. 本校應辦事項未及時辦妥。
6. 由本校自辦或本校之其他廠商因承包契約相關履約標的之延誤而影響契約進度者。
7. 其他非可歸責於廠商之情形，經本校認定者。

(二) 前目事故之發生，致契約全部或部分必須停止履約時，廠商應於停止履約原因消滅後立即恢復履約。其停止履約及恢復履約，廠商應儘速向機關提出書面報告。

六、 期日：

(一) 履約期間自指定之日起算者，應將當日算入。履約期間自指定之日後起算者，當日不計入。

(二) 履約標的須於一定期間內送達機關之場所者，履約期間之末日，以機關當日下午下班時間為期間末日之終止。當日為機關之辦公日，但機關因故停止辦公致未達原定截止時間者，以次一辦公日之同一截止時間代之。

七、 廠商履約交貨之批數如下：

- 一次交清。
 分__批交貨。

第八條 履約管理

- 一、 與契約履約標的有關之其他標的，經機關交由其他廠商承包時，廠商有與其他廠商互相協調配合之義務，以使該等工作得以順利進行。因工作不能協調配合，致生錯誤、延誤履約期限或意外事故，其可歸責於廠商者，由廠商負責並賠償。受損之一方應於事故發生後儘速書面通知機關，由機關邀集雙方協調解決。
- 二、 履約標的未經驗收移交機關前，所有已完成之履約標的及到場之材料、機具、設備，包括機關供給及廠商自備者，均由廠商負責保管。如有損壞缺少，概由廠商負責。其屬經機關已估驗計價者，由廠商賠償。部分業經驗收付款者，其所有權屬機關，禁止轉讓、抵押、出租、任意更換或其他有害所有權行使之行為。
- 三、 履約標的未經驗收前，機關因需要使用時，廠商不得拒絕。但應由雙方會同使用單位協商認定權利與義務後，由機關先行接管。使用期間因非可歸責於廠商之事由，致遺失或損壞者，應由機關負責。
- 四、 契約所需履約標的材料、機具、設備、工作場地設備等，除契約另有規定外，概由廠商自備。
- 五、 前款工作場地設備，指廠商為契約履約之場地或履約地點以外專為契約材料加工之場所之設備，包括履約管理、工人住宿、材料儲放等房舍及其附屬設施。該等房舍設施，應具備滿足工作人員生活與工作環境所必要的條件。
- 六、 廠商自備之材料、機具、設備，其品質應符合契約之規定，進入機關履約場所後由廠商負責保管。非經機關許可，不得擅自運離。
- 七、 各項設施或設備，依法令規定須由專業技術人員安裝、履約或檢驗者，廠商應依規定辦理。
- 八、 廠商接受機關或機關委託之機構之人員指示辦理與履約有關之事項前，應先確認該人員係有權代表人，且所指示辦理之事項未逾越或未違反契約規定。廠商接受無權代表人之指示或逾越或違反契約規定之指示，不得用以拘束機關或減少、變更廠商應負之契約責任，機關亦不對此等指示之後果負任何責任。
- 九、 契約之一方未請求他方依契約履約者，不得視為或構成一方放棄請求他方依契約履約之權利。
- 十、 契約內容有須保密者，廠商未經機關書面同意，不得將契約內容洩漏予與履約無關之第三人。
- 十一、 廠商履約期間所知悉之機關機密或任何不公開之文書、圖畫、消息、物品或其他資訊，均應保密，不得洩漏。

十二、轉包及分包：

- (一) 廠商不得將契約轉包。廠商亦不得以不具備履行契約分包事項能力、未依法登記或設立，或依採購法第 103 條規定不得參加投標或作為決標對象或作為分包廠商之廠商為分包廠商。
- (二) 廠商擬分包之項目及分包廠商，機關得予審查。
- (三) 廠商對於分包廠商履約之部分，仍應負完全責任。分包契約報備於機關者，亦同。
- (四) 分包廠商不得將分包契約轉包。其有違反者，廠商應更換分包廠商。
- (五) 廠商違反不得轉包之規定時，機關得解除契約、終止契約或沒收保證金，並得要求損害賠償。
- (六) 前日轉包廠商與廠商對機關負連帶履行及賠償責任。再轉包者，亦同。
- (七) 廠商應於下列分包部分開始作業前，將分包廠商名單送機關備查（由機關視個案情形於招標時載明；未載明者無）：
 1. 專業部分：_____。
 2. 達一定數量或金額之部分_____。
 3. 進度落後達_%之部分：_____。(未載明落後百分比者不適用)

十三、廠商及分包廠商履約，不得有下列情形：僱用無工作權之人員、供應不法來源之履約標的、使用非法車輛或工具、提供不實證明、違反人口販運防制法、商品標示法、非法棄置廢棄物或其他不法或不當行為。

十四、契約訂有履約標的之原產地者，廠商供應之標的應符合該原產地之規定。

十五、採購標的之進出口、供應、興建或使用涉及政府規定之許可證、執照或其他許可文件者，依文件核發對象，由機關或廠商分別負責取得。但屬應由機關取得者，機關得通知廠商代為取得，費用詳第 4 條。屬外國政府或其授權機構核發之文件者，由廠商負責取得，並由機關提供必要之協助。如因未能取得上開文件，致造成契約當事人一方之損害，應由造成損害原因之他方負責賠償。

十六、廠商應對其履約場所作業及履約方法之適當性、可靠性及安全性負完全責任。

十七、廠商之履約場所作業有發生意外事件之虞時，廠商應立即採取防範措施。發生意外時，應立即採取搶救、復原、重建及對機關與第三人之賠償等措施。

十八、機關於廠商履約中，若可預見其履約瑕疵，或其有其他違反契約之情事者，得通知廠商限期改善。

十九、廠商不於前款期限內，依照改善或履行者，機關得採行下列措施：

- (一) 自行或使第三人改善或繼續其工作，其費用由廠商負擔。
- (二) 終止或解除契約，並得請求損害賠償。
- (三) 通知廠商暫停履約。

二十、履約所需臨時場所，除另有規定外，由廠商自理。廠商應規範其人員、設備僅得於該臨時場所或機關提供之場所內履約，並避免其人員、設備進入其他場所或鄰地。

二十一、機關提供之履約場所，各得標廠商有共同使用之需要者，廠商應依與其他廠商協議或機關協調之結果共用場所。

二十二、機關提供或將其所有之財物供廠商加工、改善或維修，其須將標的運出機關場所者，該財物之滅失、減損或遭侵占時，廠商應負賠償責任。機關並得視實際需要規定廠商繳納與標的等值或一定金額之保證金等值(依附件標單及決標單價分析表所提)(由機關視需要於招標時載明)。

二十三、廠商於機關場所履約者，應隨時清除在該場所暨週邊一切廢料、垃圾、非必要或檢驗不合格之材料、工具及其他設備，以確保該場所之安全及環境整潔，其所需費用概由廠商負責。

二十四、廠商供應履約標的之包裝方式，應符合下列規定(無者免填)：

- 防潮、防水、防震、防破損、防變質、防鏽蝕、防曬、防鹽漬、防污或防碰撞等。

- 恆溫、冷藏、冷凍或密封。
- 每單位包裝之重量、體積或數量：_____
- 包裝材料：_____
- 包裝外應標示之文字或標誌：_____
- 包裝內應隨附之文件：_____
- 其他必要之方式：依採購規格書、投標須知及標單等相關規定。

二十五、採購標的之包裝及運輸方式，契約未訂明者，由廠商擇適當方式為之。包裝及運輸方式不當，致採購標的受損，除得向保險公司求償者外，由廠商負責賠償。

二十六、以海空運輸入履約標的：

- (一)以 CFR/CPT 或 CIF/CIP 條件簽約者，廠商應依照契約規定負責洽船或洽機裝運。以其他條件簽約者，由機關負責洽船或洽機裝運。
- (二)廠商安排之承運船舶，如因船齡或船級問題而發生之額外保險費，概由廠商負擔。除另有規定外，財物不得裝於艙面。

二十七、廠商履約人員對於所應履約之工作有不適任之情形者，機關得要求更換，廠商不得拒絕。

二十八、履約項目如包括工程之施工，廠商及分包廠商履約時，除依規定申請聘僱或調派外籍勞工者外，均不得僱用外籍勞工。違法僱用外籍勞工者，機關除通知「就業服務法」主管機關依規定處罰外，情節重大者，得與廠商終止或解除契約。其因此造成損害者，並得向廠商請求損害賠償。

二十九、其他(由機關擇需要者於招標時載明)

關鍵基礎設施(或機關指定之設施)人員管制特別約定：

- (一)本採購履約標的涉關鍵基礎設施(或機關指定之設施)，廠商及分包廠商之履約人員於進場或參與工作前，應配合機關之要求辦理適任性查核經機關審核同意者，始得進場或參與工作。屬臨時性進場者(例如送貨司機及其隨車人員)得免辦理查核，但應接受機關或其指定之單位或人員(例如但不限於專案管理單位)全程陪同或監督管理。
- (二)廠商及分包廠商之履約人員執行工作，應接受機關或其指定之單位或人員(例如但不限於專案管理單位)全程陪同或監督管理。

其他：

- 履約期間如有涉及勞工安全及公共安全作業時，廠商須遵守機關「承攬商安全衛生管理要點」之各項規定，並配合提出相關檢核表單，經核備後始得進場施作(相關規定及表單文件請至機關環安處網頁下載使用(網址：https://prohealth.tmu.edu.tw/front/_Group_1/_Group_1_4/_Group_1_4_5/pages.php?ID=dG11X3Byb2hlYWx0aCZfR3JvdXBfMV80XzU=))。
- 廠商及其協力廠商相關人員(含送貨人員)於履約期間應遵守機關安全管理相關辦法(如：車輛管理辦法、菸害防制辦法、營繕工程環境及安全衛生管理理工作細則、性侵害性騷擾或性霸凌防治規定、共同空間管理工作細則等)，如有違反經舉證確認後，機關得處以廠商，按每人每次新臺幣 2,000 元計算之懲罰性違約金。如有違反，致機關被訴，並遭地方主管機關處罰，廠商應負繳交罰鍰責任。
- 契約履約期間，廠商於公司或商業登記事項變更完成後，應於七日內主動通知機關並檢附相關證明文件。

第九條 履約標的品管

- 一、廠商在履約中，應對履約品質依照契約有關規範，嚴予控制，並辦理自主檢查。
- 二、機關於廠商履約期間如發現廠商履約品質不符合契約規定，得通知廠商限期改善或改正。廠商逾期未辦妥時，機關得要求廠商部分或全部停止履約，至廠商辦妥並經機關書面同意後方可恢復履約。廠商不得為此要求展延履約期限或補償。
- 三、契約履約期間如有由機關分段查驗(如機具設備規格明細表要求廠商應將分段或分期履項目、設計圖或樣本、檢驗報告等送機關審核)之規定，廠商應按規定之階段報請機關監督人員查驗。機關監督人員發現廠商未按規定階段報請查驗，而擅

自繼續次一階段工作時，得要求廠商將未經查驗及擅自履約部分拆除重做，其一切損失概由廠商自行負擔。但機關監督人員應指派專責查驗人員隨時辦理廠商申請之查驗工作，不得無故遲延。

- 四、契約如有任何部分須報請政府主管機關查驗時，除依法規應由機關提出申請者外，應由廠商提出申請，並按照規定負擔有關費用。
- 五、廠商應免費提供機關依契約辦理查驗、測試、檢驗、初驗及驗收所必須之儀器、機具、設備、人工及資料。但契約另有規定者，不在此限。契約規定以外之查驗、測試或檢驗，其結果不符合契約規定者，由廠商負擔所生之費用；結果符合者，由機關負擔費用。
- 六、查驗、測試或檢驗結果不符合契約規定者，機關得予拒絕，廠商應免費改善、拆除、重作、退貨或換貨。廠商不於規定期限內改正、拒絕改正或其瑕疵不能改正，或改正次數逾一次(含)仍未能改正者，機關得依第 17 條第 1 款第 9 目規定辦理。
- 七、廠商不得因機關辦理查驗、測試或檢驗，而免除其依契約所應履行或承擔之義務或責任，及費用之負擔。
- 八、機關就廠商履約標的為查驗、測試或檢驗之權利，不受該標的曾通過其他查驗、測試或檢驗之限制。
- 九、機關提供設備或材料供廠商履約者，廠商應於收受時作必要之檢查，以確定其符合履約需要，並作成紀錄。設備或材料經廠商收受後，其滅失或損害，由廠商負責。

第十條 保險

- 一、廠商應於履約期間辦理下列保險(由機關擇定後於招標時載明；未載明者無)，其屬自然人者，應自行另投保人身意外險。
 - 與安裝財物有關之綜合保險。(例如安裝工程綜合保險；是否附加第三人意外責任險、鄰近財物險、雇主意外責任險，由機關擇定後於招標時載明)
 - 雇主責任險。
 - 機械保險、電子設備綜合保險或鍋爐保險。
 - 廠商應按進口財物契約價格(CIF/CIP 價款)之 110%投保海/空運輸全險，包括協會貨物條款(海)/(空運)，協會貨物兵險條款，協會貨物罷工條款及偷竊、挖盜、未送達、漏失、破損、短缺、暴動險等(由機關於招標時載明)，並延伸至機關指定之地點，以涵蓋在中華民國境內之內陸保險。
 - 其他_____
- 二、廠商依前款辦理之保險，其內容如下(由機關視保險性質擇定或調整後於招標時載明)：
 - (一)承保範圍：(由機關於招標時載明，包括得為保險人之不保事項)
 - (二)保險標的：履約標的。
 - (三)被保險人：以機關及廠商為共同被保險人。
 - (四)保險金額：含財物金額、運費及保險費之 110%。
 - (五)第三人意外責任險：(載明每一個人體傷或死亡之保險金額下限，每一事故體傷或死亡之保險金額下限，每一事故財物損害之保險金額下限，上述理賠合併單一事件之保險金額下限與保險期間最高累積責任上限。應含廠商、分包廠商、機關及其他任何人員，並包括鄰近財物險。)
 - (六)每一事故之自負額上限：(由機關於招標時載明)
 - (七)運輸險保險期間：自_____ (地點)起至契約所定_____ (地點)止。
 - (八)受益人：機關(不包含責任保險)。
 - (九)未經機關同意之任何保險契約之變更或終止，無效。但有利於機關者，不在此限。
 - (十)其他：_____
- 三、保險單記載契約規定以外之不保事項者，其風險及可能之賠償由廠商負擔。
- 四、採購進口財物以 CIF 或 CIP 條件簽約者，廠商應依契約規定條件辦理保險。保險

單或保險證明書應於押匯時背書予機關。

- 五、採購進口財物以 CFR/CPT 或 FOB/FCA 條件簽約者，廠商應於每批貨物裝運前將裝運資料書面通知機關，以便機關辦理保險。廠商如未及時通知，致機關未能辦妥貨物保險因而發生之一切損失或損害，應由廠商負責賠償。
- 六、前款之書面資料應記載下列資料：招標案號、契約編號、財物名稱、數量、發票總金額、船名或機名(加註航次)、裝貨港口或機場、預定啟運時間、預定到達時間。
- 七、廠商向保險人索賠所費時間，不得據以請求延長履約期限。
- 八、廠商未依契約規定辦理保險、保險範圍不足或未能自保險人獲得足額理賠者，其損失或損害賠償，由廠商負擔。
- 九、保險單正本 1 份及繳費收據副本 1 份，應於辦妥保險後即交機關收執。因不可歸責於廠商之事由致須延長履約期限者，因而增加之保費，由契約雙方另行協議其合理之分擔方式。
- 十、廠商應依中華民國法規為其員工及車輛投保勞工保險、就業保險、勞工職業災害保險、全民健康保險及汽機車第三人責任險。其依法免投保勞工保險、勞工職業災害保險者，得以其他商業保險代之。
- 十一、海空運輸險之保險金額，得為包括內陸險在內之設備器材運抵機關場所金額之全險，並包括偷竊、挖盜、未送達、漏失、破損、短缺、戰爭、罷工及暴動險(由機關擇定後於招標時載明)。
- 十二、安裝綜合保險之承保範圍，得包括山崩、地震、海嘯、火山爆發、颱風、豪雨、冰雹、水災、土石流、土崩、地層滑動、雷擊或其他天然災害、火災、爆炸、破壞、竊盜、搶奪、強盜、暴動、罷工、勞資糾紛或民眾非理性之聚眾抗爭等事項所生之損害(實際承保範圍，由機關於招標時載明)。
- 十三、機關及廠商均應避免發生採購法主管機關訂頒之「常見保險錯誤及缺失態樣」所載情形。

第十一條 保證金

- 一、保證金之發還情形如下(由機關擇定後於招標時載明)：
 - 預付款還款保證，依廠商已履約部分所占進度之比率遞減。
 - 預付款還款保證，依廠商已履約部分所占契約金額之比率遞減。
 - 預付款還款保證，於驗收合格後一次發還。
 - 履約保證金於履約驗收合格且無待解決事項後 30 日內發還。有分段或部分驗收情形者，得按比例分次發還。
 - 履約保證金依履約進度分 期平均發還。
 - 履約保證金依履約進度分 期發還，各期之條件及比率如下(由機關於招標時載明)：
 - 履約保證金於履約驗收合格且無待解決事項後 30 日內發還 % (由機關於招標時載明)。其餘之部分於 (由機關於招標時載明) 且無待解決事項後 30 日內發還。
 - 廠商於履約標的完成驗收付款前應繳納保固保證金。
 - 廠商於履約標的完成驗收付款前應繳納保固保證金。
 - 保固保證金於保固期滿且無待解決事項後 30 日內一次發還。
 - 差額保證金之發還，同履約保證金。
 - 其他：
 - 履約約保證金：簽約時廠商應向機關繳交 一定金額新台幣 元整或 依契約總價款百分之十繳納履約保證金。履約保證金於履約驗收合格且無待解決事項後按機關付款流程無息發還。
 - 履約保證金於履約期滿(訂購期間)且無待解決事項後，按機關付款流程無息發還。(期刊或資料檢索費參考使用)
 - 保固保證金：驗收合格後機關付款前，廠商應向機關繳交 一定金額新台幣

- 廠商應就履約標的於_____ (場所)、_____ (期間)及_____ (條件)下辦理試車、試運轉或試用測試程序，以作為查驗或驗收之用。試車、試運轉或試用所需費用，由廠商負擔。但契約另有規定者，不在此限。
- 四、查驗或驗收人對隱蔽部分拆驗或化驗者，其拆除、修復或化驗所生費用，拆驗或化驗結果與契約規定不符者，該費用由廠商負擔；與規定相符者，該費用由機關負擔。契約規定以外之查驗、測試或檢驗，亦同。
- 五、履約標的完成履約後，廠商應對履約期間損壞或遷移之機關設施或公共設施予以修復或回復，並將現場堆置的履約機具、器材、廢棄物及非契約所應有之設施全部運離或清除，並填具完成履約報告，經機關勘驗認可，始得認定為完成履約。
- 六、履約標的部分完成履約後，如有部分先行使用之必要，應先就該部分辦理驗收或分段查驗供驗收之用，並得就該部分支付價金及起算保固期。
- 七、廠商履約結果經機關初驗或驗收有瑕疵者，機關得要求廠商於____日內(機關未填列者，由主驗人定之)改善、拆除、重作、退貨或換貨(以下簡稱改正)。逾期未改正者依第 14 條規定計算逾期違約金。但逾期未改正仍在契約原訂履約期限內者，不在此限。
- 八、廠商不於前款期限內改正、拒絕改正或其瑕疵不能改正，或改正次數逾一次(含)仍未能改正者，機關得採行下列措施之一：
(一)自行或使第三人改正，並得向廠商請求償還改正必要之費用。
(二)終止或解除契約或減少契約價金。
- 九、因可歸責於廠商之事由，致履約有瑕疵者，機關除依前二款規定辦理外，並得請求損害賠償。

第十三條 保固

- 一、保固期：本履約標的自全部完成履約經驗收合格日之日起，由廠商全機全責保固參年，餘詳採購規格書、投標須知及標單等相關規定辦理。
在保固期間除天災變故或不可抗拒之事故發生外，在正常使用情形下，如發生零件損壞或效果不彰等情形時，廠商應無條件於機關指定時日內，免費修復或更換。若廠商維修時日過長，以致影響機關使用時程，則廠商有提供替代品或替代方案供正常使用運作之責，若廠商拒不履行時，機關得另行招商修理，其所須之一切費用及損失概由廠商負擔清償不得異議。如拒不清償得依法追訴，機關並得拒絕廠商參與機關其他採購案之投標。保固期滿後，應配合機關之需求協助維修，所更換零件應以成本計收。
- 二、本條所稱瑕疵，包括損裂、坍塌、損壞、功能或效益不符合契約規定等。但屬第 14 條第 5 款所載不可抗力或不可歸責於廠商之事由所致者，不在此限。
- 三、保固期內發現之瑕疵，應由廠商於機關指定之合理期限內負責免費無條件改正。逾期不為改正者，機關得逕為處理，所需費用由廠商負擔，或動用保固保證金逕為處理，不足時向廠商追償。但屬故意破壞、不當使用、正常零附件損耗或其他非可歸責於廠商之事由所致瑕疵者，由機關負擔改正費用。
- 四、保固期內，採購標的因可歸責於廠商之事由造成之瑕疵致全部無法使用時，該無法使用之期間不計入保固期；致部分採購標的無法使用者，該部分採購標的無法使用之期間不計入保固期，並由機關通知廠商。
- 五、為釐清發生瑕疵之原因或其責任歸屬，機關得委託公正之第三人進行檢驗或調查工作，其結果如證明瑕疵係因可歸責於廠商之事由所致，廠商應負擔檢驗或調查工作所需之費用。
- 六、瑕疵改正後 30 日內，如機關認為可能影響本履約標的任何部分之功能與效益者，得要求廠商依契約原訂測試程序進行測試。該瑕疵係因可歸責於廠商之事由所致者，廠商應負擔進行測試所需之費用。
- 七、機關得於保固期間及期滿前，通知廠商派員會同勘查保固事項。

八、保固期滿且無待決事項後 30 日內，機關得應廠商要求簽發一份保固期滿通知書予廠商，載明廠商完成保固責任之日期。

第十四條 遲延履約

- 一、逾期違約金，以日為單位，按逾期日曆天數，每日依契約價金總額 3‰ (由機關於招標時載明比率；未載明者，為 1‰) 計算逾期違約金。因可歸責於廠商之事由，致終止或解除契約者，逾期違約金應計算至終止或解除契約之日止。
 - (一) 廠商如未依照契約所定履約期限完成履約標的之供應，自該期限之次日起算逾期日數。但未完成履約之部分不影響其他已完成部分之使用者 (不以機關於已有使用事實為限，亦即機關可得使用之狀態)，按未完成履約部分之契約價金，每日依其 3‰ (由機關於招標時載明比率；未載明者，為 3‰，但以每日依契約價金總額計算之數額為上限) 計算逾期違約金。
 - (二) 初驗或驗收有瑕疵，經機關通知廠商限期改正，自契約所定履約期限之次日起算逾期日數，但扣除以下日數：
 1. 履約期限之次日起，至機關決定限期改正前歸屬於機關之作業日數。
 2. 契約或主驗人指定之限期改正日數 (機關得於招標時刪除此部分文字)。
- 二、採部分驗收或分期驗收者，得就該部分或該分期之金額計算逾期違約金。
- 三、逾期違約金之支付，機關得自應付價金中扣抵或另行通知廠商繳納；其有不足者，得通知廠商繳納或自保證金扣抵。
- 四、逾期違約金為損害賠償額預定性違約金，其總額 (含逾期未改正之違約金) 以契約價金總額之 20% (由機關於招標時載明，但不高於 20%；未載明者，為 20%) 為上限，且不計入第 15 條第 10 款之賠償責任上限金額內。
- 五、因下列天災或事變等不可抗力或不可歸責於契約當事人之事由，致未能依時履約者，廠商得依第 7 條第 5 款規定，申請延長履約期限；不能履約者，得免除契約責任：
 - (一) 戰爭、封鎖、革命、叛亂、內亂、暴動或動員。
 - (二) 山崩、地震、海嘯、火山爆發、颱風、颶風、豪雨、冰雹、水災、土石流、土崩、地層滑動、雷擊或其他天然災害。
 - (三) 墜機、沉船、交通中斷或道路、港口冰封。
 - (四) 罷工、勞資糾紛或民眾非理性之聚眾抗爭。
 - (五) 毒氣、瘟疫、火災或爆炸。
 - (六) 履約標的遭破壞、竊盜、搶奪、強盜或海盜。
 - (七) 履約人員遭殺害、傷害、擄人勒贖或不法拘禁。
 - (八) 水、能源或原料中斷或管制供應。
 - (九) 核子反應、核子輻射或放射性污染。
 - (十) 非因廠商不法行為所致之政府或機關依法令下達停工、徵用、沒入、拆毀或禁運命令者。
 - (十一) 政府法令之新增或變更。
 - (十二) 我國或外國政府之行為。
 - (十三) 其他經機關認定確屬不可抗力者。
- 六、前款不可抗力或不可歸責事由發生或結束後，其屬可繼續履約之情形者，應繼續履約，並採行必要措施以降低其所造成之不利影響或損害。
- 七、廠商履約有遲延者，在遲延中，對於因不可抗力而生之損害，亦應負責。但經廠商證明縱不遲延給付，而仍不免發生損害者，不在此限。
- 八、契約訂有分段進度及最後履約期限，且均訂有逾期違約金者，屬分段完成履約使用或移交之情形，其逾期違約金之計算原則如下：
 - (一) 未逾分段進度但逾最後履約期限者，扣除已分段完成履約使用或移交部分之金額，計算逾最後履約期限之違約金。
 - (二) 逾分段進度但未逾最後履約期限者，計算逾分段進度之違約金。
 - (三) 逾分段進度且逾最後履約期限者，分別計算違約金。但逾最後履約期限之違約金，應扣除已分段完成履約使用或移交部分之金額計算之。

- (四)分段完成履約期限與其他採購契約之進行有關者，逾分段進度，得個別計算違約金，不受前目但書限制。
- 九、契約訂有分段進度及最後履約期限，且均訂有逾期違約金者，屬全部完成履約後使用或移交之情形，其逾期違約金之計算原則如下：
- (一)未逾分段進度但逾最後履約期限者，計算逾最後履約期限之違約金。
- (二)逾分段進度但未逾最後履約期限，其有逾分段進度已收取之違約金者，於未逾最後履約期限後發還。
- (三)逾分段進度且逾最後履約期限，其有逾分段進度已收取之違約金者，於計算逾最後履約期限之違約金時應予扣抵。
- (四)分段完成履約期限與其他採購契約之進行有關者，逾分段進度，得個別計算違約金，不受第 2 目及第 3 目之限制。
- 十、廠商未遵守法令致生履約事故者，由廠商負責。因而遲延履約者，不得據以免責。
- 十一、本條所稱「契約價金總額」為：結算驗收證明書所載結算總價，並加計可歸責於廠商之驗收扣款金額；原契約總金額（由機關於招標時勾選；未勾選者，為第 1 選項）。有契約變更之情形者，雙方得就變更之部分另為協議（例如契約變更新增項目或數量之金額）。

第十五條 權利及責任

- 一、廠商應擔保第三人就履約標的，對於機關不得主張任何權利。
- 二、廠商履約，其有侵害第三人合法權益時，應由廠商負責處理並承擔一切法律責任及費用，包括機關所發生之費用。機關並得請求損害賠償。
- 三、廠商履約結果涉及智慧財產權（包含專利權、商標權、著作權、積體電路電路布局權、營業秘密、植物品種權等）者：（由機關於招標時載明，互補項目得複選，如僅涉及著作權者，請就第 4 目至第 12 目勾選。註釋及舉例文字，免載於招標文件）
- 註：在流通利用方面，考量資訊軟體系統開發之特性，如其內容包含機關與廠商雙方之創作智慧，且不涉及機關安全、專屬使用或其他特殊目的之需要，機關得允許此軟體著作權於機關外流通利用，以增進社會利益。機關亦宜考量避免因取得不必要之權利而增加採購成本。
- 機關取得部分權利（內容由機關於招標時載明）。
- 機關取得全部權利。
- 機關取得授權（內容由機關於招標時載明）。
- 機關有權永久無償利用該著作財產權。
- 例：採購已在一般消費市場銷售之套裝資訊軟體，機關依廠商或第三人之授權契約條款取得永久無償使用權。
- 以廠商為著作人，並取得著作財產權，機關取得下列著作財產權授權，於該著作之著作財產權存續期間及約定授權範圍內，有在任何地點、任何時間、以任何方式利用該著作之權利，廠商不得撤銷此項授權，且機關不須因此支付任何費用。（項目由機關於招標時勾選）
- | | | |
|-----------------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------|
| <input type="checkbox"/> 【1】重製權 | <input type="checkbox"/> 【2】公開口述權 | <input type="checkbox"/> 【3】公開發送權 |
| <input type="checkbox"/> 【4】公開上映權 | <input type="checkbox"/> 【5】公開演出權 | <input type="checkbox"/> 【6】公開傳輸權 |
| <input type="checkbox"/> 【7】公開展示權 | <input type="checkbox"/> 【8】改作權 | <input type="checkbox"/> 【9】編輯權 |
| <input type="checkbox"/> 【10】出租權 | | |
- 例：採購一般共通性需求規格所開發之資訊應用軟體，如約定由廠商取得著作財產權，機關得就業務需要，為其內部使用之目的，勾選【1】重製權及【9】編輯權。如機關擬自行修改著作物，可勾選【8】改作權。如採購教學著作物，可勾選【2】公開口述權及【6】公開發送權。
- 以廠商為著作人，其下列著作財產權於著作完成同時讓與機關，廠商並承諾不行使其著作人格權。（項目由機關於招標時勾選）
- | | | |
|-----------------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------|
| <input type="checkbox"/> 【1】重製權 | <input type="checkbox"/> 【2】公開口述權 | <input type="checkbox"/> 【3】公開發送權 |
| <input type="checkbox"/> 【4】公開上映權 | <input type="checkbox"/> 【5】公開演出權 | <input type="checkbox"/> 【6】公開傳輸權 |
| <input type="checkbox"/> 【7】公開展示權 | <input type="checkbox"/> 【8】改作權 | <input type="checkbox"/> 【9】編輯權 |
| <input type="checkbox"/> 【10】出租權 | | |

例：採購一般共通性需求規格所開發之資訊應用軟體，機關得就業務需要，為其內部使用之目的，勾選【1】重製權及【9】編輯權。如機關擬自行修改著作物，可勾選【8】改作權。如採購教學著作物，可勾選【2】公開口述權及【3】公開播送權。

- 以廠商為著作人，機關取得著作財產權，廠商並承諾對機關不行使其著作人格權。

例：採購機關專用或機關特殊需求規格所開發之資訊應用軟體，機關取得著作財產權之全部。

- 以機關為著作人，並由機關取得著作財產權之全部。

- 機關出資委託廠商設計之資訊應用軟體於開發或維護完成後，以機關為著作人，並由機關取得著作財產權之全部，廠商於開發或維護完成該應用軟體時，經機關同意：(項目由機關於招標時勾選)

【1】 取得機關之使用授權與再授權之權，於每次使用時均不需徵得機關之同意。

【2】 取得機關之使用授權與再授權之權，於每次使用均需徵得機關同意。

- 機關與廠商共同享有著作人格權及著作財產權。

例：採購廠商已完成之資訊應用軟體，並依機關需求進行改作，且機關與廠商均投入人力、物力，該衍生之共同完成之著作，其著作人格權由機關與廠商共有，其著作財產權享有之比例、授權範圍、後續衍生著作獲利之分攤內容，由機關於招標時載明。

- 機關取得授權，於利用著作財產權存續期間，有轉授權他人利用該著作之權利。上開他人包括：_____ (由機關於招標時載明)

- 其他。(內容由機關於招標時載明)

例：機關得就其取得之著作財產權，允許廠商支付對價，授權廠商使用。

四、訂約機關為政府機關者，以政府機關所屬公法人為權利義務主體。

五、廠商保證對於其受雇人或受聘人職務上完成之著作，依著作權法第 11 條第 1 項但書及第 12 條規定，與其受雇人或受聘人約定以廠商為著作人，享有著作人格權及著作財產權。惟此一約定僅止於廠商與其受雇人或受聘人間。廠商與機關間之權利及責任，仍以本契約為準。

六、除另有規定外，廠商如在契約使用專利品，或專利性施工方法，或涉及著作權時，其有關之專利及著作權益，概由廠商依照有關法令規定處理，其費用亦由廠商負擔。

七、機關及廠商應採取必要之措施，以保障他方免於因契約之履行而遭第三人請求損害賠償。其有致第三人損害者，應由造成損害原因之一方負責賠償。

八、機關對於廠商、分包廠商及其人員因履約所致之人體傷亡或財物損失，不負賠償責任。對於人體傷亡或財物損失之風險，廠商應投保必要之保險。

九、廠商依契約規定應履行之責任，不因機關對於廠商履約事項之審查、認可或核准行為而減少或免除。

十、因可歸責於一方之事由，致他方遭受損害者，一方應負賠償責任，其認定有爭議者，依照爭議處理條款辦理。

(一) 損害賠償之範圍，依民法第 216 條第 1 項規定，以填補他方所受損害及所失利益為限。

- 但非因故意或重大過失所致之損害，契約雙方所負賠償責任不包括「所失利益」(得由機關於招標時勾選)。

(二) 除第 14 條規定之逾期違約金外，損害賠償金額上限為：(機關欲訂上限者，請於招標時載明)

- 契約價金總額。
 契約價金總額之__倍。
 契約價金總額之__%。
 固定金額__元。

(三) 前目訂有損害賠償金額上限者，於法令另有規定(例如民法第 227 條第 2 項之加害給付損害賠償)，或一方故意隱瞞工作之瑕疵、故意或重大過失行為，或

對第三人發生侵權行為，對他方所造成之損害賠償，不受賠償金額上限之限制。

- 十一、連帶保證廠商應保證得標廠商依契約履行義務，如有不能履約情事，即續負履行義務，並就機關因此所生損失，負連帶賠償責任。
- 十二、連帶保證廠商經機關通知代得標廠商履行義務者，有關廠商之一切權利，包括尚待履約部分之契約價金，一併移轉由該連帶保證廠商概括承受，本契約並繼續有效。得標廠商之保證金及已履約而尚未支付之契約價金，如無不支付或不發還之情形，得依原契約規定支付或發還該得標廠商。
- 十三、廠商與其連帶保證廠商如有債務等糾紛，應自行協調或循法律途徑解決。
- 十四、廠商保證其派至機關提供勞務之人員於機關工作期間以及本契約終止後，在未取得機關之書面同意前，不得向任何人、單位或團體透露任何業務上需保密之文件及資料。且廠商保證所派駐人員於契約終止(或解除)時，應交還機關所屬財產，及在履約期間所持有之需保密之文件及資料。
- 十五、前款所稱保密之文件及資料，係指：
 - (一)機關在業務上定義為密、機密、極機密或絕對機密之一切文件及資料，包括與其業務或研究開發有關之內容。
 - (二)與廠商派至機關之人員的工作有關，其成果尚不足以對外公布之資料、訊息及文件。
 - (三)依法令須保密或受保護之文件及資料，例如個人處理資料保護法所規定者。

第十六條 契約變更及轉讓

- 一、機關於必要時得於契約所約定之範圍內通知廠商變更契約(含新增項目)，廠商於接獲通知後，除雙方另有協議外，應於 天(由機關於招標時載明；未載明者，為 10 天)內向機關提出契約標的、價金、履約期限、付款期程或其他契約內容須變更之相關文件。契約價金之變更，其底價依採購法第 46 條第 1 項之規定。契約原有項目，因機關要求契約變更，如變更之部分，其價格或履約條件改變，得就該等變更之部分另行議價。新增工作中如包括原有契約項目，經廠商舉證依原單價履約顯失公平者，亦同。
- 二、廠商於機關接受其所提出須變更之相關文件前，不得自行變更契約。除機關另有請求者外，廠商不得因前款之通知而遲延其履約期限。
- 三、機關於接受廠商所提出須變更之事項前即請求廠商先行施作或供應，其後未依原通知辦理契約變更或僅部分辦理者，應補償廠商所增加之必要費用。
- 四、契約約定之採購標的，其有下列情形之一者，廠商得敘明理由，檢附規格、功能、效益及價格比較表，徵得機關書面同意後，以其他規格、功能及效益相同或較優者代之。但不得據以增加契約價金。其因而減省廠商履約費用者，應自契約價金中扣除。
 - (一)契約原標示之廠牌或型號不再製造或供應。
 - (二)契約原標示之分包廠商不再營業或拒絕供應。
 - (三)較契約原標示者更優或對機關更有利。
 - (四)契約所定技術規格違反採購法第 26 條規定。屬前段第三目情形，而有增加經費之必要，其經機關綜合評估其總體效益更有利於機關者，得不受前段序文但書限制。
- 五、廠商提出前款第 1 目、第 2 目或第 4 目契約變更之文件，其審查及核定期程，除雙方另有協議外，為該書面請求送達之次日起 天(由機關於招標時載明；未載明者，為 10 天)內。但必須補正資料者，以補正資料送達之次日起 天(由機關於招標時載明；未載明者，為 10 天)內為之。因可歸責於機關之事由逾期未核定者，得依第 7 條第 5 款申請延長履約期限。
- 六、廠商依前款請求契約變更，應自行衡酌預定履約時程，考量檢(查、試)驗所需時間及機關受理申請審查及核定期程後再行適時提出，並於接獲機關書面同意後，始得依同意變更情形施作。除因機關逾期未核定外，不得以資料送審為由，提出

延長履約期限之申請。

- 七、契約之變更，非經機關及廠商雙方合意，作成書面紀錄，並簽名或蓋章者，無效。
- 八、廠商不得將契約之部分或全部轉讓予他人。但因公司分割或其他類似情形致有轉讓必要，經機關書面同意轉讓者，不在此限。

廠商依公司法、企業併購法分割，受讓契約之公司（以受讓營業者為限），其資格條件應符合原招標文件規定，且應提出下列文件之一：

- (一) 原訂約廠商分割後存續者，其同意負連帶履行本契約責任之文件；
- (二) 原訂約廠商分割後消滅者，受讓契約公司以外之其他受讓原訂約廠商營業之既存及新設公司同意負連帶履行本契約責任之文件。

第十七條 契約終止解除及暫停執行

- 一、廠商履約有下列情形之一者，機關得以書面通知廠商終止契約或解除契約之部分或全部，且不補償廠商因此所生之損失：

- (一) 有採購法第 50 條第 2 項前段規定之情形者。
- (二) 有採購法第 59 條規定得終止或解除契約之情形者。
- (三) 違反不得轉包之規定者。
- (四) 廠商或其人員犯採購法第 87 條至第 92 條規定之罪，經判決有罪確定者。
- (五) 因可歸責於廠商之事由，致延誤履約期限，有下列情形者（由機關於招標時勾選；未勾選者，為第 1 選項）：

履約進度落後 % (由機關於招標時載明，未載明者為 20%) 以上，且日數達十日以上。

百分比之計算方式：

1. 屬尚未完成履約而進度落後已達百分比者，機關應先通知廠商限期改善。屆期末改善者，如機關訂有履約進度計算方式，其通知限期改善當日及期限末日之履約進度落後百分比，分別以各該日實際進度與機關核定之預定進度百分比之差值計算；如機關未訂有履約進度計算方式，依逾期日數計算之。
2. 屬已完成履約而逾履約期限，或逾最後履約期限尚未完成履約者，依逾期日數計算之。

其他：

- (六) 偽造或變造契約或履約相關文件，經查明屬實者。
- (七) 擅自減省工料情節重大者。
- (八) 無正當理由而不履行契約者。
- (九) 查驗或驗收不合格，且未於通知期限內依規定辦理者。
- (十) 有破產或其他重大情事，致無法繼續履約者。
- (十一) 廠商未依契約規定履約，自接獲機關書面通知之次日起 10 日內或書面通知所載較長期限內，仍未改正者。
- (十二) 違反環境保護或勞工安全衛生等有關法令，情節重大者。
- (十三) 違反法令或其他契約規定之情形，情節重大者。

- 二、機關未依前款規定通知廠商終止或解除契約者，廠商仍應依契約規定繼續履約。
- 三、契約經依第 1 款規定或因可歸責於廠商之事由致終止或解除者，機關得依其所認定之適當方式，自行或洽其他廠商完成被終止或解除之契約；其所增加之費用及損失，由廠商負擔。無洽其他廠商完成之必要者，得扣減或追償契約價金，不發還保證金。機關有損失者亦同。
- 四、契約因政策變更，廠商依契約繼續履行反而不符公共利益者，或本契約經費遭刪減者，機關得終止或解除部分或全部契約，並補償廠商因此所生之損失。但不包含所失利益。
- 五、依前款規定終止契約者，廠商於接獲機關通知前已完成且可使用之履約標的，依契約價金給付；僅部分完成尚未能使用之履約標的，機關得擇下列方式之一洽廠商為之：
- (一) 繼續予以完成，依契約價金給付。
- (二) 停止製造、供應或施作。但給付廠商已發生之製造、供應或施作費用及合理之利

潤。

- 六、非因政策變更而有終止或解除契約必要者，準用前 2 款規定。
- 七、廠商未依契約規定履約者，機關得隨時通知廠商部分或全部暫停執行，至情況改正後方准恢復履約。廠商不得就暫停執行請求延長履約期限或增加契約價金。
- 八、因可歸責於機關之情形，機關通知廠商部分或全部暫停執行：
 - (一) 致廠商未能依時履約者，廠商得依第 7 條第 5 款規定，申請展延履約期限；因此而增加之必要費用（例如但不限於管理費），由機關負擔。
 - (二) 暫停執行期間累計逾 個月（由機關於招標時合理訂定，如未填寫，則為 2 個月）者，機關應先支付已依機關指示由機關取得所有權之履約標的之價金。
 - (三) 暫停執行期間累計逾 個月（由機關於招標時合理訂定，如未填寫，則為 6 個月）者，廠商得通知機關終止或解除部分或全部契約，並得向機關請求賠償因契約終止或解除而生之損害。因可歸責於機關之情形無法開始履約者，亦同。
- 九、因非可歸責於廠商之事由，機關有延遲付款之情形：
 - (一) 廠商得向機關請求加計年息 %（由機關於招標時合理訂定，如未填寫，則依機關簽約日中華郵政股份有限公司牌告一年期郵政定期儲金機動利率）之遲延利息。
 - (二) 廠商得於通知機關 個月後（由機關於招標時合理訂定，如未填寫，則為 1 個月）暫停或減緩履約進度、依第 7 條第 5 款規定，申請展延履約期限；廠商因此增加之必要費用，由機關負擔。
 - (三) 延遲付款達 個月（由機關於招標時合理訂定，如未填寫，則為 3 個月）者，廠商得通知機關終止或解除部分或全部契約，並得向機關請求賠償因契約終止或解除而生之損害。
- 十、除契約另有約定外，履行契約需機關之行為始能完成，而機關不為其行為時，廠商得定相當期限催告機關為之。機關不於前述期限內為其行為者，廠商得通知機關終止或解除契約，並得向機關請求賠償因契約終止或解除而生之損害。
- 十一、因契約規定不可抗力之事由，致全部契約暫停執行，暫停執行期間持續逾 個月（由機關於招標時合理訂定，如未填寫，則為 3 個月）或累計逾 個月（由機關於招標時合理訂定，如未填寫，則為 6 個月）者，契約之一方得通知他方終止或解除契約。
- 十二、廠商不得對本契約採購案任何人要求、期約、收受或給予賄賂、佣金、比例金、仲介費、後謝金、回扣、餽贈、招待或其他不正利益。分包廠商亦同。違反規定者，機關得終止或解除契約，並將二倍之不正利益自契約價款中扣除。未能扣除者，通知廠商限期給付之。
- 十三、本契約終止時，自終止之日起，雙方之權利義務即消滅。契約解除時，溯及契約生效日消滅。雙方並互負保密義務。

第十八條 爭議處理

- 一、機關與廠商因履約而生爭議者，應依法令及契約規定，考量公共利益及公平合理，本誠信和諧，盡力協調解決之。其未能達成協議者，得以下列方式處理之：
 - (一) 依採購法第 85 條之 1 規定向採購申訴審議委員會申請調解。
 - (二) 經契約雙方同意並訂立仲裁協議書後，依本契約約定及仲裁法規定提付仲裁。
 - (三) 提起民事訴訟。
 - (四) 依其他法律申(警)請調解。
 - (五) 契約雙方合意成立爭議處理小組協調爭議。
 - (六) 依契約或雙方合意之其他方式處理。
- 二、依前款第 2 目提付仲裁者，約定如下：
 - (一) 由機關於招標文件及契約預先載明仲裁機構。其未載明者，由契約雙方協議擇定仲裁機構。如未能獲致協議，由機關指定仲裁機構。上開仲裁機構，除契約雙方另有協議外，應為合法設立之國內仲裁機構。
 - (二) 仲裁人之選定：
 1. 當事人雙方應於一方收受他方提付仲裁之通知之次日起 14 日內，各自從指

定之仲裁機構之仲裁人名冊或其他具有仲裁人資格者，分別提出 10 位以上(含本數)之名單，交予對方。

2. 當事人之一方應於收受他方提出名單之次日起 14 日內，自該名單內選出 1 位仲裁人，作為他方選定之仲裁人。
3. 當事人之一方未依(1)提出名單者，他方得從指定之仲裁機構之仲裁人名冊或其他具有仲裁人資格者，逕行代為選定 1 位仲裁人。
4. 當事人之一方未依(2)自名單內選出仲裁人，作為他方選定之仲裁人者，他方得聲請法院；指定之仲裁機構(由機關於招標時勾選；未勾選者，為指定之仲裁機構)代為自該名單內選定 1 位仲裁人。

(三)主任仲裁人之選定：

1. 二位仲裁人經選定之次日起 30 日內，由雙方共推；雙方選定之仲裁人共推(由機關於招標時勾選)第三仲裁人為主任仲裁人。
2. 未能依(1)共推主任仲裁人者，當事人得聲請法院；指定之仲裁機構(由機關於招標時勾選；未勾選者，為指定之仲裁機構)為之選定。

(四)以機關所在地；其他：_____為仲裁地(由機關於招標時載明；未載明者，為機關所在地)。

(五)除契約雙方另有協議外，仲裁程序應公開之，仲裁判斷書雙方均得公開，並同意仲裁機構公開於其網站。

(六)仲裁程序應使用國語及中文正體字；其他語文：_____。(由機關於招標時載明；未載明者，為國語及中文正體字)

(七)機關同意；不同意(由機關於招標時勾選；未勾選者，為不同意)仲裁庭適用衡平原則為判斷。

(八)仲裁判斷書應記載事實及理由。

三、依第 1 款第 5 目成立爭議處理小組者，約定如下：

(一)爭議處理小組於爭議發生時成立，得為常設性，或於爭議作成決議後解散。

(二)爭議處理小組委員之選定：

1. 當事人雙方應於協議成立爭議處理小組之次日起 10 日內，各自提出 5 位以上(含本數)之名單，交予對方。
2. 當事人之一方應於收受他方提出名單之次日起 10 日內，自該名單內選出 1 位作為委員。
3. 當事人之一方未依(1)提出名單者，為無法合意成立爭議處理小組。
4. 當事人之一方未能依(2)自名單內選出委員，且他方不願變更名單者，為無法合意成立爭議處理小組。

(三)爭議處理小組召集委員之選定：

1. 二位委員經選定之次日起 10 日內，由雙方或雙方選定之委員自前目(1)名單中共推 1 人作為召集委員。
2. 未能依 1 共推召集委員者，為無法合意成立爭議處理小組。

(四)當事人之一方得就爭議事項，以書面通知爭議處理小組召集委員，請求小組協調及作成決議，並將繕本送達他方。該書面通知應包括爭議標的、爭議事實及參考資料、建議解決方案。他方應於收受通知之次日起 14 日內提出書面回應及建議解決方案，並將繕本送達他方。

(五)爭議處理小組會議：

1. 召集委員應於收受協調請求之次日起 30 日內召開會議，並擔任主席。委員應親自出席會議，獨立、公正處理爭議，並保守秘密。
2. 會議應通知當事人到場陳述意見，並得視需要邀請專家、學者或其他必要人員列席，會議之過程應作成書面紀錄。
3. 小組應於收受協調請求之次日起 90 日內作成合理之決議，並以書面通知雙方。

(六)爭議處理小組委員應迴避之事由，參照採購申訴審議委員會組織準則第 13 條規定。委員因迴避或其他事由出缺者，依第 2 目、第 3 目辦理。

(七)爭議處理小組就爭議所為之決議，除任一方於收受決議後 14 日內以書面向召集委員及他方表示異議外，視為協調成立，有契約之拘束力。惟涉及改變契約內容者，雙方應先辦理契約變更。如有爭議，得再循爭議處理程序辦理。

(八)爭議事項經一方請求協調，爭議處理小組未能依第 5 目或當事人協議之期限召

開會議或作成決議，或任一方於收受決議後 14 日內以書面表示異議者，協調不成立，雙方得依第 1 款所定其他方式辦理。

(九)爭議處理小組運作所需經費，由契約雙方平均負擔。

(十)本款所定期限及其他必要事項，得由雙方另行協議。

四、依採購法規定受理調解或申訴之機關名稱：_____；地址：_____；電話：_____。

五、履約爭議發生後，履約事項之處理原則如下：

(一)與爭議無關或不受影響之部分應繼續履約。但經機關同意無須履約者不在此限。

(二)廠商因爭議而暫停履約，其經爭議處理結果被認定無理由者，不得就暫停履約之部分要求延長履約期限或免除契約責任。

六、本契約以中華民國法律為準據法，並以機關所在地之地方法院為第一審管轄法院。

第十九條 其他

一、廠商對於履約所僱用之人員，不得有歧視性別、原住民、身心障礙或弱勢團體人士之情事。

二、廠商履約時不得僱用機關之人員或受機關委託辦理契約事項之機構之人員。

三、廠商授權之代表應通曉中文或機關同意之其他語文。未通曉者，廠商應備翻譯人員。

四、機關與廠商間之履約事項，其涉及國際運輸或信用狀等事項，契約未予載明者，依國際貿易慣例。

五、機關及廠商於履約期間應分別指定授權代表，為履約期間雙方協調與契約有關事項之代表人。

六、依據「政治獻金法」第 7 條第 1 項第 2 款規定，與政府機關（構）有巨額採購契約，且於履約期間之廠商，不得捐贈政治獻金。本契約未載明之事項，依採購法及民法等政府相關法令辦理。

七、廠商內部揭弊者保護制度及機關處理方式：

(一)廠商人員（包括勞工及其主管）針對本採購案發現其雇主、所屬員工或機關人員（包括代理或代表機關處理採購事務之廠商）涉有違反採購法、本契約或其他影響公共安全或品質，具名揭弊者，廠商應保障揭弊人員之權益，不得因該揭弊行為而為不利措施（包括但不限解僱、資遣、降調、不利之考績、懲處、懲罰、減薪、罰款（薪）、剝奪或減少獎金、退休（職）金、剝奪與陞遷有關之教育或訓練機會、福利、工作地點、職務內容或其他工作條件、管理措施之不利變更、非依法令規定揭露揭弊者之身分）。但若發生違法或違約之行為（例如無故曠職、洩漏公司機密等），不在此限。

(二)廠商人員之揭弊內容有下列情形之一者，仍得受前目之保護：

1. 所揭露之內容無法證實。但明顯虛偽不實或揭弊行為經以誣告、偽證罪緩起訴或判決有罪者，不在此限。
2. 所揭露之內容業經他人檢舉或受理揭弊機關已知悉。但案件已公開或揭弊者明知已有他人檢舉者，不在此限。

(三)廠商內部訂有禁止所屬員工揭弊條款者，該約定於本採購案無效。

(四)為兼顧公益及採購效率，機關於接獲揭弊內容後，應積極釐清揭弊事由，立即啟動調查；除經調查後有具體事證，依契約及法律為必要處置外，廠商及機關仍應依契約約定正常履約及估驗。

八、本契約未載明之事項，依採購法及民法等相關法令。

第二十條 契約附件：

契約附件一：採購規格書

契約附件二：比減價單

契約附件三：決標單價分析表(由廠商依標單內容提供)

契約附件四：廠商投標文件

契約附件五：招標文件

正本廠商自行貼足印花處

立契約書人：

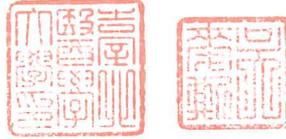
機關名稱：臺北醫學大學

簽約代表人：吳麥斯校長

地址：110 臺北市信義區吳興街二五〇號

電話：(02) 2736-1661

聯絡人：事務組劉又溱小姐 (校內分機：2312)



廠商名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

簽約代表人：楊淑雯

地址：114 臺北市內湖區洲子街 85 號 6 樓之 1

統一編號：28685123

電話：02-8751-6655

聯絡人：李淑慧小姐

聯絡人手機：0966-716731



中華民國一一年六月六日



臺北醫學大學採購規格書

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀，所含組件功能規格如下：

項次	採購規格 / 勞務工作規範	數量	單位
	※請參酌「資格及規格訂定注意事項」，並依採購個案實際需求訂定		
一、	質譜儀系統壹套，所含組件及功能規格如下：	壹	套
(一)	離子源二組： 1. 須具加熱式且溫度可達 500°C(含)以上之電噴灑離子源一組。 2. 可控溫式奈米微流電噴灑離子源一組。 3. 須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能。		
(二)	質量分析器一組： 1. 須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道阱，或飛行時間式質量分析器質譜儀。其相關解析度如下： (1) 傅立葉轉換電場軌道阱質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，傅立葉轉換電場軌道阱須達到 400,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定肽定量解析。 (2) 飛行時間式質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，須為 200,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定肽定量解析。 2. 四極桿質量選擇器範圍須可達 1,200 Da。 3. 質量分析器質量掃描範圍須為 m/z 6,000(含)以上。 4. 須具備具備離子傳輸元件。 5. 須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計。 6. 須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度。 7. 質量準確度(Mass Accuracy)須達質量外校誤差(external error) < 3 ppm，質量內校誤差(internal error) < 1 ppm。 8. 掃描速度須達 40Hz(含)以上。 9. 碰撞室：須具備碰撞導離離(CID)，或是高能量碰撞誘導離離(HCD)之碎裂方法。 10. 靈敏度需達以 MS/MS 模式下以管柱進樣 100 fg reserpine 標準溶液，可測得訊號雜訊比(signal to noise ratio, S/N)達 100:1。		
二、	奈米微流液相層析系統壹套，所含組件及功能規格如下：	壹	套
(一)	奈米微流速溶媒梯度幫浦一組，功能規格如下： 1. 流速範圍可設定 1 nL/min-100 μL/min 區間。 2. 系統壓力最高可達 1000 bar(含)以上。		
(二)	自動進樣裝置一組： 1. 進樣體積區間為 0.1-25 μL。 2. 具備 4-40 °C 溫控功能。 3. 須具備直接進樣(Direct injection)或 Trap-and-elute injection 功能或相同功能設計。 4. 須可放置 96 個(含)以上的 1.5 mL vial 瓶。 5. 管柱溫控範圍最高可達 60°C。		
三、	儀器控制及數據分析用電腦組含分析軟體壹套，所含組件及功能規格如下：	壹	套
(一)	儀器控制用桌上型電腦壹套，功能規格如下： 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 中央處理器：Intel Core i7(含)以上。 3. 記憶體：32 GB DDR5(含)以上。 4. 系統硬碟：1TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：4TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋(含)以上。		



臺北醫學大學採購規格書

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀，所含組件功能規格如下：

項次	採購規格 / 勞務工作規範	數量	單位
	※請參酌「資格及規格訂定注意事項」，並依採購個案實際需求訂定		
(二)	數據分析用桌上型電腦壹套，功能規格如下： 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 中央處理器：Intel Core i9(含)以上。 3. 記憶體：128 GB DDR4(含)以上。 4. 系統硬碟：2TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：16TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋(含)以上。	壹	套
(三)	蛋白質數據分析軟體壹套，功能規格如下： 1. 分析軟體須可直接分析本層析儀、質譜儀之原始數據或 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據，以確保實驗數據分析之完整相容性。 2. 須可支援數據依賴掃描模式(DDA)與非依賴(DIA)掃描模式之數據分析。 3. 須具有內建流程圖的數據分析工作流程，並可客製化，以符合實驗設計的工作流程。 4. 須具備內建智能搜索功能，於此軟體同一介面內即可呈現完整結果。 5. 軟體須安裝於品項三(二)數據分析用桌上型電腦中，且須確保軟體能正常分析運作並達到上述功能。須提供軟體合法開通永久授權序號證明書以供本校驗收。	壹	套
四、	不斷電系統壹套，其功能規格如下： (一) 須與儀器運作電壓相同，且容量須為 12KVA(含)以上。 (二) 須為在線式不斷電系統。 (三) 不斷電系統體積高度需可置放實驗桌下(詳採購品項五)	壹	套
五、	實驗桌壹張，其功能規格如下： (一) 須配合層析儀、質譜儀、儀器控制及分析用電腦等放置，桌體至少須長 180 公分、深 100 公分及高 80 公分(含)以上。 (二) 須具備耐重，可承受質譜儀系統、奈米微流液相層析系統及儀器控制電腦等設備之重量。	壹	張



臺北醫學大學採購規格書

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀，所含組件功能規格如下：

項次 採購規格 / 勞務工作規範 數量 單位
 ※請參酌『資格及規格訂定注意事項』，並依採購個案實際需求訂定

交貨驗收及保固維護事項：

- 一、技術文件(須於驗收時提出)：
 - (一)中文或英文使用操作說明書，裝機測試報告。
 - (二)須可同時應用於蛋白質體非標定肽定量方式，例如數據依賴掃描模式(DDA)與數據非依賴掃描(DIA)模式之定量分析，以及標定肽定量方式，含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上，且於定量離子訊號須完整解析，以確定可支援臨床多重樣品定量監測，須提供軟體分析報告。
 - (三)須可進行單細胞分析實驗，於 250 pg 膜蛋白或 HeLa 樣品進樣，須於 20 分鐘有效梯度分析時間內單次數據結果，透過分析軟體，鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質，須提供軟體分析報告。
 - (四)須可於臨床檢體例如 Ig 樣品於小於 1 µg 進樣條件下，經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下，透過分析軟體，鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果，須提供軟體分析報告。
- 二、投標廠商須提供經原廠受訓合格，取得相同機型之受訓證明之維修工程師，或具有維持本儀器能力之證明。
- 三、教育訓練計畫 Training schedule，保固期內需配合請購單位進行全校性與內部教育訓練課程(中文或英文)。訓練內容應包括但不限於：儀器原理、大分子軟體教學、樣品前處理、儀器操作、數據分析、基本儀器維護及錯誤排除。
- 四、為確保品質，廠商履約所供應或完成之標的應以新品交貨(請於驗收時檢附原廠出廠證明)，不得以展示品或整修品或拼裝機交貨。
- 五、廠商應提供可校驗之標準品，以測試儀器功能。
- 六、全責保固至少二年，保固期內須含每年二次保養。保固期內，儀器控制軟體版本永久授權及免費提供與硬體相容之修正與更新檔。如遇儀器無法正常運作(包含與其連線之電腦軟體硬體維修)需廠商維修時，最遲於三個工作日內，派遣工程師至本校請購單位指定地點進行修護。

一、履約期限：(請務必設定於預算經費核銷期限前，如需較長測試或試用期間，應視狀況將交貨期提前)

(一) 財物：

- 廠商應於 年 月 日以前， 其他：廠商須於決標次日起 90 個日曆天(含例假日)內，將採購標的送達請購單位指定地點，安裝測試完畢，且測試結果符合契約規定；
 廠商應於 年 月 日以前將採購標的送達請購單位指定地點，另於貨到後 年 月 日前， 經請購單位通知 日內完成安裝測試，且測試結果符合契約規定。

(二) 勞務： 廠商應於 年 月 日以前， 年 月 日至 年 月 日， 其他：_____，完成履行採購標的之供應。

※以上計算方式： 以日曆天計，星期例假日、國定假日或其他休息日計入。 以工作天計。

二、保固期限： 提供保固，自驗收合格之日起，保固 2 年， 其他：_____， 不須提供保固。

三、後續擴充： 無。 後續擴充(請敘明擴充期間、金額或數量，採購金額須含後續擴充項目所需金額)：

請購單位：共同儀器中心 請購聯絡人：莊詠甯小姐 信義校區聯絡電話：(02)2736-1661 #2705





投標廠商【議價,比減價單】

議價日期	中華民國一一三年六月六日
議價地點	本校醫學綜合大樓前棟三樓第一會議室
議價會議	一一二學年度採購委員會第二十四次會議
請購單位	共同儀器中心
採購名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀
履約期限	依投標須知及標單、契約等相關規定。
備註	<p>※本案標價條件：新臺幣含稅報價。</p> <p>※標價含開狀手續費、報關費、提貨、倉租、運至本校指定地點、裝機、測試完成及教育訓練等，完成履約所需之一切費用。</p> <p>※本案係採總價承包，未列入契約範圍之項目或數量，其已於採購規格或契約載明應由廠商施作或供應或為廠商完成履約所必須者，仍應由廠商負責，不得據以請求加價，廠商亦不得因工資、材料、物價上漲或其他理由，要求本校增加給付。</p>

比減價紀錄

標價	優先減價後之標價	第一次比減價後之標價	第二次比減價後之標價	第三次比減價後之標價
新台幣 \$2680000	新台幣 \$	新台幣 \$2580000	新台幣 \$2400000	新台幣 \$2000000
	<small>※開標結果各廠商標超底價治最低標廠商減價一次，需低於優先減價，否則請註明「無法再降」字樣。</small>			

決標金額 新台幣 貳 仟 貳 佰 一 拾 萬 仟 佰 拾 元 整。(含稅)
※請以中文大寫填入

- 備註事項：
- 保固期延長為三年
 -
 -

投標廠統編：28685123

投標廠名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

投標代表人：李淑慧

投標商電話：02-8751-6655

投標商地址：台北市內湖區洲子街85號6F之1

投標廠商蓋章

Yeo Sho-Wen

拒絕往來廠商查詢

以廠商資料查詢拒絕往來廠商名單，查詢結果如下：

查詢特定條件為

廠商代碼：28685123

(台灣賽默飛世爾科技股份有限公司)

廠商現況：01-核准設立

廠商名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

資料取得時間：113/06/06 13:32

項次	廠商代碼	廠商名稱	負責人姓名	工廠隸屬之事業主體統一編號及名稱	備註	機關名稱	生效日	截止日
無符合條件資料								



決標單價分析表

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀

決標日期：113年06月06日

採購案號：1120210527

契約編號：TMU112-G036

採購項目及規格內容	數量	決標單價	決標合計
奈米微流液相層析高解析質譜儀壹套 ，所含設備及功能規格如下：			
一、質譜儀系統壹套 ，所含組件及功能規格如下： (一)離子源二組： 1.須具加熱式且溫度可達 500°C(含)以上之電噴灑離子源一組。 2.可控溫式奈米微流電噴灑離子源一組。 3.須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能。 (二)質量分析器一組： 1.須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道阱，或飛行時間式質量分析器質譜儀。其相關解析度如下： (1)傅立葉轉換電場軌道阱質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，傅立葉轉換電場軌道阱須達到 400,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定勝肽定量解析。 (2)飛行時間式質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，須為 200,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定勝肽定量解析。 2.四極桿質量選擇器範圍須可達 1,200 Da。 3.質量分析器質量掃描範圍須為達 m/z 6,000(含)以上。 4.須具備具備離子傳輸元件。 5.須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計。 6.須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度。 7.質量準確度(Mass Accuracy)須達質量外校誤差(external error) < 3 ppm，質量內校誤差(internal error) < 1 ppm。 8.掃描速度須達 40Hz(含)以上。 9.碰撞室：須具碰撞誘導解離(CID)，或是高能量碰撞誘導解離(HCD)之碎裂方法。 10.靈敏度需達以 MS/MS 模式下以管柱進樣 100 fg reserpine 標準溶液，可測得訊號雜訊比(signal to noise ratio, S/N)達 100:1。	壹套	17,689,000	17,689,000
< 型號: > Orbitrap Exploris 480 < 原產地 > 德國 < Marker > Thermo Scientific			
二、奈米微流液相層析系統壹套 ，所含組件及功能規格如下：			
(一)奈米微流速溶媒梯度幫浦一組，功能規格如下： 1.流速範圍可設定 1 nL/min– 100 μ L/min 區間。 2.系統壓力最高可達 1000 bar(含)以上。 (二)自動進樣裝置一組： 1.進樣體積區間為 0.1– 25 μ L。 2.具備 4– 40 °C 溫控功能。 3.須具直接進樣(Direct injection)或 Trap-and-elute injection 功能或相同功能設計。 4.須可放置 96 個(含)以上的 1.5 mL vial 瓶。 5.管柱溫控範圍最高可達 60°C。	壹套	3,005,500	3,005,500
< 型號: > Vanquish Neo < 原產地 > 德國 < Marker > Thermo Scientific			

決標單價分析表

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀

決標日期：113年06月06日

採購案號：1120210527

契約編號：TMU112-G036

採購項目及規格內容	數量	決標單價	決標合計
奈米微流液相層析高解析質譜儀壹套 ，所含設備及功能規格如下：			
三、儀器控制及數據分析用電腦組合分析軟體壹套 ，所含組件及功能規格如下： (一)儀器控制用桌上型電腦壹套 ，功能規格如下： 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 中央處理器：Intel Core i7(含)以上。 3. 記憶體：32 GB DDR5(含)以上。 4. 系統硬碟：1TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：4TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋(含)以上。	壹套	119,700	119,700
		< 型號: > OptiPlex XE4	
		< 原產地 > 波蘭	
		< Marker > DELL	
(二)數據分析用桌上型電腦壹套 ，功能規格如下： 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 中央處理器：Intel Core i9 (含)以上。 3. 記憶體：128 GB DDR4(含)以上。 4. 系統硬碟：2TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：16TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋 (含)以上。	壹套	110,500	110,500
		< 型號: > BTO桌上型	
		電腦	
		< 原產地 > 台灣	
		< Marker > Genuine	
(三)蛋白質數據分析軟體壹套 ，功能規格如下： 1. 分析軟體須可直接分析本層析儀、質譜儀之原始數據或 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據，以確保實驗數據分析之完整相容性。 2. 須可支援數據依賴掃描模式(DDA)與非依賴(DIA)掃描模式之數據分析。 3. 須具有內建流程圖的數據分析工作流程，並可客製化，以符合實驗設計的工作流程。 4. 須具內建智能搜索功能，於此軟體同一介面內即可呈現完整結果。 5. 軟體須安裝於品項三(二)數據分析用桌上型電腦中，且須確保軟體能正常分析運作並達到上述功能。須提供軟體永久合法開通授權序號證明書以供本校驗收。保固期內須免費提供軟體版本更新 (含與硬體相容之修正與更新)	壹套	920,800	920,800
		< 型號: > Proteome	
		Discoverer	
		< 原產地 > 德國	
		< Marker > Thermo	
		Scientific	
四、不斷電系統壹套 ，功能規格如下： (一) 須與儀器運作電壓相同，且容量須為 12KVA(含)以上。 (二) 須為在線式不斷電系統。 (三) 不斷電系統體積高度需可置放實驗桌下(詳採購品項五)。	壹套	117,000	117,000
		< 型號: > FT-M12T-T	
		< 原產地 > 台灣	
		< Marker > 飛碟	

決標單價分析表

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀

決標日期：113年06月06日

採購案號：1120210527

契約編號：TMU112-G036

採購項目及規格內容	數量	決標單價	決標合計
奈米微流液相層析高解析質譜儀壹套 ，所含設備及功能規格如下：			
五、實驗桌壹張 ，功能規格如下： (一) 須配合層析儀、質譜儀、儀器控制及分析用電腦等放置，桌體至少須長 180 公分、深 100 公分及高 80 公分(含)以上。 (二) 須具耐重度，可承受質譜儀系統、奈米微流液相層析系統及儀器控制電腦等設備之重量。	壹張	37,500 <客製化>	37,500
請購單位：共同儀器中心 請購聯絡人：莊詠甯小姐 信義校區聯絡電話：(02)2736-1661#2705			

※ 交貨驗收及保固維護事項：

- 一、廠商所提供之規格，至少與上述相同或更高規格等級，得以符合本案之需求。
- 二、為確保品質，廠商履約所供應或完成之標的應以新品交貨，不得以展示品或整修品或拼裝機交貨，請檢附儀器原廠測試報告。
- 三、交貨裝機時須提供驗收文件：
 - (一) 送貨簽收單 (須符合標單及契約相關內容)。
 - (二) 儀器原廠安裝測試報告，測試內容須依標單規格項目為主。
 - (三) 中文或英文相關使用操作說明書
 - (四) 須可同時應用於蛋白質體非標定胜肽定量方式，例如數據依賴掃描模式(DDA)與數據非依賴掃描(DIA)模式之定量分析，以及標定胜肽定量方式，含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上，且於定量離子訊號須完整解析，以確定可支援臨床多重樣品定量監測，須提供軟體分析報告。
 - (五) 須可進行單細胞分析實驗，於 250pg 膜蛋白或 Hela 樣品進樣，須於 20 分鐘有效梯度分析時間內單次數據結果，透過分析軟體鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質，須提供軟體分析報告。
 - (六) 須可於臨床檢體例如 Ig 樣品於小於 1 μ g 進樣條件下，經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下，透過分析軟體，鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果，須提供軟體分析報告。
- 四、教育訓練計畫 Training schedule：配合請購單位需要進行教育訓練課程。訓練內容包括儀器操作及軟體應用、日常檢查、保養方法、校正操作、故障判斷及排除等。保固期內另配合請購單位進行全校性與內部教育訓練課程(中文或英文)。訓練內容應包括但不限於：儀器原理、大分子軟體教學、樣品前處理、儀器操作、數據分析、基本儀器維護及錯誤排除。
- 五、原廠應提供可校驗之原廠標準品，以測試儀器功能。
- 六、安裝作業程序需遵守職業安全衛生管理或其他相關法規規範。
- 七、全責保固至少二年，保固期內須含每年二次保養及免費提供軟體版本更新 (含與硬體相容之修正與更新)。如遇儀器無法正常運作(包含與其連線之電腦軟硬體維修)需廠商維修時，最遲於三個工作日內，須派遣工程師至本校請購單位指定地點進行修護。

決標金額合計 新臺幣 貳仟貳佰萬元整 (含稅)

履約期限 乙方應於決標次日起 90 個日曆天(含例假日)內，將採購標的送達甲方請購單位指定地點，安裝測試完畢，且測試結果符合投標須知及標單、契約等規定。

備註 ※ 保固期：全責保固參年。

成交廠商 廠商名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

統一編號：28685123

廠商地址：114台北市內湖區洲子街85號6樓之1

請蓋公司授權印鑑章：



決標單價分析表

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀

決標日期：113年06月06日

採購案號：1120210527

契約編號：TMU112-G036

採購項目及規格內容	數量	決標單價	決標合計
奈米微流液相層析高解析質譜儀壹套，所含設備及功能規格如下：			

資料

廠商聯絡人：李淑慧

電話：02-8751-6655

聯絡人 Mail：eva.li@thermofisher.com 手機：0966-716731 決標日：113年06月06日





其他附件：(第二次公告)

標號：TMU112-277

附件二

廠商資格、規格審查表

(※請務必依表列順序排放證件影本，並將將本表置於證件封面)

※以下聯繫資訊，請務必完整清楚填寫，若因填寫資訊不明、缺漏、有誤或其他填寫不周之事，以致延誤或無法聯絡，概由廠商自行負責。

採購名稱 奈米微流液相層析高解析質譜儀

採購案號 1120210527

廠商名稱 台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

廠商統編 28685123

負責人 楊淑雯

廠商授權印鑑章

聯絡人 李沛慧 聯絡郵件信箱 eva.li@thermofisher.com

聯絡電話 (市話) (02)8751-6655
(手機) 0966-71173

廠商地址 11403 台北市內湖區洲子街85號6樓之1

※廠商所提資格文件影本，本投得通知廠商限期提出正本供審核，查驗結果如與正本不符、偽造或變造者，依採購法第50條規定辦理。

投標廠商資、規格審查項目	招標機關資格、規格審查
<input checked="" type="checkbox"/> 1. 押標金(1,150,000元)繳納憑據影本 <small>依投標須知規定，免檢附</small>	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 採購單位審查(項目 1-7 項)： <input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input checked="" type="checkbox"/> 合格
<input checked="" type="checkbox"/> 2. 廠商登記或設立證明	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input checked="" type="checkbox"/> 合格 不合格，說明：
<input checked="" type="checkbox"/> 3. 廠商最近一期納稅證明	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input checked="" type="checkbox"/> 合格
<input checked="" type="checkbox"/> 4. 廠商信用證明	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input checked="" type="checkbox"/> 合格 採購單位簽章：
<input checked="" type="checkbox"/> 5. 非拒絕往來廠商查詢並列印 <small>(請至工程會網站 web.pcc.gov.tw 查詢列印)</small>	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input checked="" type="checkbox"/> 合格
<input checked="" type="checkbox"/> 6. 投標廠商聲明書	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input checked="" type="checkbox"/> 合格
<input checked="" type="checkbox"/> 7. 出席代表授權書 <small>負責人親自出席請勾選後得免檢附</small>	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input checked="" type="checkbox"/> 合格
<input checked="" type="checkbox"/> 8. 廠商製造、供應或承做能力證明	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 請購單位審查(項目 8-10 項)： <input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input checked="" type="checkbox"/> 合格 不合格，說明：
<input checked="" type="checkbox"/> 9. 廠商維修、維護或售後服務能力證明	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input checked="" type="checkbox"/> 合格 請購單位簽章：
<input checked="" type="checkbox"/> 10. 型錄或規格說明書	<input checked="" type="checkbox"/> 合格 <input checked="" type="checkbox"/> 合格

投標廠商審查結果 投標廠商不符事項確認 投標廠商簽章

合格
 不合格

本廠商所投標及釋疑補充之文件等，經貴機關審核後，
【含附標文件及動程】廠商確認無誤後，謹此簽章認可。

拒絕往來廠商查詢

以廠商資料查詢拒絕往來廠商名單，查詢結果如下：



廠商代碼：28685123

(台灣賽默飛世爾科技股份有限公司)

廠商類別：(B)-標準設備

廠商名稱：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

賣場代碼：113-05-30-16-10

項目 廠商代碼 廠商名稱 負責人姓名 工廠隸屬之事業主體統一編號及名稱 備註 機關名稱 生效日 截止日

無符合條件資料



臺北醫學大學暫收款收據

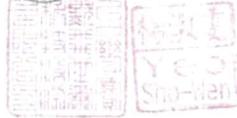
007696

民國 年 月 日

繳款公司	電話:		
款項名稱	1 押標金	採購案 名稱	
	2 圖說		
	3		
收款票據 明細	支票號碼	支票日期	年 月 日
	付款銀行	銀行庫	分行(部,庫)
收款金額	新臺幣(大寫): 一仟 佰 拾 萬 仟 佰 拾 元整		
備註	請妥善保管此收據,得標後憑此暫收據換正式收據。		

經收人:

112.05.01



第一聯:出納組聯(白) 第二聯:暫收據(紅)

列印日期:113-01-17

經濟部商工登記公示資料查詢服務

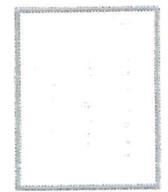


公司基本資料

統一編號: 28685123
 公司狀況: 核准設立
 股權狀況: 僑外資
 台灣賽斯飛世爾科技股份有限公司
 101年11月02日 發文號10189205310變更名稱 (前名稱: 台灣戴安股份有限公司)
 公司名稱: 章程所訂外文公司名稱
 資本總額(元): 5,000,000
 實收資本額(元): 5,000,000
 每股金額(元): 10
 已發行股份總數(股): 500,000
 代表人姓名: 楊淑雯 Yeo Sho-Wen
 公司所在地: 臺北市內湖區洲子街85號6樓之1
 登記機關: 臺北市政府
 核准設立日期: 096年06月13日
 最近核准變更日期: 112年01月05日
 複數表決權特別股: 無
 對於特定事項具有表決權特別股: 無
 特別股股東被選為董事、監察人或禁止或限制或當選一定名額之權利: 無
 所營事業資料: 2299999 除許可業務外,得經營法令非禁止或限制之業務
 F13030 精密儀器批發業
 F13050 電腦及事務性機器設備批發業
 F213030 電腦及事務性機器設備零售業
 F213040 精密儀器零售業
 F213050 度量衡器零售業
 F299990 其他零售業
 F401010 國際貿易業
 C801030 精密化學材料製造業
 C802100 化粧品製造業
 CE01010 一般儀器製造業
 F107200 化學原料批發業
 F108031 醫療器材批發業
 F108040 化粧品批發業
 F113100 污染防治設備批發業
 F118010 資訊軟體批發業
 F119010 電子材料批發業
 F207030 清潔用品零售業



- F207200 化學原料零售業
- F207990 其他化學製品零售業
- F208031 醫療器材零售業
- F208040 化粧品零售業
- F218010 資訊軟體零售業
- F401181 度量衡器輸入業
- R401010 生物技術服務業
- CE01030 光學儀器製造業
- E604010 機械安裝業
- E705010 儀器 儀表安裝工程業
- J101990 其他環境衛生及污染防治服務業
- F401021 電信管制射頻器材輸入業
- F107060 毒害化學物質批發業
- F207060 毒害化學物質零售業



中華民國郵政特准掛號認爲新聞紙類

中華民國郵政特准掛號認爲新聞紙類

中華民國郵政特准掛號認爲新聞紙類

列印 查詢查詢主畫面

台灣票據交換所

查詢碼: KC96805 轉匯碼

單位: CK10 企業資產管理處

查詢日期: 113/04/24 10:05:57

第二類票據信用資料查詢單

查詢下列戶號(帳號)票據信用資料查詢如下: 第一 查詢

查詢日期: 113/04/24 10:05:57

查詢資料截止日: 113/04/24 10:05:57

戶名: 台灣美豐銀行開辦的存款部

戶號: 0010000000

開戶行代號: 0000000000

負責人戶號: 0000000000

帳號: 1000000000

查詢結果

一、 退票與清償註記總數資訊(未清償註記提供最近三年內已退票並辦理清償註記者; 已清償註記提供最近六個月內已辦理退票清償註記者)

退票理由	已清償註記		未清償註記	
	張數	金額	張數	金額
1. 存款不足	0	0	0	0
2. 發票人簽章不符	0	0	0	0
3. 擅自指定金融業者為本票之擔保付款人	0	0	0	0
4. 本票提示期限經過前掛號付款委託	0	0	0	0

二 拒絕往來資訊
無拒絕往來記錄

三 經通報為止為其本票擔當付款人資訊
一、 經通報為止為其本票擔當付款人

四 開戶總數資訊
已在台灣地區全體金融業者開立支票存款戶共 0 戶

五 其他應予資訊

楊淑雯 Yeo Sho-wen

楊淑雯 Yeo Sho-wen

財政部金融管理委員會
企業資產管理處

查詢碼: KC96805 轉匯碼

查詢日期: 113/04/24 10:05:57

查詢下列戶號(帳號)票據信用資料查詢如下: 第一 查詢

查詢日期: 113/04/24 10:05:57

戶名: 台灣美豐銀行開辦的存款部

開戶行代號: 0000000000

帳號: 1000000000

查詢結果

二 拒絕往來資訊
無拒絕往來記錄

三 經通報為止為其本票擔當付款人資訊
一、 經通報為止為其本票擔當付款人

四 開戶總數資訊
已在台灣地區全體金融業者開立支票存款戶共 0 戶

五 其他應予資訊

楊淑雯 Yeo Sho-wen

財政部金融管理委員會
企業資產管理處

查詢碼: KC96805 轉匯碼

查詢日期: 113/04/24 10:05:57

查詢下列戶號(帳號)票據信用資料查詢如下: 第一 查詢

查詢日期: 113/04/24 10:05:57

戶名: 台灣美豐銀行開辦的存款部

開戶行代號: 0000000000

帳號: 1000000000

查詢結果

二 拒絕往來資訊
無拒絕往來記錄

三 經通報為止為其本票擔當付款人資訊
一、 經通報為止為其本票擔當付款人

四 開戶總數資訊
已在台灣地區全體金融業者開立支票存款戶共 0 戶

五 其他應予資訊

楊淑雯 Yeo Sho-wen

一、 函件性質

六、 函件內容係註記掛號寄件，其掛號寄件內容係於日前內政部公告之「商業標章專用掛號寄件」，已遵照規定提供掛號寄件回單均已裝匣備案專員註記者。

說明：

- (1) 函件標章內已貼附郵票，註記者：本類郵件應認爲應予掛號之郵件。
- (2) 函件標章內已貼附「五號掛號空包郵」，其標章註記申請單所填載之負責人，應於本所營業中所提供該被查詢公司之負責人，如無所填載負責人，應由負責人函索申請單後，但查詢者提供被查詢公司之負責人相關資料，並經查詢所檢閱及本所檢核資料後，該標章即列於查詢申請單所填載之負責人，再予註記一輪發。
- (3) 因檢核及註記作業所需，本所請寄件人提供資料，更中第一、二、七、八項資訊，寄件人應將掛號寄件單所填載之第一、二、七、八項資訊，其標章內所填載之地址，均應與查詢提供相關資料。
- (4) 本類郵件，除註記外，應以原封寄件人，其標章申請時應提供資料查詢。
- (5) 本類郵件，除註記外，請已資料，請已填載於申請單中之負責人姓名，但查詢者提供相關資料向本所查詢。
- (6) 本類郵件，除註記外，應裝匣，裝匣時應提供相關資料。
- (7) 本類郵件，除註記外，應裝匣，裝匣時應提供相關資料。

寄件來源： 內政部建設司

華信郵

列印： 華信郵特准掛號



107年11月16日



107年11月16日

107年11月16日

拒絕往來廠商查詢

107年11月16日

107年11月16日

107年11月16日

107年11月16日

107年11月16日

107年11月16日



投標廠商聲明書：(第二次公告)

標號：TMU112-277

附件 一

投標廠商聲明書

本廠商參加 (臺北醫學大學) 招標採購 奈米微流液相層析高解析質譜儀 之投標，茲聲明如下

項次	聲明事項	是(打V)	否(打V)
一	本廠商之營業項目不符公司法或商業登記法規定，無法於得標後作為簽約廠商，合法履行契約。		✓
二	本廠商有違反政府採購法(以下簡稱採購法)施行細則第 33 條之情形。		✓
三	本廠商是採購法第 38 條規定之政黨或與政黨具關係企業關係之廠商。		✓
四	本廠商之負責人或合夥人是採購法第 39 條第 2 項所稱同時為規劃、設計、施工或供應廠商之負責人或合夥人。		✓
五	本廠商是採購法第 39 條第 3 項所稱與規劃、設計、施工或供應廠商同時為關係企業或同一其他廠商之關係企業。		✓
六	本廠商已有或將有採購法第 59 條第 1 項所稱交付他人擔任，或擔任仲介費、後讓金或其他不正利益為條件，促成採購契約之成立之情形。		✓
七	本廠商、共同投標廠商或分包廠商是採購法第 103 條第 1 項、採購法施行細則第 38 條第 1 項、人口販運防制法第 41 條所規定之不得參加投標或作為決標對象或分包廠商之廠商。【投標廠商應於投標當日逕送投標文件前至工程會網站 web.pcc.gov.tw 查詢自己(包括總公司及分公司)共同投標廠商、分包廠商是否為採購法第 103 條第 1 項之拒絕往來廠商】		✓
八	本廠商就不採購案，係屬公職人員利益衝突迴避法第 2 條及第 3 條所稱公職人員或其關係人。		✓
九	本廠商是依法辦理公司或商業登記且符合於中小企業發展條例關於中小企業認定標準之中小企業。(依該認定標準第 2 條，所稱中小企業，指依法辦理公司登記或商業登記，實收資本額在新臺幣 1 億元以下，或經常僱用員工數未滿 200 人之事業。) (答「否」者，請於下列空格填寫得標後預計占包予中小企業之項目及金額，可自備內中填寫) 項目 _____ 金額 _____ 項目 _____ 金額 _____ 合計金額 _____	✓	
十	本廠商目前在中華民國境內員工總人數逾 100 人。(依採購法第 98 條及其施行細則第 107 條、108 條規定，得標廠商其於國內員工總人數逾 100 人者，應於履約期間僱用身心障礙者及原住民各不低於總人數百分之二，僱用不足者，除應繳納代金，並不得僱用外籍勞工取代僱用不足額部分。) (答「是」者，請填目前總人數計 _____ 人；其中屬於身心障礙人士計 _____ 人，原住民計 _____ 人。)		✓
十一	本廠商屬大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商或經濟部投資審議委員會公告之陸資資訊服務業者，不得從事經濟部投資審議委員會公告之「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」；【上開業務範疇及陸資資訊服務業者清單公開於經濟部投資審議委員會網站 http://www.moeaic.gov.tw/ 】【請查察招標文件規定本採購是否屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購】		✓

投標廠商聲明書：(第二次公告)

標號：TMU112-277

十一	本廠商屬大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商或在臺投資廠商，不得從事影響國家安全之採購。【請查察招標文件規定本採購是否屬影響國家安全之採購】		✓
十二	本廠商是原住民個人或政府立案之原住民團體。 (答「否」者，請於下列空格填寫得標後預計占包予原住民個人或政府立案之原住民團體之項目及金額，可自備內中填寫，如無，得填「0」) 項目 _____ 金額 _____ 項目 _____ 金額 _____ 合計金額 _____		✓
附註	1. 第一項至第七項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象，聲明書內容有誤者，不得作為決標對象。 2. 本採購如非屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，第八項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象，聲明書內容有誤者，不得作為決標對象。【違反公職人員利益衝突迴避法第 14 條第 1 項規定者，依同法第 18 條第 1 項處罰】如屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，答「是」、「否」或未答者，均可。 3. 第九項、第十項、第十二項答者，機關須請廠商澄清。 4. 本採購如屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購，第十一項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；如非屬上開採購，答「是」、「否」或未答者，均可。 5. 本採購如屬影響國家安全之採購，第十二項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；如非屬上開採購，答「是」、「否」或未答者，均可。 6. 本聲明書填妥後附於投標文件遞送。 7. 本採購如屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，且本廠商就本採購案，係屬公職人員利益衝突迴避法第 2 條及第 3 條所稱公職人員或其關係人者，請填「公職人員利益衝突迴避法第 14 條第 2 項公職人員及其關係人員之關係採錄表」，如未揭露者依公職人員利益衝突迴避法第 18 條第 3 項處罰。		
投標廠商：(蓋章) 德世爾科技股份有限公司			
投標廠商負責人：(蓋章) _____			
日期：(蓋章) 105.11.24			

(工程會 113.1.1 版)



其他附件：(第二次公告)

標號：TMU112-277

附件三

出席代表授權書

茲授權本公司(商號或法人)所屬員工：李淑雯 先生/小姐代表本公司(商號或法人)參與貴校採購案「奈米微流液相層析高解析質譜儀」之開標/評選/洽詢/簽約等有關會議，且該員會議中所做之任何承諾或簽署事項直接對本公司(商號或法人)發生效力，本公司(商號或法人)均予以承認。並經本公司(商號或法人)確認被授權人之下列資料真實無誤。

被授權人之簽樣：李淑雯 或

請惠予核備

此致

臺北醫學大學

授權人公司(商號)：台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

負責人姓名：楊淑雯

公司(商號)統一編號：26685123

負責人身分證統一編號：無

被授權人：李淑雯

身分證統一編號：N-24680499

通訊地址：11493 台北市內湖區洲子街85號6樓之1

聯絡電話：0966-916931

中華民國 113 年 05 月 29 日

*註：「被授權人簽樣」須為下列形式之一：1.被授權人親筆簽名 2.被授權人親筆簽名的經蓋章影印本 3.直接對授權人高解析質譜儀器之電子簽章 4.授權書印簽 5.被授權人印章



ThermoFisher SCIENTIFIC

Letter of Authorization

授權書

We, Thermo Fisher Scientific Inc., duly established under the laws of Delaware, USA, hereby authorize our wholly owned subsidiary, Thermo Fisher Scientific Taiwan Co., Ltd., established under the laws of the Republic of China to perform the tasks set forth below:

- (1) to be our full budget representative in Taiwan regarding all products manufactured by Thermo Fisher Scientific Inc. and ThermoFisher Taiwan;
- (2) as a signatory of Thermo Fisher Scientific Inc., to its own name and representing the manufacturer, to enter into contracts regarding the quality and technical specifications of the products in accordance with our ThermoFisher quality guidelines and specifications mentioned in any bidding projects in Taiwan.

Thermo Fisher Scientific Inc. confirms the validity of the quality and technical specifications of a vendor posted by Thermo Fisher Scientific Taiwan Co., Ltd. within the authorization scope as stated above.

賽默飛世爾科技股份有限公司(ThermoFisher)特此聲明：本公司在臺灣賽默飛世爾科技股份有限公司之授權範圍內，特此聲明。

- 1. 賽默飛世爾科技股份有限公司(ThermoFisher Scientific Inc.)特此聲明：本公司在臺灣賽默飛世爾科技股份有限公司之授權範圍內，特此聲明。
- 2. 本公司在臺灣賽默飛世爾科技股份有限公司(ThermoFisher Scientific Inc.)之授權範圍內，特此聲明。

台灣賽默飛世爾科技股份有限公司(ThermoFisher Scientific Inc.)特此聲明：賽默飛世爾科技股份有限公司之授權範圍內。

Printed by:

Thermo Fisher Scientific Inc.

賽默飛世爾科技股份有限公司

Name: Yueh Shiao-wei

Title: Director of Operations

Date of authority: 113/05/29 to 113/12/31 December 31, 2024



Certificate of Completion

This certifies that

Jenny Lin

Has successfully completed

Orbitrap Exploris Series 480/240/120 System Service Training

Valid Certificate no expire date:

三月/3/2023



Issued electronically and approved by:

TFS - Learning Management System, Training Mentoring, and Certification Group
tmc.training@thermofisher.com

● The world leader in serving science

Important note: The certificate is only valid during employment with the Thermo Fisher Scientific including its subsidiaries and certified contractors.

Certificate of Completion

This certifies that

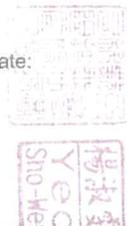
Jordan Yang

Has successfully completed

eLearn: Vanquish Neo System Service Training

Valid Certificate no expire date:

Oct/11/2021



Issued electronically and approved by:

Thermo Fisher University LMS Certification Management and Compliance Group
tmc.training@thermofisher.com

● The world leader in serving science

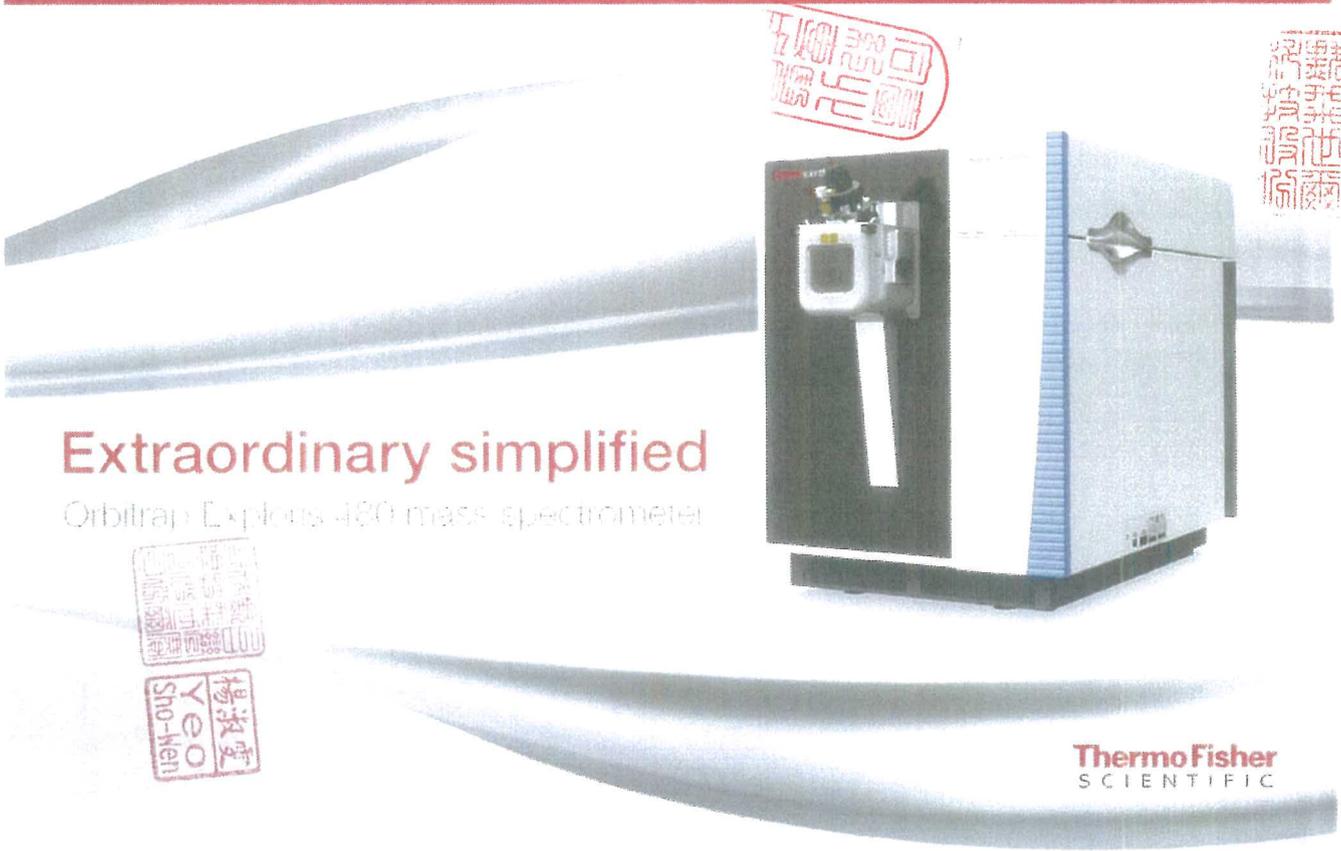
Important note: The certificate is only valid during employment with the Thermo Fisher Scientific including its subsidiaries and certified contractors.

電機部代碼
 子機部名稱
 憑證案案號
 資公西學號
 料標案名稱
 編號電子憑證序號
 使用者IP

03724606
 臺北醫學大學
 TMO112-277
 02
 臺北醫學大學相關科系學術會議機
 915000000000001904310
 223.29.216.89



thermo scientific



Extraordinary simplified
 Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer

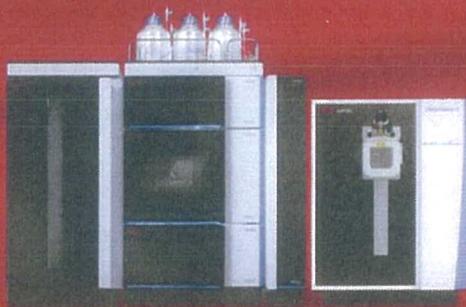


Thermo Fisher SCIENTIFIC



一 楊淑雯
 楊淑雯

Now, achieving the extraordinary is easier



The Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 mass spectrometer coupled to the Thermo Scientific™ Vanquish™ Horizon UHPLC system.

Obtaining comprehensive, high-confidence research insights requires new levels of instrument performance, robustness, and ease of use. Welcome to the extraordinary accuracy, certainty, confidence, and simplicity of the Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 mass spectrometer. Become empowered to translate each research step to a new level of insight with a next-generation ownership experience coupled with an intelligence-driven experimental approach. In addition to renowned qualitative performance, you'll obtain market-leading quantitative performance to solve your most complex challenges with ease. From exploratory to targeted quantitation, find the power and reliability to make large-scale studies possible, while reducing everyday hassles to increase productivity. And achieve it all, remarkably, within a compact footprint.

Making genius simpler

Next-generation user experience

Enhance your workflow productivity with the Orbitrap Exploris 480's intuitive, intelligent, and easy-to-use software. The Orbitrap Exploris 480's software is designed to be user-friendly, intuitive, and easy to use. It features a clean, modern interface that is easy to navigate and understand. The software is designed to be user-friendly, intuitive, and easy to use. It features a clean, modern interface that is easy to navigate and understand.

High-performance, high-throughput insights

Obtain high-quality, high-throughput insights with the Orbitrap Exploris 480's advanced instrumentation. The Orbitrap Exploris 480's advanced instrumentation is designed to provide high-quality, high-throughput insights. It features a compact footprint and a high-resolution mass spectrometer. The Orbitrap Exploris 480's advanced instrumentation is designed to provide high-quality, high-throughput insights. It features a compact footprint and a high-resolution mass spectrometer.

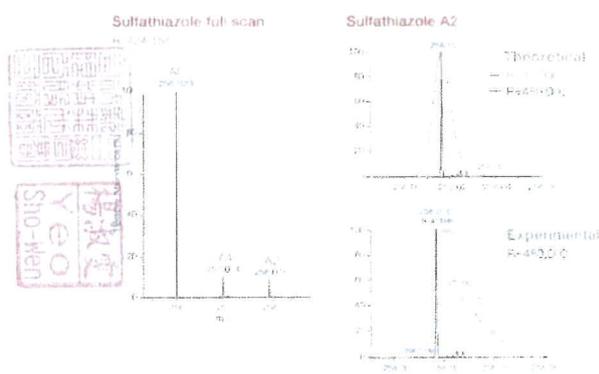
Robust and reliable everyday performance

Experience the reliability and robustness of the Orbitrap Exploris 480's advanced instrumentation. The Orbitrap Exploris 480's advanced instrumentation is designed to provide high-quality, high-throughput insights. It features a compact footprint and a high-resolution mass spectrometer. The Orbitrap Exploris 480's advanced instrumentation is designed to provide high-quality, high-throughput insights. It features a compact footprint and a high-resolution mass spectrometer.

Focus on your science, not on instrument setup

Reduce your instrument setup time with the Orbitrap Exploris 480's advanced instrumentation. The Orbitrap Exploris 480's advanced instrumentation is designed to provide high-quality, high-throughput insights. It features a compact footprint and a high-resolution mass spectrometer. The Orbitrap Exploris 480's advanced instrumentation is designed to provide high-quality, high-throughput insights. It features a compact footprint and a high-resolution mass spectrometer.

Fast, accurate, structure-based resolution



Reference mass spectrum of sulfathiazole, measured using the Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer, at a resolution (FWHM) of 200,000, demonstrates outstanding resolving power.

Twenty years of know-how, designed into our fourth generation quadrupole-Orbitrap mass spectrometer

The Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer combines technology refined over 20 years with advanced capabilities, intelligence-driven approaches, day-to-day reliability, and a compact footprint. Now scientists can more easily and extensively deploy MS for rigorous, high-throughput, high-sensitivity protein identification, quantitation, and structural characterization.

OptaMax NS electrospray ion source
 The OptaMax NS electrospray ion source is designed for high-capacity, high-sensitivity protein identification, quantitation, and structural characterization.

EASY-IC internal calibration source
 The EASY-IC internal calibration source is designed for high-capacity, high-sensitivity protein identification, quantitation, and structural characterization.

High-capacity transfer tube

Electrodynamic ion funnel



4

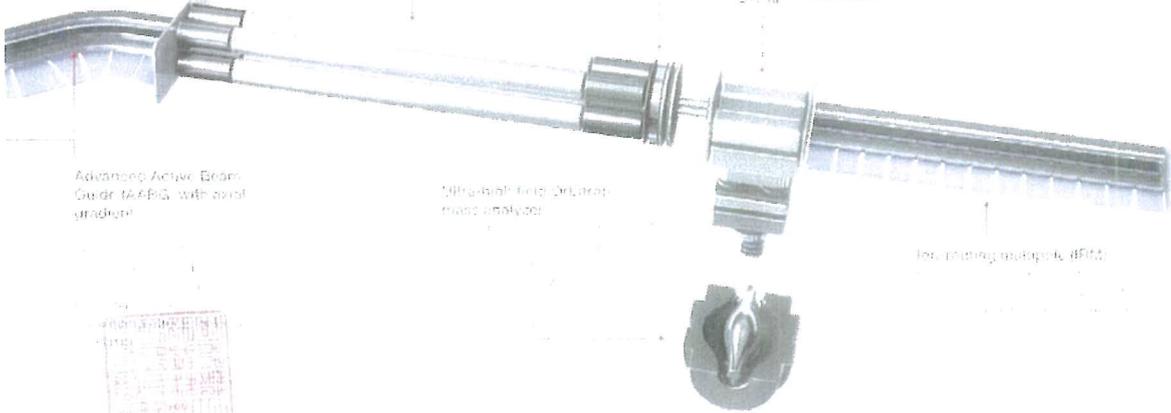
Advanced Orbitrap™ Technology (AOT)

Advanced Orbitrap™ Technology (AOT) is a revolutionary new technology that combines the best of both worlds: the high resolution and accuracy of Orbitrap™ technology with the high sensitivity and throughput of ion trap technology.

Independent Orbitrap™ Technology (IOT)

Independent Orbitrap™ Technology (IOT) is a revolutionary new technology that combines the best of both worlds: the high resolution and accuracy of Orbitrap™ technology with the high sensitivity and throughput of ion trap technology.

Orbitrap™



Advanced Active Beams Guide (AABG) with axial gradient

Orbitrap™ High-Resolution mass analyzer

Ion counting detector (ICD)

Add performance and experimental flexibility

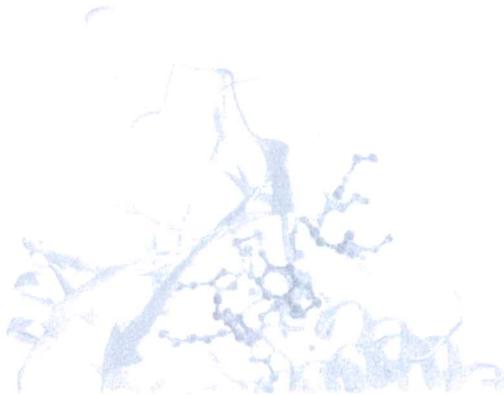
- High-resolution, high-sensitivity protein identification, quantitation, and structural characterization
- High-throughput, high-sensitivity protein identification, quantitation, and structural characterization
- High-resolution, high-sensitivity protein identification, quantitation, and structural characterization
- High-throughput, high-sensitivity protein identification, quantitation, and structural characterization

Reproducible, reliable, and robust everyday performance

Built for your daily business and everyday reliability, the Orbitrap Exploris 460 mass spectrometer maintains uptime and productivity. To meet the needs of your large-scale, ongoing, unattended and varied multi-tasking workflows, it meets the entire system-to-table production from the program to the print.



楊叔雲
Sho-Mien



Sustained cleanliness, streamlined maintenance

Run without an ultra-evacuated ion trap with probe regularly and an auto-wash option to keep your facility clean and safe. In-cybernetic, self-started decontamination switching extends your facility maintenance intervals up to 1,000 cycles between the next following power-on. It saves time, reduces downtime, and allows simple access. The waste stage purification system is powered by a single pump, providing thousands of times maintenance.

Calibrate once for all your analyses

One robust calibration covers the entire mass range from 40 to 10,000 Da, especially for 800V and 200V 3-ppm mass accuracy, making it more than easy to achieve and stable. It enables more accuracy for high-resolution data and confidence in results.

Real-time 1-ppm mass accuracy

The standard EASY-AC system does not require a manual calibration. It achieves constant 1-ppm mass accuracy. The online delivery calibration ensures fast maintenance and the intelligent control software can be used to monitor the stability rate of the instrument and adjust the calibration.

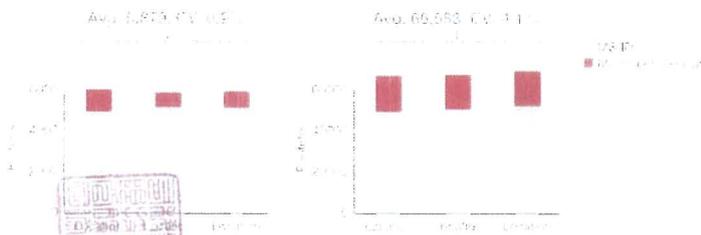


Orbitrap Exploris 460 is a high-resolution mass spectrometer with a resolution of up to 100,000. It is designed for high-throughput, unattended operation and is suitable for a wide range of applications, including proteomics, metabolomics, and clinical research. The instrument features a wide mass range, high mass accuracy, and excellent sensitivity, making it a valuable tool for researchers in various fields.

For more information, visit www.thermo.com.

Inter-system reproducibility for high-performance peptide and protein identification

Orbitrap Exploris 460 is a high-resolution mass spectrometer with a resolution of up to 100,000. It is designed for high-throughput, unattended operation and is suitable for a wide range of applications, including proteomics, metabolomics, and clinical research. The instrument features a wide mass range, high mass accuracy, and excellent sensitivity, making it a valuable tool for researchers in various fields.



To assess inter-system reproducibility, three separate Orbitrap Exploris 460 systems analyzed 1 µg of the digested sample. The average number of peptides identified per run was 1,875 (CV 0.5%) and 66,583 (CV 1.1%) for the three runs, respectively. The number of peptides identified for each run is shown in the bar chart.

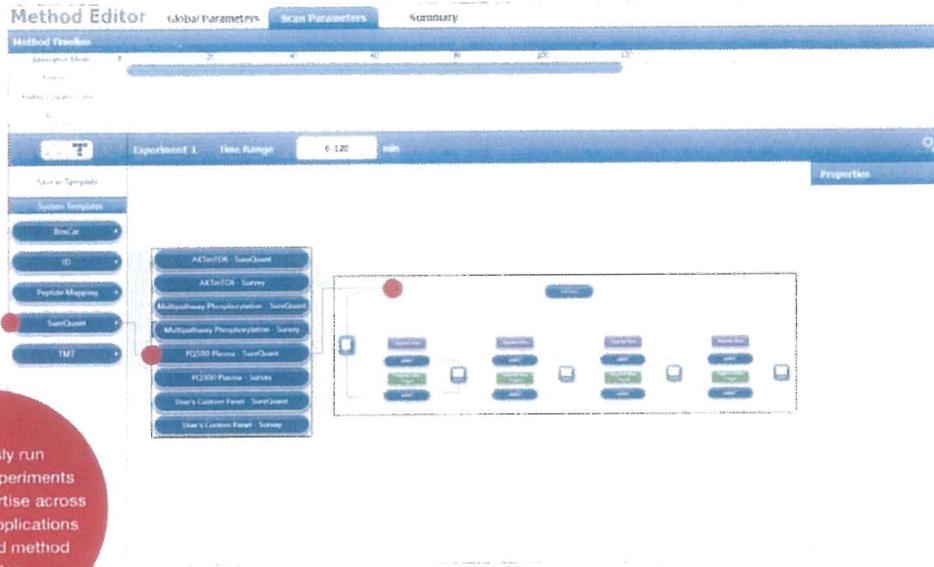


楊叔雲
Sho-Mien



Focus on your science, not on instrument setup

With a range of ready-to-use methods, you can spend less time on instrument setup and more time on your science. Templates for a wide range of applications and hardware models are available to help you get the most out of your instrument.



楊淑雲
YEO
Sho-Mien

Effortlessly run advanced experiments with less expertise across a variety of applications using verified method templates.

Ready-to-use templates, combined with intelligent data acquisition and precision instrument parameters, enable generation of high-quality data, regardless of analysis of interest.

Cutting through complexity to deliver real insights

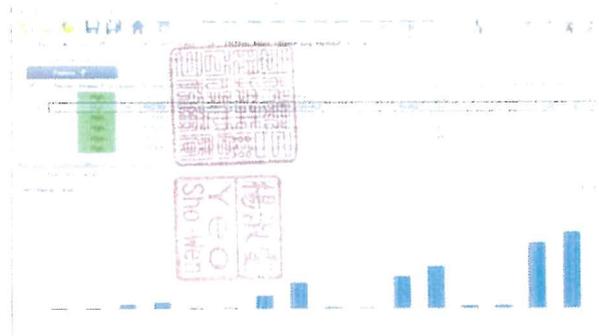
With the power of data science, you can gain deeper insights into your data. By using advanced data analysis tools, you can identify trends and patterns that would otherwise be difficult to discern. This allows you to make more informed decisions and optimize your processes.

Enable complete characterization of biotherapeutic proteins

Protein characterization is a complex task that requires a combination of different analytical techniques. By using advanced data analysis tools, you can integrate data from multiple sources to gain a more complete understanding of your protein samples. This allows you to identify potential quality control issues and optimize your production processes.

Identification and quantitation of proteins in complex samples

Complex samples often contain a wide variety of proteins, making it difficult to identify and quantify them. By using advanced data analysis tools, you can simplify this process and gain more accurate results. This allows you to better understand the composition of your samples and make more informed decisions about their use.



Retention of HPLC. The data is plotted as a bar chart showing the relative intensity of various components.

楊淑雲
YEO
Sho-Mien

楊淑雲
YEO
Sho-Mien

Maximum certainty for deeper, faster qualitative proteomics

Discovering low-quality proteins and peptide identifications from complex biological samples over a wide dynamic range with maximum sensitivity is a challenge that affects every aspect of bottom-up proteomics, and the foundation of all discovery research whether for protein structure-function studies, protein quantitation, biomarker discovery, resolution, accurate speed, and efficiency tests. Bequest's proprietary technology uses the power of the reliability of ion mobility mass spectrometry (IM-MS) to increase the number of peptides identified in a single run. The resulting data is then processed using the Bequest software to produce a comprehensive list of protein identifications through the process.



"With Bequest, we're getting an increase in the number of identified low-quality peptides. It's worth the investment. Including an ion mobility proteomics experiment can be a huge differentiator with our research. Bequest's FAIMS Pro is a great fit for our needs and technology to be a game-changer for our research. Proteomics will be the key."

— Dr. John C. Moore, Director of Proteomics, University of California, Berkeley
 Bequest is a registered trademark of Bequest, Inc. © 2014 Bequest, Inc.

Application areas that can benefit from FAIMS

- Lipid characterization
- Protein quantitation
- NGS identification
- Drug discovery and biomarker discovery
- Biomarker discovery

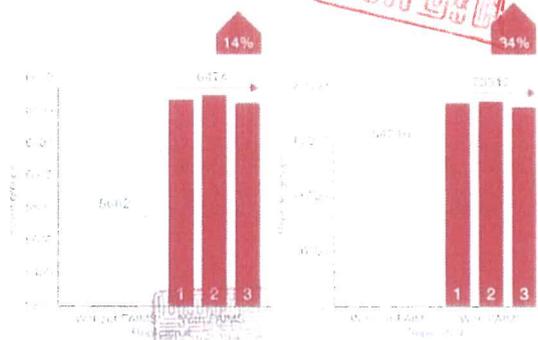


The ultra-high selectivity provided by the optional FAIMS Pro interface with the Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer and the Thermo Scientific™ EASY-nLC™ 1200 system accelerates proteomic workflows with even broader and deeper analysis.

FAIMS increases identifications for high-throughput studies

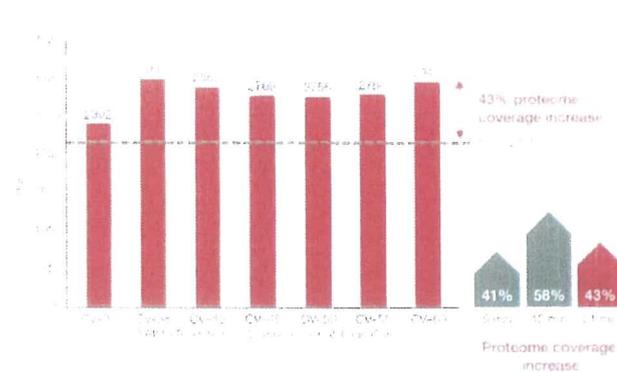
High-throughput proteomics studies require the ability to analyze large numbers of samples in a short amount of time. Bequest's FAIMS Pro interface increases the number of peptides identified in a single run, resulting in a more comprehensive list of protein identifications. This is achieved through the use of ion mobility mass spectrometry (IM-MS) to increase the number of peptides identified in a single run. The resulting data is then processed using the Bequest software to produce a comprehensive list of protein identifications through the process.

Increase peptide and protein coverage



The Orbitrap Exploris 480 mass spectrometer, together with the FAIMS Pro interface, provides maximum coverage and depth of data reproducibility. In the analysis of 2000 peptides digested over a 20-hour gradient with multiple replicates, we found 100 peptides between 450 and 1000 Da, 100 peptides between 1000 and 2000 Da, and 100 peptides between 2000 and 4000 Da. Bequest's FAIMS Pro interface increases the number of peptides identified in a single run, resulting in a more comprehensive list of protein identifications through the process. (PDF file)

Increase proteome coverage up to 2x while decreasing run time

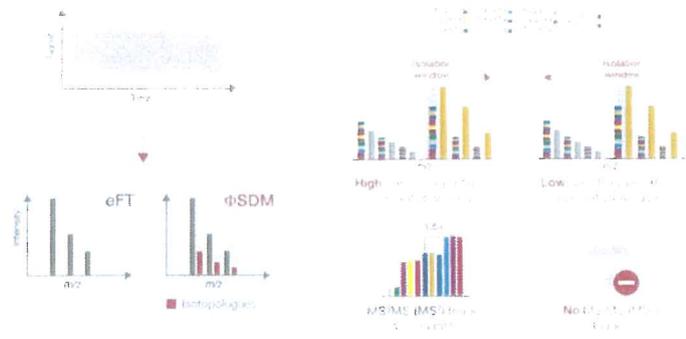


50% run time (10 min) using EASY-nLC 1200 system (EASY-Pico) with Orbitrap Exploris 480. The proteome coverage increases from 24% to 41% for gradients ranging from 5 to 15 minutes. The interface provides the ability to analyze protein samples with short gradient lengths, enabling high-throughput applications. Increase proteome depth without increasing sample complexity or run time. (PDF file)

Raw spectra to highest-quality data

Raw MS/MS spectra are often noisy and contain a lot of background. The SIMS data is often noisy and contains a lot of background. The SIMS data is often noisy and contains a lot of background.

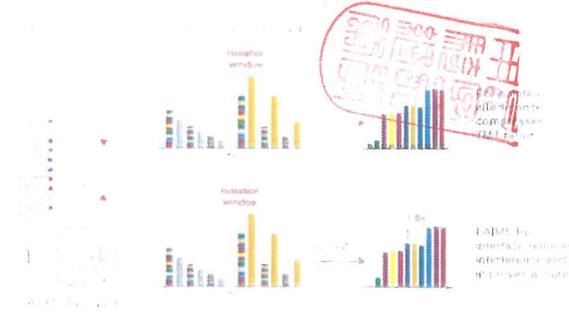
The SIMS data is often noisy and contains a lot of background. The SIMS data is often noisy and contains a lot of background.



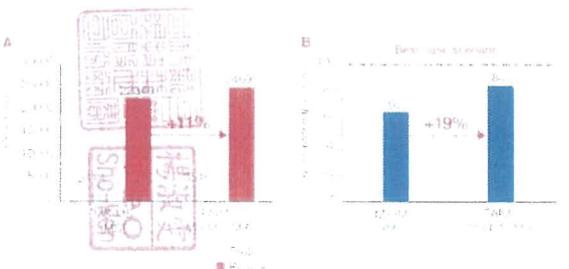
Smart data acquisition and algorithm with enhanced mass spectrometer technology produce highest-quality data.

FAIMS reduces interferences for more accurate quantitation

FAIMS (Field Asymmetric Ion Mobility Spectrometry) is used to separate ions based on their mobility. This helps in reducing interferences and improving the accuracy of quantitation.



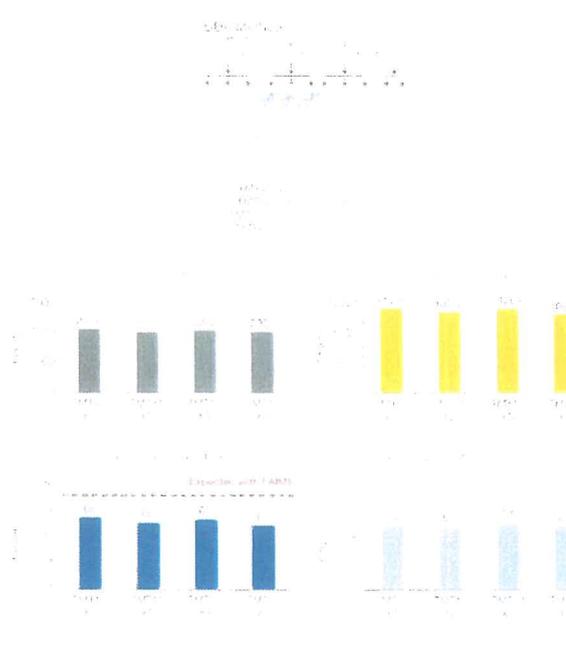
Theran Scientific technology helps minimize precursor leakage, and Background. The Precision FAIMS interface increases precursor specificity at the isolation window and improves accuracy.



The high quality of the FAIMS interface helps improve the accuracy of quantitation. The Precision FAIMS interface helps improve the accuracy of quantitation.

Best-in-class reproducibility

FAIMS provides excellent reproducibility for ion mobility measurements. This ensures that the data is consistent and reliable across multiple runs.



FAIMS provides excellent reproducibility for ion mobility measurements. This ensures that the data is consistent and reliable across multiple runs.

New paradigm in targeted protein quantitation

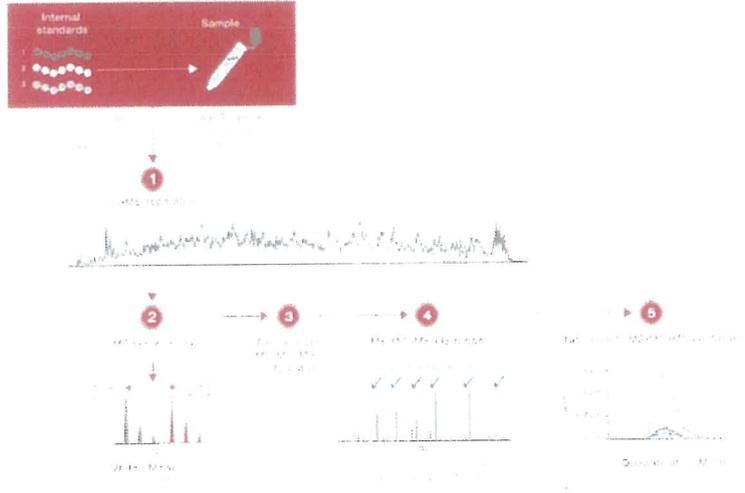
Targeted protein analysis is a powerful tool for understanding the molecular mechanisms of disease. The challenge is to identify and quantify the specific proteins of interest in a complex sample. The new paradigm in targeted protein quantitation is to use a combination of data-independent and data-dependent acquisition (DDA) to maximize the number of peptides identified and quantified.

Traditional targeted methods rely on a pre-defined list of peptides, which limits the number of proteins that can be analyzed. The new paradigm uses DDA to identify and quantify all peptides in the sample, then uses a targeted method to quantify the peptides of interest. This approach allows for the discovery of new biomarkers and the identification of novel drug targets.



Precise quantitative results for targeted studies

Internal standards are used to improve the accuracy and precision of quantitative results. They are added to the sample before analysis and serve as a reference for the target peptides. This method allows for the detection and quantification of low-abundance peptides in a complex sample.

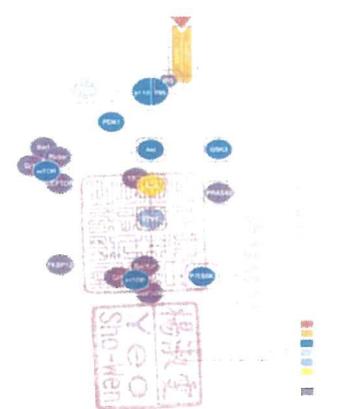


Sample stable-isotope-labeled (SIL) internal standards are monitored in "watch mode" as the instrument rapidly scans for the presence of the IS precursor. When an IS precursor (by MS/MS BMS) scan is triggered and fragment ions are matched to an IS reference list, it matches the method switches to "quantification mode" where spectra for the endogenous target peptides are acquired at full resolution for accurate quantification.

Sensitive, accurate, precise, and more complete targeted protein analysis

The SureQuant method provides a more comprehensive and accurate analysis of targeted proteins. It uses a combination of data-independent and data-dependent acquisition to identify and quantify all peptides in the sample, then uses a targeted method to quantify the peptides of interest.

AKT/mTOR signaling pathway

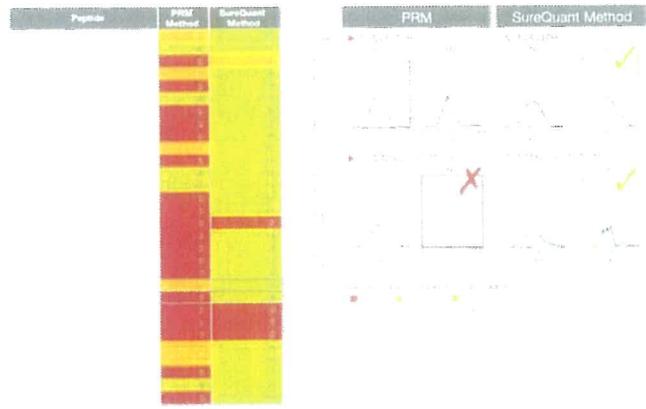


Targeted PSMs confirm the identity of protein molecules and are used to identify and quantify the proteins of interest. The SureQuant method provides a more comprehensive and accurate analysis of targeted proteins. The SureQuant method is used to quantify the phosphorylated proteins in the AKT/mTOR signaling pathway.

Flexible with higher throughput for targeted quantitation of pre-defined or custom peptides

The SureQuant method is highly flexible and can be used to quantify a wide range of peptides. It allows for the quantification of pre-defined peptides or custom peptides. The method is highly sensitive and accurate, and can be used to quantify low-abundance peptides in a complex sample.

Protein cancer pathway (cellular) analysis

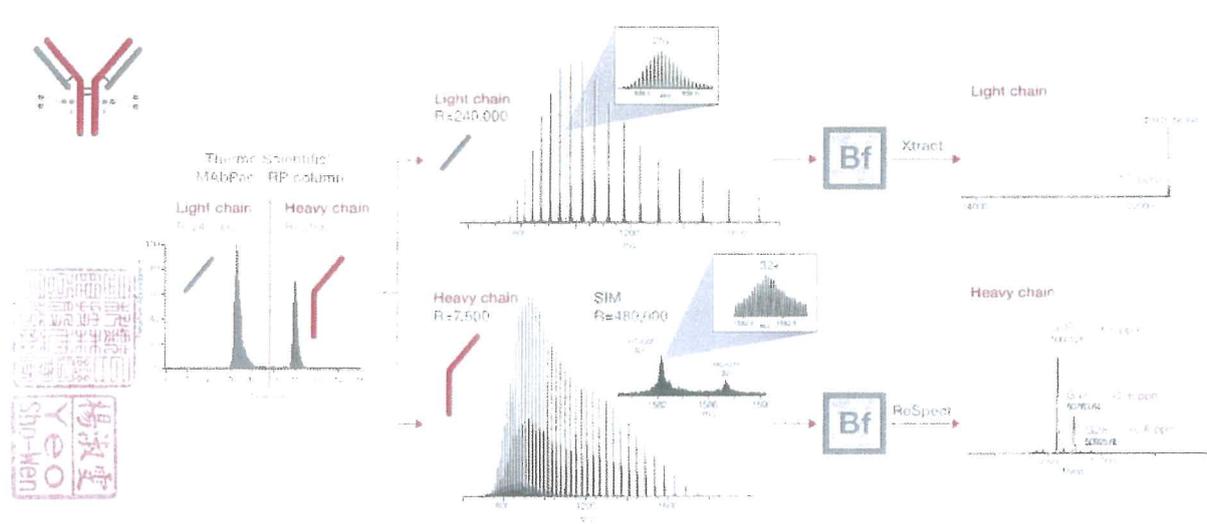


The SureQuant method provides a more comprehensive and accurate analysis of targeted proteins. The SureQuant method is used to quantify the phosphorylated proteins in the AKT/mTOR signaling pathway. The SureQuant method provides more accurate and precise results, especially for low-abundance peptides.



Spectral quality and sensitivity simplify Biopharma analyses

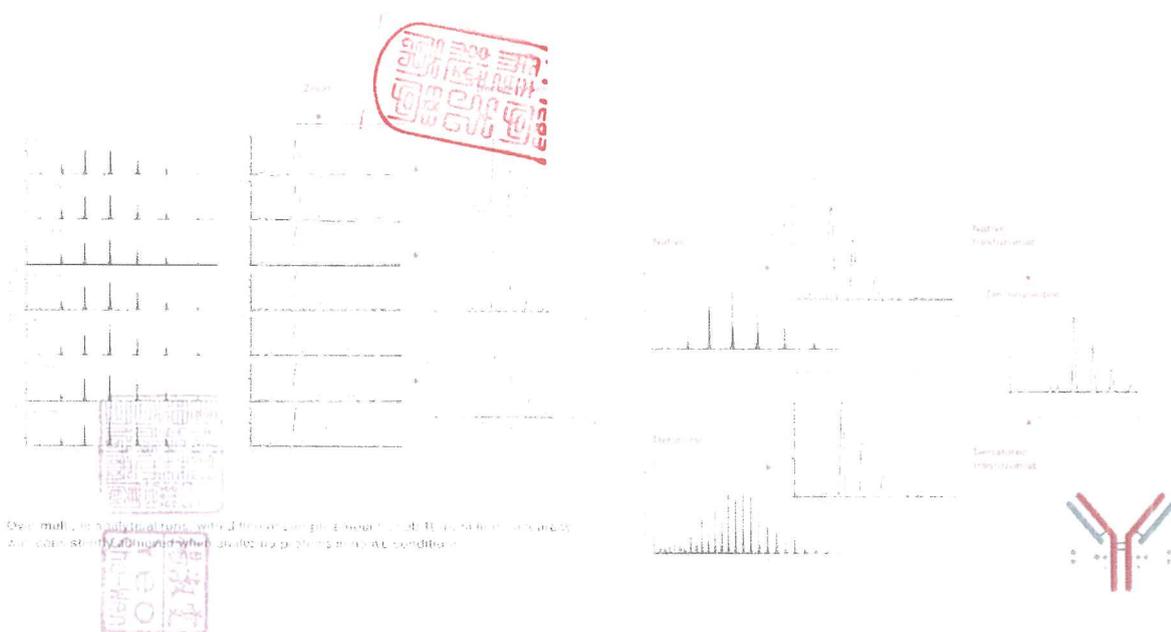
Highly sensitive, robust, and high-resolution capabilities for monoclonal antibody analysis. The Orbitrap Exploris 150 (mass spectrometer) provides the means for high-resolution analysis with a resolving power of up to 600,000 (FWHM at m/z 200). Obtaining baseline resolved peaks for a 50:50 light:heavy chain is now simple, providing deeper information on variants, if necessary. MS/MS analysis of the protein chains of monoclonal antibodies at the subdomain level is easily achieved, producing the answers you require with high mass accuracy and confidence.



Achieving spectral insight at the subdomain level is effortless. Trastuzumab was reduced, and the light and heavy chains separated by reversed-phase liquid chromatography. The light- and heavy-chain spectra obtained were deconvoluted using the BioPharma Finder software Xtract and ReSpec algorithms, respectively. Information on the heavy chain with the glycoforms was revealed, while monomeric masses for the light chain were also provided.

Routinely high-resolution for intact denatured and native protein analyses

The Orbitrap Exploris 150 (mass spectrometer) provides the means for high-resolution analysis with a resolving power of up to 600,000 (FWHM at m/z 200). Obtaining baseline resolved peaks for a 50:50 light:heavy chain is now simple, providing deeper information on variants, if necessary. MS/MS analysis of the protein chains of monoclonal antibodies at the subdomain level is easily achieved, producing the answers you require with high mass accuracy and confidence.



Over multiple samples, the high-resolution capabilities of the Orbitrap Exploris 150 (mass spectrometer) provide the answers you require with high mass accuracy and confidence.

Efficiently analyze intact and reduced native protein structures using a mass spectrometer. Obtain the glycoform and deconvolution information you require with high mass accuracy and confidence.



Almanac web-based monitoring and management

ALM is a powerful, web-based monitoring and management tool that provides a comprehensive view of your laboratory's performance. It allows you to track instrument status, sample processing, and data quality in real-time, ensuring optimal workflow efficiency.



Technical and online support: peak performance for your instruments

Our technical support team is available 24/7 to assist you with any instrument issues. We offer a range of services, including remote troubleshooting, on-site visits, and comprehensive training programs to ensure your instruments are always performing at their best.



Protecting your investments: unparalleled laboratory services

We offer a range of laboratory services to help you protect your investment in our instruments. From routine maintenance and calibration to full-scale repairs and upgrades, our experienced technicians ensure your equipment is always ready for use.



Thermo Scientific™ Tandem Mass Tag™ (TMT™) Quantitation
 Thermo Scientific™ TMT™ Quantitation



Thermo Scientific™ SureQuant™ Targeted Quantitation workflow
 Thermo Scientific™ SureQuant™ Targeted Quantitation workflow

Thermo Scientific™ BioPharma Finder™ software
 Thermo Scientific™ BioPharma Finder™ software

Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ software
 Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ software

For more information, visit thermofisher.com/OrbitrapExploris480

© 2014 ThermoFisher Scientific. All rights reserved.

ORBITRAP EXPLORIS 480

ThermoFisher
 SCIENTIFIC

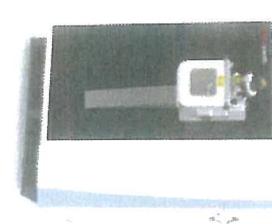
Mass spectrometry

Orbitrap Exploris 480 Mass Spectrometer
 Extraordinary simplified

Introducing the Orbitrap Exploris 480 Mass Spectrometer, a powerful and easy-to-use instrument for proteomics and metabolomics. The Orbitrap Exploris 480 features a compact design, a user-friendly interface, and a range of advanced features that make it the perfect choice for your laboratory.

Key features include:

- **Advanced Orbitrap™ mass spectrometry** for high-resolution, accurate mass measurements.
- **Orbitrap™ ion trap** for enhanced ion storage and detection.
- **Orbitrap™ ion trap** for enhanced ion storage and detection.
- **Orbitrap™ ion trap** for enhanced ion storage and detection.



The Orbitrap Exploris 480 is a powerful and easy-to-use instrument for proteomics and metabolomics. The Orbitrap Exploris 480 features a compact design, a user-friendly interface, and a range of advanced features that make it the perfect choice for your laboratory.

Key features include:

- **Advanced Orbitrap™ mass spectrometry** for high-resolution, accurate mass measurements.
- **Orbitrap™ ion trap** for enhanced ion storage and detection.
- **Orbitrap™ ion trap** for enhanced ion storage and detection.
- **Orbitrap™ ion trap** for enhanced ion storage and detection.

MultiBeam™ Features:

- **Fast scans** for high-throughput analysis.
- **Preprogrammed Scan Sequences** for easy setup.
- **Orbitrap™ ion trap** for enhanced ion storage and detection.

Orbitrap™ ion trap



一、質量分析系統 (MS)

Ion optics

Ion optics (ion gun) per se is not included in the mass spectrometer

High-capacity ion transfer tube (HCTT)

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Electrodynamic ion funnel (EDIF) (⇒) 4.

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Advanced active beam guide (AABG)

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Advanced quadrupole technology (AQT) (⇒) > 1.

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Ion-routing multipole (IRM)

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Automatic gain control (AGC)

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Thermo Scientific™ Orbitrap™ mass analyzer

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Vacuum system

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Thermo Scientific™ EASY-IC™ ion source (⇒) 6.

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Optional hardware

Thermo Scientific™ BioPharma option

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Thermo Scientific™ EASY-Spray™ NG ion source (李教授說)

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Thermo Scientific™ NanoSpray Flex™ NG ion source (李教授說)

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

APCI probe for OptaMax NG ion source

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

Thermo Scientific™ FAIMS Pro™ Duo interface (離子遷移會帶功能)

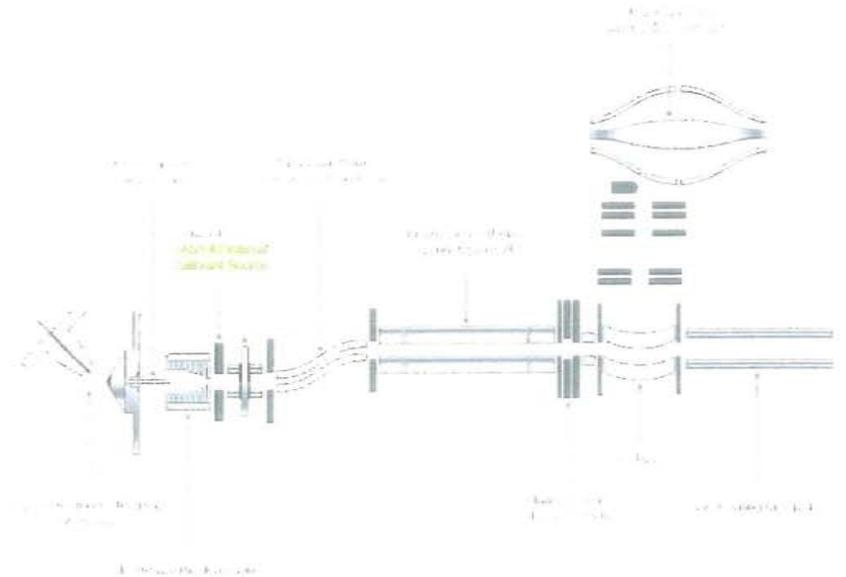
- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

- Efficient ion transfer and low ion loss
- High capacity

楊淑雯
Yeo
Sho-Wen

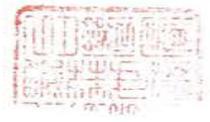
Orbitrap Exploris 460 mass spectrometer ion path



Performance specifications

Resolution	100,000 (m/z 400) (⇒) 3.
Mass range	40-1000 m/z (⇒) 1. (1)
Scan rate	100 scans/s (⇒) 8.
Scan time	100 scans (⇒) 9.
Scan delay	100 scans (⇒) 10.
Scan length	100 scans (⇒) 5.
Scan width	100 scans (⇒) 6.

楊淑雯
Yeo
Sho-Wen



Data acquisition systems

Data System

- [Data acquisition and control software](#)
- [Thermo Scientific™ Orbitrap Explorer™ instrument control software](#)
- [Acquisition and control software for Orbitrap™ ion trap mass spectrometers](#)
- [Application-specific acquisition and control software](#)
- [Control software for Orbitrap™ ion trap mass spectrometers](#)

Thermo Scientific™ Orbitrap Explorer™ instrument control software

- [Orbitrap Explorer™ instrument control software](#)

Thermo Scientific™ Qualiton™ software

- [Qualiton™ software](#)
- [Qualiton™ software](#)

Thermo Scientific AcquireX Intelligent Data Acquisition Workflow

- [AcquireX Intelligent Data Acquisition Workflow](#)
- [AcquireX Intelligent Data Acquisition Workflow](#)

Operation modes

Resolution settings

- [Resolution settings](#)

TurboTMT intelligent data acquisition mode

- [TurboTMT intelligent data acquisition mode](#)
- [TurboTMT intelligent data acquisition mode](#)

Advanced peak determination (APD)

Advanced peak determination (APD) is a new feature that allows you to determine the peak position of a peak in a chromatogram with high accuracy.

Application-specific system templates

Application-specific system templates (ASTs) are pre-configured system templates that allow you to quickly set up your system for a specific application.

Application mode

Application mode (AM) is a new feature that allows you to quickly set up your system for a specific application.

Control software

- [Control software](#)
- [Control software](#)

General

- [General](#)
- [General](#)

General information about the software and its features.

- [General](#)
- [General](#)

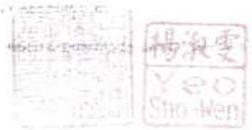
General information about the software and its features.

- [General](#)
- [General](#)

General information about the software and its features.

- [General](#)
- [General](#)

General information about the software and its features.



Scan functions

Scan functions allow you to perform various types of scans, such as full scan, MS/MS, and data-dependent MS/MS.

Full scan

Full scan is a scan that covers the entire mass range of the sample.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

Data-dependent MS/MS

Data-dependent MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on the data from the full scan.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

MS/MS

MS/MS is a scan that identifies the precursor ion and its fragments.

Targeted data acquisition

Targeted data acquisition (TDA) is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.

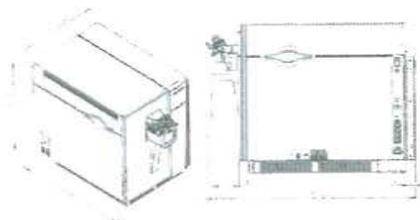
TDA

TDA is a scan that identifies the precursor ion and its fragments based on a list of target ions.



Gas

- The HESI spray insert is compatible with all ThermoFisher Orbitrap Exploris 480 ion traps.
- Works with ThermoFisher Orbitrap Exploris 480 ion traps with the following gas inlets:
 - Heated auxiliary gas inlet (HAGI)
 - Heated nitrogen gas inlet (HNGI)
 - Heated nitrogen gas inlet (HNGI)
- The HESI spray insert is compatible with the following ThermoFisher Orbitrap Exploris 480 ion traps:
 - Orbitrap Exploris 480 ion trap (HESI)
 - Orbitrap Exploris 480 ion trap (HESI)
- The HESI spray insert is compatible with the following ThermoFisher Orbitrap Exploris 480 ion traps:
 - Orbitrap Exploris 480 ion trap (HESI)
 - Orbitrap Exploris 480 ion trap (HESI)



Dimensions (w, d, h)

- Spray insert: 100 x 100 x 100 mm (w, d, h)

Weight

- The HESI spray insert weighs approximately 100 g (0.22 lb).

Environment

- The HESI spray insert is compatible with the following ThermoFisher Orbitrap Exploris 480 ion traps:
 - Orbitrap Exploris 480 ion trap (HESI)
 - Orbitrap Exploris 480 ion trap (HESI)
- The HESI spray insert is compatible with the following ThermoFisher Orbitrap Exploris 480 ion traps:
 - Orbitrap Exploris 480 ion trap (HESI)
 - Orbitrap Exploris 480 ion trap (HESI)

Reference

For more information, visit www.thermo.com or contact your local ThermoFisher representative. For more information, visit www.thermo.com or contact your local ThermoFisher representative.

H-ESI Spray Insert

The H-ESI spray insert includes a metal electro spray nozzle (HESI) and a heated auxiliary gas pinning. Sample and solvent enter the nozzle through one of two H-ESI nozzle inlets: one for low flow (less than 10 µl/min) and the other for high flow (greater than 10 µl/min). To change the nozzle insert, see:

The H-ESI nozzle insert includes a stainless steel needle that extends from the sample inlet to approximately 1.7 mm (0.05 in) past the end of the spray insert nozzle. The H-ESI nozzle insert is removed from the H-ESI spray insert.

Figure 11. H-ESI spray insert and its metal electro spray nozzle.



The MS applies a large negative or positive voltage (typically 3 kV to 15 kV) to the metal electro spray nozzle, which sprays the sample solution into a fine mist of charged droplets. The H-ESI spray insert delivers the sheath gas and auxiliary gas to the nozzle. The sheath gas is the most common nitrogen gas that spray, and the auxiliary gas is the most common nitrogen gas that spray. The heated auxiliary gas is the most common nitrogen gas that spray. The heated auxiliary gas is the most common nitrogen gas that spray. The heated auxiliary gas is the most common nitrogen gas that spray.

The auxiliary gas heats as it passes through the heated vaporizer tube. The heated vaporizer tube is thermally insulated from the metal electro spray nozzle to prevent direct heating of the sample solution. You can control the heated vaporizer temperature from the Thermo Scientific™ Ion or Orbitrap Exploris 480 application. The temperature range is from ambient room temperature to 800°C. For the recommended initial operating settings, see:

(-) 1. 离子源

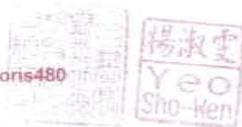


Learn more at [thermo.com/OrbitrapExploris480](https://www.thermo.com/OrbitrapExploris480)

For more information, visit www.thermo.com or contact your local ThermoFisher representative.

© 2024 ThermoFisher Scientific. All rights reserved. ThermoFisher Scientific, the ThermoFisher Scientific logo, and Orbitrap Exploris 480 are trademarks of ThermoFisher Scientific. All other trademarks are the property of their respective owners.

ThermoFisher Scientific, 1000 Lakeside Drive, Foster City, CA 94034, USA. Tel: +1 650 596 7000. Email: info@thermo.com



thermo scientific

楊淑雯

1111111111



楊淑雯

EASY-Spray technology

Play and spray with state-of-the-art performance

一 (-) 2. 可控制式 奈米噴霧器 = 儀器

楊淑雯
Yeo
Sho-Wen

楊淑雯
Yeo
Sho-Wen

ThermoFisher
SCIENTIFIC

Effortless nano electrospray ionization



EASY-Spray source

Integrated design

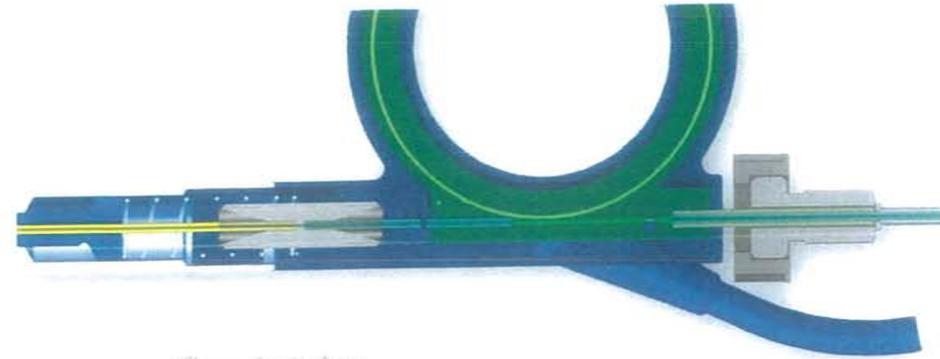
Nano-flow LC-MS relies critically on perfect connections between several pieces of nano-bore tubing and high-voltage electrodes for the spray ionization. Thermo Scientific® EASY-Spray™ technology provides an integrated and temperature-controlled column-inlet design using a single Thermo Scientific Dionex nanoViper™ connection between the LC and the EASY-Spray source to remove the most error-prone and difficult connections.

Plug-and-spray

Thermo Scientific EASY-Spray technology provides a simple, integrated, and easy-to-use design for nano-flow LC-MS systems. The Thermo Scientific EASY-Spray



EASY-Spray nanoViper™



"The optimization and reproducibility of nano-electrospray ionization (ESI) is a major challenge in LC-MS/MS. The Thermo Scientific EASY-Spray source provides a simple, integrated, and easy-to-use design for nano-flow LC-MS systems. The Thermo Scientific EASY-Spray

More than ever before

Thermo Scientific proteomics solutions are designed to give you more than ever before: more throughput, more sensitivity, more separation power and more ease of use.



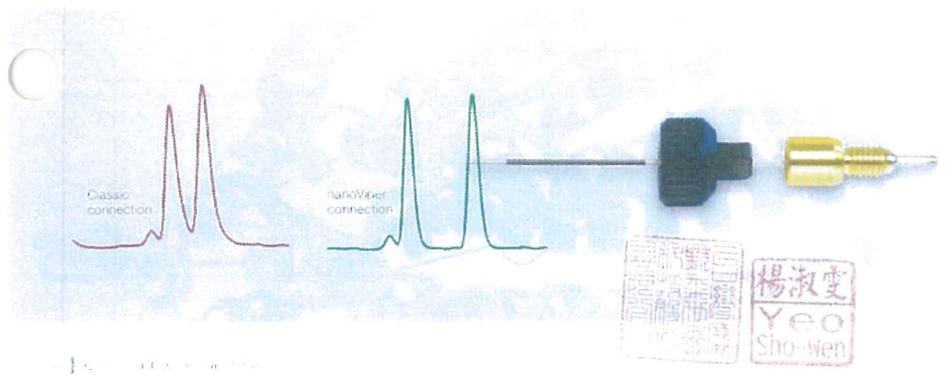
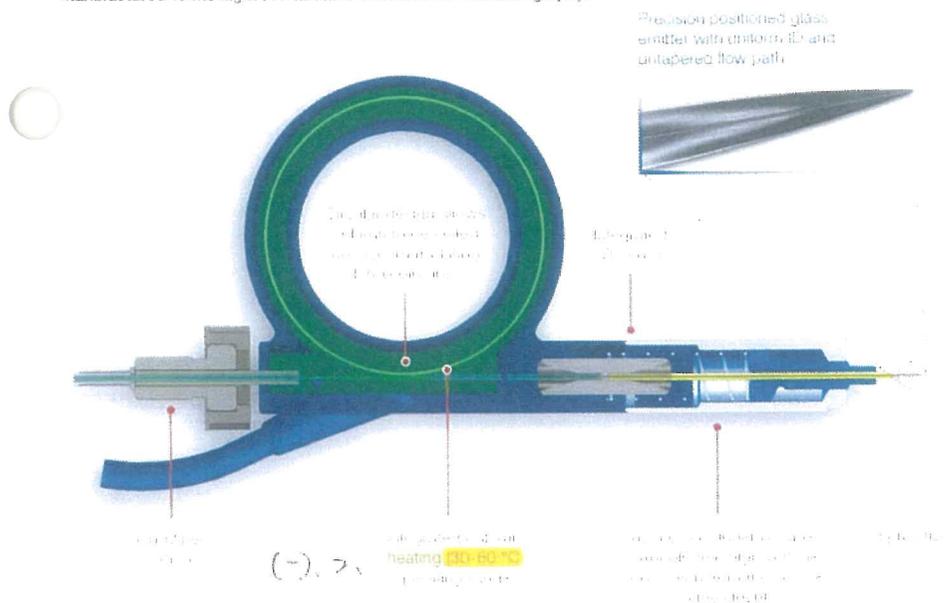
Thermo Scientific Proteomics Solutions

楊淑文
Yeo
Sho-Wen

楊淑文
Yeo
Sho-Wen

Plug-and-spray nano-electrospray ionization

The EASY-Spray columns are high-tech assemblies that are carefully manufactured to the highest standards in nano-flow chromatography.



Excellent spray stability

Sample: highly charged polyelectrolyte
MS: nanoESI mode, 100 V base
Source setup: 200 V, 100 nA, 1000 Hz, 100 V

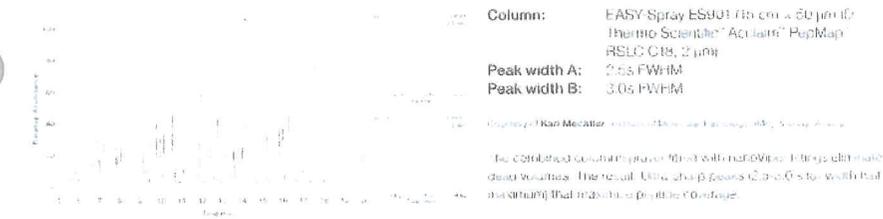


Yeo Sho-wen

State-of-the-art performance

Achieving state-of-the-art performance from nano-flow LS-MS was never easier: simply plug-and-spray

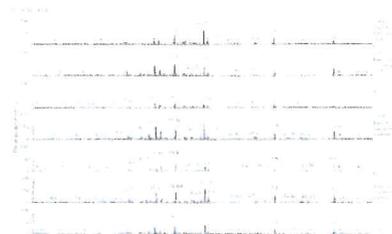
EASY-Spray delivers performance, reproducibility and reliable results.



Outstanding reproducibility

7 ESI runs on a Thermo Scientific™ ISQ Vantage triple stage quadrupole mass spectrometer. Retention time precision less than 0.2% RSD!

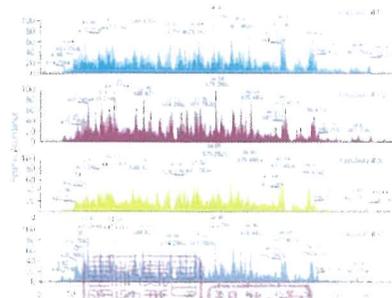
© University of Paul Taylor and Thomas Kistinger, Institute for Cell Chemistry, Vienna, Austria



Reliable results every time

EASY-Spray provides stable performance over time to match today's requirements for proteomics researchers.

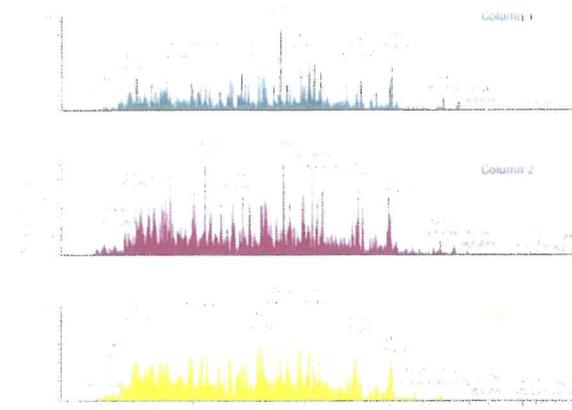
Selected base peak of an aliquate from splitting samples of E. coli digest analyzed on a Vanquish Pro C18 column with over 40 repeat runs. A 150 µm ID x 150 cm column was used for the separation. The gradient was 5% B to 50% B over 60 min. The column heater was set at 55 °C.



"Right off the shelf, with absolutely no optimization, the first run I gave me beautiful peaks with FWHM times of 2.65 seconds!"

© University of Paul Taylor and Thomas Kistinger, Institute for Cell Chemistry, Vienna, Austria

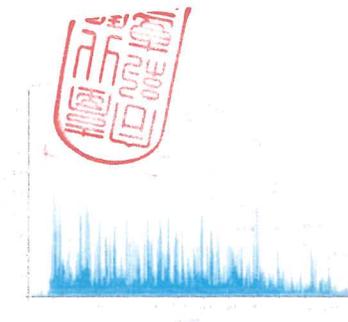
© 2017 ThermoFisher Scientific



Excellent inter-column reproducibility

Column-to-column reproducibility is extremely important for proteomics, particularly when running big experiments or multi-site collaborations. The excellent assembly precision of EASY-Spray columns ensures class-leading performance on these parameters.

Peak reproducibility was 0.0001% (0.0001% RSD) for the first 1000 peaks in the first 100 minutes of the 60-minute run.



Amazing peak capacity

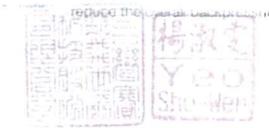
Retention time precision (RSD) for the heavy ion 20 peaks in the first 100 minutes was a range of just 0.0001% (0.0001% RSD) for the first 100 minutes. Longer columns and longer gradients both contribute to more identifications.

Retention time precision (RSD) for the heavy ion 20 peaks in the first 100 minutes was a range of just 0.0001% (0.0001% RSD) for the first 100 minutes.



Temperature control

Columns can be blank-changed immediately before the first run to ensure run-to-run reproducibility and allow the guard over longer column lengths. Smaller particle sizes can also allow temperatures lower than 50 °C to study and



reduce the overall backpressure.

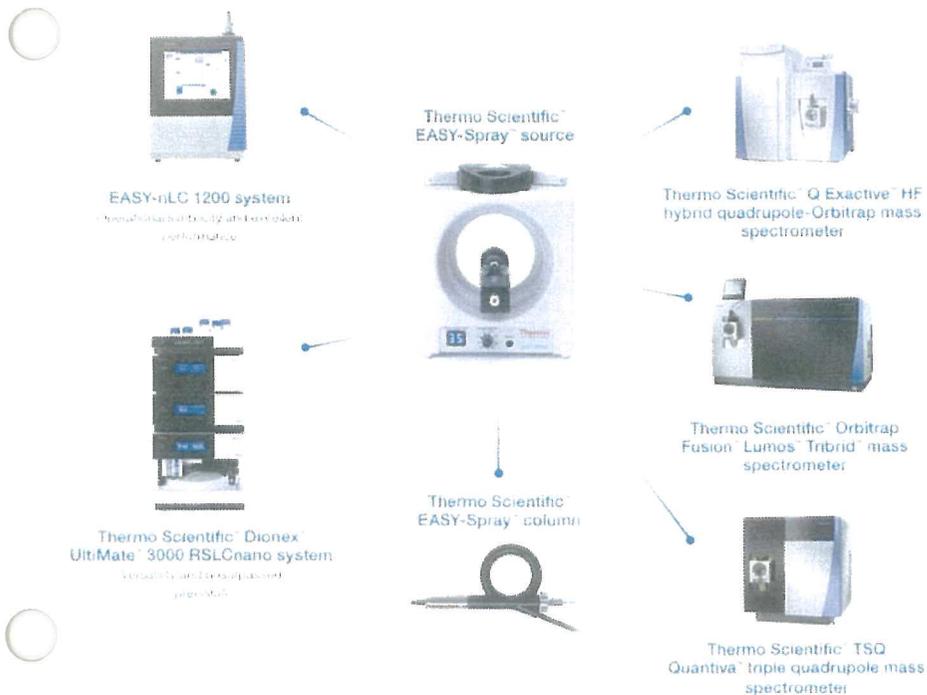
© 2017 ThermoFisher Scientific

© 2017 ThermoFisher Scientific

thermo scientific

Full compatibility

EASY-Spray source is fully compatible with the following Thermo Scientific mass spectrometers and columns:



Find out more at thermofisher.com/EasySpray

Thermo Scientific EASY-Spray source is fully compatible with the following Thermo Scientific mass spectrometers and columns:

ThermoFisher SCIENTIFIC

Mass spectrometry

Enhanced selectivity, ultimate flexibility

FAIMS Pro Duo interface

(一) 氣離子遷移分離 功能之裝置

楊淑雯 Yeo Sho-Wen

thermo scientific

楊淑雯
Yeo
ThermoFisher
SCIENTIFIC

Enhanced selectivity accelerates your analytical workflow

The growing complexities of qualitative and quantitative analyses in both research and routine applications demand more selective and sensitive analytical techniques, reduced sample preparation, and efficient data processing for a wider range of compound types. With industry-leading technical design in mass spectrometry hardware, Thermo Scientific Scientific enables flexible and deeper qualitative and quantitative analyses for small- and large-molecule applications than ever before.

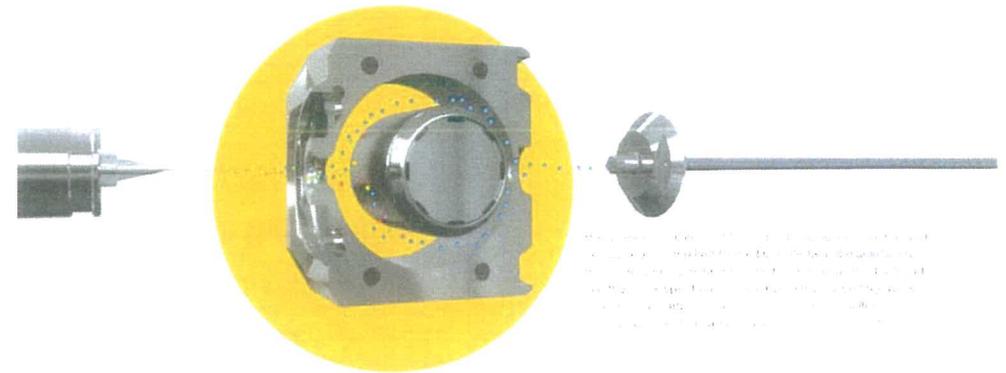
(→) ⇒

The Thermo Scientific FAIMS Pro Duo interface is designed for **differential ion mobility capability** to multiple Thermo Scientific Thermo Easy LC and LC systems, allowing sample complexity and trade-off between gradient length, throughput, and low volume sample loading amount. With built-in dual-wire ion guides, dual probes, and intuitive touch panels, or a need for enhanced selectivity and performance, the differential mobility interface by the FAIMS Pro Duo interface is designed for selectivity, productivity and usability for every user.



The FAIMS Pro Duo interface is incorporated with Thermo Scientific™ LC and MS systems such as the Thermo Scientific™ EASY-nLC™ LCX system and the Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 mass spectrometer to provide selective identification of more proteins and unique peptides, increasing coverage without extra work.

楊淑雯
Yeo Sho-wen



The FAIMS Pro Duo interface is designed for differential ion mobility capability to multiple Thermo Scientific Thermo Easy LC and LC systems, allowing sample complexity and trade-off between gradient length, throughput, and low volume sample loading amount. With built-in dual-wire ion guides, dual probes, and intuitive touch panels, or a need for enhanced selectivity and performance, the differential mobility interface by the FAIMS Pro Duo interface is designed for selectivity, productivity and usability for every user.

Flexible to fit your work

The FAIMS Pro Duo interface is designed for differential ion mobility capability to multiple Thermo Scientific Thermo Easy LC and LC systems, allowing sample complexity and trade-off between gradient length, throughput, and low volume sample loading amount.

Increases depth of analysis without extra work

With built-in dual-wire ion guides, dual probes, and intuitive touch panels, or a need for enhanced selectivity and performance, the differential mobility interface by the FAIMS Pro Duo interface is designed for selectivity, productivity and usability for every user.

Easy to install, use, and maintain

The FAIMS Pro Duo interface is designed for differential ion mobility capability to multiple Thermo Scientific Thermo Easy LC and LC systems, allowing sample complexity and trade-off between gradient length, throughput, and low volume sample loading amount.

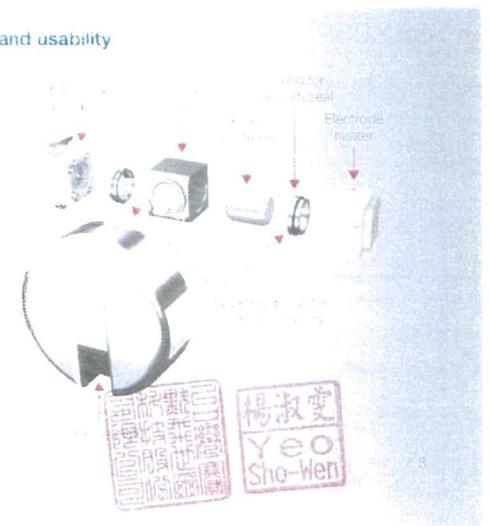
Conserves sample

The FAIMS Pro Duo interface is designed for differential ion mobility capability to multiple Thermo Scientific Thermo Easy LC and LC systems, allowing sample complexity and trade-off between gradient length, throughput, and low volume sample loading amount.

State-of-the-art interface enhances performance and usability

With built-in dual-wire ion guides, dual probes, and intuitive touch panels, or a need for enhanced selectivity and performance, the differential mobility interface by the FAIMS Pro Duo interface is designed for selectivity, productivity and usability for every user.

- Improved ion mobility selectivity, allowing for more accurate identification of complex samples.
- Increased sample throughput, allowing for more samples to be analyzed in less time.
- Enhanced ion mobility selectivity, allowing for more accurate identification of complex samples.
- Improved ion mobility selectivity, allowing for more accurate identification of complex samples.
- Enhanced ion mobility selectivity, allowing for more accurate identification of complex samples.
- Improved ion mobility selectivity, allowing for more accurate identification of complex samples.

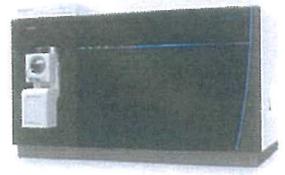


楊淑雯
Yeo Sho-wen



Orthogonal selectivity adds efficiency to proteomics workflows

The FAIMS Pro Duo interface integrates directly into existing workflows to enhance selectivity for a wide range of naturally occurring and synthetic immunoprecipitated or enriched proteomic samples. Its orthogonal selectivity, based on mobility, structural topology, and targeted ion mobility, allows for the separation of high abundance ions that are commonly co-eluted, providing coverage and improved identification of low abundance data not detectable by other FAIMS Pro Duo applications. This includes the identification of novel biomarkers and the detection of post-translational modifications.



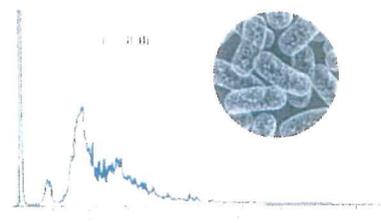
The FAIMS Pro Duo interface is integrated into existing workflows to enhance selectivity for a wide range of naturally occurring and synthetic immunoprecipitated or enriched proteomic samples.

Enhanced selectivity, expanded sample coverage

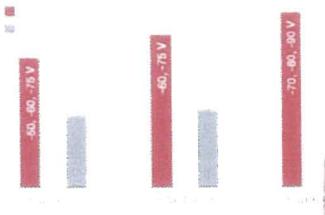
The FAIMS Pro Duo interface integrates directly into existing workflows to enhance selectivity for a wide range of naturally occurring and synthetic immunoprecipitated or enriched proteomic samples. Its orthogonal selectivity, based on mobility, structural topology, and targeted ion mobility, allows for the separation of high abundance ions that are commonly co-eluted, providing coverage and improved identification of low abundance data not detectable by other FAIMS Pro Duo applications. This includes the identification of novel biomarkers and the detection of post-translational modifications.

Orthogonal selectivity, based on mobility, structural topology, and targeted ion mobility, allows for the separation of high abundance ions that are commonly co-eluted, providing coverage and improved identification of low abundance data not detectable by other FAIMS Pro Duo applications. This includes the identification of novel biomarkers and the detection of post-translational modifications.

stepping CV varies to allow for a wide range of ion mobility, structural topology, and targeted ion mobility, allowing for the separation of high abundance ions that are commonly co-eluted, providing coverage and improved identification of low abundance data not detectable by other FAIMS Pro Duo applications. This includes the identification of novel biomarkers and the detection of post-translational modifications.



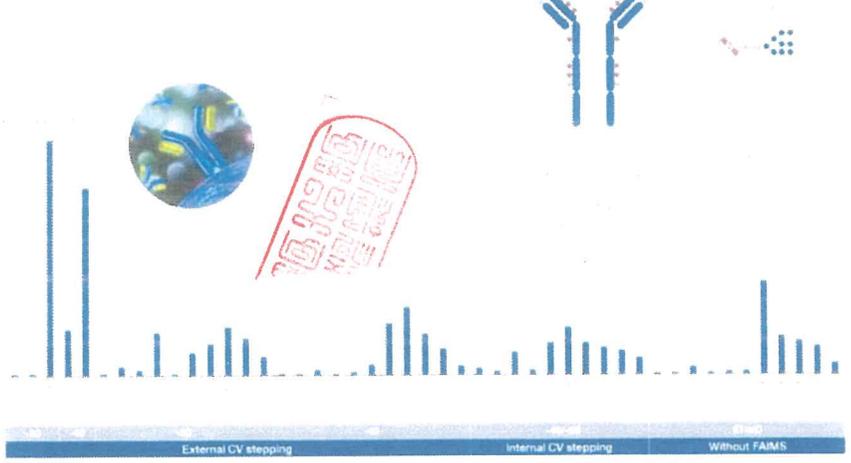
Orthogonal selectivity, based on mobility, structural topology, and targeted ion mobility, allows for the separation of high abundance ions that are commonly co-eluted, providing coverage and improved identification of low abundance data not detectable by other FAIMS Pro Duo applications. This includes the identification of novel biomarkers and the detection of post-translational modifications.



Selectivity expands confidence for characterization of glycoproteins

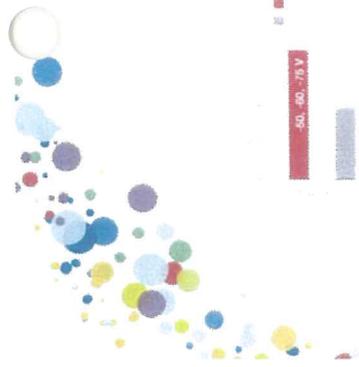
The FAIMS Pro Duo interface integrates directly into existing workflows to enhance selectivity for a wide range of naturally occurring and synthetic immunoprecipitated or enriched proteomic samples. Its orthogonal selectivity, based on mobility, structural topology, and targeted ion mobility, allows for the separation of high abundance ions that are commonly co-eluted, providing coverage and improved identification of low abundance data not detectable by other FAIMS Pro Duo applications. This includes the identification of novel biomarkers and the detection of post-translational modifications.

Increased glycoprotein characterization, simplified



Without FAIMS With FAIMS

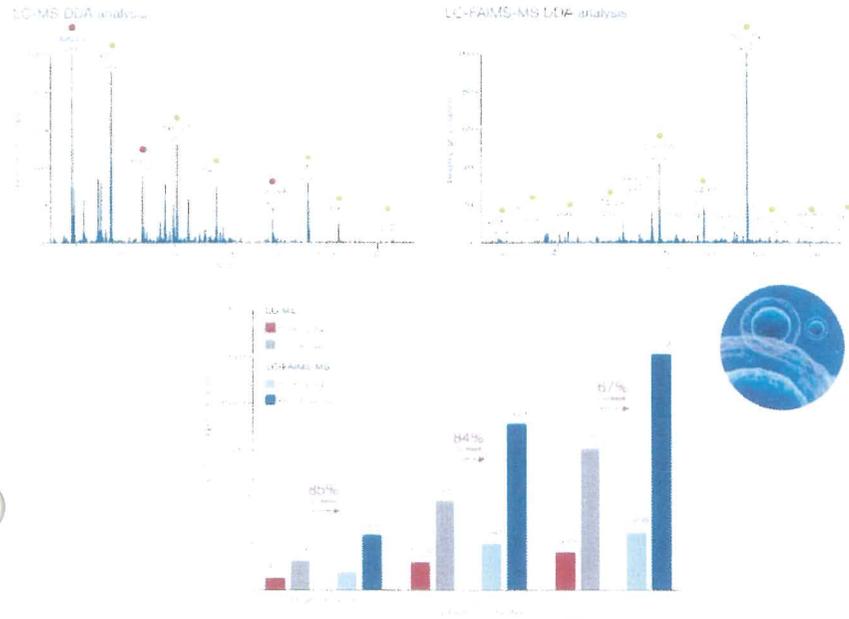
Protein	Without FAIMS	With FAIMS
6140	100	100
6150	100	100
6160	100	100
6200	100	100
6250	100	100
6300	100	100



Increased confidence for low-level protein coverage

Recent research has focused on developing LC-MS/MS methods capable of performing routine proteome profiling of very low protein loading amounts, including single cell lysates. When instrument, sample preparation, and data analysis have been optimized to introduce peptides into the mass spectrometer, **orthogonal selectivity is needed to enhance accumulation of multiply charged ions relative to the more abundant singly charged background solvent and matrix ions.** The FAIMS Pro Duo interface performs this phase transfer, which allows for improved accumulation of multiply charged ions to maximize the efficiency of data-dependent acquisition (DDA) routines. DDA drives protein coverage. Studies conducted at the FAIMS Pro Duo interface electrode Assembly show that use of multiple CV settings in DDA is able to increase proteome coverage. The improved ability to resolve salt ions to better match scores that reduce false discovery rates (FDR) and that enable researchers to maximize high proteome coverage when using an orbitrap or quadrupole quadrupole and a precursor ion filter, is easily achieved using FAIMS Screening™ Tandem Mass Filter (TMF) multiplexing.

Preferentially transmits peptides, not solvent ions, for improved sample coverage



Current LC-MS/MS methods are capable of analyzing a range of sample quantities, but they are often limited by the low sensitivity of the instrument. The FAIMS Pro Duo interface allows for improved sample coverage by preferentially transmitting multiply charged ions, which are more abundant than singly charged ions. This results in a higher signal-to-noise ratio and improved detection of low-abundance proteins. The FAIMS Pro Duo interface also allows for improved sample coverage by preferentially transmitting multiply charged ions, which are more abundant than singly charged ions. This results in a higher signal-to-noise ratio and improved detection of low-abundance proteins.

Everyday usability ensures performance

MS/MS data analysis is a complex task, and the FAIMS Pro Duo interface is designed to be user-friendly and easy to use. The interface is intuitive and allows for quick and easy data analysis. The FAIMS Pro Duo interface also allows for improved sample coverage by preferentially transmitting multiply charged ions, which are more abundant than singly charged ions. This results in a higher signal-to-noise ratio and improved detection of low-abundance proteins.

CV optimization routines for Orbitrap and triple quadrupole mass spectrometers

Method Editor

Auto Filter

Filter

CV Optimization

Data Analysis

The software interface is designed to be user-friendly and easy to use. It includes various optimization routines and data analysis tools. The interface is intuitive and allows for quick and easy data analysis. The FAIMS Pro Duo interface also allows for improved sample coverage by preferentially transmitting multiply charged ions, which are more abundant than singly charged ions. This results in a higher signal-to-noise ratio and improved detection of low-abundance proteins.





Improved targeted quantification using full-scan HRAM MS methods

Confident targeted quantification of a wide range of analytes is critical to the success of a laboratory. The development of full-scan HRAM MS methods for targeted analysis is a key area of development for laboratories that are interested in quantitative analysis. The development of full-scan HRAM MS methods for targeted analysis is a key area of development for laboratories that are interested in quantitative analysis. The development of full-scan HRAM MS methods for targeted analysis is a key area of development for laboratories that are interested in quantitative analysis.

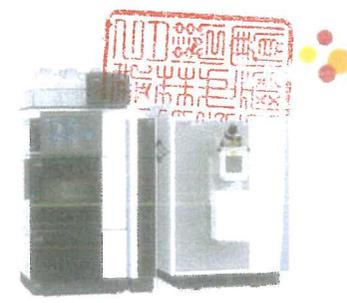
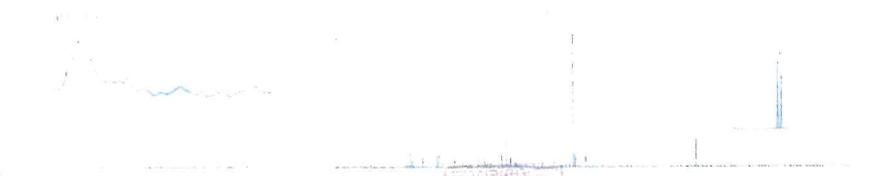
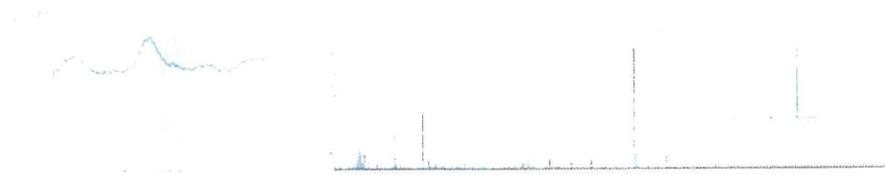


Figure 1: A full-scan HRAM MS method for targeted analysis. The method involves the acquisition of a full-scan HRAM MS spectrum, followed by the identification of the peaks of interest. The peaks are then quantified using a series of calibration curves.

Automated data processing

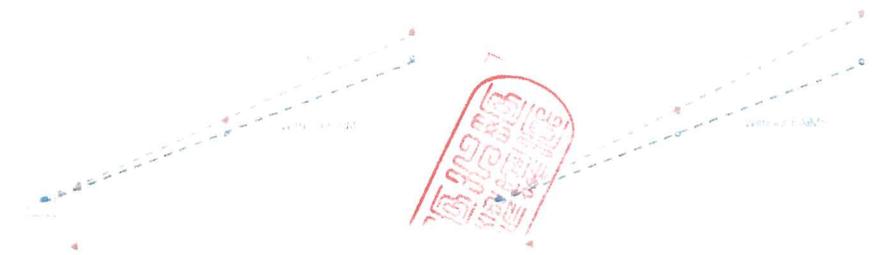
The development of automated data processing methods for full-scan HRAM MS data is a key area of development for laboratories that are interested in quantitative analysis. The development of automated data processing methods for full-scan HRAM MS data is a key area of development for laboratories that are interested in quantitative analysis.

Orthogonal selectivity lowers limits of detection

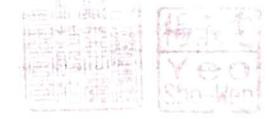


The development of orthogonal selectivity methods for full-scan HRAM MS data is a key area of development for laboratories that are interested in quantitative analysis. The development of orthogonal selectivity methods for full-scan HRAM MS data is a key area of development for laboratories that are interested in quantitative analysis.

Extends orthogonal selectivity over wide dynamic ranges



The development of orthogonal selectivity methods for full-scan HRAM MS data is a key area of development for laboratories that are interested in quantitative analysis. The development of orthogonal selectivity methods for full-scan HRAM MS data is a key area of development for laboratories that are interested in quantitative analysis.



Suppress chemical noise for improved SRM quantification

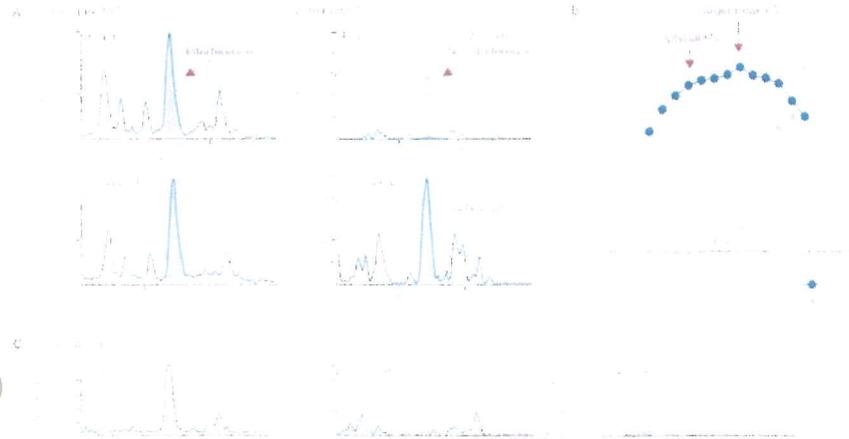
Targeted proteomic quantification in biological matrices relies on enzymatic digestion to improve detection. Quantitative surrogate peptides involving target protein sequences represent a major challenge in the detection of biomarkers in various relative Phase 1 and Phase 2 studies. The digestion process, however, increases complexity by converting every protein into tens to thousands of peptides, resulting in an increased probability of identifying interfering ions (SRM) that can reduce the signal-to-noise ratio. Lower signal-to-noise ratio often leads to a higher level of detection limit and lower accuracy and precision. The FAIMS Pro Duo interface provides orthogonal selectivity that separates the target from chemical noise with high reproducibility and robustness and can be integrated into an existing workflow to dramatically improve quantitative sensitivity without antibody enrichment.



"The primary factor limiting the sensitivity of targeted protein quantification is the high interference from numerous peptides in highly complicated digested samples, rather than MS or SRM signal intensity. The FAIMS Pro Duo interface provides orthogonal selectivity that effectively separates the target from chemical noise with high reproducibility and robustness and can be integrated into an existing workflow to dramatically improve quantitative sensitivity without antibody enrichment."

— Ben Qian, Ph.D.

Selectively removes chemical noise to improve LOQ



When a sample is digested with trypsin, the resulting peptides are highly complex. The FAIMS Pro Duo interface provides orthogonal selectivity that effectively separates the target from chemical noise with high reproducibility and robustness and can be integrated into an existing workflow to dramatically improve quantitative sensitivity without antibody enrichment. The FAIMS Pro Duo interface provides orthogonal selectivity that effectively separates the target from chemical noise with high reproducibility and robustness and can be integrated into an existing workflow to dramatically improve quantitative sensitivity without antibody enrichment.

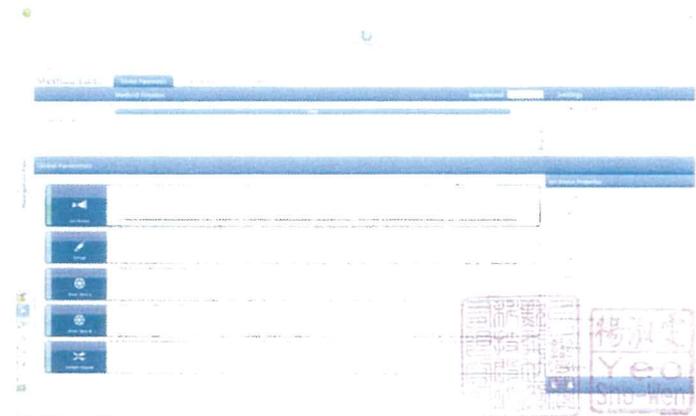
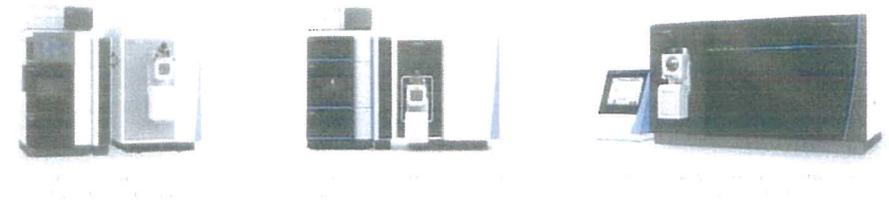
© 2014 Waters Corporation. All rights reserved. Waters, the "W" logo, and the "Empowering Research" logo are trademarks of Waters Corporation. All other trademarks are the property of their respective owners.

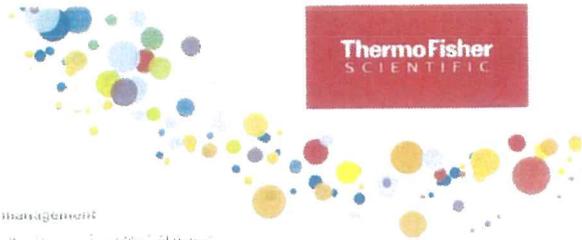
Integrated intelligence a foundation for compatibility between systems

Compatibility. One of the most important aspects of a laboratory workflow is the ability to integrate different systems and instruments. The FAIMS Pro Duo interface provides orthogonal selectivity that effectively separates the target from chemical noise with high reproducibility and robustness and can be integrated into an existing workflow to dramatically improve quantitative sensitivity without antibody enrichment. The FAIMS Pro Duo interface provides orthogonal selectivity that effectively separates the target from chemical noise with high reproducibility and robustness and can be integrated into an existing workflow to dramatically improve quantitative sensitivity without antibody enrichment.

The FAIMS Pro Duo interface is compatible with:

- Waters Acquity UPLC system
- Waters Synapse™ MS/MS system
- Waters Xevo™ MS/MS system
- Waters Xevo TQ™ MS/MS system
- Waters Xevo TQ-S™ MS/MS system
- Waters Xevo TQ-XL™ MS/MS system
- Waters Xevo TQ-XL™ MS/MS system
- Waters Xevo TQ-XL™ MS/MS system





ALM **Automatic web-based monitoring and management**
 Take your UHPLC system to the next level with Thermo Scientific™ Automated Monitoring and Management. It's the most powerful monitoring and management solution ever.

Technical and online support: peak performance for your instruments
 Request a sample, an installation, or help with peak performance. Our global 24-hour support team is ready to assist you with everything from spare parts to 24/7/365 technical support. We're here to help you get the most out of your investment. Our online support system is available 24/7/365.

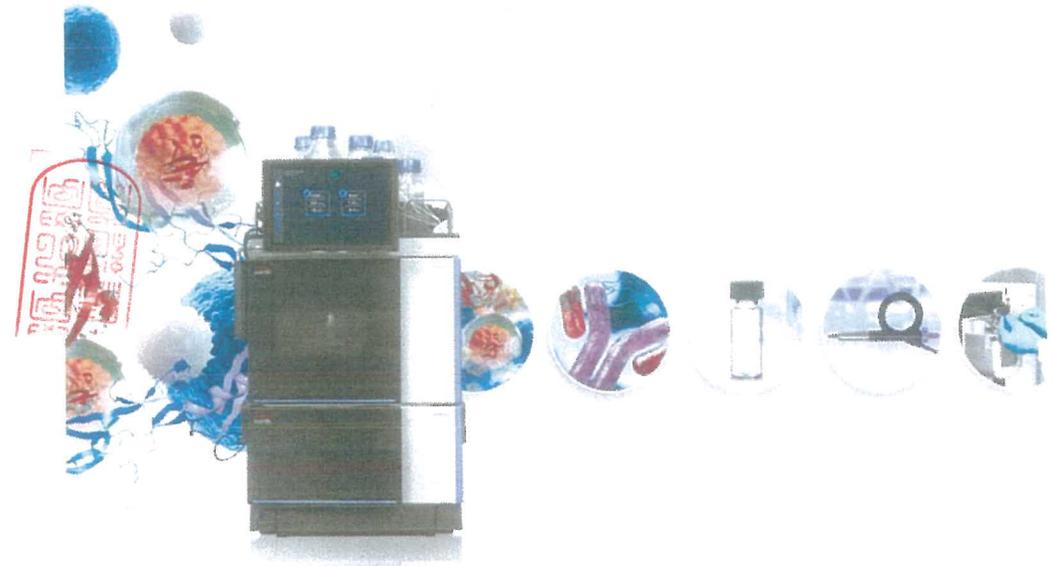
Protecting your investments: unparalleled laboratory services
 Thermo Scientific™ offers a wide range of laboratory services. From instrument repair and maintenance to calibration, we have the expertise and resources to help you get the most out of your investment. Our services are available 24/7/365, and our experts are always ready to help you get the most out of your investment.

Xc **Thermo Scientific™ Xcalibur™ software**
 The most powerful UHPLC software.

Bf **Thermo Scientific™ BioPharma Finder™ software**
 The most powerful UHPLC software.

Pd **Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ software**
 The most powerful UHPLC software.

Tf **Thermo Scientific™ TraceFinder™ software**
 The most powerful UHPLC software.



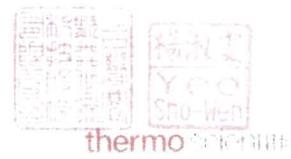
Vanquish Neo UHPLC System
Beyond brilliant



Learn more at thermofisher.com/FAIMSPProDuo

© 2014 ThermoFisher Scientific. All rights reserved.

thermo scientific



© 2014 ThermoFisher Scientific. All rights reserved.



The new standard in nano-, capillary-, and micro-flow LC

Beyond discovery

With the new generation of nano-, capillary- and micro-flow LC, you can discover more.

Beyond innovation

With the new generation of nano-, capillary- and micro-flow LC, you can innovate more.

Beyond possibilities

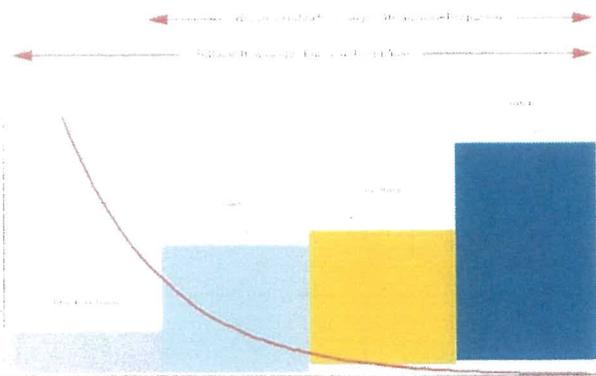
With the new generation of nano-, capillary- and micro-flow LC, you can do more.



All-in-one low-flow UHPLC system

The Varian Neo low-flow UHPLC system is designed to provide a complete solution for low-flow UHPLC applications. It features a compact design, high-pressure capability, and a wide range of column options, making it ideal for a variety of analytical tasks.

- High-pressure capability: Supports up to 15,000 psi, enabling the use of sub-2- μm particles for high-resolution separations.
- Wide range of column options: Offers a variety of column chemistries and lengths to meet specific analytical needs.
- Compact design: Fits easily into a laboratory workflow, saving space and reducing complexity.

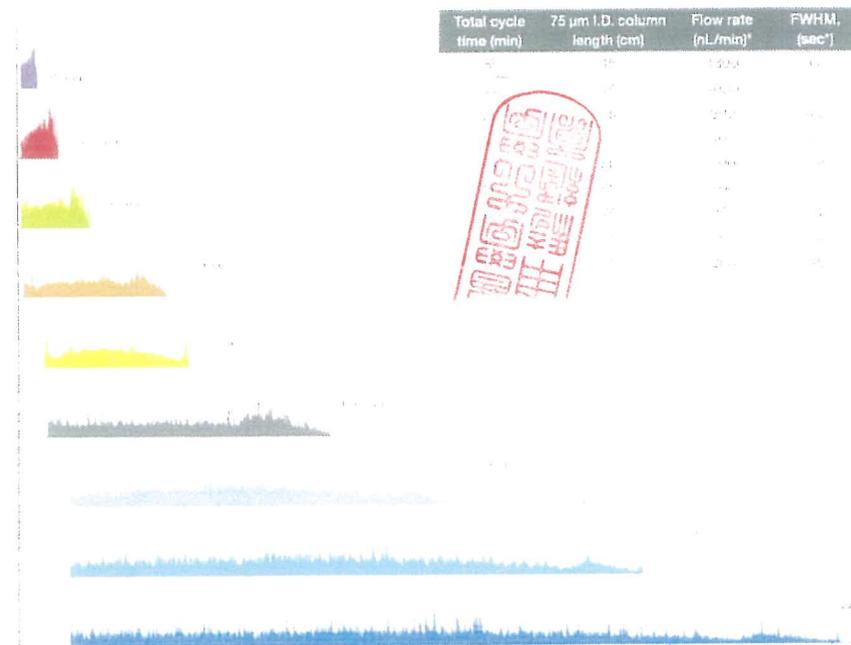


The Varian Neo UHPLC system delivers low rates from 10 nL/min to 100 nL/min to support a wide range of high-sensitivity LC-MS workflows. Its ability to operate at low flow rates (down to 10 nL/min) allows for the use of small sample volumes and high-resolution columns, making it ideal for applications such as proteomics, metabolomics, and environmental analysis.

Versatile high-sensitivity LC-MS workflows

The Varian Neo UHPLC system is designed to support a wide range of high-sensitivity LC-MS workflows. Its compact design and high-pressure capability make it ideal for applications such as proteomics, metabolomics, and environmental analysis.

- Proteomics: Supports the analysis of complex biological samples, such as cell lysates and tissue extracts.
- Metabolomics: Enables the identification and quantification of small molecules in biological systems.
- Environmental analysis: Facilitates the detection and measurement of trace contaminants in water and soil samples.



The Varian Neo UHPLC system is designed to support a wide range of high-sensitivity LC-MS workflows. Its compact design and high-pressure capability make it ideal for applications such as proteomics, metabolomics, and environmental analysis.

Enabling precise temperature control

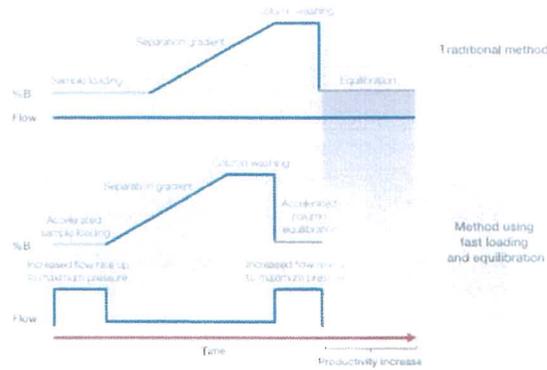
Ideal for micro-flow LC-MS applications, the optional Varquish Neo column compartment provides stable temperature control for linear columns, coiled capillary columns, and trap columns.



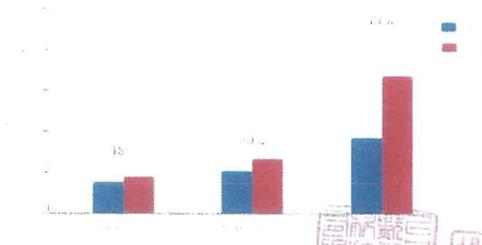
Accelerate productivity

In your lab, every part of your analytical productivity should be at work. The Vantage Neo HPLC system enables you to extract the greatest high quality data from maximum MS utilization.

- High pressure capabilities and ultra-low flow HPLC to run maximum sample throughput for a broad range of column diameters and lengths
- Fast sample-to-sample and column equilibration to reduce dead time and improve MS utilization



Fast sample loading and equilibration increase system productivity

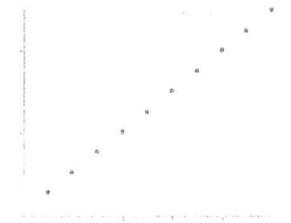


Comparison of sample throughput with and without column equilibration. Estimated increase in sample throughput ranges from 25% to 100% depending on column dimensions.

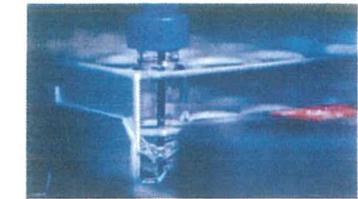


Maximize performance

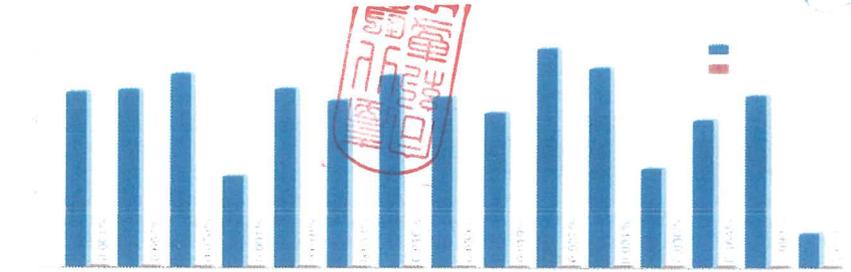
- 250µm columns for high quality data with the smallest particle size available, 1.7µm, for the smallest peak widths and highest resolution
- 150µm columns for faster sample throughput and reduced solvent consumption, with the same resolution as 250µm columns
- 100µm columns for maximum sample throughput and lowest solvent consumption, with the same resolution as 250µm columns
- 50µm columns for maximum sample throughput and lowest solvent consumption, with the same resolution as 250µm columns
- 25µm columns for maximum sample throughput and lowest solvent consumption, with the same resolution as 250µm columns
- 10µm columns for maximum sample throughput and lowest solvent consumption, with the same resolution as 250µm columns



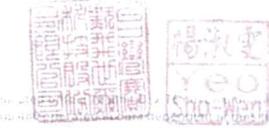
Resolution vs. particle size



High resolution chromatography for the analysis of complex samples



Comparison of sample throughput with and without column equilibration. Estimated increase in sample throughput ranges from 25% to 100% depending on column dimensions.

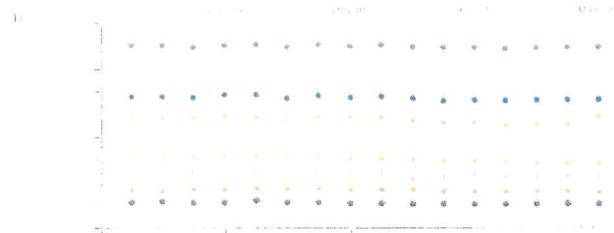
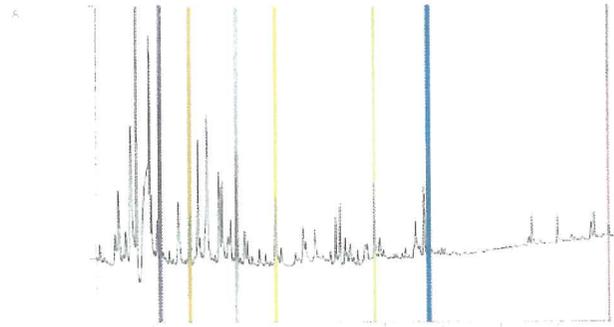




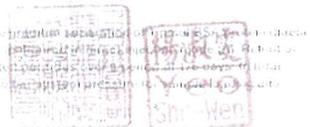
Long-term, trouble-free LC-MS analysis

• High sample throughput and low sample volume
• High peak capacity and resolution
• High sensitivity and selectivity
• High accuracy and precision
• High stability and reliability
• High reproducibility and consistency

- High precision and accuracy
- Reduced cost per sample through the use of the nanoViper fitting
- High sensitivity and selectivity
- High accuracy and precision
- High stability and reliability
- High reproducibility and consistency



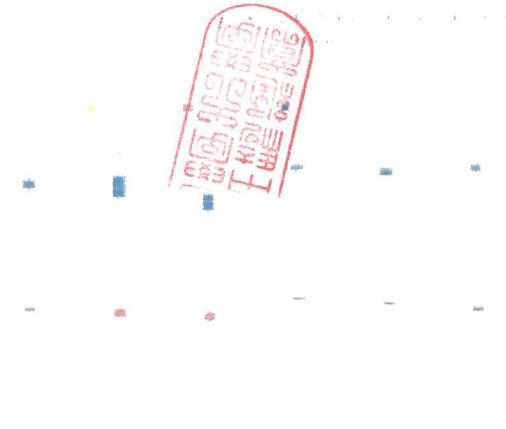
• High precision and accuracy



Confidence in your results

• High precision and accuracy

- High precision and accuracy
- High sensitivity and selectivity
- High accuracy and precision
- High stability and reliability
- High reproducibility and consistency



• High precision and accuracy

Viper and nanoViper fittings

• High precision and accuracy



Superior usability

The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface. The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface. The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface.

- Easy-to-use interface and intuitive flow of design to maximize efficiency and productivity
- Comprehensive maintenance workflow to guide the user through the operation of the instrument
- Easy-to-use interface and intuitive flow of design to maximize efficiency and productivity
- Comprehensive maintenance workflow to guide the user through the operation of the instrument



Guided maintenance procedures minimize instrument downtime.



Warm-up and remote system status monitoring.



Built-in diagnostic procedures reduce time-consuming troubleshooting.



Intelligent operation

The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface. The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface.

The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface. The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface.

1H NMR



The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface. The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface.

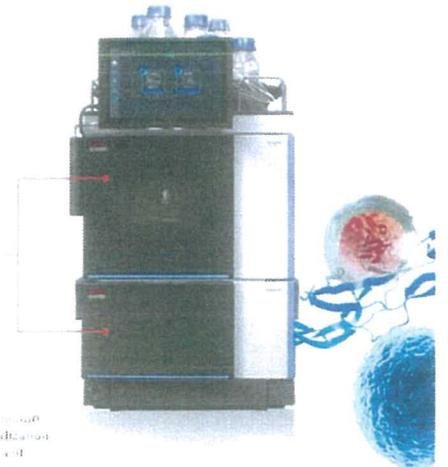
13C NMR



The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface. The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface.

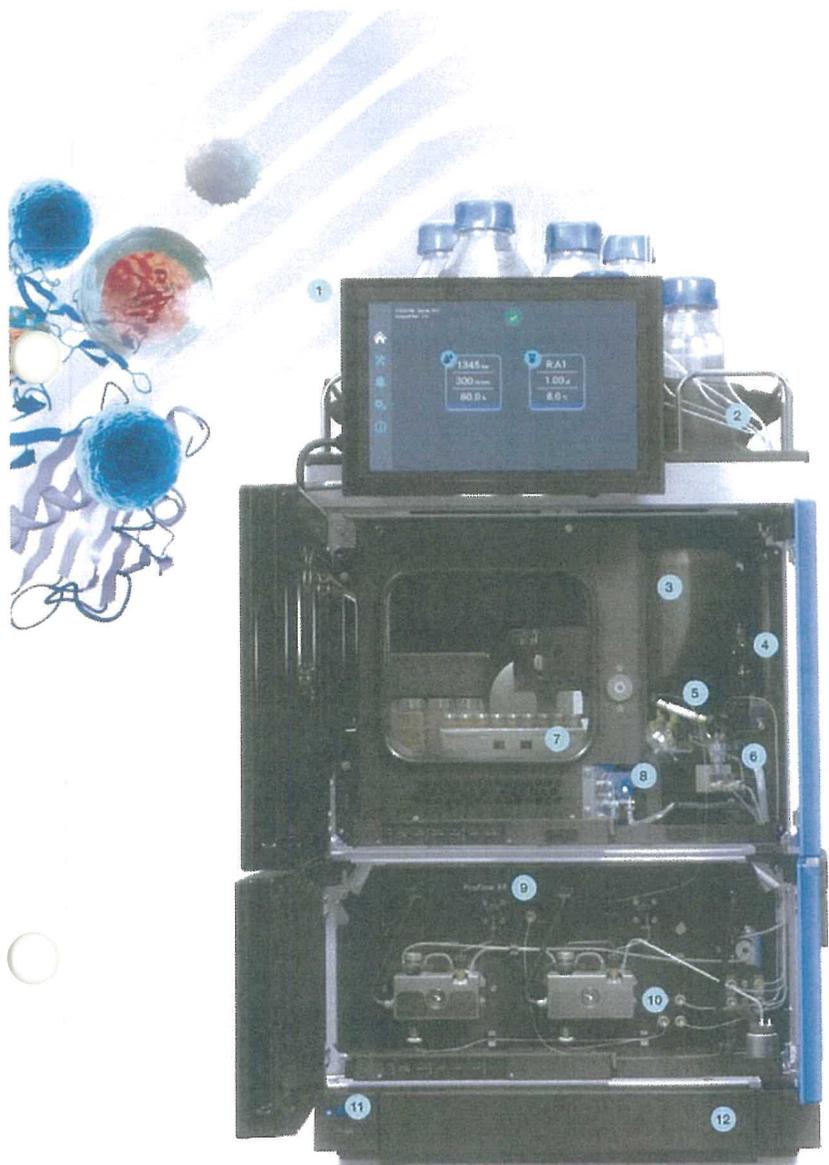
The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface. The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface.

The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface. The Varian 1H and 13C NMR spectrometers are designed to be easy to use, with a focus on the user interface.





Innovating for you



1. Vanquish User interface

The Vanquish User interface is designed to be intuitive and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

2. Ease-of-use

The Vanquish system is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

3. SmartInject Technology

SmartInject Technology is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

4. High-precision metering device

The high-precision metering device is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

5. Workflow versatility

The workflow versatility is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

6. Multi-wash injection routine

The multi-wash injection routine is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

7. Vial bottom detection technology

The vial bottom detection technology is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

8. Standardized fluidic framework

The standardized fluidic framework is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

9. ProFlow XR technology

The ProFlow XR technology is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

10. Fast sample loading and column equilibration

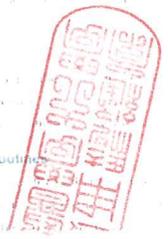
The fast sample loading and column equilibration is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

11. System interlink

The system interlink is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

12. Keep your lab tidy

The keep your lab tidy is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.



Intelligent operation

The intelligent operation is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.

Optional column compartment

The optional column compartment is designed to be easy to use, allowing you to quickly set up and run your method. The interface is designed to be user-friendly and easy to use, allowing you to quickly set up and run your method.



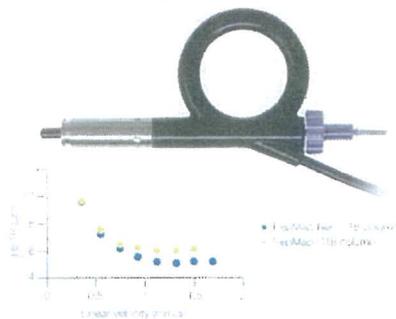
Brilliant separations



Use either heptane or acetonitrile water capillary and micro-flow columns for ultimate sensitivity and resolution. Built on innovative Thermo Scientific Vanquish Neo HPLC system, Hi-Resolution™ HPLC™ PopMap™ Neo columns enable simple, faster, and accurate investigations. Thermo Scientific columns come with 1 µm to 5 µm I.D. for improved resolution, column life, and cost-effective Vanquish Neo HPLC system via flow rates ideal for LC-MS applications.

EASY-Spray columns

Thermo Scientific™ EASY-Spray™ PopMap Neo columns ensure robust nano- and capillary-flow LC-MS analysis. The EASY-Spray integrated column and emitter design virtually eliminates dead volume and is temperature controlled for maximum reliability and performance.



PopMap Neo 5000 column (left) PopMap Neo Thermo Scientific™ PopMap™ Neo 190000 column (right) column I.D. = 50 µm x 75 µm I.D., 2 µm particle, stainless steel.

Trap columns

Trap columns help reduce flow sample loading effects in all on-line methods and are ideal for online or offline sample cleanup. The Thermo Scientific™ PopMap™ Neo trap column is ideal for pressure stabilization.

Linear nano- and capillary-flow columns

Standard columns for nano- and capillary-flow are designed with single nanowire and double nanowire trouble-free connectors for robust separation. Compatible with any MS system source design, they deliver excellent resolution, long column lifetime, and low carry-over.



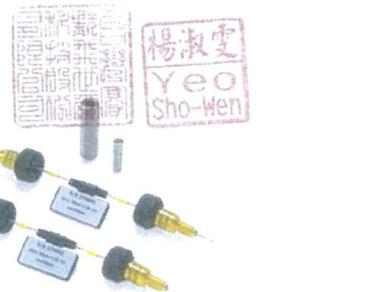
Micro-flow columns

For outstanding peak shapes in microflow chromatography, 1 mm I.D. columns are available in a range of bed sizes.



Emitters

Nano and capillary emitters act as a column-independent sprayer, allowing the introduction of flow into nano- and capillary columns without the troublesome handling of traditional emitters and connectors.



Seamless MS hyphenation

Thermo Scientific™ nano- and capillary-flow LC-MS systems are designed for MS hyphenation and have a wide range of flow rates and particle sizes to meet your needs for LC-MS applications.

- Thermo Scientific™ nano- and capillary-flow LC-MS systems are designed for MS hyphenation and have a wide range of flow rates and particle sizes to meet your needs for LC-MS applications.

• Thermo Scientific™ nano- and capillary-flow LC-MS systems are designed for MS hyphenation and have a wide range of flow rates and particle sizes to meet your needs for LC-MS applications.

• Thermo Scientific™ nano- and capillary-flow LC-MS systems are designed for MS hyphenation and have a wide range of flow rates and particle sizes to meet your needs for LC-MS applications.

• Thermo Scientific™ nano- and capillary-flow LC-MS systems are designed for MS hyphenation and have a wide range of flow rates and particle sizes to meet your needs for LC-MS applications.

Thermo Scientific™ nano- and capillary-flow LC-MS systems are designed for MS hyphenation and have a wide range of flow rates and particle sizes to meet your needs for LC-MS applications.

Thermo Scientific™ nano- and capillary-flow LC-MS systems are designed for MS hyphenation and have a wide range of flow rates and particle sizes to meet your needs for LC-MS applications.

Thermo Scientific™ nano- and capillary-flow LC-MS systems are designed for MS hyphenation and have a wide range of flow rates and particle sizes to meet your needs for LC-MS applications.

Thermo Scientific™ nano- and capillary-flow LC-MS systems are designed for MS hyphenation and have a wide range of flow rates and particle sizes to meet your needs for LC-MS applications.

Thermo Scientific™ nano- and capillary-flow LC-MS systems are designed for MS hyphenation and have a wide range of flow rates and particle sizes to meet your needs for LC-MS applications.

Thermo Scientific LC portfolio overview

Analytical HPLC and UHPLC

Application-specific HPLC and UHPLC

Thermo Scientific™ Vanquish™ Core™ System
Thermo Scientific™ Vanquish™ Method Development™ System
Thermo Scientific™ Vanquish™ Flex™ UHPLC System
Thermo Scientific™ Vanquish™ Horizon™ UHPLC System

Nano-, cap-, micro-flow UHPLC

Dependability



Thermo Scientific™ Vanquish™ Core™ HPLC Systems

- High-pressure capability (up to 1500 bar) for improved resolution and peak capacity
- Dependable performance
- Superior flow control
- Proven reliability and robustness

700 bar

Flexibility

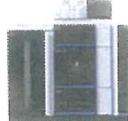


Thermo Scientific™ Vanquish™ Flex™ UHPLC Systems

- High-pressure capability (up to 1500 bar) for improved resolution and peak capacity
- Superior flow control
- Proven reliability and robustness

1000 bar

Performance



Thermo Scientific™ Vanquish™ Horizon™ UHPLC System

- High-pressure capability (up to 1500 bar) for improved resolution and peak capacity
- Superior flow control
- Proven reliability and robustness

1500 bar

Sensitivity



Thermo Scientific™ Vanquish™ Neo™ UHPLC System

- High-pressure capability (up to 1500 bar) for improved resolution and peak capacity
- Superior flow control
- Proven reliability and robustness

1500 bar

Learn more at thermo.com/vanquishneo

For Research Use Only. Not for clinical procedures.

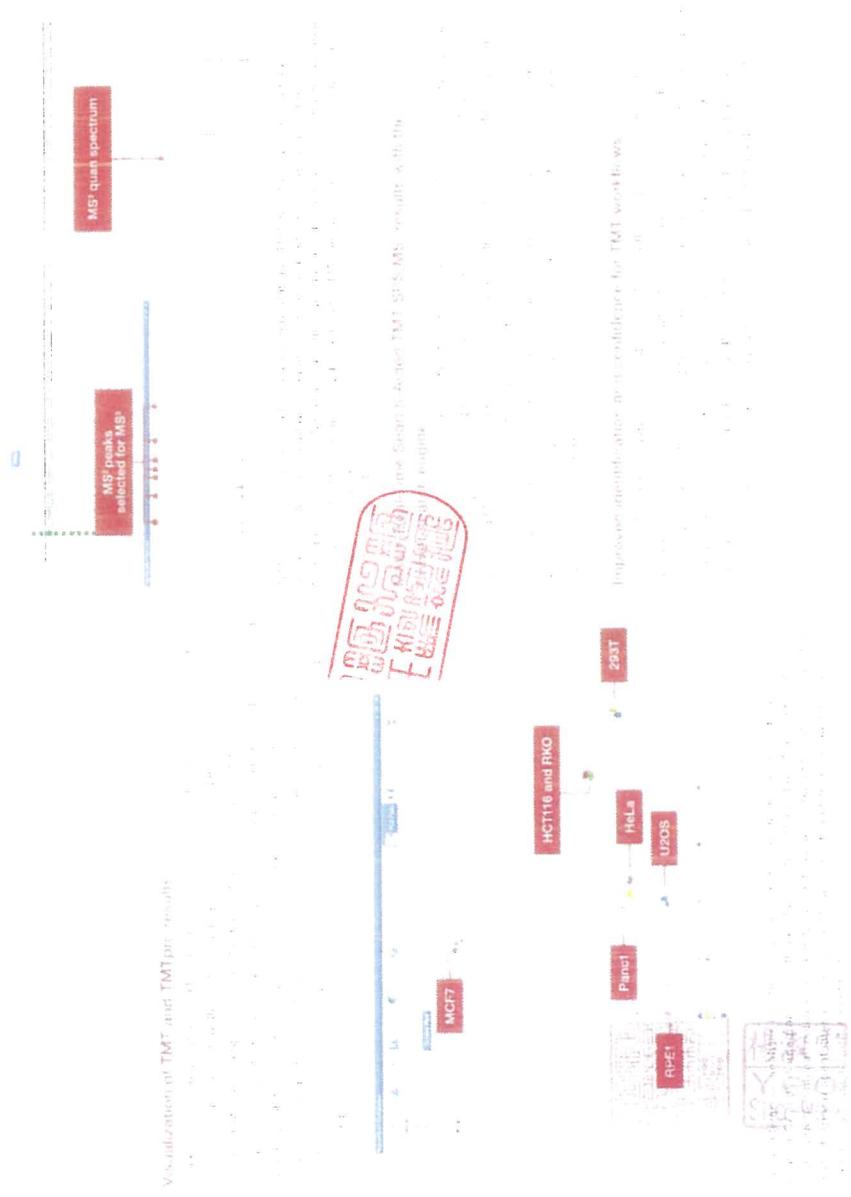
© 2016 Thermo Fisher Scientific Inc.

15-0000-0000

15-0000-0000

007446 EN 02/16

thermo scientific



楊淑雯
Yeo
Sho-wen

MS+ peaks selected for MS-

HCT116 and RMO

298T

HeLa

U2OS

Panc1

RPE1

MG77

Data visualization

Proteome Discoverer is software that is designed to interface for the identification of peptides and proteins. It is designed to be used in conjunction with mass spectrometry data and is designed to be used in conjunction with other software tools.

Peptide views

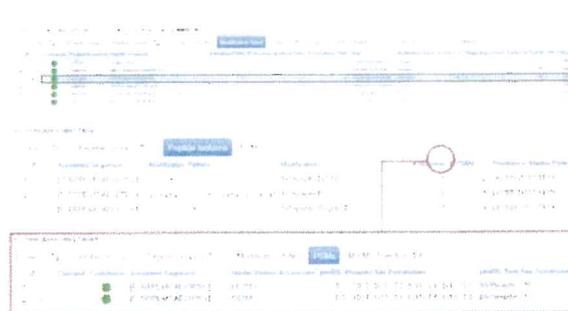
Peptide views are designed to help the user identify peptides and proteins. It is designed to be used in conjunction with mass spectrometry data and is designed to be used in conjunction with other software tools.



The figure shows the view of peptides in the software. It is designed to be used in conjunction with mass spectrometry data and is designed to be used in conjunction with other software tools.

Post translational modification identification and visualization

Proteome Discoverer is designed to identify post-translational modifications (PTMs) in proteins. It is designed to be used in conjunction with mass spectrometry data and is designed to be used in conjunction with other software tools.



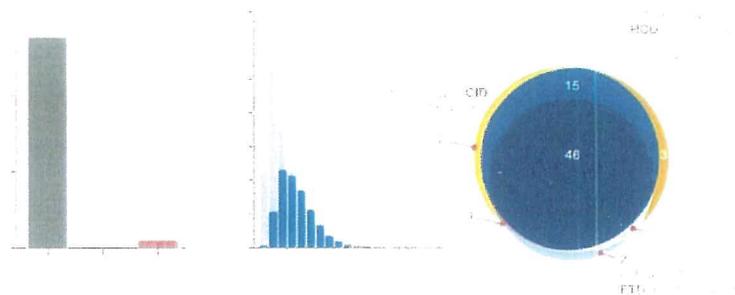
PTMs can be identified and visualized through the results table. It is designed to be used in conjunction with mass spectrometry data and is designed to be used in conjunction with other software tools.

The proteome discoverer software is designed to identify post-translational modifications (PTMs) in proteins. It is designed to be used in conjunction with mass spectrometry data and is designed to be used in conjunction with other software tools.

10

Deeper insights into data

Proteome Discoverer is designed to provide deeper insights into the data. It is designed to be used in conjunction with mass spectrometry data and is designed to be used in conjunction with other software tools.



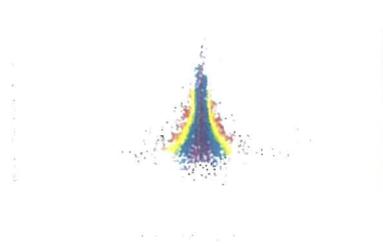
The figure shows the results of the data analysis. It is designed to be used in conjunction with mass spectrometry data and is designed to be used in conjunction with other software tools.

Integrated statistical analysis tools

Proteome Discoverer is designed to provide integrated statistical analysis tools. It is designed to be used in conjunction with mass spectrometry data and is designed to be used in conjunction with other software tools.



Confidence interval chart with abundance ratios



The figure shows the confidence interval chart with abundance ratios. It is designed to be used in conjunction with mass spectrometry data and is designed to be used in conjunction with other software tools.

Volcano plot



The figure shows the volcano plot. It is designed to be used in conjunction with mass spectrometry data and is designed to be used in conjunction with other software tools.

Annotation and pathway mapping

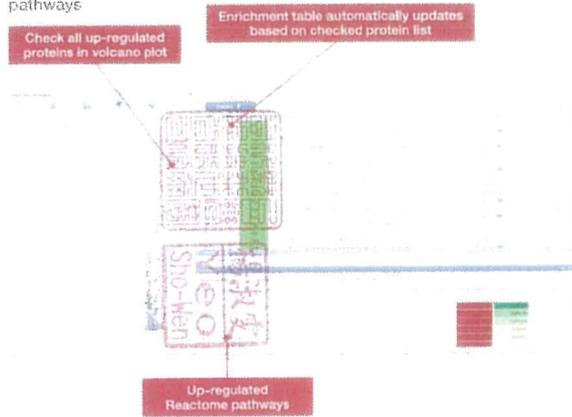
Protein lists can be annotated with Gene Ontology (GO) terms, which describe biological processes, cellular components, and molecular functions. This information can be used to map proteins onto pathways, such as those found in the KEGG database. This helps to understand the biological context of the proteins and how they interact with each other.

GO Annotation: identify biological processes, cellular components, and molecular functions. Map results onto pathways to understand biological context.

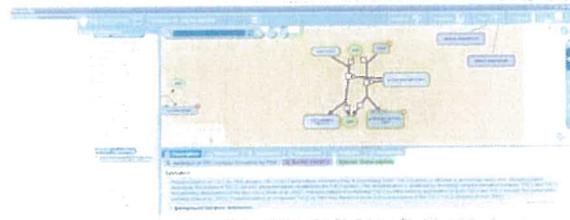


Click on a protein to view its details, including its GO annotations and its position in a pathway.

Interactive enrichment table from graphical results to find overrepresented pathways



Click on a protein in the volcano plot to view its details, including its GO annotations and its position in a pathway. The enrichment table automatically updates based on the checked protein list, showing the top enriched pathways.



Click on a protein in the pathway diagram to view its details, including its GO annotations and its position in a pathway.

Protein crosslinking with XlinkX

Combine crosslinker peptide identification with TMT and LFQ analysis for quantitative structural biology insights

Key features for XlinkX for Proteome Discoverer software	Crosslink modifications	User interface for crosslink modification definition	Predefined workflows	LFQ and TMT quantification	Advanced search capabilities	Export to third party tools
	<ul style="list-style-type: none"> Supports a wide range of crosslinkers, including formaldehyde, glutaraldehyde, and photo-crosslinkers. Allows for the definition of custom crosslinker modifications. Provides a user-friendly interface for defining and managing crosslinker modifications. 	<ul style="list-style-type: none"> Offers a range of predefined workflows for crosslinker identification and quantification. Supports the use of LFQ and TMT for quantitative analysis of crosslinks. 	<ul style="list-style-type: none"> Provides advanced search capabilities for crosslinks, including filtering by protein, modification, and abundance. Allows for the export of crosslink data to third-party tools for further analysis. 			

Figure 1. Screenshot of the XlinkX software interface showing the workflow for crosslinker identification and quantification. The interface includes a user interface for defining crosslinker modifications, a list of predefined workflows, and a section for LFQ and TMT quantification.

Top-down proteomics with ProSightPD software

Comprehensive top-down data analysis and visualization, supporting multiple fragmentation modes, FAIMS, and HCD interface, and detailed proteomics analysis

Key features of ProSightPD software	Prebuilt and Flexible Top-down workflows	Supports advanced acquisition methods and quantification	Powerful database management	Versatile proteoform identification	Display top-down results visualization	Extensive reporting capabilities
	<ul style="list-style-type: none"> Offers a range of prebuilt and flexible top-down workflows for protein identification and quantification. Supports advanced acquisition methods, including FAIMS and HCD. Provides a powerful database management system for storing and searching proteomics data. Offers versatile proteoform identification capabilities, including the identification of protein variants and modifications. Provides detailed visualization of top-down results, including protein maps and fragmentation patterns. Offers extensive reporting capabilities, including the generation of custom reports and visualizations. 	<ul style="list-style-type: none"> Supports advanced acquisition methods, including FAIMS and HCD. Provides a powerful database management system for storing and searching proteomics data. 	<ul style="list-style-type: none"> Offers versatile proteoform identification capabilities, including the identification of protein variants and modifications. Provides detailed visualization of top-down results, including protein maps and fragmentation patterns. 			

Figure 2. Screenshot of the ProSightPD software interface showing the workflow for top-down proteomics analysis. The interface includes a section for prebuilt and flexible top-down workflows, a section for advanced acquisition methods and quantification, a section for powerful database management, a section for versatile proteoform identification, a section for top-down results visualization, and a section for extensive reporting capabilities.



Always web-based monitoring and management

Stay connected to your instruments from anywhere, anytime. All Thermo Scientific application solutions can get the most out of your instruments through the power of the cloud.



Technical and online support: peak performance for your instruments

Helping you keep your instruments running at peak performance is our goal. Whether you're looking for an online technical advisor, product information, useful resources, or direct product support, our status & your demands & your schedule, we have every support option you need to bring to



Stay up and running with unparalleled laboratory services

Give your laboratory a single source for all instrument work services and support. As part of our laboratory and instrument services, we offer a full range of support options, from on-site service to remote support. We have the expertise to help you troubleshoot, maintain, and repair your instruments. Our support is available 24/7, so you can get the help you need when you need it.



Thermo Scientific Orbitrap mass spectrometers
thermo.fisher.com/orbitrap

Thermo Scientific Vanquish Neo UHPLC system
thermo.fisher.com/vanquishneo

For more information, visit thermo.fisher.com or call 1-800-762-4772. We're here to help you get the most out of your instruments.

Learn more at thermo.fisher.com/peptomediscoverer

Peptide sequencing is a complex task. The Thermo Scientific Peptide Discoverer software helps you identify peptides from mass spectrometry data. It uses advanced algorithms to search large databases and identify potential matches. This software is essential for researchers in proteomics and related fields.

thermo scientific

Vanquish Neo UHPLC System—
Binary Pump, N-Split Sampler, NT, Solvent Rack, Vanquish User Interface (VUI), System base with drawer, Ship kit

1. **System Configuration:** The system is configured with a Vanquish Neo UHPLC system, including a binary pump, N-split sampler, NT, solvent rack, and Vanquish User Interface (VUI). The system base includes a drawer and a ship kit.

2. **Software Control:** The system is controlled using the Vanquish User Interface (VUI) software. The software provides a comprehensive set of tools for system configuration, method development, and data analysis.

3. **Performance:** The Vanquish Neo UHPLC system is designed for high performance, offering excellent resolution and sensitivity. It is suitable for a wide range of applications, including pharmaceutical analysis, environmental monitoring, and food safety testing.

4. **Support:** Thermo Scientific provides comprehensive technical support and training for the Vanquish Neo UHPLC system. Our experts are available to assist you with any questions or issues you may have.

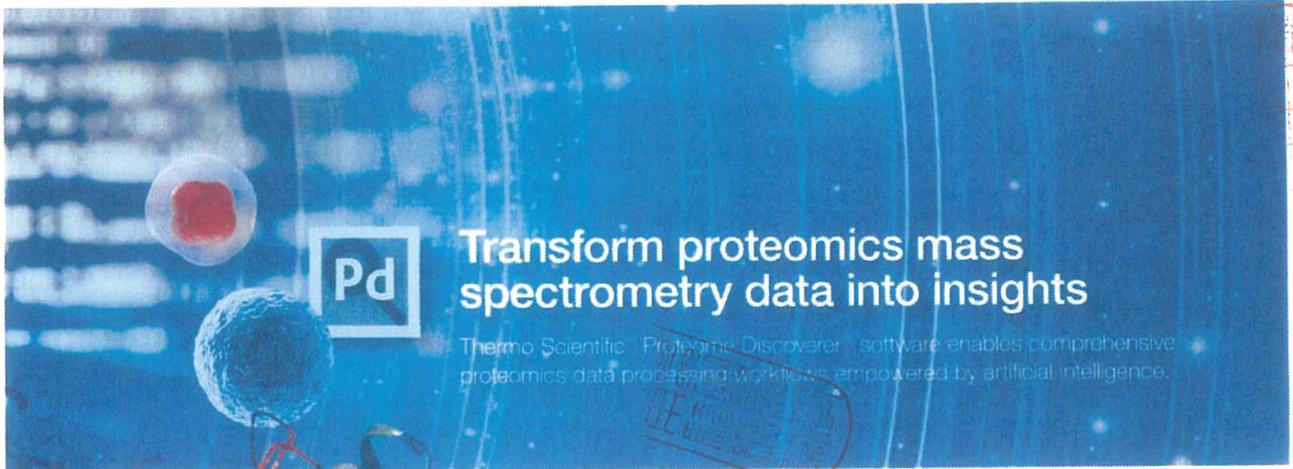
5. **Handwritten Notes:** The document includes handwritten notes in Chinese, including a calculation: 4.854×216.118 . There are also several red circular stamps with Chinese characters and a logo, likely indicating a date or location.

三、(三) 蛋白质组学数据生物信息学

The intelligent protein informatics platform

Thermo Scientific Proteome Discoverer software

thermo scientific

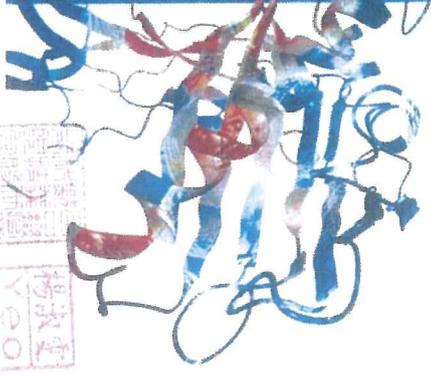


Pd

Transform proteomics mass spectrometry data into insights

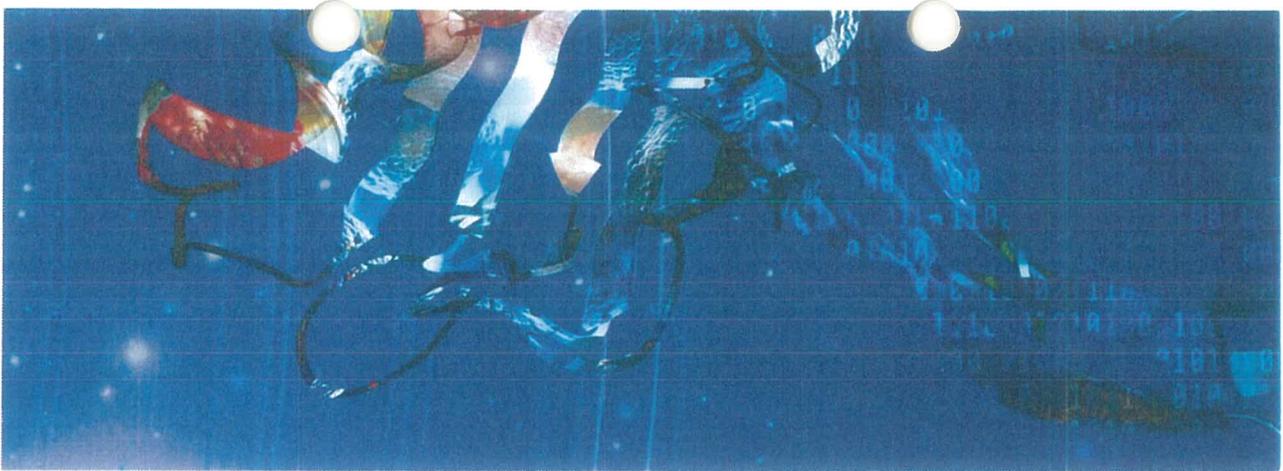
Thermo Scientific Proteome Discoverer software enables comprehensive proteomics data processing workflows empowered by artificial intelligence.

中国科学院
生物信息中心



- **Powerful and flexible framework** Supports a wide range of proteomics data, including label-free quantitative data, TMT, and MS/MS. Supports a wide range of MS/MS data, including MS/MS, MS/MS, and MS/MS. Supports a wide range of MS/MS data, including MS/MS, MS/MS, and MS/MS.
- **Study management** Streamline your workflow with a central dashboard for project management, data storage, and reporting.
- **Enhanced quantitation** Improve your data quality with advanced algorithms for label-free and TMT quantitation.
- **Proteomic data analysis and interpretation** Gain insights into your data with advanced algorithms for protein identification, quantification, and pathway analysis.

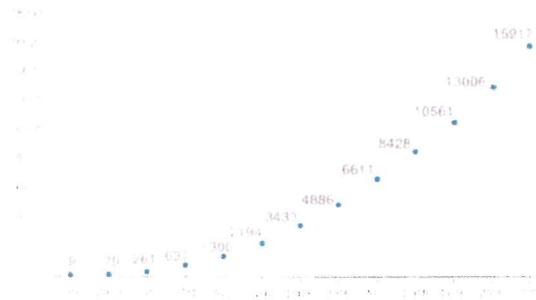
杨波
2018-01-01



Development of a Proteome Discoverer software has been widely used in the field of proteomics research and has been widely applied in various fields.

Proteome Discoverer software in peer-reviewed articles

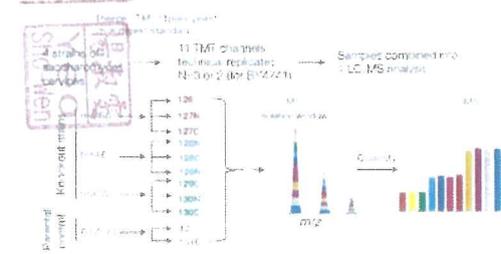
- Bottom-up peptide and protein identification
- Label-free Quantification (LFPQ)
- Robust Mass Tagging including Thermo Scientific™ TMT and Thermo Scientific™ Micro™ Peptide Quantification
- Single-cell proteomics
- Immunoproteomics
- Metaproteomics
- Top-down Proteome identification and Quantification with Thermo Scientific™ ProSight® software
- Crosslinked peptide identification using XlinkX software
- Post-Translational Modification (PTM) Analysis



Transform proteomics mass spectrometry data into insights

Integrated study management

Proteome Discoverer provides a comprehensive suite of tools to manage your proteomics data. From sample acquisition and data acquisition to data processing and analysis, Proteome Discoverer provides a seamless workflow. The software is designed to be easy to use and integrate with other proteomics software. Proteome Discoverer provides a comprehensive suite of tools to manage your proteomics data. From sample acquisition and data acquisition to data processing and analysis, Proteome Discoverer provides a seamless workflow. The software is designed to be easy to use and integrate with other proteomics software.



Proteome Discoverer provides a comprehensive suite of tools to manage your proteomics data. From sample acquisition and data acquisition to data processing and analysis, Proteome Discoverer provides a seamless workflow. The software is designed to be easy to use and integrate with other proteomics software.

Yeast strain		Analysis Results		
Sample Type	Queue Column	Yeast Strain		
Sample	126	Met6		
Sample	127a	Met6		
Sample	127c	Met6		
Sample	128a	Met6		
Sample	128b	Met6		
Sample	128c	Met6		
Sample	130c	Met6		
Sample	131	Met6		
Sample	132	Met6		
Sample	131a	Met6		
Sample	131b	Met6		
Sample	131c	Met6		
Sample	131d	Met6		
Sample	131e	Met6		
Sample	131f	Met6		
Sample	131g	Met6		
Sample	131h	Met6		
Sample	131i	Met6		
Sample	131j	Met6		
Sample	131k	Met6		
Sample	131l	Met6		
Sample	131m	Met6		
Sample	131n	Met6		
Sample	131o	Met6		
Sample	131p	Met6		
Sample	131q	Met6		
Sample	131r	Met6		
Sample	131s	Met6		
Sample	131t	Met6		
Sample	131u	Met6		
Sample	131v	Met6		
Sample	131w	Met6		
Sample	131x	Met6		
Sample	131y	Met6		
Sample	131z	Met6		

Proteome Discoverer provides a comprehensive suite of tools to manage your proteomics data. From sample acquisition and data acquisition to data processing and analysis, Proteome Discoverer provides a seamless workflow. The software is designed to be easy to use and integrate with other proteomics software.

Yeast strain		Analysis Results		
Sample Type	Queue Column	Yeast Strain		
Sample	126	Met6		
Sample	127a	Met6		
Sample	127c	Met6		
Sample	128a	Met6		
Sample	128b	Met6		
Sample	128c	Met6		
Sample	130c	Met6		
Sample	131	Met6		
Sample	132	Met6		
Sample	131a	Met6		
Sample	131b	Met6		
Sample	131c	Met6		
Sample	131d	Met6		
Sample	131e	Met6		
Sample	131f	Met6		
Sample	131g	Met6		
Sample	131h	Met6		
Sample	131i	Met6		
Sample	131j	Met6		
Sample	131k	Met6		
Sample	131l	Met6		
Sample	131m	Met6		
Sample	131n	Met6		
Sample	131o	Met6		
Sample	131p	Met6		
Sample	131q	Met6		
Sample	131r	Met6		
Sample	131s	Met6		
Sample	131t	Met6		
Sample	131u	Met6		
Sample	131v	Met6		
Sample	131w	Met6		
Sample	131x	Met6		
Sample	131y	Met6		
Sample	131z	Met6		

Proteome Discoverer provides a comprehensive suite of tools to manage your proteomics data. From sample acquisition and data acquisition to data processing and analysis, Proteome Discoverer provides a seamless workflow. The software is designed to be easy to use and integrate with other proteomics software.

Pre-defined and customizable processing workflows

Proteomics experiments can require multiple fragmentation types to generate the necessary information for a given study. Proteome Discoverer software supports all Proteome Discoverer spectrometer fragmentation methods for MS¹-to-MSⁿ data including higher energy collisional dissociation (HCD), collision-induced dissociation (CID), electron transfer dissociation (ETD), electron transfer higher energy collisional dissociation (ETHD), ultraviolet photodissociation (UVPD), proton transfer charge reduction (PTCR) and combinations thereof. Uncover more peptides and proteins using the Thermo Scientific™ FAIMS Pro Duo interface for identification and quantification. Customize workflows for multiple MSⁿ modes with alternating CID and ETD fragmentation using the Scan Event Filter and multiple search engines to improve annotation. Deploy the most confident TMT quantification strategies with synchronous precursor selection MSⁿ (SPS-MSⁿ) and Real-Time Search-Aided TMT SPS-MSⁿ with Sequence-IT and INFLYRS Rescoring, the CHIMERYS intelligent search algorithm, or ProteinLab using the Reporter Ion Quantifier mode to rapidly assess MSⁿ ion fragmentation to identify and quantify unknown peptides with the same accuracy that you get when performing MS¹ analysis. Perform a single search with the same MSⁿ data using the same MSⁿ fragmentation method as you would ETD. This method is ideal for MSⁿ analysis.

Proteome Discoverer software supports all Proteome Discoverer spectrometer fragmentation methods for MS¹-to-MSⁿ data including higher energy collisional dissociation (HCD), collision-induced dissociation (CID), electron transfer dissociation (ETD), electron transfer higher energy collisional dissociation (ETHD), ultraviolet photodissociation (UVPD), proton transfer charge reduction (PTCR) and combinations thereof. Uncover more peptides and proteins using the Thermo Scientific™ FAIMS Pro Duo interface for identification and quantification. Customize workflows for multiple MSⁿ modes with alternating CID and ETD fragmentation using the Scan Event Filter and multiple search engines to improve annotation. Deploy the most confident TMT quantification strategies with synchronous precursor selection MSⁿ (SPS-MSⁿ) and Real-Time Search-Aided TMT SPS-MSⁿ with Sequence-IT and INFLYRS Rescoring, the CHIMERYS intelligent search algorithm, or ProteinLab using the Reporter Ion Quantifier mode to rapidly assess MSⁿ ion fragmentation to identify and quantify unknown peptides with the same accuracy that you get when performing MS¹ analysis. Perform a single search with the same MSⁿ data using the same MSⁿ fragmentation method as you would ETD. This method is ideal for MSⁿ analysis.



Powerful data processing workflows tailored to fit advanced instrument acquisition strategies

Proteomics experiments can require multiple fragmentation types to generate the necessary information for a given study. Proteome Discoverer software supports all Proteome Discoverer spectrometer fragmentation methods for MS¹-to-MSⁿ data including higher energy collisional dissociation (HCD), collision-induced dissociation (CID), electron transfer dissociation (ETD), electron transfer higher energy collisional dissociation (ETHD), ultraviolet photodissociation (UVPD), proton transfer charge reduction (PTCR) and combinations thereof. Uncover more peptides and proteins using the Thermo Scientific™ FAIMS Pro Duo interface for identification and quantification. Customize workflows for multiple MSⁿ modes with alternating CID and ETD fragmentation using the Scan Event Filter and multiple search engines to improve annotation. Deploy the most confident TMT quantification strategies with synchronous precursor selection MSⁿ (SPS-MSⁿ) and Real-Time Search-Aided TMT SPS-MSⁿ with Sequence-IT and INFLYRS Rescoring, the CHIMERYS intelligent search algorithm, or ProteinLab using the Reporter Ion Quantifier mode to rapidly assess MSⁿ ion fragmentation to identify and quantify unknown peptides with the same accuracy that you get when performing MS¹ analysis. Perform a single search with the same MSⁿ data using the same MSⁿ fragmentation method as you would ETD. This method is ideal for MSⁿ analysis.

Workflow	Pre-built Proteome Discoverer software workflows	Additional benefit
Real-time search	Real-time search	Identify and quantify unknown peptides with the same accuracy that you get when performing MS ¹ analysis.
Sequence-IT	Sequence-IT	Identify and quantify unknown peptides with the same accuracy that you get when performing MS ¹ analysis.
INFLYRS Rescoring	INFLYRS Rescoring	Identify and quantify unknown peptides with the same accuracy that you get when performing MS ¹ analysis.
CHIMERYS intelligent search	CHIMERYS intelligent search	Identify and quantify unknown peptides with the same accuracy that you get when performing MS ¹ analysis.
Reporter Ion Quantifier	Reporter Ion Quantifier	Identify and quantify unknown peptides with the same accuracy that you get when performing MS ¹ analysis.

楊淑文
Yeo Siew-Ann

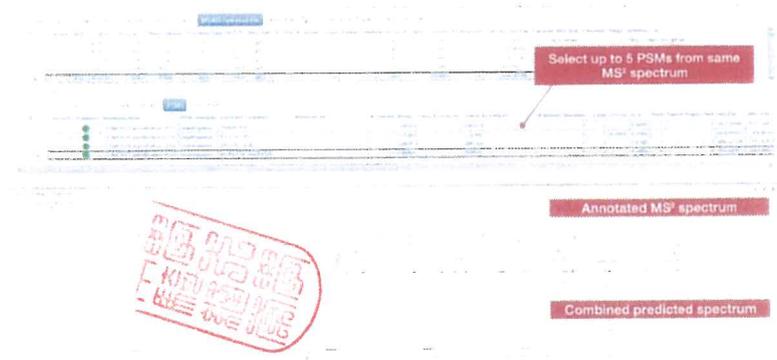
楊淑文
Yeo Siew-Ann

Comprehensive search capabilities empowered by artificial intelligence

A dataset missing a preliminary data by integrating the analysis of tandem mass spectra.

Deconvolution of chimeric spectra with artificial intelligence

Proteome Discoverer software supports all Proteome Discoverer spectrometer fragmentation methods for MS¹-to-MSⁿ data including higher energy collisional dissociation (HCD), collision-induced dissociation (CID), electron transfer dissociation (ETD), electron transfer higher energy collisional dissociation (ETHD), ultraviolet photodissociation (UVPD), proton transfer charge reduction (PTCR) and combinations thereof. Uncover more peptides and proteins using the Thermo Scientific™ FAIMS Pro Duo interface for identification and quantification. Customize workflows for multiple MSⁿ modes with alternating CID and ETD fragmentation using the Scan Event Filter and multiple search engines to improve annotation. Deploy the most confident TMT quantification strategies with synchronous precursor selection MSⁿ (SPS-MSⁿ) and Real-Time Search-Aided TMT SPS-MSⁿ with Sequence-IT and INFLYRS Rescoring, the CHIMERYS intelligent search algorithm, or ProteinLab using the Reporter Ion Quantifier mode to rapidly assess MSⁿ ion fragmentation to identify and quantify unknown peptides with the same accuracy that you get when performing MS¹ analysis. Perform a single search with the same MSⁿ data using the same MSⁿ fragmentation method as you would ETD. This method is ideal for MSⁿ analysis.

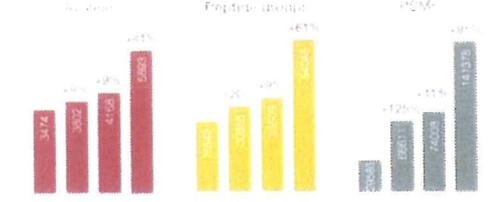


Proteome Discoverer software supports all Proteome Discoverer spectrometer fragmentation methods for MS¹-to-MSⁿ data including higher energy collisional dissociation (HCD), collision-induced dissociation (CID), electron transfer dissociation (ETD), electron transfer higher energy collisional dissociation (ETHD), ultraviolet photodissociation (UVPD), proton transfer charge reduction (PTCR) and combinations thereof. Uncover more peptides and proteins using the Thermo Scientific™ FAIMS Pro Duo interface for identification and quantification. Customize workflows for multiple MSⁿ modes with alternating CID and ETD fragmentation using the Scan Event Filter and multiple search engines to improve annotation. Deploy the most confident TMT quantification strategies with synchronous precursor selection MSⁿ (SPS-MSⁿ) and Real-Time Search-Aided TMT SPS-MSⁿ with Sequence-IT and INFLYRS Rescoring, the CHIMERYS intelligent search algorithm, or ProteinLab using the Reporter Ion Quantifier mode to rapidly assess MSⁿ ion fragmentation to identify and quantify unknown peptides with the same accuracy that you get when performing MS¹ analysis. Perform a single search with the same MSⁿ data using the same MSⁿ fragmentation method as you would ETD. This method is ideal for MSⁿ analysis.

CHIMERYS intelligent search algorithm workflow



Continuous innovation to dig deeper into data



Proteome Discoverer software supports all Proteome Discoverer spectrometer fragmentation methods for MS¹-to-MSⁿ data including higher energy collisional dissociation (HCD), collision-induced dissociation (CID), electron transfer dissociation (ETD), electron transfer higher energy collisional dissociation (ETHD), ultraviolet photodissociation (UVPD), proton transfer charge reduction (PTCR) and combinations thereof. Uncover more peptides and proteins using the Thermo Scientific™ FAIMS Pro Duo interface for identification and quantification. Customize workflows for multiple MSⁿ modes with alternating CID and ETD fragmentation using the Scan Event Filter and multiple search engines to improve annotation. Deploy the most confident TMT quantification strategies with synchronous precursor selection MSⁿ (SPS-MSⁿ) and Real-Time Search-Aided TMT SPS-MSⁿ with Sequence-IT and INFLYRS Rescoring, the CHIMERYS intelligent search algorithm, or ProteinLab using the Reporter Ion Quantifier mode to rapidly assess MSⁿ ion fragmentation to identify and quantify unknown peptides with the same accuracy that you get when performing MS¹ analysis. Perform a single search with the same MSⁿ data using the same MSⁿ fragmentation method as you would ETD. This method is ideal for MSⁿ analysis.

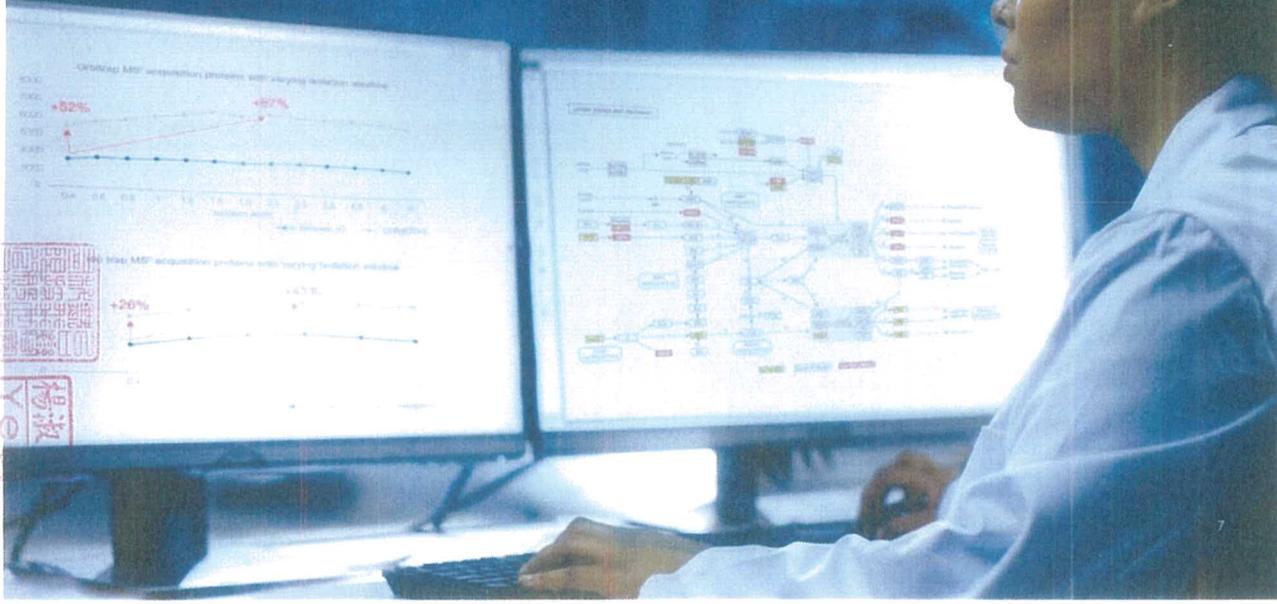
楊淑文
Yeo Siew-Ann

楊淑文
Yeo Siew-Ann

Not just software— wide window acquisition

Optimize instrument acquisition
methods with Proteome Discoverer
software with CHIMERY5

The data-dependent acquisition of proteomics samples traditionally utilizes narrow isolation windows to reduce the co-isolation of multiple peptides due to limitations in the ability of search engines to deconvolute chimeric spectra. In contrast to these traditional constraints, the CHIMERY5 intelligent search algorithm utilizes artificial intelligence to rethink the analysis of tandem mass spectra from the ground up to enable the deconvolution of complex chimeric spectra and enables new strategies of data acquisition. Employing wider precursor isolation windows for MS² data acquisition paired with data processing using CHIMERY5 allows for even larger increases in performance for both Orbitrap/Orbitrap and Orbitrap/Ion Trap acquisition methods. Acquiring MS² data with the Orbitrap provides the biggest improvements with isolation widths between 2–4 Th and Ion Trap data acquisition plateaus around 1.5 Th. The pairing of optimized data acquisition and processing strategies provides synergistic benefits by increasing instrument utilization through the simultaneous fragmentation of more peptides per tandem mass spectrum collected and the deconvolution of the resulting chimeric spectra to accurately interpret the resulting data complexity with CHIMERY5.



Improving confidence in search results using INFERYS Rescoring

Changes in the identification of proteins in a sample can be caused by a number of factors, including changes in the abundance of the proteins, changes in the abundance of the peptides, or changes in the abundance of the peptides. These changes can be caused by a number of factors, including changes in the abundance of the proteins, changes in the abundance of the peptides, or changes in the abundance of the peptides. These changes can be caused by a number of factors, including changes in the abundance of the proteins, changes in the abundance of the peptides, or changes in the abundance of the peptides.

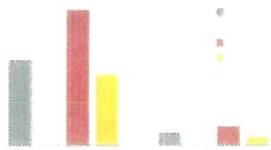
Protein identification is a complex task that requires the use of sophisticated search engines. The use of INFERYS Rescoring can improve the confidence in search results by re-scoring the results based on a number of factors, including the abundance of the proteins, the abundance of the peptides, and the abundance of the peptides. This can help to identify the most likely proteins in a sample and reduce the number of false positives.

Protein identification is a complex task that requires the use of sophisticated search engines. The use of INFERYS Rescoring can improve the confidence in search results by re-scoring the results based on a number of factors, including the abundance of the proteins, the abundance of the peptides, and the abundance of the peptides. This can help to identify the most likely proteins in a sample and reduce the number of false positives.

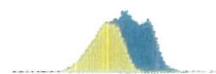


The INFERYS Rescoring engine is a software tool that re-scores the results of a search engine to improve the confidence in the results. It uses a number of factors, including the abundance of the proteins, the abundance of the peptides, and the abundance of the peptides, to re-score the results. This can help to identify the most likely proteins in a sample and reduce the number of false positives.

HT-4 class - peptides



Sequest HT



Sequest HT with INFERRES Rescoring

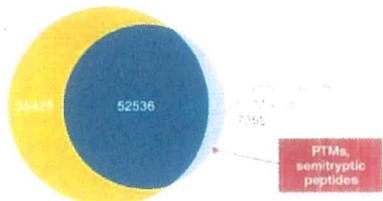


INFERRES is a novel search engine that... (text describing the search engine's capabilities and performance improvements)

Mix and match search engines with an extensible framework



By mixing and matching... (text explaining the flexibility and benefits of the framework)



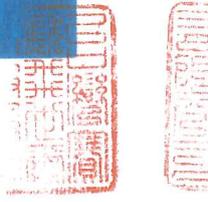
INFERRES identifies 17% more peptides... (text discussing the increased identification of PTMs and semioptic peptides)

Label-free quantification workflows

<p>Support for single or multidimensional separations</p> <ul style="list-style-type: none"> • 1D, 2D, 3D, 4D, 5D • 1D, 2D, 3D, 4D, 5D • 1D, 2D, 3D, 4D, 5D 	<p>Predefined LFQ workflows</p> <ul style="list-style-type: none"> • 1D, 2D, 3D, 4D, 5D • 1D, 2D, 3D, 4D, 5D • 1D, 2D, 3D, 4D, 5D 	<p>Peptide identification</p> <ul style="list-style-type: none"> • Multiple search engines • Multiple search engines • Multiple search engines
<p>Unique approach for ratio and p-value calculation</p> <ul style="list-style-type: none"> • Unique approach for ratio and p-value calculation • Unique approach for ratio and p-value calculation • Unique approach for ratio and p-value calculation 	<p>LFQ visualization tools</p> <ul style="list-style-type: none"> • LFQ visualization tools • LFQ visualization tools • LFQ visualization tools 	<p>Statistical analysis and visualization tools</p> <ul style="list-style-type: none"> • Statistical analysis and visualization tools • Statistical analysis and visualization tools • Statistical analysis and visualization tools

Comprehensive quantification capabilities... (text describing the advanced features of the LFQ workflows)

Key features/benefits of label-free quantification workflows



Identify and quantify more proteins and peptides with artificial intelligence

Deep learning-based methods for protein and peptide identification and quantification in LC-MS/MS data have shown significant improvements in accuracy and sensitivity. These methods leverage neural networks to learn complex patterns in the data, enabling the identification of low-abundance and highly modified peptides. The use of artificial intelligence in this field is rapidly advancing, leading to more comprehensive proteomic profiles and improved understanding of biological systems.

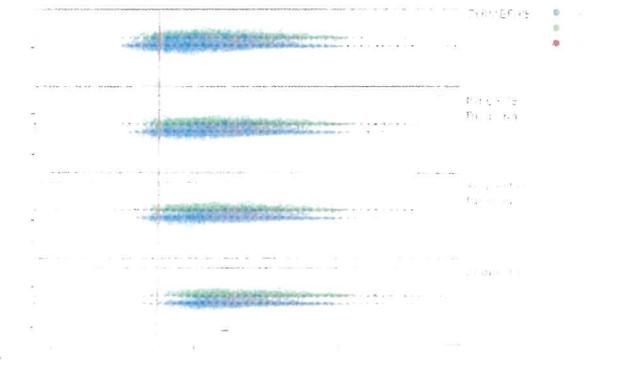
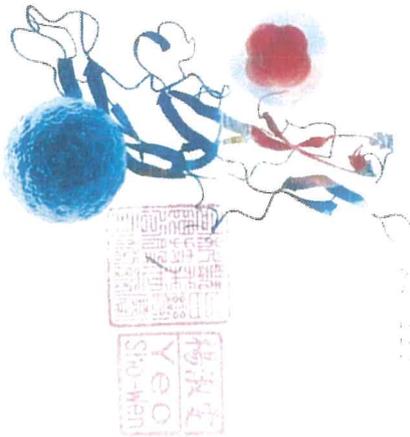


Figure 1: Identification and quantification of proteins and peptides using deep learning. The bar chart shows the number of identified proteins (3180), peptides (2311), and fragments (1762). The heatmap below illustrates the relative abundance of these molecules across various experimental conditions.

Integrated statistical analysis and visualization tools

Advanced statistical analysis and visualization tools are essential for interpreting large-scale proteomic data. These tools provide comprehensive statistical summaries, including mean values, standard deviations, and significance testing. They also offer interactive visualization capabilities, such as heatmaps and bar charts, to facilitate the exploration of complex datasets and the identification of key biological insights.

These tools often integrate machine learning algorithms to identify patterns and predict outcomes based on the data. By combining statistical analysis with visualization, researchers can gain a deeper understanding of their data and make more informed decisions in their field of study.



Figure 2: Screenshot of LFQ results presentation software. The table displays protein identification results, including protein names, accession numbers, scores, and significance values. The bar chart below shows the relative abundance of these proteins.

ThermoFisher
SCIENTIFIC

台灣泰凱世蘭科技股份有限公司
11420 台北市內湖區學府路111號11樓
電話: (02)2793-6000
傳真: (02)2793-5353

機號: TMU112-277

奈米微波波相層析高解析質譜儀壹套

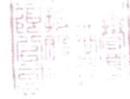
電腦規格確認提供與標案需求之相符規格

三、儀器控制及數據分析用電腦組合分析軟體壹套 電腦規格如下

- (一)儀器控制用桌上型電腦壹套 功能規格如下
1. 作業系統: Windows 10 pro 以上單一版本
 2. 中央處理器: Intel Core i7(含)以上
 3. 記憶體: 32 GB DDR5(含)以上
 4. 系統硬碟: 1TB SSD(含)以上
 5. 資料儲存硬碟: 4TB HDD(含)以上
 6. 液晶螢幕: 27吋(含)以上
- (二)數據分析用桌上型電腦壹套 功能規格如下
1. 作業系統: Windows 10 pro 以上單一版本
 2. 中央處理器: Intel Core i9(含)以上
 3. 記憶體: 128 GB DDR4(含)以上
 4. 系統硬碟: 2TB SSD(含)以上
 5. 資料儲存硬碟: 16TB HDD(含)以上
 6. 液晶螢幕: 27吋(含)以上

(三)
5.
確錄

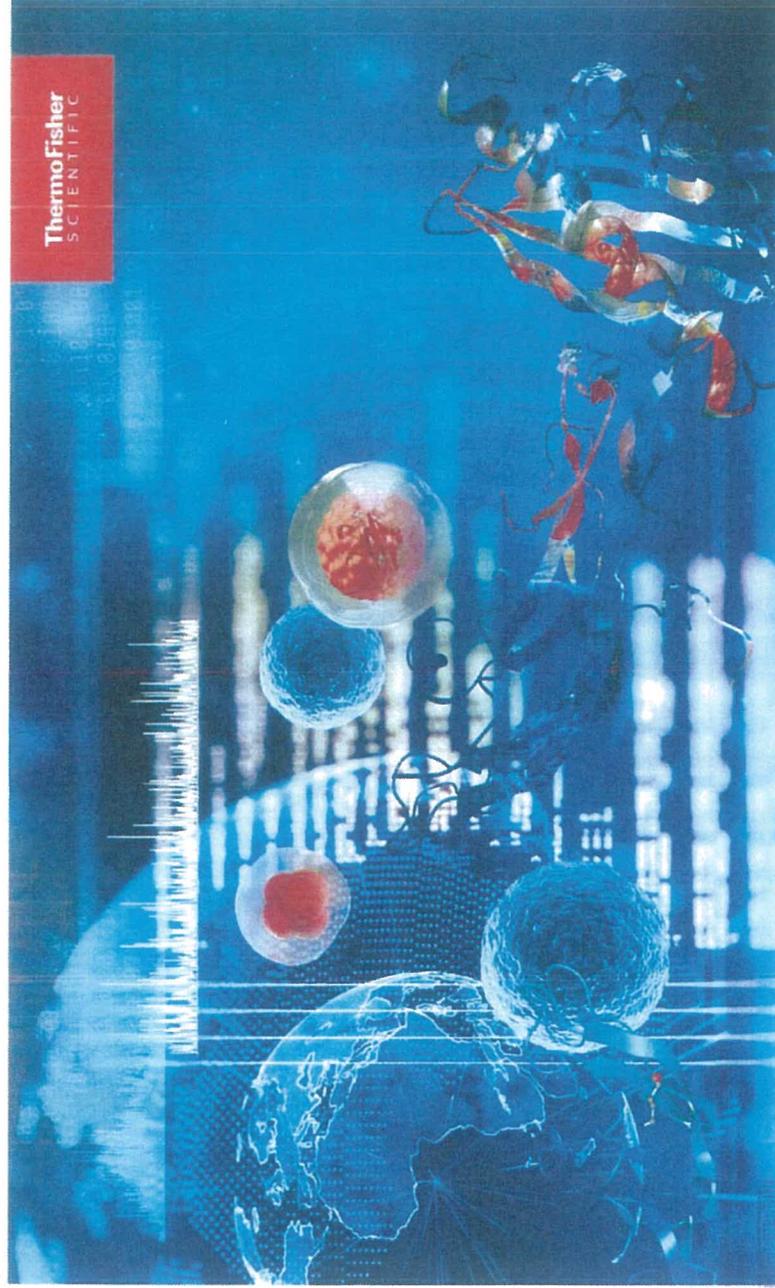
(三) 蛋白數據分析軟體之安裝與正常運作並具永久使用授權



Yeo
Sho-Wen



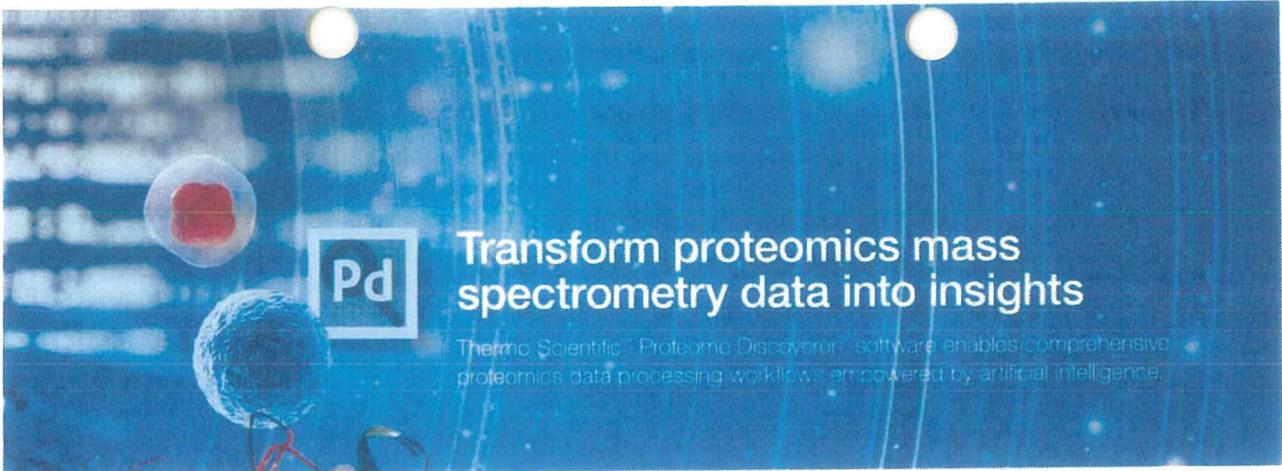
三、(三) 蛋白數據分析軟體



The intelligent protein informatics platform

Thermo Scientific Proteome Discoverer software

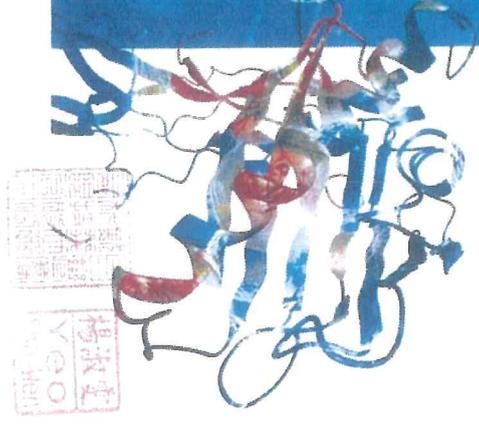
thermo scientific



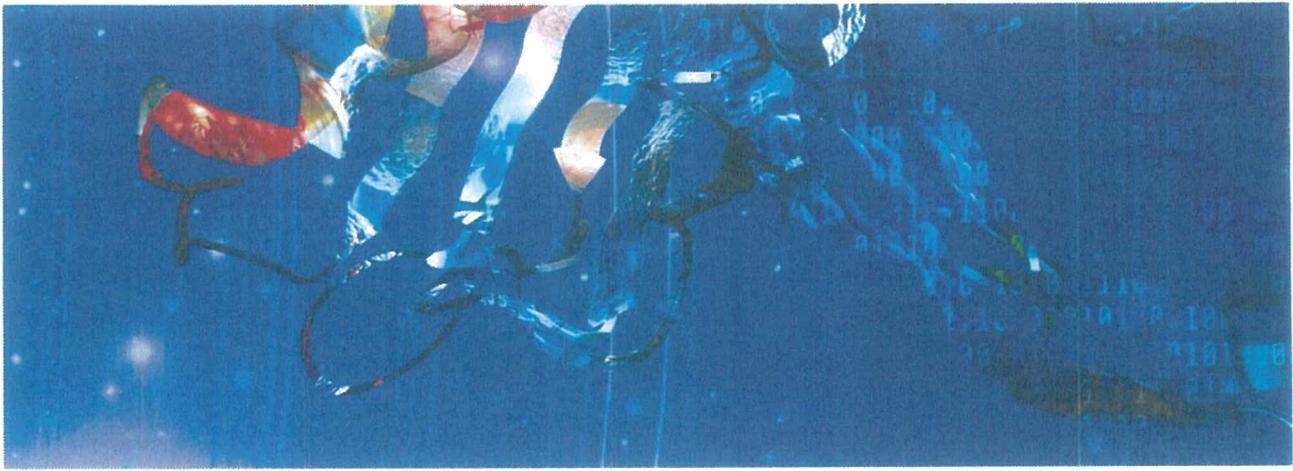
Pd

Transform proteomics mass spectrometry data into insights

Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ software enables comprehensive proteomics data processing workflows empowered by artificial intelligence.



- **Powerful and flexible framework:** Proteome Discoverer™ 2.5 provides state-of-the-art proteomics data processing capabilities for MS/MS data. It supports a wide range of MS/MS data types, including raw data, peak lists, and search engines. Proteome Discoverer™ 2.5 also includes a comprehensive suite of tools for data visualization and reporting, including a built-in report generator and a comprehensive set of data visualization tools.
- **Stable management:** Proteome Discoverer™ 2.5 provides a comprehensive set of tools for data management, including a built-in database and a comprehensive set of data visualization tools.
- **Biological annotation:** Proteome Discoverer™ 2.5 provides a comprehensive set of tools for biological annotation, including a built-in database and a comprehensive set of data visualization tools.
- **Powerful and flexible result visualization and interpretation:** Proteome Discoverer™ 2.5 provides a comprehensive set of tools for result visualization and interpretation, including a built-in database and a comprehensive set of data visualization tools.

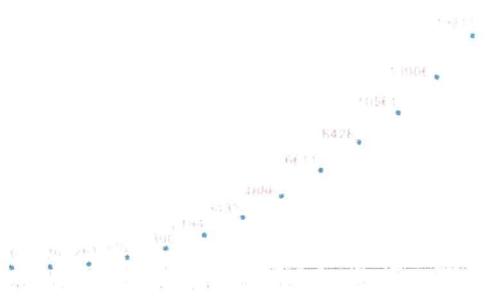


Proteome Discoverer™ 2.5 provides a comprehensive set of tools for proteomics data processing and analysis.

Proteome Discoverer™ software in peer-reviewed articles

- [Fast and accurate protein identification](#)
- [Comprehensive proteomic data analysis](#)
- [Protein, Mass Tagging, and Thermo Scientific™ TMT™ and Proteome Discoverer™](#)
- [Single-cell proteomics](#)
- [Biological annotation](#)

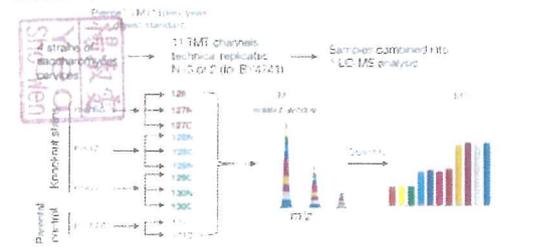
- [Metabolic flux](#)
- [Protein-protein interactions and protein-protein networks](#)
- [Comprehensive peptide identification](#)
- [Fast and accurate MS/MS data analysis](#)



Transform proteomics mass spectrometry data into insights

Integrated study management

Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples. Empower your workflow with the flexibility of multiple levels of data files and quantitative variables. The workflow starts with a list of sample variables to be run out, then a data acquisition method, the generation of experimental data files, and the generation of raw data files. Before generating and quantifying variables, you can generate a list of variables to be run out, then a list of variables to be run out, then a list of variables to be run out, then a list of variables to be run out.



The workflow starts with a list of sample variables to be run out, then a list of variables to be run out, then a list of variables to be run out, then a list of variables to be run out.

Sample	Type	Gen	Chem	Yeast Strain
Sample 1	126	Met6		
Sample 2	127	Met6		
Sample 3	128	Met6		
Sample 4	129	Met6		
Sample 5	130	Met6		
Sample 6	131	Met6		
Sample 7	132	Met6		
Sample 8	133	Met6		
Sample 9	134	Met6		
Sample 10	135	Met6		
Sample 11	136	Met6		
Sample 12	137	Met6		
Sample 13	138	Met6		
Sample 14	139	Met6		
Sample 15	140	Met6		
Sample 16	141	Met6		
Sample 17	142	Met6		
Sample 18	143	Met6		
Sample 19	144	Met6		
Sample 20	145	Met6		

Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.

Sample Name	Sample Type	Gen	Chem	Yeast Strain
Sample 1	126	Met6		
Sample 2	127	Met6		
Sample 3	128	Met6		
Sample 4	129	Met6		
Sample 5	130	Met6		
Sample 6	131	Met6		
Sample 7	132	Met6		
Sample 8	133	Met6		
Sample 9	134	Met6		
Sample 10	135	Met6		
Sample 11	136	Met6		
Sample 12	137	Met6		
Sample 13	138	Met6		
Sample 14	139	Met6		
Sample 15	140	Met6		
Sample 16	141	Met6		
Sample 17	142	Met6		
Sample 18	143	Met6		
Sample 19	144	Met6		
Sample 20	145	Met6		

Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.

Pre-defined and customizable processing workflows

Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples. The workflow starts with a list of sample variables to be run out, then a list of variables to be run out, then a list of variables to be run out, then a list of variables to be run out.



The workflow starts with a list of sample variables to be run out, then a list of variables to be run out, then a list of variables to be run out, then a list of variables to be run out.

Powerful data processing workflows tailored to fit advanced instrument acquisition strategies

Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples. The workflow starts with a list of sample variables to be run out, then a list of variables to be run out, then a list of variables to be run out, then a list of variables to be run out.

Workflow	Pre-built Proteome Discoverer software workflows	Additional benefit
Real-time	Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.	
Sampled into TMT channels, technical replicates N=5 or 2 (or B/G/R)	Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.	
Sample combined into TMT MS analysis	Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.	
Counts	Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.	
Relative abundance	Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.	
Sampled into TMT channels, technical replicates N=5 or 2 (or B/G/R)	Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.	
Sample combined into TMT MS analysis	Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.	
Counts	Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.	
Relative abundance	Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.	

Proteome Discoverer's integrated workflow enables the ability to manage your proteomics experimental workflow to generate and analyze data from multiple samples.

Comprehensive search capabilities empowered by artificial intelligence

A deeper mining of proteomics data by reimagining the analysis of tandem mass spectra.

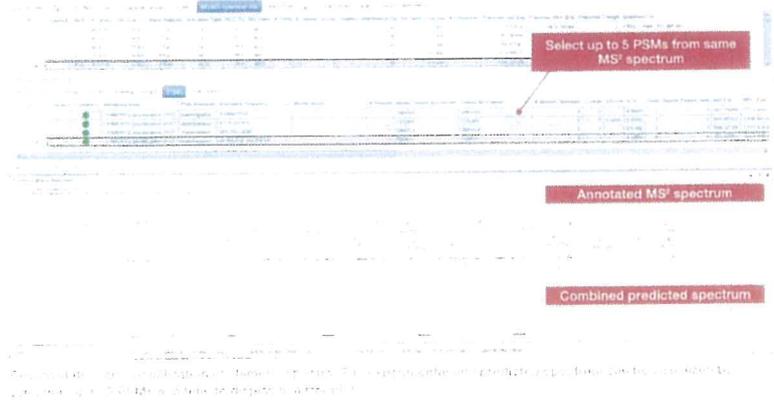
Deconvolution of chimeric spectra with artificial intelligence

CHIMERYs intelligent search algorithm workflow

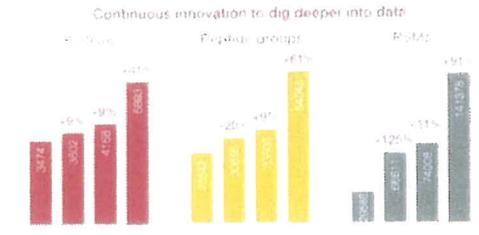
1. Maximum length
2. Isolation width
3. MS/MS search engine
4. Deconvolution

Continuous innovation to dig deeper into data

Peptide groups: 3174 (+8%), 3802 (+8%), 4158 (+9%), 4580 (+11%)
 Peptide groups: 3980 (+26%), 4352 (+17%), 4775 (+11%)
 Peptide groups: 4951 (+12%), 5402 (+11%), 6137 (+11%)



CHIMERYs intelligent search algorithm workflow



The CHIMERYs intelligent search algorithm and the product 70% increase in search space for Orbitrap and Ion Trap data acquisition. (64% on Orbitrap) By increasing isolation width, the number of peptides per MS/MS spectrum

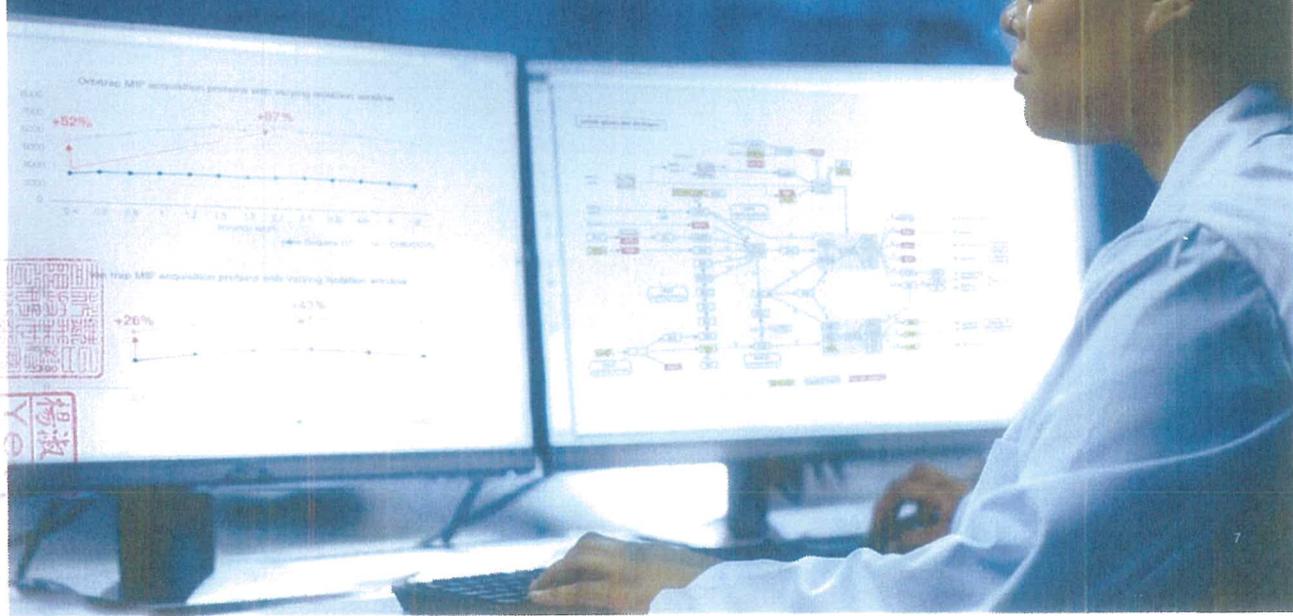
(三), 4, 物產 智能 搜索 引擎
CHIMERYs



Not just software—wide window acquisition

Optimize instrument acquisition methods with Proteome Discoverer software with CHIMERYs

The data-dependent acquisition of proteomics samples traditionally utilizes narrow isolation windows to reduce the co-isolation of multiple peptides due to limitations in the ability of search engines to deconvolute chimeric spectra. In contrast to these traditional constraints, the CHIMERYs intelligent search algorithm utilizes artificial intelligence to rethink the analysis of tandem mass spectra from the ground up to enable the deconvolution of complex chimeric spectra and enables new strategies of data acquisition. Employing wider precursor isolation windows for MSⁿ data acquisition paired with data processing using CHIMERYs allows for even larger increases in performance for both Orbitrap/Orbitrap and Orbitrap/Ion Trap acquisition methods. Acquiring MSⁿ data with the Orbitrap provides the biggest improvements with isolation widths between 2–4 Th and Ion Trap data acquisition plateaus around 1.5 Th. The pairing of optimized data acquisition and processing strategies provides synergistic benefits by increasing instrument utilization through the simultaneous fragmentation of more peptides per tandem mass spectrum collected and the deconvolution of the resulting chimeric spectra to accurately interpret the resulting data complexity with CHIMERYs.

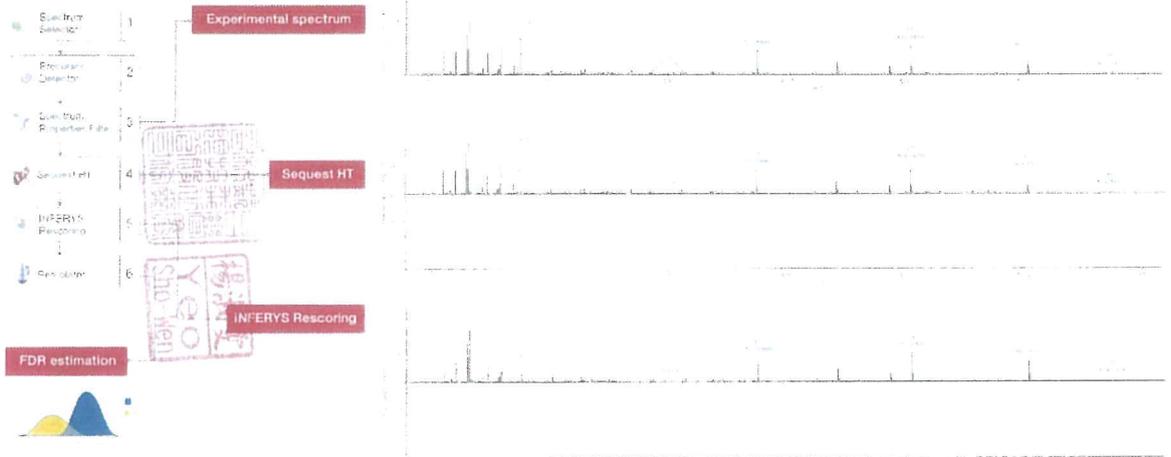


Improving confidence in search results using INFERYS Rescoring

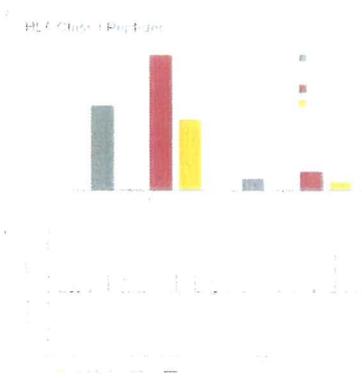
By applying the rescoring algorithm to the output from a search engine, INFERYS Rescoring can improve the confidence in search results. INFERYS Rescoring is a post-search algorithm that can be applied to the output of any search engine. The algorithm works by re-ranking the search results based on the INFERYS Rescoring score. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm.

The INFERYS Rescoring algorithm is a post-search algorithm that can be applied to the output of any search engine. The algorithm works by re-ranking the search results based on the INFERYS Rescoring score. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm.

The INFERYS Rescoring algorithm is a post-search algorithm that can be applied to the output of any search engine. The algorithm works by re-ranking the search results based on the INFERYS Rescoring score. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm.



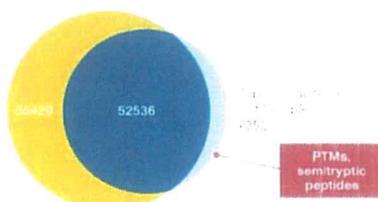
The INFERYS Rescoring algorithm is a post-search algorithm that can be applied to the output of any search engine. The algorithm works by re-ranking the search results based on the INFERYS Rescoring score. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm.



The INFERYS Rescoring algorithm is a post-search algorithm that can be applied to the output of any search engine. The algorithm works by re-ranking the search results based on the INFERYS Rescoring score. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm.

Mix and match search engines with an extensible framework

The INFERYS Rescoring algorithm is a post-search algorithm that can be applied to the output of any search engine. The algorithm works by re-ranking the search results based on the INFERYS Rescoring score. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm.



The INFERYS Rescoring algorithm is a post-search algorithm that can be applied to the output of any search engine. The algorithm works by re-ranking the search results based on the INFERYS Rescoring score. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm.

The INFERYS Rescoring algorithm is a post-search algorithm that can be applied to the output of any search engine. The algorithm works by re-ranking the search results based on the INFERYS Rescoring score. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm. The INFERYS Rescoring score is calculated based on the INFERYS Rescoring algorithm.

Label-free quantification workflows

Key features/benefits of label-free quantification workflows

Support for single or multidimensional separations

- 1D, 2D, 3D, 4D, 5D, 6D
- 1D, 2D, 3D, 4D, 5D, 6D



Predefined LFQ workflows

- Simple 1D workflow
- 2D workflow
- 3D workflow



Peptide identification

- Multiple search engines
- Precursor Detector
- MS/MS Fingerprinting
- SIMLR's Intelligent Search Algorithm



Comprehensive quantification capabilities

Key features/benefits of label-free quantification workflows include the ability to handle a wide range of sample types, from simple 1D to complex 6D separations. The software supports various search engines and algorithms for peptide identification, ensuring high accuracy and sensitivity. Additionally, the workflow includes advanced statistical analysis and visualization tools, allowing for a thorough understanding of the data. The system is designed to be user-friendly and efficient, making it suitable for both research and clinical applications.

Unique approach for ratio and p-value calculation

- Ratio calculation
- P-value calculation



LFQ visualization tools

- Heatmaps
- 2D plots
- 3D plots



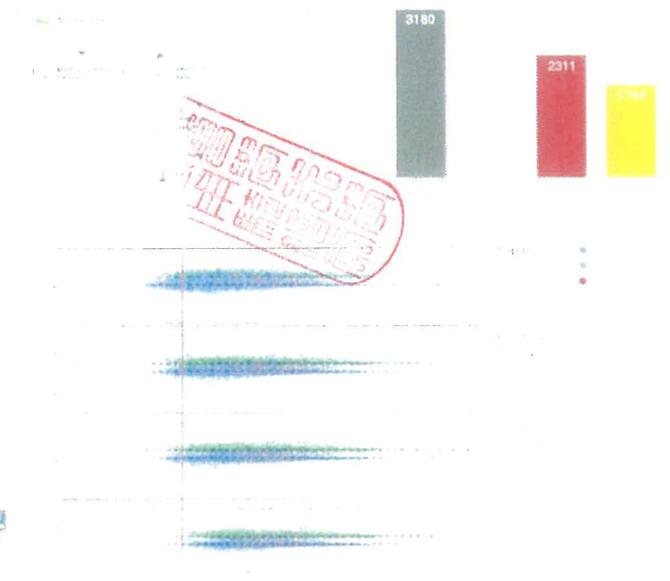
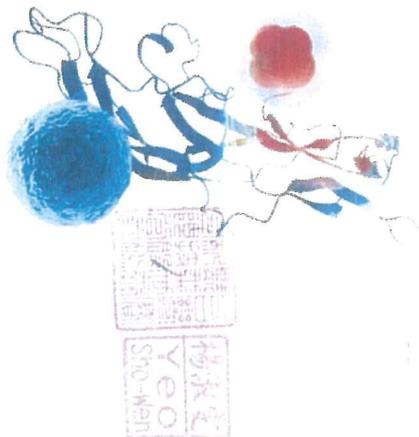
Statistical analysis and visualization tools

- Heatmaps
- PCA
- t-test
- Volcano plot



Identify and quantify more proteins and peptides with artificial intelligence

Artificial intelligence (AI) is revolutionizing the field of proteomics by enabling the identification and quantification of a vast number of proteins and peptides. AI algorithms can analyze complex mass spectrometry data, identifying patterns and relationships that would be difficult for human researchers to discern. This technology is particularly useful in the study of complex biological systems, such as the human proteome, where the sheer volume of data is overwhelming. AI-based methods can significantly reduce the time and cost of protein identification, allowing researchers to focus on the most interesting and biologically relevant findings.



The use of artificial intelligence in proteomics has led to significant advancements in the identification and quantification of proteins and peptides. AI-based methods can analyze large datasets of mass spectrometry data, identifying patterns and relationships that would be difficult for human researchers to discern. This technology is particularly useful in the study of complex biological systems, such as the human proteome, where the sheer volume of data is overwhelming. AI-based methods can significantly reduce the time and cost of protein identification, allowing researchers to focus on the most interesting and biologically relevant findings.

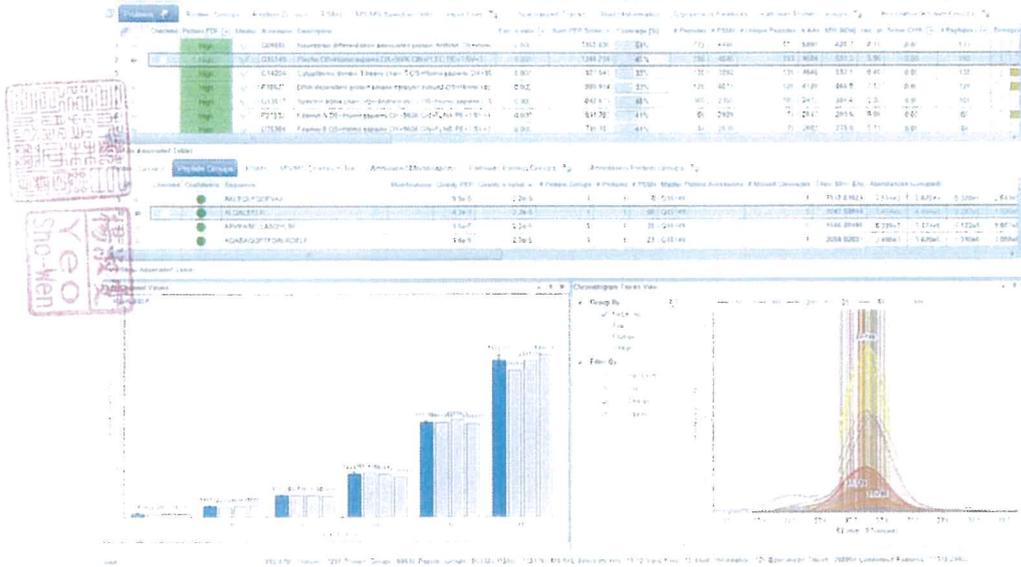
Key features/benefits of label-free quantification workflows

Integrated statistical analysis and visualization tools

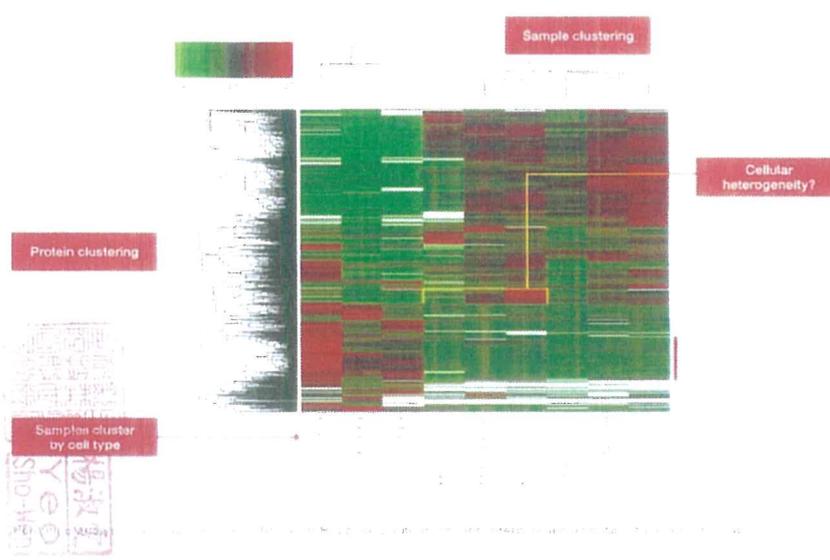
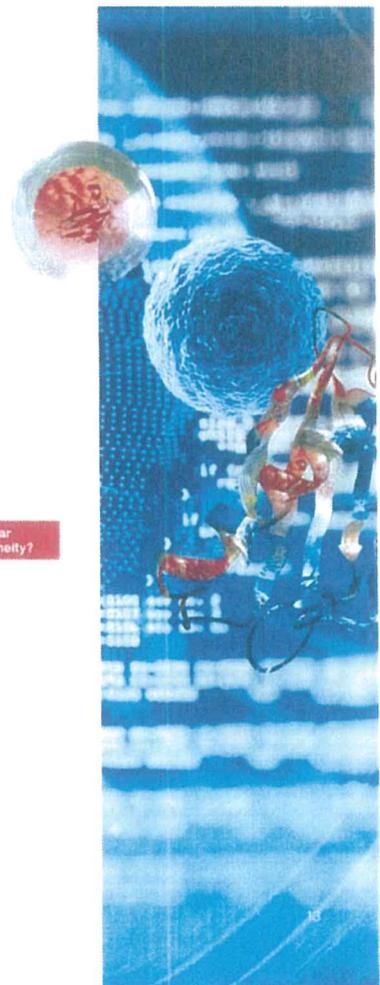
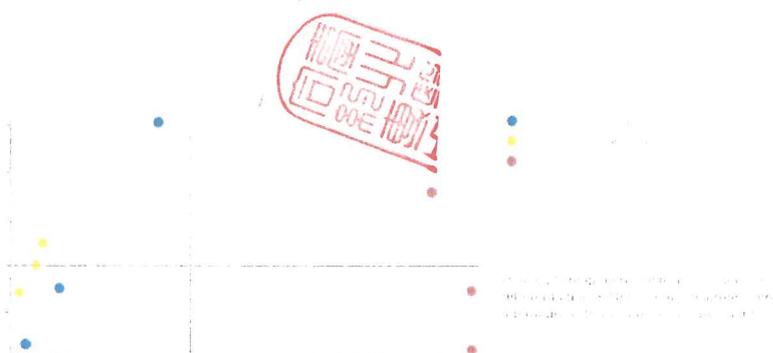
The statistical analysis and visualization tools are provided in the software interface. The user can analyze the data and generate reports. The software interface is user-friendly and easy to use. The software interface is user-friendly and easy to use. The software interface is user-friendly and easy to use.

The software interface is user-friendly and easy to use. The software interface is user-friendly and easy to use. The software interface is user-friendly and easy to use. The software interface is user-friendly and easy to use.

LFC results presentation



The software interface is user-friendly and easy to use. The software interface is user-friendly and easy to use. The software interface is user-friendly and easy to use. The software interface is user-friendly and easy to use.



The software interface is user-friendly and easy to use. The software interface is user-friendly and easy to use. The software interface is user-friendly and easy to use. The software interface is user-friendly and easy to use.

Isobaric Mass Tagging (TMT and TMTpro) Labeled Peptide Quantification

Key features/benefits of TMT quantification workflows

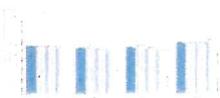
Default TMT methods

- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)
- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)
- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)



Unique approach for TMT protein quantification

- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)
- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)
- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)



Support for advanced acquisition methods

- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)
- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)
- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)



Predefined workflows

- Support for ion trap, hybrid and tribrid instruments.
- MS2 and MS3-based quantification
- Capability to increase IDs



Powerful visualization and analytical tools

- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)
- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)
- TMT (MS/MS) and TMTpro (MS/MS)



Extensibility

- Connect to external tools via the OpenMS API
- Integration with Mascot TMT via the OpenMS API



Integrate intelligent data acquisition strategies with sophisticated data analysis to maximize insights

TMT and TMTpro support the acquisition of data from a wide range of instruments, including ion trap, hybrid and tribrid instruments. The software provides a comprehensive suite of tools for data analysis, including a powerful search engine, a robust quantification engine, and a flexible reporting system. The software is designed to be easy to use and integrate with existing workflows, making it a valuable tool for researchers in the field of proteomics.



Overview



Introduction to the Proteome Discoverer application

The Proteome Discoverer application is a client-server application used for proteomic data analysis. It processes and reports mass spectrometry data, it compares the raw data obtained via mass spectrometry to the information from a selected FASTA database and identifies peptides from tandem mass spectra. You can use the application to analyze mass spectral data from all Thermo Scientific mass spectrometers and other mass spectrometers. Specifically, the application does the following:

- Works with vendor identification search engines, such as Sequest HT and Mascot, to process all data types collected from 150- and 400-MHz accuracy mass spectrometry (MS) instruments.
- Produces complementary data from a variety of dissociation methods and data-dependent stages of tandem mass spectrometry.
- Combines, filters, and annotates results from several database search engines and from multiple analysis iterations.



一 (二) (1) 10 以上 同位素稳定的 肽 定量 的 功 能

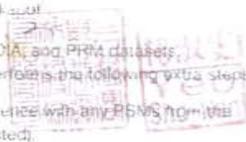


The CHIMERY3 workflow contains four main steps, where the workflow does the following:

1. Performs a first pass search.
2. Recalibrates the masses, the retention times, and the fragmentation energies based on results of the first pass search.
3. Performs a first main search, which deconvolutes each spectrum and produces a list of peptide-spectrum matches (PSMs) for each MS/MS spectrum.
4. Calculates the FDR for all PSMs using M_{MASCOT} .

These four main steps are performed for DDA, DIA, and PRM datasets. However, for DIA and PRM data, CHIMERY3 performs the following extra steps:

1. Combines PSMs regardless of their confidence with any PSMs from the CHIMERY3 Inclusion File (if one was selected).
 2. Performs a second main search with the search space restricted to the combined list of PSMs.
- For more information on how to create an inclusion file, see Exuort CHIMERY3 Inclusion File.



Label-free quantification proceeds as follows:

1. First, the algorithm detects LC/MS peaks in the individual raw data files and maps them to identified PSMs, when available.
2. Next, it creates new features from peaks that were not previously associated with any other feature. It takes all LC/MS peaks within a small retention-time range and checks for peaks that build isotope patterns.

Data Independent Analysis (DIA) quantification with CHIMERY3

You can analyze up to 50 proteoformative datasets in the same workflow using CHIMERY3 on Andra™ Platform or cloud.

For more information, see

Statistics for differential expression

P-values provide a measure of confidence in quantitative proteomic results. The protein annotation service also allows downloading of full proteomic databases by taxonomy number. For more information on p-values, see

Protein annotation

The Proteome Discoverer application gives you access to protein annotation information from a web service that provides the following from the UniProt database:

- Gene ontology (GO) molecular function, cellular component, and biological process terms
- Reactome and WikiPathways pathway annotations
- Protein Family (Pfam) classification information
- HGNC gene symbols and Entrez gene identifications
- Genomic annotations of genetically sequenced organisms from the Ensembl genome database
- Post-translational modification information





ThermoFisher
SCIENTIFIC

ThermoFisher Scientific (China) Co., Ltd.
ThermoFisher Scientific (China) Co., Ltd.
ThermoFisher Scientific (China) Co., Ltd.
ThermoFisher Scientific (China) Co., Ltd.

ProSightPD
ProSightPD software is a product of Proteomabioscience.

- FASTA databases
- Supported files

FASTA databases

The Proteome Discoverer application includes FASTA databases, including several example FASTA databases and example RAW data files. Use these files when exploring and learning how to use the application. For a description of the different types of FASTA databases and their purposes, see [FASTA Databases](#).

Supported files

You can use the Proteome Discoverer application to process ThermoFisher Scientific raw data collected from the following mass spectrometers: Hybrid mass spectrometers and Iontrap mass spectrometers. ThermoFisher Scientific also supports open formats such as MGF, mzData, mzXML, and mzML, with limited functionality.

ProSightPD software

The ProSightPDTM software consists of a set of modules within the Proteome Discoverer application and is used for the analysis of top-down proteomic data. The ProSightPD software is a product of Proteomabioscience, Inc., exclusively licensed to ThermoFisher Scientific. For more information, visit proteomabioscience.com. A 60-day free trial version is available. Versions of the ProSightPD software are available from the Proteome Discoverer Third Party Vendor list.

Model TM0113-277



五、實驗結果與討論
1. 實驗結果
2. 討論
3. 結論
4. 參考文獻
5. 附錄



ThermoFisher
SCIENTIFIC

Thermo Fisher Scientific Taiwan Co., Ltd.
110, No. 200, Sec. 2, Zhonghua Rd.,
Taipei 106, Taiwan
Tel: (886) 215-8855
www.thermo.com.tw

台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
台北市中山路二段200號
Tel: (886) 215-8855
www.thermo.com.tw

資、規格封

標案名稱: 奈米微流液相層析高解析質譜 標號: TMU112-277(第二次公告)

- 注意事**
1. 文件規格方式: 請參閱標單內之「投標須知」及「投標須知」之附件。
 2. 押標金繳納: 請參閱「投標須知」之附件。
- 標單**
1. 標單內之各項資料, 均應以中文填寫, 且應與標單內之各項資料一致。

標單

1. 標單內之各項資料, 均應以中文填寫, 且應與標單內之各項資料一致。

標單

1. 標單內之各項資料, 均應以中文填寫, 且應與標單內之各項資料一致。

投標 廠商: 賽默飛世爾科技股份有限公司 一編 號: 28685128
 廠商 地址: 台北市內湖區洲子街55號 聯絡 聯絡人: 李振聲
 廠商 電話: (02)8751-6656 聯絡人 電話: (02)8751-6656
 聯絡 聯絡人 信箱: 28685128@thermo.com.tw 聯絡人 手機: 0909-090909

· 依總金額核計採購金額，分別按公告金額或查核金額以上之規定辦理。

十五、招標方式為：

 (1) 公開招標

(1-1) 本案為複數決標並採分項決標，廠商各項投標文件無需分項裝封，無需於大外標封標示投標項次，有 3 家以上廠商投標，且符合政府採購法施行細則第 55 條規定時，即得開標。

(2) 選擇性招標：符合採購法第 20 條第 1 款；第 2 款；第 3 款；第 4 款；第 5 款（請勾選款次）

(2-1) 為特定個案辦理，於廠商資格審查後，邀請所有符合資格廠商投標。

(2-2) 為建立合格廠商名單；後續邀標方式為個別邀請所有符合資格之廠商投標； 公告邀請所有符合資格之廠商投標； 依審標順序，每次邀請__家符合資格之廠商投標； 以抽籤方式擇定邀請符合資格之廠商投標。

(3) 限制性招標：本案業經需求、使用或承辦採購單位敘明符合採購法第 22 條第 1 項第__款之情形，並簽報機關首長或其授權人員核准採限制性招標。

(3-1) 公開評選、公開勸選優勝廠商：

(3-1-1) 依採購法第 22 條第 1 項第 9 款辦理； 委託專業服務； 委託技術服務； 委託資訊服務； 委託社會福利服務。

(3-1-2) 依採購法第 22 條第 1 項第 10 款辦理。

(3-1-3) 依採購法第 22 條第 1 項第 11 款辦理。

(3-2) 比價； 經前次公告招標結果，無廠商投標或無合格標，且符合採購法施行細則第 22 條第 1 項規定無廠商異議或申訴在處理中者，依採購法第 22 條第 1 項第 1 款規定，不另公告招標，並依採購法施行細則第 23 條之 1 第 1 項規定，邀請過去表現優良之 2 家以上廠商以比價方式辦理； 符合採購法第 22 條第 1 項第__款（請列明款次，第 16 款之情形須併填主管機關核准文號）； 符合採購法第 104 條第 1 項但書第__款（請列明款次及相關機關核准文號）； 符合採購法第 105 條第 1 項第__款（請列明款次及相關機關核准文號）； 符合中央機關未達公告金額採購招標辦法第__條第__項第__款規定； 符合地方政府依採購法第 23 條所定未達公告金額採購招標辦法第__條第__項第__款規定。

(3-3) 議價； 符合採購法第 22 條第 1 項第__款（請列明款次，其未得以比價方式辦理之原因：__；第 16 款之情形須併填主管機關核准文號）； 符合採購法第 104 條第 1 項第__款（請列明款次及相關機關核准文號，非填第 4 款者，其未得以比價方式辦理之原因：__）； 符合採購法第 105 條第 1 項第__款（請列明款次及相關機關核准文號，填第 1 款或第 2 款者，其未得以比價方式辦理之原因：__）； 符合中央機關未達公告金額採購招標辦法第__條第__項第__款規定（其未得以比價方式辦理之原因：__）； 符合地方政府依採購法第 23 條所定未達公告金額採購招標辦法第__條第__項第__款規定。

(3-4) 依採購法第 22 條第 1 項第__款辦理（請列明款次），並以公告程序徵求受邀廠商，作為邀請比、議價之用。

【投標須知】第 2 頁，共 18 頁

以下各項招標規定內容，由機關填寫，投標廠商不得填寫或塗改。

各項內含選項者，由機關擇符合本採購案者勾填。

一、本採購適用政府採購法（以下簡稱採購法）及其主管機關所訂定之規定。

二、本標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀。

三、採購標的為：

(1) 工程。

(2) 財物；其性質為： 購買； 租賃； 定製； 兼具兩種以上性質者（請勾選）。

(3) 勞務。

四、本採購屬：

(1) 公告金額十分之一以下之採購。

(2) 逾公告金額十分之一未達公告金額之採購。

(3) 公告金額以上未達查核金額之採購。

(4) 查核金額以上未達巨額之採購。

(5) 巨額採購。

已依「機關提報巨額採購使用情形及效益分析作業規定」第 2 點第 1 項，簽准預期使用情形及效益目標。

五、本採購：

(1) 為共同供應契約。

(2) 非共同供應契約。

六、本採購預算金額（不公告者免填；但依「投標廠商資格與特殊或巨額採購認定標準」第 5 條第 3 項規定辦理者，或屬公告金額以上採購之公開招標、選擇性招標及限制性招標之公開評選，除轉售或供製造加工後轉售之採購、預算金額涉及商業機密或機關認為不宜公開外，應公開預算金額）：

七、本採購預計金額（不公告者免填）：

八、上級機關名稱：教育部。

九、依採購法第 4 條接受補助辦理採購者，補助機關名稱及地址（非屬此等採購者免填）：教育部，臺北市中正區中山南路五號，電話代表號：(02) 7736-6666。

十、依採購法第 5 條由法人或團體代辦採購者，委託機關名稱及地址（非屬此等採購者免填）：

十一、依採購法第 40 條代辦採購者，洽辦機關名稱及地址（非屬此等採購者免填）：

十二、依採購法第 75 條，受理廠商異議之機關名稱、地址及電話：同招標機關（不同者請書明機關名稱、地址及電話）。

十三、依採購法第 76 條及第 85 條之 1，受理廠商申訴（未達公告金額之採購，除屬採購法第 31 條規定不予發還或追繳押標金之爭議者外，不適用申訴制度）或履約爭議調解（無金額限制）之採購申訴審議委員會名稱、地址及電話：廠商與本機關間之招標、審標、決標、訂約、履約及驗收之爭議，得依政府採購法及相關規定向本機關提出異議或履約爭議調解）。

十四、本採購為：

(1) 未分批辦理。

(2) 係分批辦理公告金額以上之採購，業經上級機關核准（文號：__）

【投標須知】第 1 頁，共 18 頁



- 升降機
- 手扶梯
- 阻尼器
- 監視設備
- 門窗
- 櫥櫃
- 空調設備
- 消防栓
- 照明燈具
- 避雷針
- 電氣設備
- 太陽能設備
- 衛浴設備

其他(由招標機關敘明)：

(2) 不適用我國締結之條約或協定，外國廠商：

不可參與投標。我國廠商所供應標的(含工程、財物及勞務)之原產地須屬我國者。

不可參與投標。但我國廠商所供應標的(含工程、財物及勞務)之原產地得為下列外國者：

1. 國家或地區名稱：(未列明者即不允許)

2. 是否允許供應大陸地區標的：(未勾選者即不允許；如允許者，須符合兩岸進口及貿易往來相關規定)

- 是
- 否

下列外國廠商可以參與投標：

1. 國家或地區名稱：(未列明者即不允許)

2. 是否允許大陸地區廠商參與：(未勾選者即不允許；如允許者，須符合兩岸進口及貿易往來相關規定)

- 是
- 否

3. 給予下列差別待遇(可複選)：

採購法第 43 條第 1 款之措施(招標文件須列明作為採購評選之項目及其比率)；

採購法第 43 條第 2 款之措施；

採購法第 17 條第 2 項處理辦法之措施；

如為工程採購，不論是否允許外國廠商參與投標，廠商履約過程中如有使用或供應下列材料或產品，其原產地須屬我國者(可複選)：

材料：

- 水泥
- 水泥製品
- 鋼筋
- 預力鋼絞線
- 結構鋼
- 陶瓷面磚
- 透水性混凝土地磚
- 砂石

(4) 依採購法第 49 條規定公開取得書面報價或企劃書。(限未達公告金額之採購案始得採行)。

(4-1) 本案業經機關首長或其授權人員核准，本次公告未能取得 3 家以上廠商之書面報價或企劃書時，將改採限制性招標方式辦理。

十六、本採購：

(1) 適用我國締結之條約或協定；其名稱為：

世界貿易組織政府採購協定(GPA)。

1. 門檻金額：(由機關於招標時擇一勾選；未勾選者，為選項 A)

選項 A：依 GPA 我國承諾開放清單所載門檻金額開放，惟簽署國之門檻金額較我國高者，對該簽署國適用該較高之門檻金額。

選項 B：依 GPA 我國承諾開放清單所載門檻金額開放。

2. 服務及工程服務：(由機關於招標時擇一勾選；未勾選者，為選項 A)

選項 A：依 GPA 我國承諾開放清單之服務及工程服務開放，惟僅開放予對該等服務亦相對開放之簽署國。

選項 B：依 GPA 我國承諾開放清單之服務及工程服務開放。

臺紐經濟合作協定。

臺星經濟夥伴協定。

其他(請敘明)：

非條約或協定國家之廠商：

不可參與投標。

下列外國廠商可以參與投標：

1. 國家或地區名稱：(未列明者即不允許)

2. 是否允許大陸地區廠商參與：(未勾選者即不允許；如允許者，須符合兩岸進口及貿易往來相關規定)

- 是
- 否

3. 給予下列差別待遇(可複選)：

採購法第 43 條第 1 款之措施(招標文件須列明作為採購評選之項目及其比率)；

採購法第 43 條第 2 款之措施；

採購法第 17 條第 2 項處理辦法之措施；

如為工程採購，廠商履約過程中如有使用或供應下列材料或產品，其原產地須屬我國或其他條約或協定國家者(可複選)：

材料：

- 水泥
- 水泥製品
- 鋼筋
- 預力鋼絞線
- 結構鋼
- 陶瓷面磚
- 透水性混凝土地磚
- 砂石
- 木材、竹材
- 其他(由招標機關敘明)：

產品：

明。

(4-1-1-2)其他：_____。

(4-1-2)屬機關取得服務者，廠商履約人員不得為大陸籍人士；使用之無人機整機不得為大陸廠牌(不及於零組件之廠牌)。

機關有特殊需求者，不允許使用大陸地區製造或大陸廠牌之零組件：_____。

[例如軍、警、海巡等機關或關鍵基礎設施、重要人士在場、犯罪偵監等，由機關衡酌個案特性妥適訂定。]

(4-1-2-1)廠商履約所使用之無人機，應符合下列要求：

A. 依遙控無人機管理規則第 17 條規定於交通部民用航空局登錄。

B. 經無人機主管機關(交通部)及資通安全主管機關(數位發展部)認可之專業單位資安檢測通過，並持有該單位核發之資安檢測合格證明[無人機資安檢測需求詳附表]。

C. 具射頻功能且屬國家通訊傳播委員會公告「應經核准之電信管制射頻器材」者，應取得該會核發之審驗證明。

(4-1-2-2)無人機操作人，均應具民航局核發之合格專業操作證。

(4-1-2-3)群飛活動飛經紅區者，其飛行計畫須經交通部及(或)活動所在之地方政府審核通過。

(4-1-2-4)法人應訂定作業手冊，經民航局能力審查核准，並經民航局及(或)地方政府同意飛航活動申請。

(4-1-2-5)其他：_____。

無人機資安檢測需求^(註 1)

適用資安檢測等級	適用情形	排除適用情形
一、無人機產品資安測試 中階等級 ^(註 2)	有下列情形之一者： 1. 飛經禁航區、限航區、民航局公告之航空站或飛行場四周或地方政府代中央機關公告之紅區 2. 無人機重量 25 公斤以上	經上級機關核轉目的事業主管機關(交通部)及資通安全主管機關(數位發展部)同意免予適用者。
二、無人機產品資安測試 初階等級 ^(註 2)	飛經地方[直轄市、縣(市)]政府劃設紅區	有下列情形之一者，免予適用： 1. 無自主導航且無攝影功能。 2. 經地方政府同意免予適用者。 3. 紅區所在機關辦理之教育訓練或競賽等低機敏性活動並報經地方政府備查。
三、無人機產品資安測試 初階等級及群飛系統資安 檢測 ^(註 2 及 3)	群飛架數 200 架以上且預計群聚人數達 1,000 人以上 ^(註 4)	

木材、竹材
 其他(由招標機關敘明)：
產品：

- 升降機
- 手扶梯
- 阻尼器
- 監視設備
- 門窗
- 櫥櫃
- 空調設備
- 消防栓
- 照明燈具
- 避雷針
- 電氣設備
- 太陽能設備
- 衛浴設備

其他(由招標機關敘明)：

(3) 廠商所供應整體標的之組成項目(例如製成品之特定組件、工程內含之材料與設施)，其不允許使用大陸地區產品之項目：標價清單適用。廠商亦不得使用行政院依據「各機關對危害國家資通安全產品限制使用原則」公布之廠商清單所提供之產品，或主管機關公告之禁用廠商名單，如產品係由上述廠商進行設計(Original Design Manufacturer, ODM)或製造(Original Equipment Manufacturer, OEM)者，同屬限制範圍。

(4) 本採購就取得或使用無人機部分應符合下列條款(與招標文件其他條款有不一致者，本條款優先適用)

(4-1) 不允許大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商、在臺陸資廠商及經濟部投資審議委員會公告之陸資資訊服務業者參與。且符合下列規定：

(4-1-1) 屬機關取得財物者，廠商所供應標的，應符合相關目的事業主管機關之規範，整機不得為大陸廠牌(不及於零組件之廠牌)。

機關有特殊需求者，不允許使用大陸地區製造或大陸廠牌之零組件：_____。

[例如軍、警、海巡等機關或關鍵基礎設施、重要人士在場、犯罪偵監等，由機關衡酌個案特性妥適訂定。]

(4-1-1-1) 廠商履約所供應之無人機，應符合下列要求：

A. 依遙控無人機管理規則第 17 條規定於交通部民用航空局登錄。

B. 經無人機主管機關(交通部)及資通安全主管機關(數位發展部)認可之專業單位資安檢測通過，並持有該單位核發之資安檢測合格證明[無人機資安檢測需求詳附表]。

C. 具射頻功能且屬國家通訊傳播委員會公告「應經核准之電信管制射頻器材」者，應取得該會核發之審驗證明



投標須知：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

- (4) 1 式 4 份。
- (5) 1 式 5 份。
- (6) 其他(由招標機關敘明)：

二十六、投標文件使用文字：

- (1) 中文(正體字)。
- (2) 中文(正體字)，但特殊技術或材料之圖文資料得使用英文。
- (3) 其他(由招標機關敘明)：

二十七、公開開標案件之開標時間(依採購法不公開者免填)：本案採一次投標(資格與價格)分段開標。第一階段資格規格標審查且通過者不得參與後續第二階段價格標之開標審查(議(比)價)。

第一階段資格規格標開標時間(※廠商得免派員參與)：113年05月30日下午05時00分整。

投標廠商提交各項文件資料，應符合本須知所訂條件，且經審查合格者，始得參加下一階段之開標、議(比)價。如審查時對資、規格有疑問時，得要求投標廠商澄清說明，投標廠商應於接獲本機關通知起二個日曆天(含例假日)內提供，廠商不得拒絕回答或藉機要求變動報價。如逾期未回復或補充後仍審查不合格，則視同資、規格不符，不得參加下一階段之開標、議(比)價。

二十八、公開開標案件之開標地點(依採購法不公開者免填)：臺北市中山區吳興街250號臺北醫學大學醫學綜合大樓後棟一樓總務處會議室

二十九、公開開標案件有權參加開標之每一投標廠商人數(依採購法不公開或不限制廠商出席人數者免填)：一人。

三十、依採購法不公開開標之依據：

- (1) 依採購法第 21 條規定辦理選擇性招標之資格審查，供建立合格廠商名單。
- (2) 依採購法第 42 條規定採分段開標，後續階段開標之時間及地點無法預先標示。
- (3) 依採購法第 57 條第 1 款規定。
- (4) 依採購法第 104 條第 1 項第 2 款規定。
- (5) 其他經主管機關認定者：_____ (請載明核准文號)：

三十一、本採購開標採：

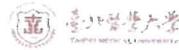
- (1) 不分段開標。所有投標文件置於一標封內，不必按文件屬性分別裝封。
- (2) 分段開標(請勾選項目)；投標廠商應就各段標之標封分別裝封並標示內含資格標、規格標或價格標等：
 - 公開招標，資格、規格與價格一次投標分段開標。
 - 公開招標，資格與規格合併一段投標、分段開標，再邀符合招標文件規定之廠商投價格標。
 - 選擇性招標，邀請廠商就資格、與規格、價格分次投標、分段開標。
 - 選擇性招標，邀請符合資格之廠商就規格與價格一次投標、分段開標。

三十二、押標金金額(無押標金者免填)：

- (1) 押金額：新台幣 1,150,000 元整。
- (2) 標價之一定比率：__ %。

三十三、採電子投標之廠商，押標金予以減收金額(無者免填)：

【投標須知】第8頁，共18頁



投標須知：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

註 1：本表無人機資安檢測需求係針對一般機關採購取得或使用無人機之基本需求，機關得依個案特性提高檢測安全等級。又因機關使用情境(例如涉軍、警、海巡等機關或關鍵基礎設施、重要人士在場、犯罪偵監等)，請機關衡酌個案特性，以適當資安標準妥適訂定。

註 2：本表所稱產品資安檢測等級及檢測項目，係指「無人機資安聯合實驗室」訂定之「無人機資安保障規範」第二部分產品資安測試安全等級及檢測項目(或其他同等級之標準或規範)，並以招標公告或邀標時適用之版本為準，履約期間如有變更資安需求者，得以契約變更方式處理。

註 3：本表所稱「群飛系統資安檢測」，係引用台灣資通產業標準協會發布之「物聯網場域資安防護評估指引」安全等級 L1 級(或其他同等級之標準或規範)，針對應用層、網路層及感測設備層所包含設備之一般性安全功能的資安要求及測試評估，並以招標公告或邀標時適用之版本為準，履約期間如有變更資安需求者，另以契約變更方式處理。

註 4：群聚人數門檻係參考內政部「大型群聚活動安全管理要點」對於「大型群聚活動」之定義。

註 5：機關應視個案實際情形於採購預算編列資安檢測費用。客製化之財物採購，第 1 次型式檢測費用由機關預算支應；勞務採購，機關依使用架數、使用頻率等因素評估所需檢測費用。

十七、本採購：

- (1) 依採購法第 24 條規定以統包辦理招標。
- (2) 非以統包辦理招標。

十八、本採購：

- (1) 依採購法第 25 條規定允許廠商共同投標(招標文件已附共同投標協議書範本)；廠商家數上限為 2 家； 3 家； 4 家； 5 家。
- (2) 不允許廠商共同投標。

十九、廠商得以電子資料傳輸方式於投標截止期限前遞送投標文件，該電子化資料，並視同正式文件，得免另備書面文件。供遞送之電傳號碼/網址為(不允許者免填)：

二十、廠商對招標文件內容有疑義者，應以書面向招標機關請求釋疑之期限：自公告日或邀標日起等標期之四分之一，其尾數不足1日者，以1日計。

二十一、機關以書面答復前條請求釋疑廠商之期限：投標截止期限前1日答復。

二十二、本採購依採購法第33條第3項：

- (1) 允許廠商於開標前補正非契約必要之點之文件。
- (2) 不允許廠商於開標前補正非契約必要之點之文件。

二十三、本採購依採購法第35條：

- (1) 允許廠商於在不降低原有功能條件下，可提出可縮減工期、減省經費或提高效率之替代方案(請載明允許項目)：
- (2) 不允許提出替代方案。

二十四、投標文件有效期：自投標時起至開標後30日止。如機關無法於前開有效期內決標，得於必要時洽請廠商延長投標文件之有效期。

二十五、廠商應遞送投標文件份數：

- (1) 1 式 1 份。
- (2) 1 式 2 份。
- (3) 1 式 3 份。

【投標須知】第7頁，共18頁

得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 33 條之 6 所稱全球化廠商者，履約保證金予以減收之金額(無者免填)：

得標廠商為營造業法第 51 條所稱優良營造業，且得標案件屬營造業法所稱營繕工程之工程採購者，履約保證金予以減收金額，其減收金額不併入前 2 項減收總額度計算(無者免填，惟押標金、工程保證金或工程保留款應至少擇一項給予獎勵)：

四十二、履約保證金有效期(無履約保證金者免填)：較契約規定之履約期限長 30 日。履約事項驗收完成且無待解決事項為止，惟廠商以銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀、銀行之書面連帶保證或保險公司之保證保險單繳納履約保證金者，其有效期應較契約約定之最後施工、供應或安裝期限長 日(由機關於招標時自行填列，未填列者，為 90 日)。但得標廠商以銀行開立之不可撤銷擔保信用狀或銀行之書面連帶保證繳納，有效期未能立即涵蓋上述有效期，須先以較短有效期繳納者，其有效期每次至少 年(由機關於招標時自行填列，未填列者，為 3 年，末次之有效期得少於 3 年)。得標廠商應於有效期屆滿前 日(由機關於招標時自行填列，未填列者，為 30 日)辦理完成繳交符合契約約定額度之保證金。

四十三、履約保證金繳納期限(無履約保證金者免填)：自開標日起算，以開標日為準。

四十四、無履約保證金之理由為：

- (1) 勞務採購。
- (2) 未達公告金額之工程、財物採購。
- (3) 依市場交易慣例或採購案特性，無收取履約保證金之必要或可能者。

四十五、保固保證金金額(無者免填)：依契約金額之 3%。

四十六、保固保證金有效期(無保固保證金者免填)：自驗收合格之日起算，為 30 日。廠商以銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀、銀行之書面連帶保證或保險公司之保證保險單繳納保固保證金者，其有效期應較契約規定之保固期長九十日。

四十七、保固保證金繳納期限(無保固保證金者免填)：自開標日起算，以開標日為準。

四十八、得標廠商提出其他廠商之履約及賠償連帶保證者，保固保證金予以減收之金額(無者免填)：

四十九、得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 33 條之 5 第 2 項所稱優良廠商者(公開於政府電子採購網 <https://web.pcc.gov.tw/> 常用查詢/優良廠商名單/有效名單列表)，保固保證金予以減收金額：

行政院公共工程委員會公共工程金質獎之得獎廠商，減收原應繳額度之 50%。

其他獎項(由招標機關敘明獎項名稱及減收額度，其減收總額度不逾原定應繳總額之 50%)：

得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 33 條之 6 所稱全球化廠商者，保固保證金予以減收之金額(無者免填)：

得標廠商為營造業法第 51 條所稱優良營造業，且得標案件屬營造業法所稱營繕工程之工程採購者，保固保證金予以減收金額，其減收金額不併入前 2 項減收總額度計算(無者免填，惟押標金、工程保證金或工程保留款應至少擇一項給予獎勵)：

三十四、為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 33 條之 5 第 2 項所稱優良廠商者(公開於政府電子採購網 <https://web.pcc.gov.tw/> 常用查詢/優良廠商名單/有效名單列表)，押標金予以減收金額：

行政院公共工程委員會公共工程金質獎之得獎廠商，減收原應繳額度之 50%。

其他獎項(由招標機關敘明獎項名稱及減收額度，其減收總額度不逾原定應繳總額之 50%)：

為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 33 條之 6 所稱全球化廠商者，押標金予以減收之金額(無者免填)：

為營造業法第 51 條所稱優良營造業，參與案件屬營造業法所稱營繕工程之工程採購者，押標金予以減收金額，其減收金額不併入前 2 項減收總額度計算(無者免填，惟押標金、工程保證金或工程保留款應至少擇一項給予獎勵)：

三十五、押標金有效期(無押標金者免填)：廠商以銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀、銀行之書面連帶保證或保險公司之保證保險單繳納押標金者，其有效期應較招標文件規定之報價有效期長三十日。

三十六、押標金繳納期限：自開標日起算，以開標日為準(無押標金者不適用)。

三十七、以現金繳納押標金之繳納處所或金融機構帳號(無押標金者免填)：本投標須知第 10 條第 3 項第 1 款之規定。

(1) 政府電子採購網線上繳納。(距截止投標期限不足 5 分鐘時，將無法使用本方式繳納押標金，請廠商提早作業) 本投標須知第 10 條第 3 項第 2 款之規定。

(2) 未採線上繳納者，其繳納處所或金融機構帳號：本投標須知第 10 條第 3 項第 2 款之規定。

三十八、無押標金之理由為：

- (1) 勞務採購。
- (2) 未達公告金額之工程、財物採購。
- (3) 以議價方式辦理之採購。
- (4) 依市場交易慣例或採購案特性，無收取押標金之必要或可能者。

三十九、履約保證金金額(無者免填)： 一定金額：_____； 契約金額之一定比率：10%。

廠商如以銀行之書面連帶保證或開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀繳納履約保證金者，機關得視該銀行之債信、過去履行連帶保證之紀錄等，經機關審核後始予接受。廠商以押標金轉換為履約保證金時，亦同。

四十、得標廠商提出其他廠商之履約及賠償連帶保證者，履約保證金予以減收之金額(無者免填)：

四十一、得標廠商為押標金保證金暨其他擔保作業辦法第 33 條之 5 第 2 項所稱優良廠商者(公開於政府電子採購網 <https://web.pcc.gov.tw/> 常用查詢/優良廠商名單/有效名單列表)，履約保證金予以減收金額：

行政院公共工程委員會公共工程金質獎之得獎廠商，減收原應繳額度之 50%。

其他獎項(由招標機關敘明獎項名稱及減收額度，其減收總額度不逾原定應繳總額之 50%)：



投標須知：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

還押標金之情形者，應就不發還金額中屬減收之金額補繳之。其經主管機關或相關中央目的事業主管機關取消優良廠商資格或全球化廠商資格，或經各機關依採購法第102條第3項規定刊登政府採購公報，且尚在採購法第103條第1項所定期限內者，亦同。

五十七、本採購：

- (1) 訂底價，但不公告底價。
- (2) 訂底價，並公告底價。底價為：_____元。
- (3) 不訂底價，理由為： 訂定底價確有困難之特殊或複雜案件； 以最有利標決標之採購； 專業服務、技術服務、資訊服務、社會福利服務或文化創意服務者，以不訂底價之最有利標； 小額採購。

五十八、決標原則：

- (1) 最低標：以合於招標文件規定且在底價以內之最低標為得標廠商。
 - A. 第二階段價格標開標(議(比)價)時間(※廠商負責人或授權代表人須親自參與)： 同開標日，於資格審查後接續辦理； 另訂於 113 年 06 月 06 日下午 02 時 00 分整。
 - B. 第二階段價格標開標(議(比)價)地點： 同開標地點； 另訂於本校醫學綜合大樓前棟三樓第一會議室。
 - C. 投標廠商須依照機關所通知開標時間及地點，由負責人攜帶身分證、代理人攜帶授權書及身分證(蓋印章(含負責人章))出席開標，依採購法第 51 條、第 53 條或第 54 條辦理時提出說明、減價或當場參加比減價格，非投標廠商之人員不得參與開標。廠商未派員到場者，視同放棄，喪失對投標文件提供說明或價格比減之權利。
 - D. 減價程序：
 - a. 開標後，合於招標文件規定之投標廠商僅有 1 家者，如其投標價逾底價，機關將逕洽該廠商減價，減價次數不得逾 3 次；合於招標文件規定之投標廠商如有 2 家以上者，其中之最低標超過底價時，得洽最低標廠商優先減價 1 次，減價結果如仍超過底價時，則由所有合於招標文件規定之投標廠商同時比減價格，比減價格次數不得逾 3 次。
 - b. 如有 2 家以上廠商標價相同，且均得為決標對象時，其比減價格次數已達採購法第 53 條規定之 3 次限制者，逕行抽籤決定之。前述標價相同，其比減價格次數未達 3 次者，應由該等廠商再行比減價格 1 次，以低價者決標。若比減後之標價仍相同者，抽籤決定之。
 - c. 標價不合理之處理：如最低標廠商之標價顯不合理，有降低品質、不能誠信履約之虞或其他特殊情形，則機關得依採購法第 58 條規定，要求最低標廠商於限期內提出說明或擔保。廠商未於通知期限內提出合理之說明或擔保者，機關得不決標予該廠商，並以次低標廠商為最低標廠商。
 - d. 投標廠商未到場參與開標者，則視同放棄說明、減價等各項權利，但不影響其為合格廠商，仍得為決標對象。
- (1-1) 非依採購法施行細則第 64 條之 2 辦理。
- (1-2) 依採購法施行細則第 64 條之 2 採評分及格最低標(審查項目

【投標須知】第12頁，共18頁



投標須知：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

少擇一項給予獎勵)：

- 五十、預付款還款保證金額(無者免填)：
- 五十一、預付款還款保證有效期(無預付款還款保證者免填)：
- 五十二、預付款還款保證繳納期限(無預付款還款保證者免填)：
- 五十二之一、植栽工程養護期保證金(僅適用於工程驗收合格後給付全部植栽價金之情形)額度為全部植栽價金之 _____%(由機關於招標時自行填列；未填列者，為25%)，於機關給付全部植栽費用時扣回，作為廠商植栽養護之擔保，無須另行繳納。
- 五十三、各種保證金之繳納處所或金融機構帳號(無保證金者免填)：
 - (一)以金融本票、支票、保付支票或郵政匯票(票據請勿加「禁止背書轉讓」，以利作業)繳納者，應為即期且以本機關全銜「財團法人臺北醫學大學」為受款人。
 - (二)繳納方式：配合本機關出納作業，廠商繳納時須到校隨標辦理。如為第一次投標，請至出納組(醫學綜合大樓後棟1F)繳納押標金後，將(暫)收據攜至事務組承辦同仁處影印後檢附，收據正本請逕行保管留存，敬請配合。如第二次投標，得逕用第一次投標所繳之押標金，免再繳納。
 - (三)押標金及各種保證金退還時機，均依各階段期限屆滿後，依本機關付款程序，無息退還。
- 五十四、押標金及保證金應由廠商以現金、金融機構簽發之本票或支票、保付支票、郵政匯票、政府公債、設定質權之金融機構定期存款單、銀行開發或保兌之不可撤銷擔保信用狀繳納，或取具銀行之書面連帶保證、保險公司之連帶保證保險單繳納，並應符合本機關押標金保證金暨其他擔保作業辦法規定格式。
- 五十五、廠商有下列情形之一者，其所繳納之押標金，不予發還；其未依招標文件規定繳納或已發還者，並予追繳：(無需押標金之案件免列)
 - (一)以虛偽不實之文件投標。
 - (二)借用他人名義或證件投標，或容許他人借用本人名義或證件參投標。
 - (三)冒用他人名義或證件投標。
 - (四)得標後拒不簽約。
 - (五)得標後未於規定期限內，繳足履約保證金或提供擔保。
 - (六)對採購有關人員行求、期約或交付不正利益。
 - (七)其他經主管機關認定有影響採購公正之違反法令行為者。
 前項追繳押標金之情形，屬廠商未依招標文件規定繳納者，追繳金額依招標文件中規定之額度定之；其為標價之一定比率而無標價可供計算者，以預算金額代之。
 - 附記：主管機關認定之情形如下(行政院公共工程委員會 108 年 9 月 16 日工程企字第 1080100733 號令)：
 1. 有採購法第 48 條第 1 項第 2 款之「足以影響採購公正之違法行為者」情形。
 2. 有採購法第 50 條第 1 項第 3 款至第 5 款、第 7 款情形之一。
 3. 廠商或其代表人、代理人、受雇人或其他從業人員有採購法第 87 條各項構成要件事實之一。
- 五十六、廠商依「押標金保證金暨其他擔保作業辦法」規定減收押標金，其有不發

【投標須知】第11頁，共18頁

六十二、本採購保留未來向得標廠商增購之權利，擬增購之項目及內容(請載明擴充之金額、數量或期間上限，並應將預估選購或擴充項目所需金額計入採購金額。未保留增購權利者免填)：

六十三、本採購適用採購法：

- (1) 無例外情形。
- (2) 本機關係軍事機關而有採購法第 104 條第 1 項但書之例外情形。
- (3) 有採購法第 105 條第 1 項之例外情形。
- (4) 有採購法第 106 條第 1 項之例外情形。

六十四、投標廠商之基本資格及應附具之證明文件如下(如允許依法令免申請該發本項基本資格證明文件之廠商參與投標，一併載明該等廠商免繳驗之證明文件；另如允許合作社為投標廠商，且投標廠商為合作社者，應依合作社法之規定，並附具合作社章程，且章程業務項目需涵蓋本採購委託工作項目)：

- 廠商登記或設立之證明文件。(如公司登記或商業登記證明文件、非屬營利事業之法人、機構或團體依法須辦理設立登記之證明文件、工廠登記證、許可登記證明文件、執業執照、開業證明、立案證明或其他由政府機關或授權機構核發合法登記或設立證明文件)(營利事業登記證於 98 年 4 月 13 日起廢止，已不再作為登記證明文件之用。公司組織依公司法辦理公司登記，請檢附公司登記證明；獨資、合夥之商業依商業登記法辦理商業登記，請檢附商業登記證明；亦可透過經濟部「全國商工行政服務入口網」(網址：<http://gcis.nat.gov.tw/index.jsp>商工登記資料查詢)或各直轄市、縣(市)政府資訊網站查詢商業登記資料，廠商得以列印公開於目的事業主管機關網站之資料代之。)
- 廠商納稅之證明文件。(廠商最近一期納稅證明文件，廠商不及提出最近一期證明者，得以前一期之納稅證明代之，新設立且未屆第一期營業稅繳納期限者，得以營業稅主管稽徵機關核發之核准設立登記公函代之；經核定使用統一發票者，應一併檢附申領統一發票購票證相關文件。)
- 廠商信用之證明：如票據交換機構或受理查詢之金融機構於截止投標日之前半年內所出具之非拒絕往來戶及最近三年內無退票紀錄證明、會計師簽證之財務報表或金融機構或徵信機構出具之信用證明等。(查覆單經塗改或無查覆單位圖章者無效)。外國廠商得出具「會計師簽證之財務報表」。
- 廠商製造、供應或承做能力證明：有效期限內投標物之經銷或代理證明。
- 廠商有維修、維護或售後服務能力之證明：請檢附廠商維修工程師具受訓合格證明(相同機型)，或具有維持本儀器能力之證明。
- 型錄或規格說明書：須依標單規格分別標示清楚，以供請購單位審查。投標廠商應另行提供型錄或規格文件，且須依標單規格分別標示清楚，不得以標價清單加蓋廠商公司章作為投標廠商之規格文件，如有此情形，本機關得認定廠商未提出規格文件為規格不合格。
- 廠商違法或違約行為經本機關依政府採購法第 101 條第 1 項規定通知後，於程序進行中，尚未刊登政府採購公報之廠商，該廠商不得參與本機關之採購。

本採購屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購，廠商不得為大陸地區廠商、第三地區含陸資

【投標須知】第 14 頁，共 18 頁

、標準及審查方式如附件)。

- (2) 最有利標(評選項目、標準及評定方式如附件)。
 - (2-1) 依採購法第 56 條適用最有利標(需報經上級機關核准)。
 - (2-2) 依採購法第 22 條第 1 項 第 9 款； 第 10 款； 第 11 款； 第 14 款準用最有利標。
 - (2-3) 未達公告金額之採購參考最有利標精神擇符合需要者辦理議價。
 - 達一定分數或序位之未得標廠商，發給一定金額之獎勵金(由機關敘明一定分數或序位及其相對應之獎勵金)
分數(序位)：____；獎勵金：新臺幣____元
 - 分數(序位)：____；獎勵金：新臺幣____元
 - 分數(序位)：____；獎勵金：新臺幣____元
- (3) 最高標。

五十九、本採購採：

- (1) 非複數決標。
- (2) 複數決標，保留採購項目或數量選擇之組合權利(項目或數量選擇之組合方式如附件。例如得由廠商分項報價之項目，或依不同數量報價之項目及數量之上、下限；投標廠商得標項目或數量之限制、開標順序、願比照得標廠商之價格者得併列為得標廠商、決標廠商家數上限等)。

六十、本採購：

- (1) 預算未完成立法程序前，得先辦理保留決標，俟預算通過後始決標生效。
 - (2) 決標方式為：
 - (2-1) 總價決標。
 - (2-2) 分項決標。
 - (2-3) 分組決標。
 - (2-4) 依數量決標。
 - (2-5) 單價決標(以單價乘以預估數量之和決定得標廠商)。
 - (2-6) 其他(由招標機關敘明)：
- (3) 屬勞動派遣(指派遺事業單位指派所僱用之勞工至機關提供勞務，接受各該機關指揮監督管理之行為)：派遣勞工(指受派遣事業單位僱用，並向各機關提供勞務者)之薪資(內含勞工依法自行負擔之勞保、健保、就業保險費用)與廠商應負擔之勞保、健保、就業保險費用、積欠工資墊償基金提繳費及勞工退休金等費用，採固定金額支付，不列入報價範圍。廠商僅需就管理費用(含利潤、相關稅捐及管理所需一切費用等)報價。決標後，廠商報價與前述固定金額合計為契約總價，詳如附件報價明細表【註：報價明細表範例如附件，機關於招標時依案件性質參酌調整後附於投標須知。派遣勞工之加班費及差旅費，不含於契約價金，如發生此等費用，其計算方式依勞動法令規定另行支付】。

六十一、無法決標時是否得依採購法第 56 條規定採行協商措施：

- (1) 是；採行協商措施得更改之項目(請敘明)：
- (2) 否。

【投標須知】第 13 頁，共 18 頁



投標須知：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

□工程採購案件，其屬營造業法所定營繕工程者，投標之土木包工業須登記於工程所在地區之直轄市、縣(市)或營造業法第 11 條所定毗鄰之直轄市、縣(市)。如有違反，屬投標文件內容不符合招標文件之規定。

六十八、外國廠商之投標資格及應提出之資格文件，附經公證或認證之中文譯本(不允許外國廠商投標者免填)：

六十九、以選擇性招標方式辦理者，其限制投標廠商資格之理由及其必要性(非選擇性招標者免填)：

七十、招標標之功能、效益、規格、標準、數量或場所等說明及得標廠商應履行之契約責任：由招標機關另備如附件。

七十一、依採購法第65條及採購法施行細則第87條之規定，本採購標之下列部分及依其他法規規定應由得標廠商自行履約之部分，不得由其他廠商代為履行(視個案情形於招標時勾選；無者免填)：

□(1)主要部分為：

□(2)應由得標廠商自行履約之部分為：

□除前項所列者外，屬營造業法第 3 條第 1 款之營繕工程，且得標廠商為營造業者，其主要部分尚包括：工地主任、工地負責人、專任工程人員、安全衛生人員均應為廠商僱用之人員。

七十二、招標文件如有要求或提及特定之商標或商名、專利、設計或型式、特定來源地、生產者或供應者之情形，允許投標廠商提出同等品，其提出同等品之時機為(由機關於招標時擇一勾選；未勾選者，為選項(2))：

□(1)應於投標文件內預先提出者，廠商應於投標文件內敘明同等品之廠牌、價格及功能、效益、標準或特性等相關資料，以供審查。

□(2)得標廠商得於使用同等品前，依契約規定向機關提出同等品之廠牌、價格及功能、效益、標準或特性等相關資料，以供審查。

七十三、投標廠商之標價條件：

□(1)送達招標機關指定地點(由招標機關敘明地點)：

(2)於招標機關指定地點完工(由招標機關敘明地點)：詳請參閱本機關指定地點及招標文件所規定之費用。

□(3)其他(由招標機關敘明)：

七十四、投標廠商標價幣別：

(1)新臺幣。

□(2)外幣：_____ (指定之外幣由招標機關敘明外幣種類)。

□(3)新臺幣或外幣：_____ (指定之外幣由招標機關敘明外幣種類，該外幣並以決標前一辦公日臺灣銀行外匯交易收盤即期賣出匯率折算總價)

七十五、採購標之維護修理(不需維護修理者免填)：

(1)由得標廠商負責一定期間，費用計入標價決標(招標機關敘明其期間)：自正式驗收及試用合格日起，由廠商全責保固至少兩年，保固期內廠商應免費保養維修及全部零配件更換服務。如發生故障、零件損壞或效果不彰等情形時，廠商應於本機關通知日起二個工作天內，免費到場修復或更換，若逾此修復期限，廠商應無償提供同等品或替代方案。軟體應提供永久授權且配合硬體免費更新至最新版本。

□(2)由機關自行負責。



投標須知：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

成分廠商及經濟部投資審議委員會公告之陸資資訊服務業者。(上開業務範疇及陸資資訊服務業清單公開發於經濟部投資審議委員會網站 <http://www.moeaic.gov.tw/>)。(註：適用條約或協定之採購案，如勾選本項者，請依 GPA 第 3 條規定，妥適考量本須知第 16 點之勾選)。

□本採購內容涉及國家安全，不允許大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商及在臺陸資廠商參與。(註：適用條約或協定之採購案，如勾選本項者，請依 GPA 第 3 條規定，妥適考量本須知第 16 點之勾選)

六十五、本採購屬特殊採購；符合「投標廠商資格與特殊或巨額採購認定標準」□第6條第__款；□第7條第__款(請註明款次)。(非特殊採購者免填)

六十六、投標廠商之特定資格及應附具之證明文件如下(限特殊或巨額之採購方可規定特定資格條件)：無。

六十七、廠商所提出之資格文件影本，本機關於必要時得通知廠商限期提出正本供查驗，查驗結果如與正本不符，係不實之文件者，依採購法第50條規定辦理。不同投標廠商參與投標，不得由同一廠商之人員代表出席開標、評審、評選、決標等會議，如有由同一廠商之人員代表出席情形，依採購法第50條第1項第1款或第7款規定辦理。

投標廠商之標價有下列情形之一為投標文件內容不符合招標文件之規定：(預算或底價未公告者免填)

□(1)高於公告之預算者。

□(2)高於公告之底價者。

機關辦理採購有下列情形之一者，得依採購法第50條第1項第5款「不同投標廠商間之投標文件內容有重大異常關聯者」之規定及行為事實，判斷認定是否有該款情形後處理：

一、投標文件內容由同一人或同一廠商繕寫或備具者。

二、押標金由同一人或同一廠商繳納或申請退還者。

三、投標標封或通知機關信函號碼連號，顯係同一人或同一廠商所為者。

四、廠商地址、電話號碼、傳真機號碼、聯絡人或電子郵件網址相同者。

五、其他顯係同一人或同一廠商所為之情形者。

機關辦理採購有「廠商投標文件所載負責人為同一人」之情形者，得依採購法第50條第1項第5款「不同投標廠商間之投標文件內容有重大異常關聯者」處理。

機關辦理採購，有3家以上合格廠商投標，開標後有2家以上廠商有下列情形之一，致僅餘1家廠商符合招標文件規定者，得依採購法第48條第1項第2款「發現有足以影響採購公正之違法或不當行為者」或第50條第1項第7款「其他影響採購公正之違反法令行為」之規定及行為事實，判斷認定是否有各該款情形後處理：

一、押標金未附或不符合規定。

二、投標文件為空白文件、無關文件或標封內空無一物。

三、資格、規格或價格文件未附或不符合規定。

四、標價高於公告之預算或公告之底價。

五、其他疑似刻意造成不合格標之情形。

□工程採購案件，其屬營造業法所定營繕工程者，投標廠商屬營造業，可為決標對象，但決標金額高於營造業法所規定之承攬造價限額時，不決標予該廠商。



投標須知：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

七十九、投標文件須於民國113年05月30日下午05時前，以郵遞、專人送達方式送達至下列收件地點：110 臺北市信義區基隆路250號臺北醫學大學醫學大樓二樓(投標處)或臺北醫學大學圖書館(投標處)。若逾時、未繳押標金或資格不符規定者，其所投之標亦視為無效。投標廠商投標後不得以任何理由要求修改標單內容或發還押標金、撤銷其報價單。

八十、本須知未載明之事項，依本機關採購作業辦法、作業程序及參酌政府採購相關法令辦理。

八十一、其他須知(請機關自行訂定。例如：採共同投標、統包、替代方案、國內廠商標價優惠、適用或準用最有利標評選作業或優先採購環保產品等方式辦理者，應注意依相關法規，將應於招標文件載明事項納入。)：

(一) 請購單位：共同儀器中心，請購聯絡人：莊詠甯小姐，信義校區聯絡電話：2736-1661，分機：2705。

(二) 截止投標日或截止收件日，因故停止上班，以其次一辦公日之同一截止投標或收件時間代之。開標日如遇不可抗力之災害，本機關停止上班，無法如期開標時，開標原則上以次一辦公日同時同地點舉行代之，如開標時間、地點有異動則由本機關另行電話或其他方式通知投標廠商。

(三) 本機關優先採購取得環境保護標章使用許可，而其效能相同或相似之產品。產品或其原料之製造、使用過程及廢棄物處理，符合再生材質、可回收、低污染或省能源者，亦同。其他增加社會利益或減少社會成本，而效能相同或相似之產品，準用前項之規定。(請務必於投標時檢附相關證明)

(四) 為配合行政院環境保護署推動各機關綠色採購政策，投標廠商所報產品如已取得行政院環境保護署認可之環境保護產品使用許可或證明文件者，請逐項註明並於投標文件內檢附相關證明文件(並附列印公開於行政院環境保護署綠色生活資訊網站之資料佐證)。交貨時立約商須檢附該證明文件以供查核。若在本契約期間提出上項環境保護產品證明文件，亦得據以列入。廠商所報產品如已取得經濟部能源局核發之節能標章證書，亦得比照上述規定辦理。

八十二、受理廠商檢舉之採購稽核小組連絡電話、傳真及地址與法務部調查局及機關所在地之調查站處(站、組)檢舉電話及信箱：

(一) 教育部採購稽核小組(地址：100 臺北市中正區中山南路 5 號、電話：02-77365529、傳真：02-23583005)

(二) 臺北市調查處(地址：106 臺北市大安區基隆路二段 176 號；臺北市郵政 60000 號信箱、電話：02-27328888)

(三) 法務部調查局(地址：231 新北市新店區中華路 74 號；新店郵政 60000 號信箱、電話：02-29177777、傳真：02-29188888)

(四) 中央採購稽核小組(地址：110 臺北市信義區松仁路 3 號 9 樓、電話：02-87897548、傳真：02-87897554)

八十三、法務部廉政署受理檢舉電話：0800-286-586；檢舉信箱：10099國史館郵局第153號信箱；傳真檢舉專線：02-2381-1234；電子郵件檢舉信箱：gechief-p@mail.moj.gov.tw；24小時檢舉中心地址：10048臺北市中正區博愛路166號。

【投標須知】第18頁，共18頁



投標須知：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

□(3)另行招標。

七十六、廠商有下列情形之一者，不得參加投標、作為決標對象或分包廠商或協助投標廠商：

- (一) 提供規劃、設計服務之廠商，於依該規劃、設計結果辦理之採購。
- (二) 代擬招標文件之廠商，於依該招標文件辦理之採購。
- (三) 提供審標服務之廠商，於該服務有關之採購。
- (四) 因履行機關契約而知悉其他廠商無法知悉或應秘密之資訊之廠商，於使用該等資訊有利於該廠商得標之採購。
- (五) 提供專案管理服務之廠商，於該服務有關之採購。

□前項第 1 款及第 2 款之情形，於無利益衝突或無不公平競爭之虞，經機關同意者(本項未勾選者，表示機關不同意)，得不適用於後續辦理之採購。上述無利益衝突或無不公平競爭之虞之情形，於第 1 款指前階段規劃或設計服務之成果一併於招標文件公開，且經機關認為參與前階段作業之廠商無競爭優勢者。

七十七、全份招標文件包括：(可複選；刊登於政府電子採購網之本案招標公告為招標文件之一部分，不另檢附)

- (1) 招標投標及契約文件。
- ☑(2) 投標須知。
- ☑(3) 投標標價清單。
- ☑(4) 投標廠商聲明書(詳附件)。
- (5) 契約條款。
- (6) 招標規範。
- (7) 技術服務或工程採購案，「廠商參與公共工程可能涉及之法律責任」及廠商切結書(行政院公共工程委員會 101 年 1 月 13 日工程企字第 10100017900 號函修訂)：

- 切結書 1
- 切結書 2 (工程技術顧問公司執業技師)
- 切結書 3 (營造業專任工程人員)
- 切結書 4 (營造業工地主任)

□(8) 資訊服務採購案，資訊服務費用估算表。

☑(9) 其他(由招標機關敘明，無者免填)：

☑ 廠商資格、規格審查表(詳附件)：須檢附相關證件影本。

☑ 出席代表授權書(詳附件)：廠商負責人得親自或授權人員參加採購案有關會議(會議當日須帶身份證明文件)，被授權人員應提交「出席代表授權書」

☑ 投標標封標籤(詳附件)：含資規格標、價格標、外標封三個標籤，請書明投標廠商名稱、地址等資訊，並就各標封分別裝封後，張貼標籤於標封封面。

七十八、投標廠商應依規定填妥(不得使用鉛筆)本招標所附招標投標文件、投標標價清單，連同資格文件、規格文件及招標文件所規定之其他文件，密封後投標。惟屬一次投標分段開標者，各階段之投標文件應分別密封後，再以大封套合併裝封。所有內外封套外部皆須張貼「投標標封標籤(詳附件四)並書明投標廠商名稱、地址及採購案號或招標標的等資訊。廠商所提供之投標文件，建議採雙面列印，以節省紙張，愛惜資源。

涉及未得標廠商投標文件著作財產權，機關如欲使用該等文件，應經該廠商同意無償授權機關使用，或由機關給予報酬後，於彼此約定範圍內使用。

【投標須知】第17頁，共18頁

標價清單

(請列示分項價格▼)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價
2. 中央處理器：Intel Core i7(含)以上。 3. 記憶體：32 GB DDR5(含)以上。 4. 系統硬碟：1TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：4TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋(含)以上。			
(二)數據分析用桌上型電腦壹套，功能規格如下： 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 中央處理器：Intel Core i9 (含)以上。 3. 記憶體：128 GB DDR4(含)以上。 4. 系統硬碟：2TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：16TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋 (含)以上。	壹套		
(三)蛋白質數據分析軟體壹套，功能規格如下： 1. 分析軟體可直接分析本層析儀、質譜儀之原始數據或 mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據，以確保實驗數據分析之完整相容性。 2. 須可支援數據依賴掃描模式(DDA)與非依賴(DIA)掃描模式之數據分析。 3. 須具有內建流程圖的數據分析工作流程，並可客製化，以符合實驗設計的工作流程。 4. 須具內建智能搜索功能，於此軟體同一介面內即可呈現完整結果。 5. 軟體須安裝於品項三(二)數據分析用桌上型電腦中，且須確保軟體能正常分析運作並達到上述功能。須提供軟體永久合法開通授權序號證明書以供本校驗收。保固期內須免費提供軟體版本更新 (含與硬體相容之修正與更新)	壹套		
四、不斷電系統壹套，功能規格如下： (一)須與儀器運作電壓相同，且容量須為 12KVA(含)以上。 (二)須為在線式不斷電系統。 (三)不斷電系統體積高度需可置放實驗桌下(詳採購品項五)。	壹套		
五、實驗桌壹張，功能規格如下： (一)須配合層析儀、質譜儀、儀器控制及分析用電腦等放置，桌體至少須長 180 公分、深 100 公分及高 80 公分(含)以上。 (二)須具耐重度，可承受質譜儀系統、奈米微流液相層析系統及儀器控制電腦等設備之重量。	壹張		
請購單位：共同儀器中心 請購聯絡人：莊詠甯小姐 信義校區聯絡電話：(02)2736-1661#2705			

標價清單

(請列示分項價格▼)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價
奈米微流液相層析高解析質譜儀壹套，所含設備及功能規格如下：			
一、質譜儀系統壹套，所含組件及功能規格如下： (一)離子源二組： 1. 須具加熱式且溫度可達 500°C(含)以上之電噴灑離子源一組。 2. 可控溫式奈米微流電噴灑離子源一組。 3. 須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能。 (二)質量分析器一組： 1. 須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道阱，或飛行時間式質量分析器質譜儀。其相關解析度如下： (1)傅立葉轉換電場軌道阱質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，傅立葉轉換電場軌道阱須達到 400,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定肽狀定量解析。 (2)飛行時間式質量分析器：偵測器解析度於 m/z 200 時，須為 200,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過 10 組以上之同位素標定肽狀定量解析。 2. 四極桿質量選擇器範圍須可達 1,200 Da。 3. 質量分析器質量掃描範圍須為達 m/z 6,000(含)以上。 4. 須具備具備離子傳輸元件。 5. 須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計。 6. 須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度。 7. 質量準確度(Mass Accuracy)須達質量外校誤差(external error) < 3 ppm，質量內校誤差(internal error) < 1 ppm。 8. 掃描速度須達 40Hz(含)以上。 9. 碰撞室：須具備碰撞誘導解離(CID)，或是高能量碰撞誘導解離(HCD)之碎裂方法。 10. 靈敏度需達以 MS/MS 模式下以管柱進樣 100 fg reserpine 標準溶液，可測得訊號雜訊比(signal to noise ratio, S/N)達 100:1。	壹套		
二、奈米微流液相層析系統壹套，所含組件及功能規格如下： (一)奈米微流速溶媒梯度幫浦一組，功能規格如下： 1. 流速範圍可設定 1 nL/min- 100 μL/min 區間。 2. 系統壓力最高可達 1000 bar(含)以上。 (二)自動進樣裝置一組： 1. 進樣體積區間為 0.1- 25 μL。 2. 具備 4- 40 °C 溫控功能。 3. 須具直接進樣(Direct injection)或 Trap-and-elute injection 功能或相同功能設計。 4. 須可放置 96 個(含)以上的 1.5 mL vial 瓶。 5. 管柱溫控範圍最高可達 60°C。	壹套		
三、儀器控制及數據分析用電腦組含分析軟體壹套，所含組件及功能規格如下： (一)儀器控制用桌上型電腦壹套，功能規格如下： 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。	壹套		



附件一

投標廠商聲明書

本廠商參加(臺北醫學大學)招標採購奈米微流液相層析高解析質譜儀之投標，茲聲明如下：

Table with 4 columns: 項次, 聲明事項, 是(打V), 否(打V). Contains 8 items regarding business compliance, contract terms, and subcontractor management.

Table with 4 columns: 項次, 聲明事項, 是(打V), 否(打V). Item 9: Small business declaration with fields for project name, amount, and total amount.

Table with 4 columns: 項次, 聲明事項, 是(打V), 否(打V). Item 10: Local employment declaration with fields for total employees and local residents.

Table with 4 columns: 項次, 聲明事項, 是(打V), 否(打V). Item 11: Declaration regarding investment review committee sensitive business scope.



標價清單

(請列示分項價格)

Table with 4 columns: 採購項目及規格內容, 數量, 價總, 價. Contains detailed technical specifications and requirements for the mass spectrometer.

投標金額合計 新臺幣 仟 佰 拾 萬 仟 佰 拾 元整(含稅)

型號 原產地 Maker 交貨期 廠商應於決標次日起 90 個日曆天(含例假日)內...

備註 ※保固期：全責保固至少貳年(或依原廠保固期較長為主)...

廠商名稱： 廠商統一編號： 廠商地址： 廠商聯絡人： 電話： 聯絡人 Mail： 手機：

投標日期



其他附件：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

附件 二

廠商資格、規格審查表

(※請務必依表列順序排放證件影本，並請將本表置於證件封面)

※以下聯繫資訊，請務必完整清楚填寫，若因填寫資訊不明、缺漏、有誤或其他填寫不周之事，以致延誤或無法聯絡，概由廠商逕行負責。

採購名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀	採購案號	1120210527
廠商名稱		廠商統編	
負責人		廠商授權印鑑章	
聯絡人		聯絡郵件信箱	
聯絡電話 (市話)		聯絡電話 (手機)	
廠商地址	□□□□		

※廠商所提資格文件影本，本校得通知廠商限期提出正本供查驗，查驗結果如與正本不符，係偽造或變造者，依採購法第 50 條規定辦理。

投標廠商資、規格審查項目	招標機關資格、規格審查
<input checked="" type="checkbox"/> 1. 押標金(1,150,000元)繳納憑據影本 <small>□依投標須知規定免檢附</small>	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格 採購單位審查(項目 1-7 項): <input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 2. 廠商登記或設立證明	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格 且開標前已至政採網查詢非拒絕往來廠商詳附件 <input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格, 說明:
<input checked="" type="checkbox"/> 3. 廠商最近一期納稅證明	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 4. 廠商信用證明	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格 採購單位簽章:
<input checked="" type="checkbox"/> 5. 非拒絕往來廠商查詢並列印 <small>(請至工程會網站 web.pcc.gov.tw 查詢列印)</small>	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 6. 投標廠商聲明書	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 7. 出席代表授權書 <small>□負責人親自出席請勾選後得免檢附</small>	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格
<input checked="" type="checkbox"/> 8. 廠商製造、供應或承做能力證明	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格 採購單位審查(項目 8-10 項): <input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格, 說明:
<input checked="" type="checkbox"/> 9. 廠商維修、維護或售後服務能力證明	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格 採購單位簽章:
<input checked="" type="checkbox"/> 10. 型錄或規格說明書	<input type="checkbox"/> 合格 <input type="checkbox"/> 不合格

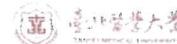
投標廠商審查結果

合格
不合格

投標廠商不符事項確認

本廠商所投標及釋疑補充之文件等，經貴機關審核後，不符招標文件規範經本廠商確認無誤後，謹此簽章認同。

投標廠商簽章



投標廠商聲明書：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

十二	本廠商屬大陸地區廠商、第三地區含陸資成分廠商或在臺陸資廠商，不得從事影響國家安全之採購。【請查察招標文件規定本採購是否屬影響國家安全之採購】	
十三	本廠商是原住民個人或政府立案之原住民團體。 (答「否」者，請於下列空格填寫得標後預計分包予原住民個人或政府立案之原住民團體之項目及金額，可自備附件填寫，如無，得填寫「0」) 項目 _____ 金額 _____ 項目 _____ 金額 _____ 合計金額 _____	
附註	<p>1. 第一項至第七項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；聲明書內容有誤者，不得作為決標對象。</p> <p>2. 本採購如非屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，第八項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；聲明書內容有誤者，不得作為決標對象【違反公職人員利益衝突迴避法第 14 條第 1 項規定者，依同法第 18 條第 1 項處罰】；如屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，答「是」、「否」或未答者，均可。</p> <p>3. 第九項、第十項、第十三項未填者，機關得洽廠商澄清。</p> <p>4. 本採購如屬經濟部投資審議委員會公告「具敏感性或國安(含資安)疑慮之業務範疇」之資訊服務採購，第十一項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；如非屬上開採購，答「是」、「否」或未答者，均可。</p> <p>5. 本採購如屬影響國家安全之採購，第十二項答「是」或未答者，不得參加投標；其投標者，不得作為決標對象；如非屬上開採購，答「是」、「否」或未答者，均可。</p> <p>6. 本聲明書填妥後附於投標文件遞送。</p> <p>7. 本採購如屬依採購法以公告程序辦理或同法第 105 條辦理之情形者，且本廠商就本採購案，係屬公職人員利益衝突迴避法第 2 條及第 3 條所稱公職人員或其關係人者，請填「公職人員利益衝突迴避法第 14 條第 2 項公職人員及關係人身分關係揭露表」，如未揭露者依公職人員利益衝突迴避法第 18 條第 3 項處罰。</p>	
	投標廠商名稱：	
	投標廠商章及負責人章：	
	日期：	

(工程會 113.1.1 版)

附件 四

投標標封標籤

(▼請書寫標封標籤完整資訊，並分別裁剪以下各標封標籤後張貼於各標封封面)

資、規格封	
標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜 標號：TMU112-277(第二次公告)	
注意 事項 應 附 文 件 ▶ 請 逕 自 檢 核	1.文件檢附方式：本資、規格標封內，請將下列文件，裝入A4(或A3)信封，並以迴紋針固定於左上角，俾利開標審核作業。
	2.押標金繳納：配合出納作業，請至機關出納組(醫學綜合大樓後棟1F)繳納後，將(暫)收據攜至事務組承辦同仁處影印後檢附，收據正本請逕行保管留存，敬請配合。如第二次投標，得延用第一次投標所繳之押標金，免再繳納。
	<input type="checkbox"/> 押標金收據影本。
	<input type="checkbox"/> 廠商資格規格審查表(依表列順序排放證件影本並蓋章，請將本表置於證件封面)。
	<input type="checkbox"/> 非拒絕往來廠商查詢並列印。
	<input type="checkbox"/> 投標廠商聲明書。
	<input type="checkbox"/> 出席代表授權書(投標文件須以公司授權之印章用印)：如公司負責人出席者，得免附。
	<input type="checkbox"/> 廠商製造、供應或承做能力證明。
	<input type="checkbox"/> 廠商維修、維護或售後服務能力之證明。
	<input type="checkbox"/> 型錄或規格說明書。
投標廠商	統一編號
廠商地址	廠商聯絡人
廠商電話	聯絡人電話
聯絡郵件信箱	聯絡人手機

價格封	
標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀 標號：TMU112-277(第二次公告)	
注意事項	文件檢附方式：本價格封內僅裝入下列文件，其餘投標文件一律裝入資、規格封。
投標廠商	統一編號
廠商地址	廠商聯絡人
廠商電話	聯絡人電話
聯絡郵件信箱	聯絡人手機

【其他附件】第3頁，共6頁

附件 三

出席代表授權書

茲授權本公司(商號或法人)所屬員工：_____先生 / 小姐代表本公司(商號或法人)參與貴校採購案「奈米微流液相層析高解析質譜儀」之開標/評選/議價/簽約等有關會議，且該員會議中所做之任何承諾或簽認事項直接對本公司(商號或法人)發生效力，本公司(商號或法人)均予以承受，並經本公司(商號或法人)確認被授權人下列簽樣真實無誤。

被授權人之簽樣：_____ 或 _____

請惠予核備。

此 致

臺北醫學大學

授權人公司(商號)：
負責人姓名：
公司(商號)統一編號：
負責人身分證統一編號：

被授權人：
身分證統一編號：
通訊地址：
聯絡電話：

中 華 民 國 _____ 年 _____ 月 _____ 日

『被授權人簽樣』得為下列形式之1，依民法第103條規定，代理人於代理權限內所為之意思表示，直接對投標廠商發生效力：1.公司大小章。2.投標專用章。3.被授權人簽章。

【其他附件】第2頁，共6頁



其他附件：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

附件 五

▼本申請書得於申請退還時另行檢附，不須裝入標封內

廠商投標文件領回申請書

一、本廠商參加【奈米微流液相層析高解析質譜儀】案(第二次公告，標號：TMU112-277)之投標，茲因下列原因，請貴校退還本廠商所提送之投標文件：

(一)若本案流標者：

參加投標廠商或合格廠商未達法定家數而流標。(可領回投標文件)

(二)若本案廢標者：

本標案開標後因故廢標。(投標文件原則不發還，可領回正本文件，另於影本上加蓋廠商及負責人印章後，由本校留存)

(三)其他：

本廠商之投標文件，經貴校審查，不符合本案投標須知之形式審查規定。(可領回所有投標文件)

本廠商之投標文件，經審查不符合本案投標須知之 資格 規格文件審查規定。(可領回未開封之文件)

參與評審/評選作業，但未獲評為符合需要/優勝廠商。(除評審人員未返還及本校保留 3 份外，其餘可領回)

本標案因有政府採購法第 48 條第 1 項各款情形之一而不予開標。(可領回全部投標文件)

其他：

二、申請領回投標文件，得由負責人或委任代理人填妥本申請書(加蓋廠商及負責人印章，或與委任授權書相符之授權代理印章)，憑身分證證明文件提出申請，並由本校核對後辦理退還。

三、領回清單如下：

文件名稱(請勾選填寫)	份數	文件名稱(請勾選填寫)	份數
<input type="checkbox"/> 全部投標文件	份	<input type="checkbox"/> 服務建議書或企畫書	份
<input type="checkbox"/> 未開封之價格封	份	<input type="checkbox"/> 其他：	份
<input type="checkbox"/> 未開封之規格封	份		

四、領取人性名：

(一)姓名：

(二)身分證字號：

(三)聯絡電話：

(四)領取日期： 年 月 日

五、投標廠商及負責人印章(請蓋與投標文件相同之印章)：

與投標文件
同章同蓋

六、領取人簽名：



其他附件：(第二次公告)

標號：TMU112-277

(工程會 112.06.30 版)

附件 四

投標標封標籤

(請書寫完整資訊，裁剪以下標封標籤並張貼於標封封面)

外 標 封

標案名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀 標號：TMU112-277 (第二次公告)

截止投標時間：113年05月30日下午05時整 開標時間：113年05月30日下午05時00分整

11031 臺北市信義區吳興街 250 號

臺北醫學大學總務處事務組收

事務組採購承辦人 劉又溱小姐

投標廠商

統一編號

廠商地址

廠商電話

廠商聯絡人

聯絡人電話

聯絡郵件信箱

一、投標文件遞送請注意時效，寄達本校事務組採購承辦人處如逾時視為無效標。

二、文件檢附方式：

1. 本外標封內請裝入：(一)資、規格封。(二)價格封。各標封封口彌封處請密封並加蓋公司授權大、小章。

2. 投標文件應以適當容器裝置，外標封標籤請書寫完整基本資料後貼於標封封面，標封彌封處請密封並加蓋公司授權大、小章，敬請配合。

投標文件送達紀錄

寄送方式	※請擇一勾選：	廠商送件人簽章	機關收件人簽章
	<input type="checkbox"/> 郵寄或快遞 (免簽章免填並時間)		
	<input type="checkbox"/> 專人送達 (須簽章及註記送達時間)		
		送達日期時間： 年 月 日 :	收件日期時間： 年 月 日 :

附件 六

※本同意書無需裝入標封內，請於得標後確認轉入時再行檢附，無轉作者免附

押標金轉作履約保證金同意書

- 一、本廠商投標臺北醫學大學招標【奈米微流液相層析高解析質譜儀】案(第二次公告，標號：TMU112-277)，經貴校宣布得標，謹此立書同意貴校逕將本廠商所繳押標金總計新臺幣 拾 萬 仟 佰元整。(銀行庫 分行(部、庫)之票據號碼 號票據乙紙。)轉作履約保證金之一部分。
- 二、如本廠商應繳納履約保證金金額超過所繳押標金時，不足部分依本案招標文件及契約相關規定於繳納期限前攜帶押標金收據至貴校一併辦理補足。

此 致

臺北醫學大學

廠商名稱：

統一編號：

負責人：

負責人身分證字號：

電 話：

(印回簽字)

(印回日期)

中 華 民 國 年 月 日



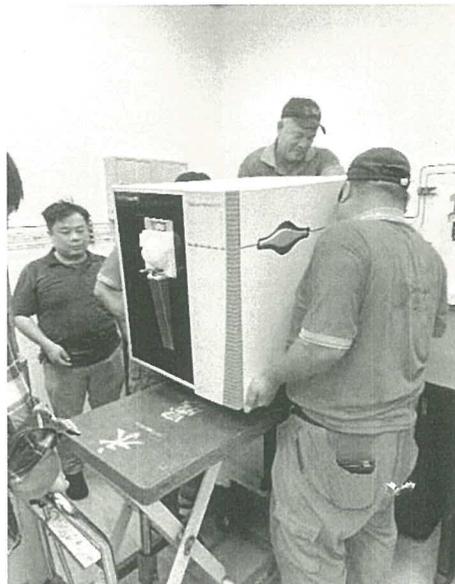
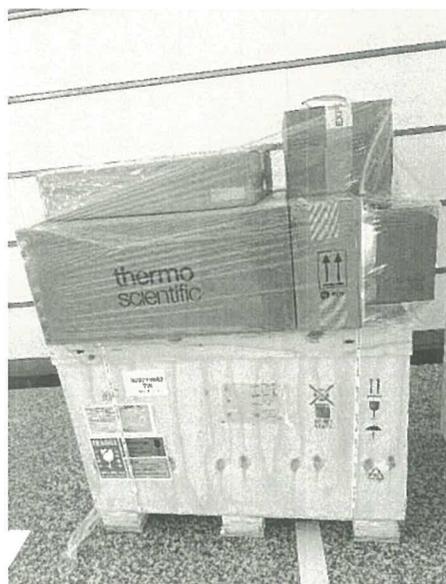


臺北醫學大學 功能驗收紀錄單

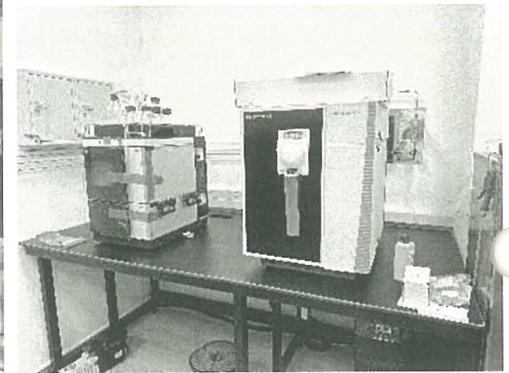
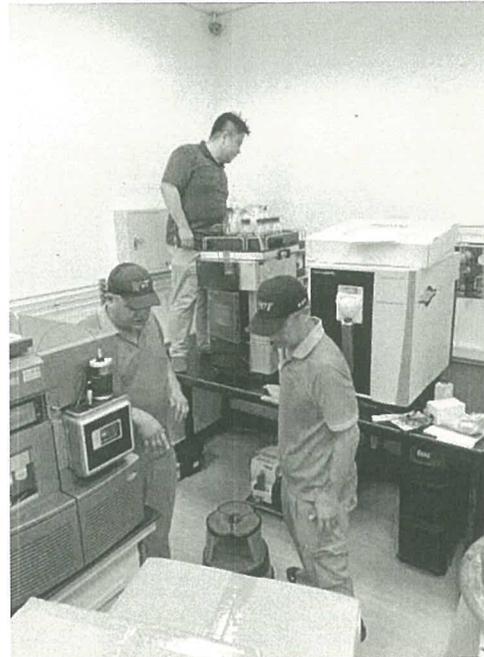
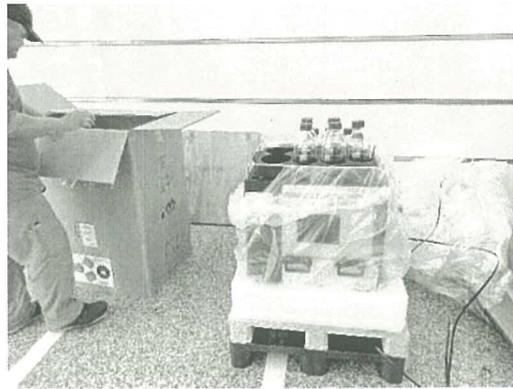
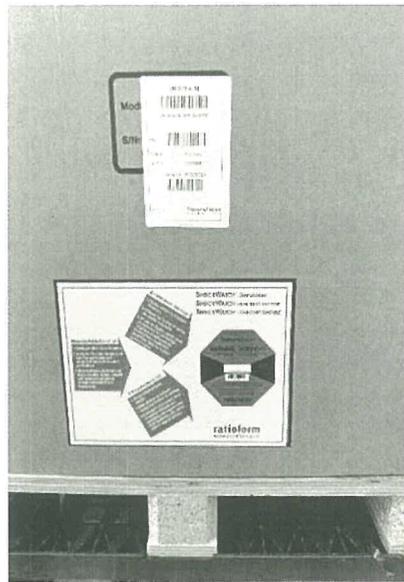
1091215 版

採購案號	1120210527	請購單位	共同儀器中心		
請購人	莊詠甯	保管人	劉俊志	Email	a0194128@tmu.edu.tw
購案名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀				
成交廠商	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司	成交金額	22,000,000 元		
到貨日期	113 年 08 月 20 日	履約有無逾期	<input type="checkbox"/> 逾期	<input checked="" type="checkbox"/> 未逾期	
<p>● 功能測試：</p> <p>1. 本設備/軟體，安裝於 <u>藥學暨營養大樓 B1 樓 共儀中心/教室/實驗室</u>。</p> <p>2. 本設備/軟體於 <u>113 年 08 月 20 日</u> 起進行功能測試，至 <u>113 年 09 月 05 日</u> 完成。 (詳如附件)</p> <p>附件一、送貨簽收單 附件二、儀器原廠安裝測試報告 附件三、英文相關使用操作說明書 附件四、實驗要求數據分析結果報告</p> <p>● 功能測試結果：</p> <p><input checked="" type="checkbox"/>標的物功能正常，安裝、規格、功能效益經測試與規範規定皆符合。</p> <p>1. UPS (廠牌：飛碟，型號：FT-M12T-T)</p> <p>2. 儀器控制電腦 (廠牌：Dell，型號：Optiplex XE4)</p> <p>3. 數據分析電腦 (廠牌：Genuine，型號：客製化搭配組裝)</p> <p>本期維護日期： 廠商於 <u> </u> 年 <u> </u> 月 <u> </u> 日到校進行修復/更換，於 <u> </u> 年 <u> </u> 月 <u> </u> 日 <u> </u> 時 <u> </u> 分完成，標的物異常狀況已排除/修復，全部測試於 <u> </u> 年 <u> </u> 月 <u> </u> 日完成。</p> <p>● 教育訓練：</p> <p>1. <input checked="" type="checkbox"/>是，本設備/軟體於 113 年 08 月 22 日起進行教育訓練，至 113 年 09 月 03 日完成(詳如附件)。</p> <p>附件五、教育訓練計畫 單位使用保管人(簽章及日期)：<u>莊詠甯 2024/9/15</u> 分機：<u>2705</u></p>					
注 意 事 項	<p>1. 功能測試紀錄單請使用保管人功能測試填寫及簽章。</p> <p>2. 請購單位應於廠商到貨後二週內完成功能驗收，並通知保管組辦理會驗。若測試驗收不通過，本校得要求整批退貨重新交貨或解約。功能測試如需較長時間，應於訂約時述明或於驗收作業註明費時較長原因。</p> <p>3. 10 萬元以上之儀器設備請購案，除本單之外，尚須加附詳細逐項測驗報告。</p> <p>4. 功能測試紀錄單於填寫完成後，請購單位使用保管人簽署後，上傳 ERP 系統之驗收文件(PDF 檔)，隨案結報。</p>				
序 號	採 購 品 名	規 格 及 說 明	數 量	單 位	標的物安裝、規格、功能效益經測試與規範規定
1	奈米微流液相層析高解析質譜儀	1.質譜儀系統一套，含離子源 2 組,質量分析器 1 組。2. 奈米微流液相層析系統一套含奈米微流速溶媒梯度幫浦及自動進樣裝置各一組。3.儀器控制及數據分析用電腦組含分析軟體壹套。4.不斷電系統。5.實驗桌等，餘規格詳如附件採購規格書	1	套	<input checked="" type="checkbox"/> 相符 <input type="checkbox"/> 不相符

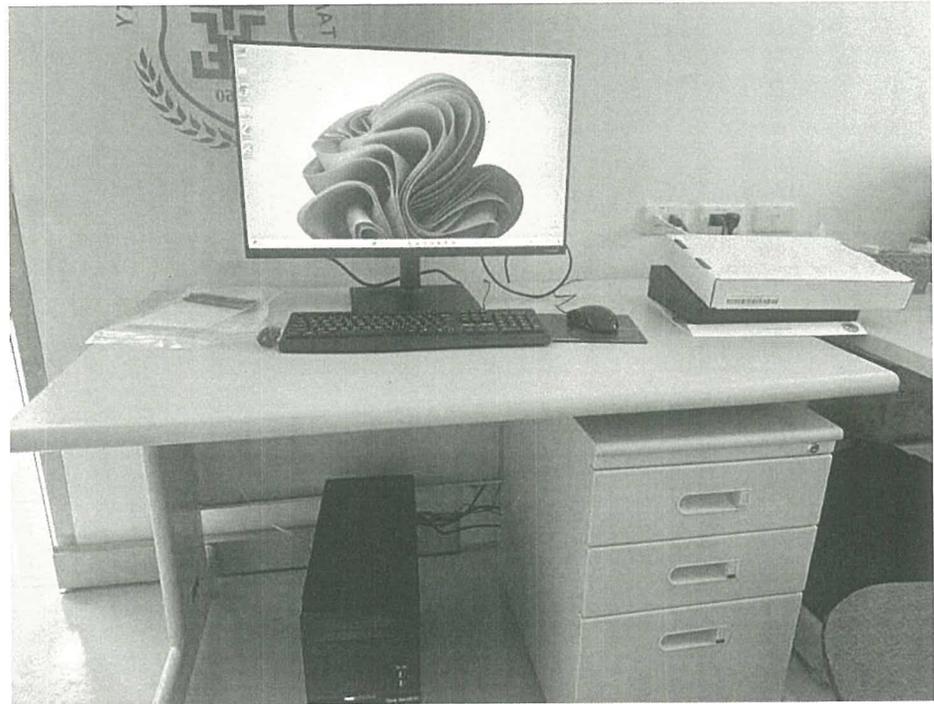
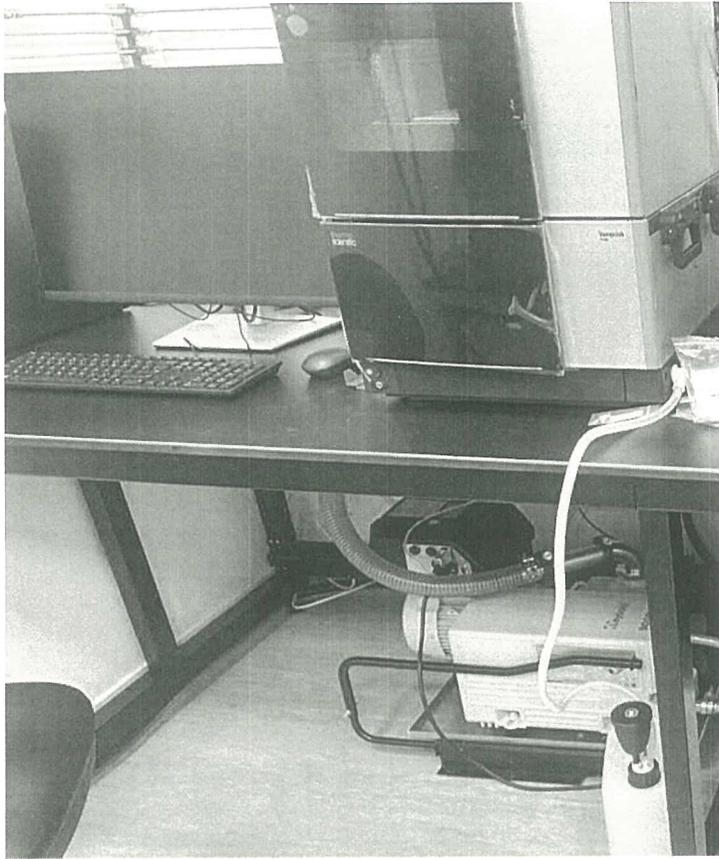
質譜儀系統



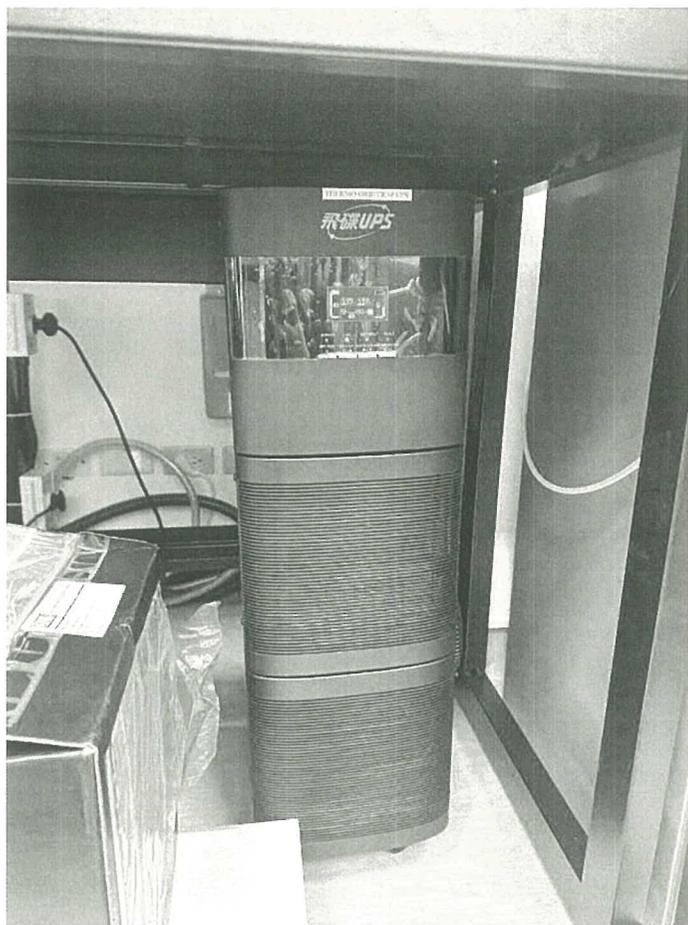
奈米微流液相層析系統



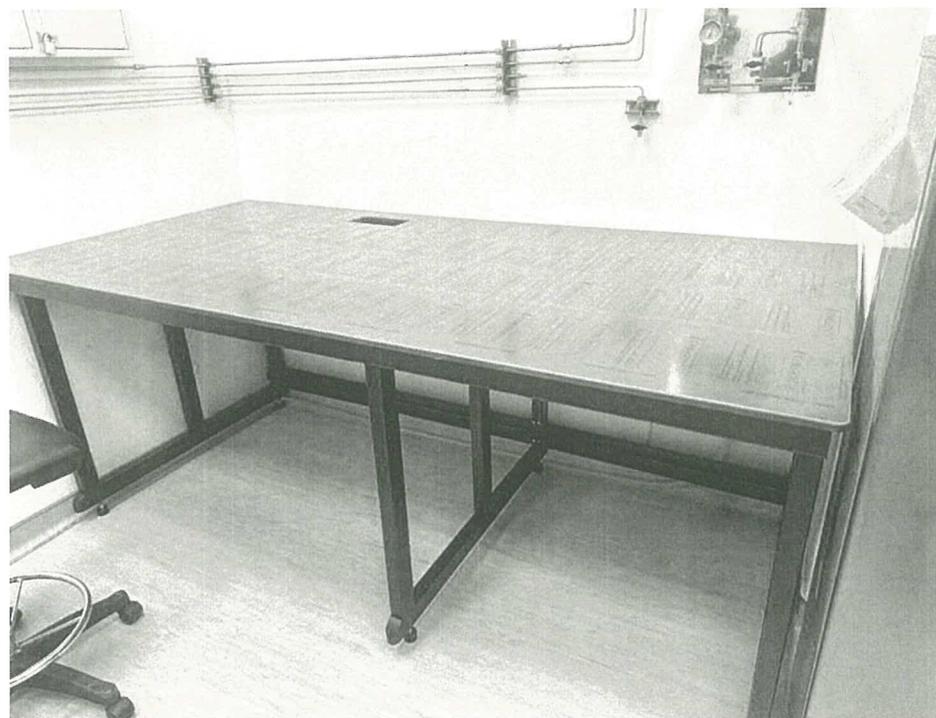
儀器控制及數據分析用電腦組



不斷電系統



實驗桌



附件一、送貨簽收單

ThermoFisher
SCIENTIFIC

台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
總公司: 11493台北市內湖區洲子街85號6F之1
電話: 02-8751-6655
傳真: 02-8751-5353

出貨明細表

出貨日期: 2024.08.19
客戶名稱: 臺北醫學大學

出貨單號: 2403007
SO單號: 2401668

聯絡人: 李啟鳴 電話:
送貨地址: 臺北市信義區吳興街250號動物中心4樓

隨貨附發票: 訂單/報價單號: TMU112-277

頁次: 1 of 5

#	項目號碼	說明	數量	價格	總計
✓ 1	BRE725533	Orbitrap Exploris 480 Basic System w/ IC	1		
	序號: MA11142C				
✓ 2	ES082	Easy Spray Nano Ion Source (NG)	1		✓
✓ 3	ES993	Nano Easy 10um Emitter w/o line	2		C
	序號: 20656735, 20656751				
✓ 4	FMS03-10001	FAIMS PRO DUO	1		✓
	序號: FAIMS-30774				
✓ 5	VN-S10-A-01	VANQUISH NEO SYSTEM	1		✓
	序號: SYS831627				
✓ 6	6036.1180	VANQUISH DISPLAY	1		
	序號: 23/41/019				
✓ 7	VN-C10-A-01	COLUMN COMPARTMENT N	1		
	序號: 6536373				
✓ 8	6250.1520	VALVE 2P-6P, LOW-DISP, 150 MPA, BIO, VN-C	1		
✓ 9	OPTON-30697	KIT, NG HESILOFLO50umIDNanoVip 50umX150mm	1		

客戶簽收:

交貨人員

倉管

Handwritten signature

K.C. Peay

日期: 113年8月20日

Aug 20, 2024

出貨明細表

出貨日期: 2024.08.19

出貨單號: 2403007

客戶名稱: 臺北醫學大學

SO單號: 2401668

聯絡人: 李啟鳴

電話:

送貨地址: 臺北市信義區吳興街250號動物中心4樓

隨貨附發票:

訂單/報價單號: TMU112-277

頁次: 2 of 5

# 項目號碼	說明	數量	價格	總計
✓ 10 ES75150PN	EASY-SPRAY PEPMAP NEO C18 2UM 75UMX150MM	1		
序號: C20664823				
✓ 11 6250.1009	LOW DISPERSION Y-PIECE 50UMW. INSERT	1		
✓ 12 COL-LOLO050NEOB	50CM µPAC™ NEO HPLC COLUMN, LOW LOAD	1		
序號: 7100260				
✓ 13 COL-NANO050NEOB	50cm µPAC™ Neo HPLC COLUMN	1		
序號: 7200780				
✓ 14 B51001473	SW, PD 3.1 WITH CHIMERYS FULL	1		
✓ 15 00109-99-00046	VALVE,2 POS,6PRT,RHEODYN MXT715-004,RoHS	1		
✓ 16 BRE0016334	Merkur CountKit Cont.Eur_Type A	1		
✓ 17 ES75500PN	EASY-SPRAY PEPMAP NEO C18 2UM 75UMX500MM	1		
序號: C20674420				
18 6040.2304	Viper Union	1		
✓ 19 6250.5260	NANOVIPER CAPILLARY IDXL	1		

客戶簽收:

交貨人員

倉管

Handwritten signature

K.C. Peng

日期: 113年8月20日

Aug 20, 2024

出貨明細表

出貨日期: 2024.08.19

出貨單號: 2403007

客戶名稱: 臺北醫學大學

SO單號: 2401668

聯絡人: 李啟鳴

電話:

送貨地址: 臺北市信義區吳興街250號動物中心4樓

隨貨附發票:

訂單/報價單號: TMU112-277

頁次: 3 of 5

# 項目號碼	說明	數量	價格	總計
	20UM X 550MM			
20 88328	PIERCE STD HELA PROTEIN DIGEST 20 UG 1PK	1		
21 OPTON-30139	NG, HESI LOFLO Needle Insert 50umID35G	1		
22 174500	PEPMAP 100 C18 5UM 0.3X5 MM 3PK 1500 BAR	1		
批次	倉庫	數量	有效期限	明細
2987766	01	1		
23 174501	PEEK WITH NANOVIPER FITTINGS 30UM x 100M	1		
批次	倉庫	數量	有效期限	明細
2975613	01	1		
24 174502	NANO GUARD HOLDER + NANOVIPER FITTINGS K	1		
批次	倉庫	數量	有效期限	明細
2974005	01	1		
25 HAZMAT-01-00081	Reserpine Standard, 100pg/uL, 5x1mL	1		
批次	倉庫	數量	有效期限	明細
ZA374134	01	1	2025.07.29	

客戶簽收:

交貨人員

倉管

李啟鳴

K.C. Peng

日期: 113年 8月 20日

Aug 20, 2024

出貨明細表

出貨日期: 2024.08.19

出貨單號: 2403007

客戶名稱: 臺北醫學大學

SO單號: 2401668

聯絡人: 李啟鳴

電話:

送貨地址: 臺北市信義區吳興街250號動物中心4樓

隨貨附發票:

訂單/報價單號: TMU112-277

頁次: 4 of 5

#	項目號碼	說明	數量	價格	總計
26	25002-012135	HYPERSIL GOLD 1.9UM 10x2.1MM JAV HTS 3PK	1		
序號: BATCH					
27	6826.2401	ASSY, LOOP, SMPL, 1UL, FTG:1 0-32, NANOVIPER	1		
28	6PSV9-V1	VIAL 1.7ML CLR SCR 9MM SHORT V-B 100/PK	1		Vial
	批次	倉庫	數量	有效期限	明細
	2007641080	01	1		
29	6PSC9STB1	CAP SCR 9MM BK PP S/T BND 100/PK	1		
	批次	倉庫	數量	有效期限	明細
	00354611-5	01	1		
30	BRE0021870	Cal Solution, Flexmix, 2x10mL	1		
	批次	倉庫	數量	有效期限	明細
	ZC394394	01	1	2026.03.06	
31	960708	ASSY, CBL, BPLUG-BNCM 5FT	11		
32	LS_MS Office_LSMS	Local Supply for LSMS Microsoft Office	1		

客戶簽收:

交貨人員

倉管

(Handwritten signature)

K.C. Peng

日期: 113年 8月 20日

Aug. 20, 2024

ThermoFisher
SCIENTIFIC

台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

總公司: 11493台北市內湖區洲子街85號6F之1

電話: 02-8751-6655

傳真: 02-8751-5353

出貨明細表

出貨日期: 2024.08.19

出貨單號: 2403007

客戶名稱: 臺北醫學大學

SO單號: 2401668

聯絡人: 李啟鳴

電話:

送貨地址: 臺北市信義區吳興街250號動物中心4樓

隨貨附發票:

訂單/報價單號: TMU112-277

頁次: 5 of 5

# 項目號碼	說明	數量	價格	總計
33 LS_Computer_LSMS	Local Supply for LSMS 電腦主機	1		

備註: 請簽收後交給本公司人員或傳真至 02-8751-5353 謝謝!

客戶簽章:

交貨人員

倉管

日期: 113年8月22日

K.C. Peng
Aug 20, 2024

金永德實驗室設備有限公司

銷貨單

桃園市龍潭區工二路286號

TEL: (03)480-8822

FAX: (03)480-3377

1 / 1

客戶名稱: 台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

客戶編號: B0679

單據日期: 113/07/18

統一編號: 28685123

電話號碼: (02)8751-6655

訂單編號: 11307000012

發票地址: 台北市內湖區洲子街85號6樓之一

單據號碼: 1307180001

送貨地址: 台北醫學大學/教學研究大樓/共用儀器中心

發票號碼:

產品編號	品名 / 規格	數量	單位	單價	金額	貨品附註
01	鋼製承重型靠邊實驗桌 2300*1100*910	1.00	台			113-07-12
02	安裝運費	1.00	式			
折 已 未	讓 款 款			合 營 總	計 稅 計	
貨單附註	(採購單號: 2400968)					

審核: 經辦: 會計: 業務:

簽收:

Handwritten signature and date: 2024/07/18

表單編號: Q2-EN01-04



飛碟UPS- 客戶服務單

114065 台北市內湖區新湖二路345號2樓 TEL:02-2697 1818 FAX:02-2697 1919

日期: 2024/7/9 項目: 裝機 業務: 許世杰 製單人: 雅婷 單號:

客戶: 台灣賽默飛世爾科技股份有限公司 聯絡人1: 賽默飛 李淑慧 小姐
 手機1: 電話1: 0937-763-751

USER: 北醫共儀中心 聯絡人2: 北醫共儀 莊詠爾小姐
 手機2: 電話2: 02-2736-1661#2705

地址2: 台北市信義區吳興街250號 教學大樓B1

機號	型號2	規格2	保固年限	序號	位置-單位	樓層
A	FT-M12T-T	1#2W 220V/1#3W 220.110V 60HZ +ISO		83922403700255		B1

服務內容: A 請於7/25, 至現場裝機, 謝謝!

群號	充電電壓V	廠牌	電池規格/廠牌			風扇規格			負載 (%)	
			型號	V	AH	類	V	CM	類	類型
A		CSB	HR1234WF2	12	9	20				

A 定位安裝完成 市電量測正常 後端設備正常 介紹操作流程 UPS輸出量測正常 UPS運作正常

定位安裝完成 市電量測正常 後端設備正常 介紹操作流程 UPS輸出量測正常 UPS運作正常

A 灰塵 乾淨 過熱 冷氣 潮濕 鹽分 酸性 線路 雜物堆放 角落 窄小 寬敞 室內 室外 門框 階梯 電梯 其他

灰塵 乾淨 過熱 冷氣 潮濕 鹽分 酸性 線路 雜物堆放 角落 窄小 寬敞 室內 室外 門框 階梯 電梯 其他

IN PUT 記錄:			OUT PUT 記錄:		
V	Hz	mm2	V	Hz	mm2
LN 200.0		A	110	220	A
LG 116.1		A	LN 109.9	220.2	A
NG 115.2		A	LG 109.9	220.2	A
		A	NG 0.	0	A
		A			A

備註: 裝機配線施工完成 測試正常

時 抵達: 服務工時: 共:(人) 客戶確認: 許世杰 20240729

時 離開: 服務日期: 報價-Mail/Fax:

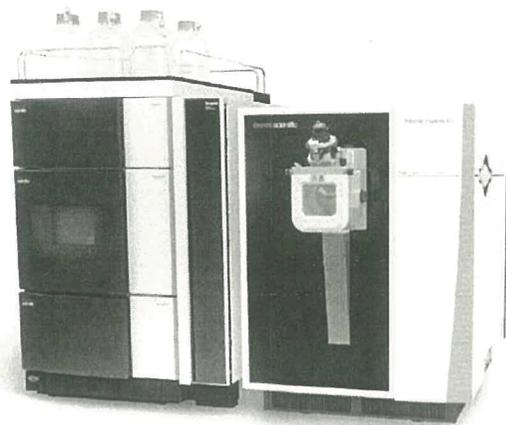
時 車程: 服務人員: 許世杰

ThermoFisher
SCIENTIFIC

台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
11493 台北市內湖區洲子街85號6樓之1
電話：(02)8751-6655
傳真：(02)8751-5353

採購案號: 1120210527

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀



儀器原廠安裝測試報告

ThermoFisher
SCIENTIFIC

Orbitrap Exploris Series INSTALLATION PROCEDURE

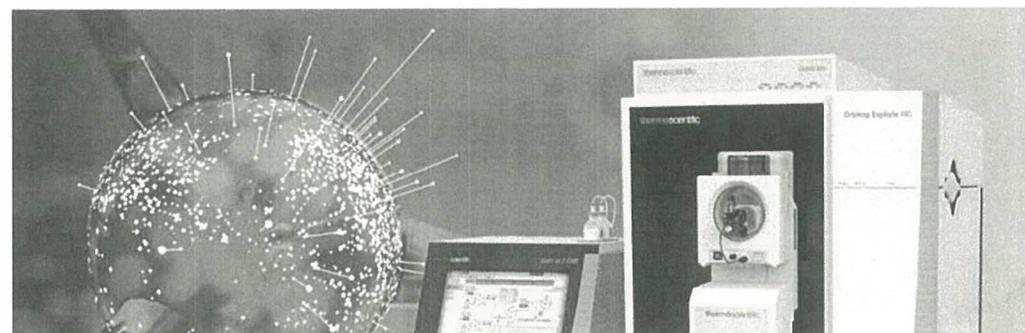
Customer : 台北醫學大學共同儀器中心 (TMU)
Country : TW
Contact : 莊詠甯
Telephone : (02)2736-1661 ext. 2705
Email : a0194128@tmu.edu.tw

System : Orbitrap Exploris 480 Mass Spectrometry
S.N. : MA11142C
Data : Nov. 20- Aug. 27, 2024

*The following specifications will be demonstrated free of charge during instrument installation.
ULS-DRS-IFI-0071/ WI-7.5-906*

Filed Service Engineer: KC Peng

Start Data: Aug. 20, 2024



ThermoFisher
SCIENTIFIC

儀器安裝測試合格證明單

客戶基本資料

客戶名稱	台北醫學大學	部門	共儀中心
地址	110 臺北市信義區吳興街 250 號台北醫學大學藥學暨營養大樓 3 樓	聯絡人	莊詠甯
電話	(02)2736-1661 ext. 2705	行動電話	傳真
mail	a0194128@tmu.edu.tw	P.O.	S.O.

儀器名稱： Orbitrap Exploris 480 Mass Spectrometry

Model 1: Orbitrap Exploris 480 Serial Number: MA11142C

Model 2: Vanquish Neo Binary Pump Serial Number: 8369103

Model 3: Vanquish Neo Column Component Serial Number: 6536373

Model 4: Vanquish Neo Sampler Spilt Serial Number: 8368866

Model 5: FAIMS PRO DUO Serial Number: FAIMS30774

是否已完成 IQ 測試。

茲證明本公司對上述儀器已經於 2024 年 08 月 20 日交貨完畢，並且安裝完成以及開機運轉良好，於 2024 年 08 月 29 日經貴司人員測試通過，特立此儀器安裝測試合格單以茲證明。

客戶代表

簽名: 莊詠甯 日期: 2024/08/29

台灣賽默飛世爾科技代表

簽名: 彭冠傑 日期: 2024/08/29

NO. 030954

SERVICE REPORT

CUSTOMER: <u>TMU</u>			
CUSTOMER CONTACT: <u>Ms. 莊詠甯</u>			
TELEPHONE NO.:		EXT:	FAX:
BILL TO:			
<input type="checkbox"/> WARRANTY <input type="checkbox"/> CUSTOMER <input type="checkbox"/> CONTRACT <input type="checkbox"/> PM <input type="checkbox"/> INSTALLATION <input type="checkbox"/> OTHER			
MODEL: <u>OE 480</u>		SERIAL NO.: <u>MA11142C</u>	
DATE TIME RECEIVED: <u>Aug 20</u>		DATE TIME FINISH: <u>Aug 29, 2024</u>	
PART NO.	DESCRIPTION	UNIT PRICE	T. PRICE
<u>MA-11142C</u>	<u>OE 480 (with IZ)</u>		
<u>FAIMS 30774</u>	<u>Vanquish Neo system FAIMS Pro Duo</u>		
TROUBLE REPORTED		PARTS TOTAL	
<u>New Installation</u>		LABOR HOURS: <u>50 hours</u>	
REPAIR DETAILS		EXPENSE	
A. Unpack system ⇒ check package status		TOTAL	
B. Start and Set-up system			
C. Pumping system, balance for 12 hours (twice)			
D. Check vacuum < 1e-10 mbar			
E. Execute Installation procedure (calibrate HCD, Positive/Negative)			
F. 2 hours long-term mass stability			
G. Installation for FAIMS Pro Duo, Vanquish Neo			
H. IQ for Vanquish Neo			
I. Reserpine Test for SN test.			
ENGINEERS SIGNATURE		CUSTOMERS SIGNATURE	
<u>K.C. Peng Aug 29, 2024</u>		<u>莊詠甯</u>	

第一聯：存根(白)
第二聯：客戶(黃)

Content

#Day 1) Setup and Pumping system 3

 A. Set-up 3

 A1. Unpacking whole system 3

 A2. Confirm Gas supply and power 5

 A3. Backup OS system for Dell XE4 5

 B. Bakeout 5

#Day 2-3) SYSTEM INSTALLATION 6

 C. Vacuum Check 6

 D. Primary Stability 6

 E. General Check: Calibration and Evaluation 7

 E1. Calibration for Positive 7

 E2. Calibration for Negative 7

 E3. 2 hours mass stability test 8

 E4. Polarity Switching Test 8

 F. FAIMS PRO DUO INSTALLATION 9

 F1. Unpackage 9

 F2. Check vacuum 9

 F3. Readback 10

 F4. DV Tune 10

 F5. CONFIRM CV FUNCTIONALITY 11

#Day 4 MS Sensitivity test and Vanquish neo IQ 12

 G. Sensitivity test 12

 H. Vanquish Neo IQ 13

Service Report 14

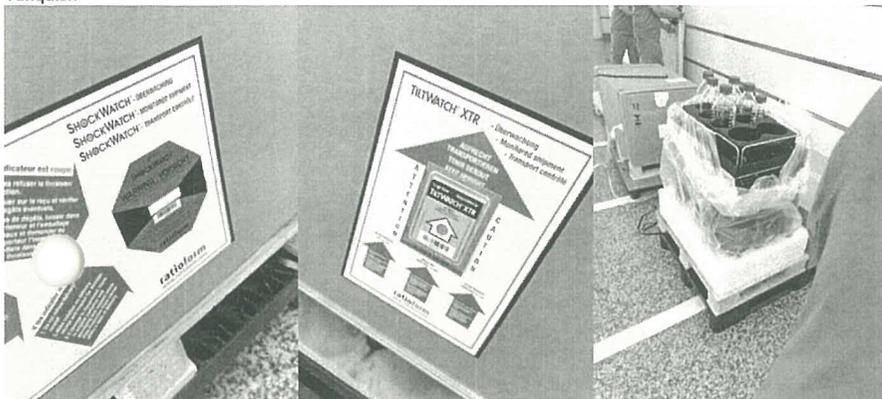
#Day 1) Setup and Pumping system

A. Set-up

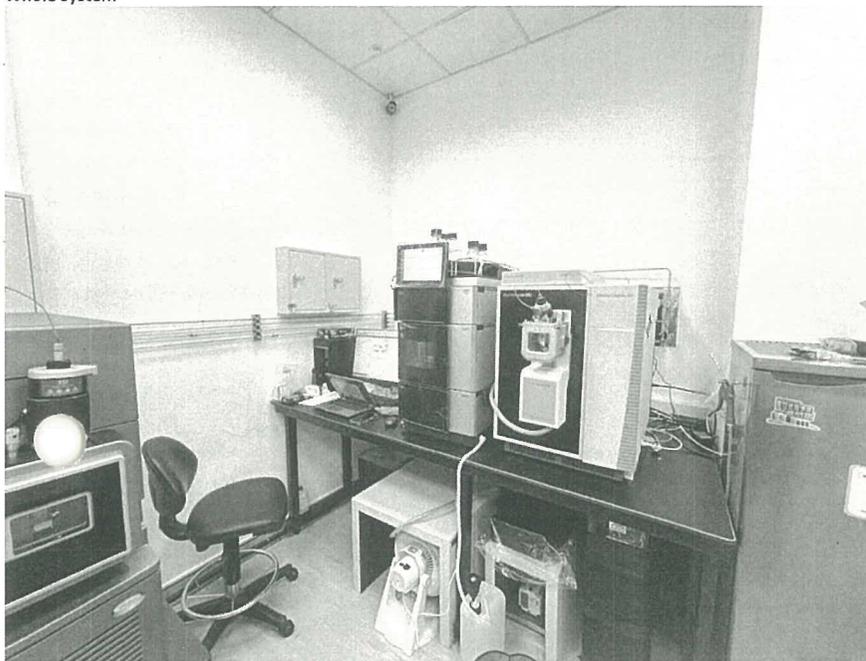
A1. Unpacking whole system
OE480



Vanquish



Whole system



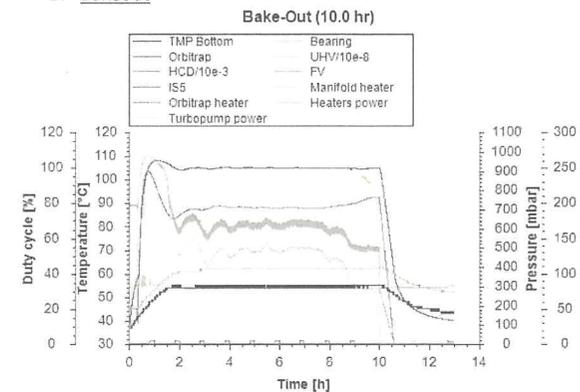
A2. Confirm Gas supply and power power supply (N-G 0.09V<1V), vacuum hose, cable inside instrument => No issue

A3. Backup OS system for Dell XE4

D:\My Backups



B. Bakeout



#Day 2-3) SYSTEM INSTALLATION

C. Vacuum Check

HCD Gas valve off/ on

Vacuum System

Fore Vacuum Pressure	3.330 mbar
IF Region Pressure	0.126 mbar
HCD Cell Pressure	1.080e-002 mbar
UHV Pressure	5.714e-010 mbar

#Delta UHV= 3.5 e-11 mbar

Vacuum System

Fore Vacuum Pressure	3.320 mbar
IF Region Pressure	0.126 mbar
HCD Cell Pressure	1.700e-004 mbar
UHV Pressure	5.364e-010 mbar

Table 2. Vacuum specification with HCD gas switch valve oper (mbar)

	OE 480
Fore pressure'	$3.0 \leq p \leq 4.3$ mbar
Δ UHV	$\leq 1.2 \times 10^{-10}$ mbar
HCD pressure (settled to steady state)	$1.05 - 1.15 \times 10^{-2}$ mbar

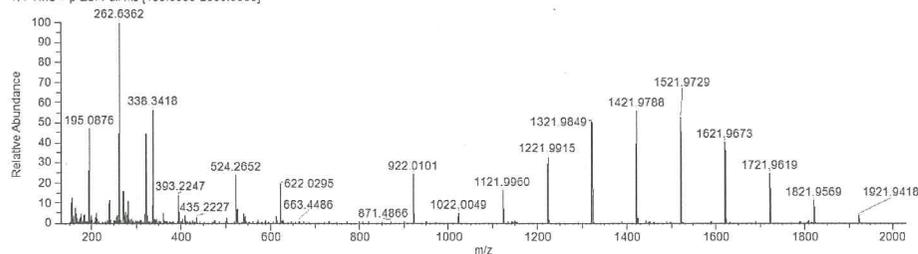
Table 1. Vacuum specification with HCD gas switch valve closed

	OE 480
HCD pressure	$\leq 5 \times 10^{-4}$ mbar
UHV normal mode base pressure	$\leq 8 \times 10^{-10}$ mbar

D. Spary Stability

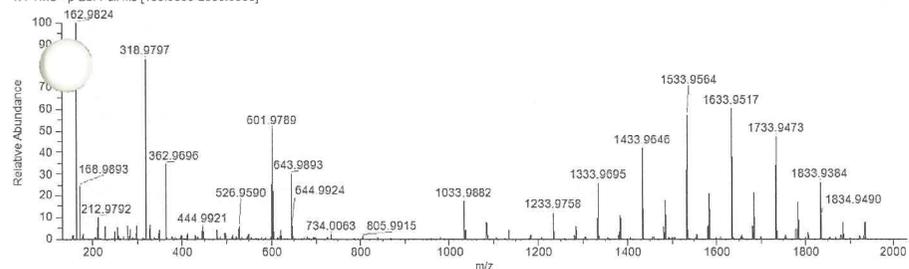
Positive Mode (Flexmix)

20240822_POS_Flexmix_AfterCal #18 RT: 0.01 AV: 1 NL: 4.43E8
T: FTMS - p ESI Full ms [150.0000-2000.0000]



Negative Mode (Flexmix)

20240823_Neg_Flexmix_afterCal #72 RT: 0.04 AV: 1 NL: 1.35E9
T: FTMS - p ESI Full ms [150.0000-2000.0000]



E. General Check: Calinraiton and Evaluation

- Service Tasks
- Installation Acceptance
 - Calibrate HCD gas supply
 - Operational Test Pos Mode
 - Operational Test Neg Mode
 - 2h Mass Stability Test
 - Polarity Switching Test

E1. HCD calibration

Diagnostic Report

thermoscientific

Date & Time Thursday, August 22, 2024 12:55:52 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

Name	Result	Comment
Calibrate HCD gas supply	Passed	

Calibrate HCD gas supply

Response time for closing: 4 s is in spec. Value does not exceed 6 s
Response time for opening: 4.999999 s is in spec. Value does not exceed 7 s
Settle time for closing: 40 s is in spec. Value does not exceed 90 s
Settle time for opening: 12 s is in spec. Value does not exceed 45 s
Max. work pressure: 0.01957667 mbar is in spec. Value is in the range 0.01926 mbar (inclusive) - 0.0207 mbar (inclusive)

Calibrate HCD gas supply passed.

E2. Calibration for Positive

Diagnostic Report

thermoscientific

Date & Time Thursday, August 22, 2024 02:54:23 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

Name	Result	Comment
Operational Test Pos Mode	Passed	

Operational Test Pos Mode

Name	Result	Value	Range	Comment
[2024-08-22 14:54] Inject Filter RF Frequency Calibration	Passed	-	-	Procedure passed. Low and high injection filter frequencies are calibrated and within specifications.
[2024-08-22 14:54] Quadrupole RF	Passed	-	-	Center RF Frequency 863.800 kHz, RF

E2. Calibration for Negative

Diagnostic Report



Date & Time Friday, August 23, 2024 10:39:29 AM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

Name	Result	Comment
Operational Test Neg Mode	Passed	

Operational Test Neg Mode

Name	Result	Value	Range	Comment
[20:10:39] Electronics Smart Calibration	Passed			

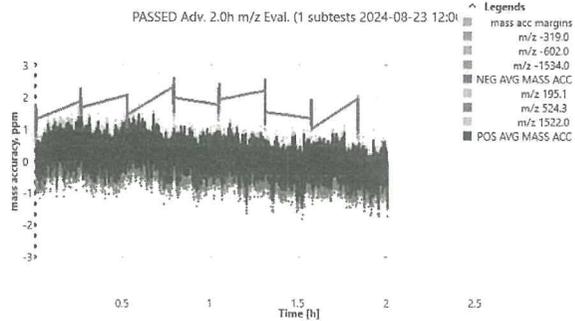
E3. 2 hours mass stability test

Diagnostic Report



Date & Time Friday, August 23, 2024 12:06:48 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

Name	Result	Comment
2h Mass Stability Test	Passed	ADVANCED 2.0H MASS ACCURACY TEST PASSED.



Polarity Switching Test

Diagnostic Report



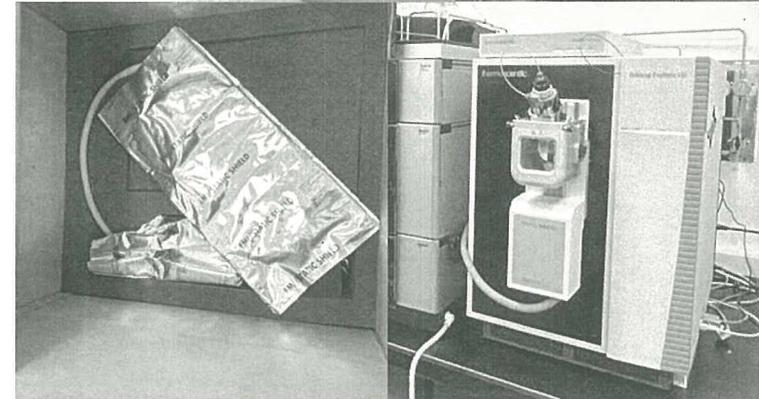
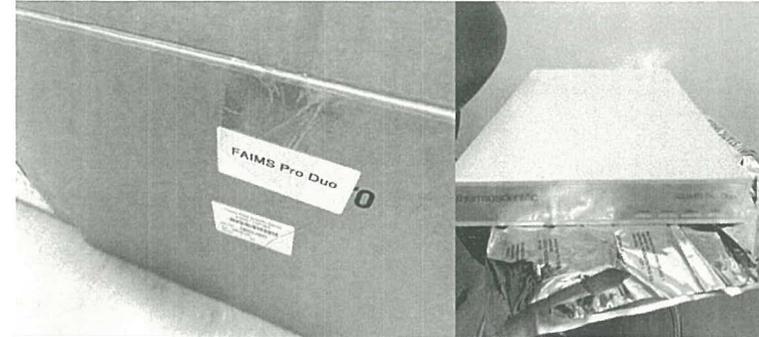
Date & Time Friday, August 23, 2024 02:07:53 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

Name	Result	Comment
Polarity Switching Test	Passed	overall average mass accuracy -0.0 ppm (spec: inside -2..+2 ppm) polarity switching scan rate 3.10Hz (spec > 2.1 Hz)

Polarity Switching Test

F. FAIMS PRO DUO INSTALLATION

F1. Unpackage

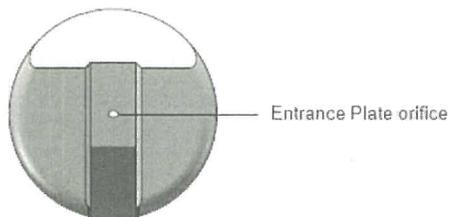


F2. Check vacuum

Open/ Seal

System	Parameter	Value
Vacuum System	Fore Vacuum Pressure	3.360 mbar
	IF Region Pressure	0.123 mbar
	HCD Cell Pressure	1.105e-002 mbar
	UHV Pressure	5.090e-010 mbar
	Turbo Pump	
Vacuum System	Fore Vacuum Pressure	0.162 mbar
	IF Region Pressure	0.013 mbar
	HCD Cell Pressure	1.105e-002 mbar
	UHV Pressure	5.004e-010 mbar

7.3.15 Confirm the FSA is seated correctly on the MS. Put on a glove and use your finger to seal the Entrance Plate orifice. With the orifice sealed, the Source Pressure should be ≤ 0.2 Torr for the Tribrid, ≤ 0.2 Torr for the TSQ and ≤ 0.3 mbar for the Exploris.



F3. Readback

FAIMS	
Compensation Voltage (CV)	0.3 V
Dispersion Voltage (DV)	0.0 V
Entrance Plate	0.2 V
Total Carrier Gas Flow	4.6 L/min
Cooling Gas Flow	5.0 L/min
Inner Electrode Temperature	99.9 °C
Outer Electrode 1 Temperature	99.9 °C
Outer Electrode 2 Temperature	100.0 °C

F4. DV Tune

Diagnostic Report

Date & Time Friday, August 23, 2024 02:30:28 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

Name	Result	Comment
DV	Passed	

F5. CONFIRM CV FUNCTIONALITY

CV Scan Report

Date & Time Friday, August 23, 2024 03:46:24 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

FAIMS Settings				
CV Step	1			
MS Polarity	Positive			
Scan Type	SIM Scan			
Operating Mode	Standard Resolution			
Total Carrier Gas Flow (L/min)	4.6			
Electrode Temperatures (°C)	Inner: 100; Outer: 100			
CV Range (V)	-50 to 30			
Mass	Peak CV (V)	FWHM (V)	Peak Intensity (ions/s)	Comment
622.00	-34	9.09	1.2e+7	

CV Scan Report

Date & Time Friday, August 23, 2024 03:47:38 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

FAIMS Settings				
CV Step	1			
MS Polarity	Positive			
Scan Type	SIM Scan			
Operating Mode	Standard Resolution			
Total Carrier Gas Flow (L/min)	4.6			
Electrode Temperatures (°C)	Inner: 100; Outer: 100			
CV Range (V)	-50 to 30			
Mass	Peak CV (V)	FWHM (V)	Peak Intensity (ions/s)	Comment
922.00	-28	8.54	1.1e+7	

CV Scan Report

Date & Time Friday, August 23, 2024 03:46:58 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

FAIMS Settings				
CV Step	1			
MS Polarity	Positive			
Scan Type	SIM Scan			
Operating Mode	Standard Resolution			
Total Carrier Gas Flow (L/min)	4.6			
Electrode Temperatures (°C)	Inner: 100; Outer: 100			
CV Range (V)	-50 to 30			
Mass	Peak CV (V)	FWHM (V)	Peak Intensity (ions/s)	Comment
1522.00	-20	7.74	4.7e+7	

#Day 4 MS Sensitivity test and Vanquish neo IQ

G. Sensitivity test

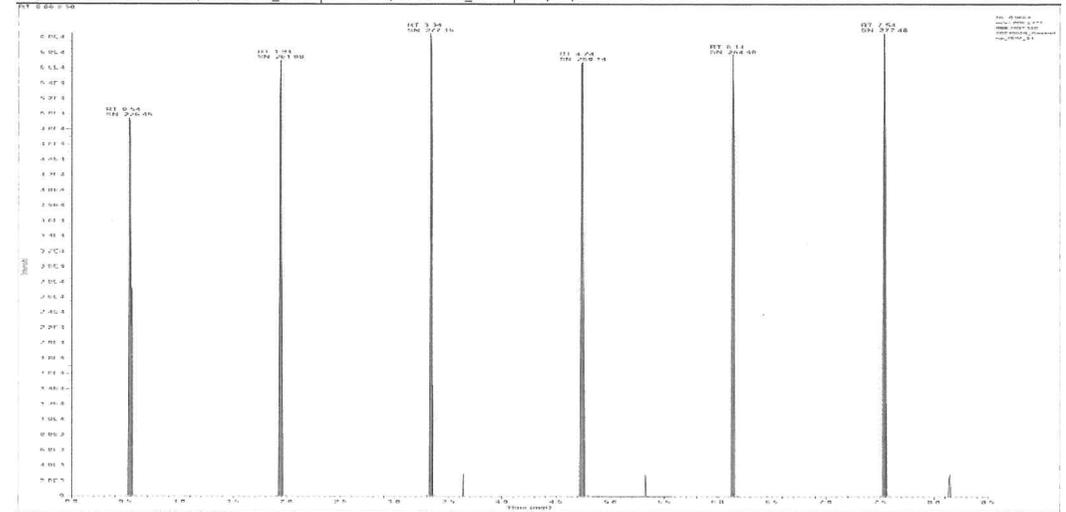
Data Processing

1. Start the Thermo Scientific FreeStyle data visualization software and open the .raw file acquired in targeted SIM mode. Then apply the following layout file:
FreeStyle_Sensitivity_Test_Reserpine_tSIM
2. To achieve the spectral signal-to-noise values, go to each peak apex of the ten injections and note the S/N value shown in the mass spectrum for the m/z of Reserpine (609.2807).
3. The average value of the ten spectral signal-to-noise values is the result of the sensitivity test in the tSIM scan mode. The %RSD value should not be greater than 15%.
4. Open the .raw file acquired in targeted MS2 mode. Then apply the following layout file:
FreeStyle_Sensitivity_Test_Reserpine_tMS2
5. To achieve the spectral signal-to-noise values, go to each peak apex of the ten injections and note the S/N value shown in the mass spectrum for the m/z of the specific fragment ion of Reserpine (195.0652).
6. The average value of the ten spectral signal-to-noise values is the result of the sensitivity test in the tMS2 scan mode. The %RSD value should not be greater than 15%.

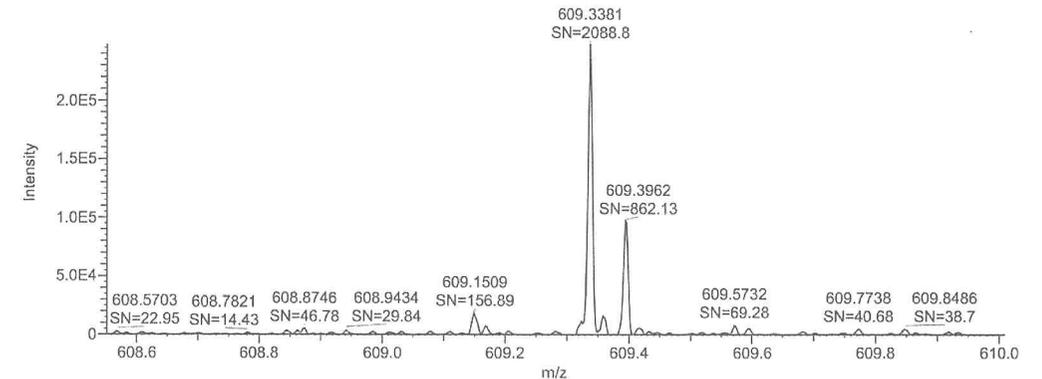
Test Results

Ion Mode	Scan Mode	Value	Acceptance Range	Passed
Positive (Reserpine)	tSIM	261.11	> 150:1	PASSED
	tMS2	353.4	> 100:1	PASSED

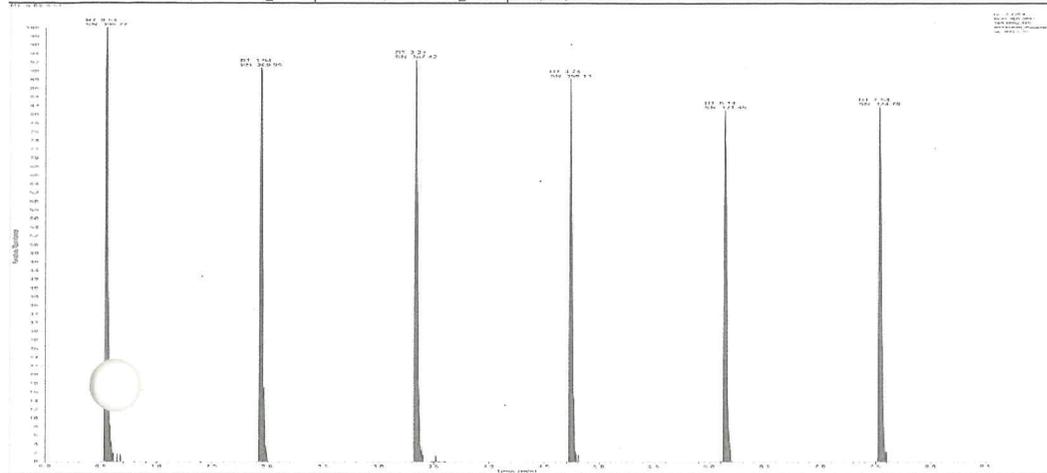
	P1	P2	P3	P4	P5	P6	Average	RSD
tSIM	226.45	261.08	277.15	260.14	264.4	277.48	261.1167	7%
tMS2	396.77	359.95	367.42	350.13	321.45	324.70	353.4033	8%



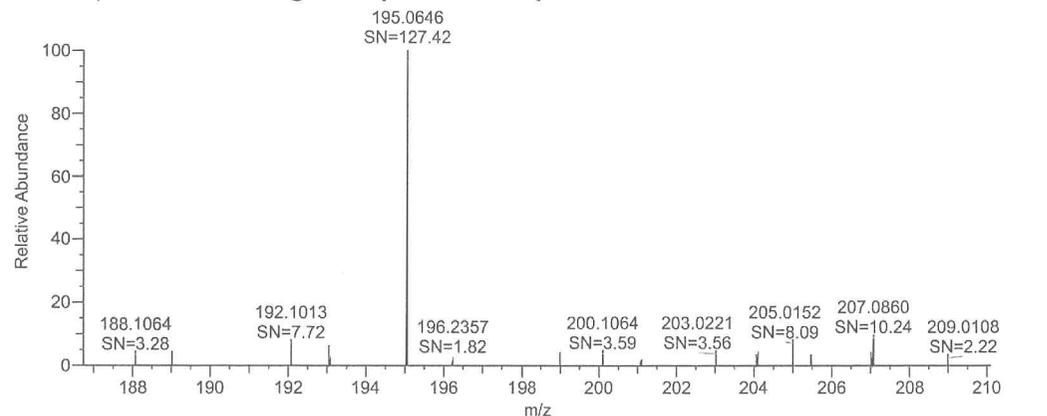
20240826_Reserpine_tSIM_01 #1860 RT: 8.15 AV: 1 NL: 2.48E5
T: FTMS + p ESI SIM ms [608.5807-609.9807]



Index	Name	RT (Mi...)	RT (Sec)	Start RT	End RT	Base P...	Peak...	Peak...	Baseli...	Signal...	FileNa...	Scan F...	Tracel...	% Area	% Hei...	Integr...
1		0.53...	32.1...	0.52...	0.56...	609...	7463...	4937...	0.03...	2.26E2	D\T...	No F...	Trace1	17.54	14.45	Aut...
2		1.94...	116....	1.92...	1.96...	609...	7678...	5692...	0.03...	2.61E2	D\T...	No F...	Trace1	18.05	16.66	Aut...
3		3.33...	200....	3.32...	3.35...	609...	5905...	6043...	0.02...	2.77E2	D\T...	No F...	Trace1	13.88	17.69	Aut...
4		4.74...	284....	4.72...	4.76...	609...	7707...	5672...	0.03...	2.60E2	D\T...	No F...	Trace1	18.12	16.6	Aut...
5		6.13...	368....	6.12...	6.15...	609...	6898...	5765...	0.03...	2.64E2	D\T...	No F...	Trace1	16.21	16.88	Aut...
6		7.54...	452....	7.52...	7.55...	609...	6890...	6050...	0.03...	2.77E2	D\T...	No F...	Trace1	16.2	17.71	Aut...



20240826_Reserpine_1MS2_02 #765 RT: 3.34 AV: 1 NL: 1.89E4
 T: FTMS + p ESI Full ms2 609.2807@hcd40.00 [100.0000-642.1803]



Index	Name	RT (Min)	RT (Sec)	Start RT	End RT	Base P...	Peak...	Peak...	Baseli...	Signal...	FileNa...	Scan F...	TraceId	% Area	% Hei...	Integr...
1		0.54...	32.5...	0.52...	0.60...	195...	3337...	2120...	0.07...	3.97E2	D:\T...	No F...	Trace1	19.11	18.71	Aut...
2		1.93...	116...	1.91...	2.00...	195...	3129...	1923...	0.08...	3.60E2	D:\T...	No F...	Trace1	17.92	16.98	Aut...
3		3.33...	200...	3.32...	3.40...	195...	2961...	1963...	0.08...	3.67E2	D:\T...	No F...	Trace1	16.96	17.33	Aut...
4		4.73...	284...	4.71...	4.78...	195...	2662...	1871...	0.06...	3.50E2	D:\T...	No F...	Trace1	15.24	16.51	Aut...
5		6.14...	368...	6.12...	6.19...	195...	2705...	1718...	0.07...	3.21E2	D:\T...	No F...	Trace1	15.49	15.16	Aut...
6		7.53...	452...	7.52...	7.59...	195...	2669...	1735...	0.07...	3.25E2	D:\T...	No F...	Trace1	15.29	15.31	Aut...

ThermoFisher SCIENTIFIC

Instrument: OE 480
 Serial Number: MA11142C
 Customer: TMU
 Date: Aug.20 -27, 2024
 FSE: KC Peng

H. Vanquish Neo IQ

Retention Time Reproducibility and PWHM in MS or UV

Configuration

Instrument Component	P/N / Version	Supplier's name	Serial number
Autosampler	VN-A10-A	Thermo Scientific	8368866
Pump module	VN-P10-A	Thermo Scientific	8369103
Column oven	VN-C10-A	Thermo Scientific	6536373
Vanquish VWD F/C		Thermo Scientific	
SII version	1.7.0468	Thermo Scientific	
MS software	OE 4.3.458.15		

Calculation retention time reproducibility

Run no	Name	Retention time (min)
		m/z 728.84 (2+)
1	Cytochrome C Digest	8.41
2	Cytochrome C Digest	8.4
3	Cytochrome C Digest	8.4
4	Cytochrome C Digest	8.39
5	Cytochrome C Digest	8.38
6	Cytochrome C Digest	8.39
Average:		8.40 Min
RSD:		0.12 %

Test results LC-MS / LC-UV configuration

Test	Limit	Observed values	Result
Retention time repro.	≤ 0.30% RSD	0.12	Passed
PWHM (s)	≤ 7 s	4	Passed

Additional results LC-UV configuration

Test	Limit	Observed values	Result
Resolution Peak 1-4	≥ 1.5		Enter correct value
Peak 5 Height [mAU]	≥ 3		Enter correct value

August 27, 2024

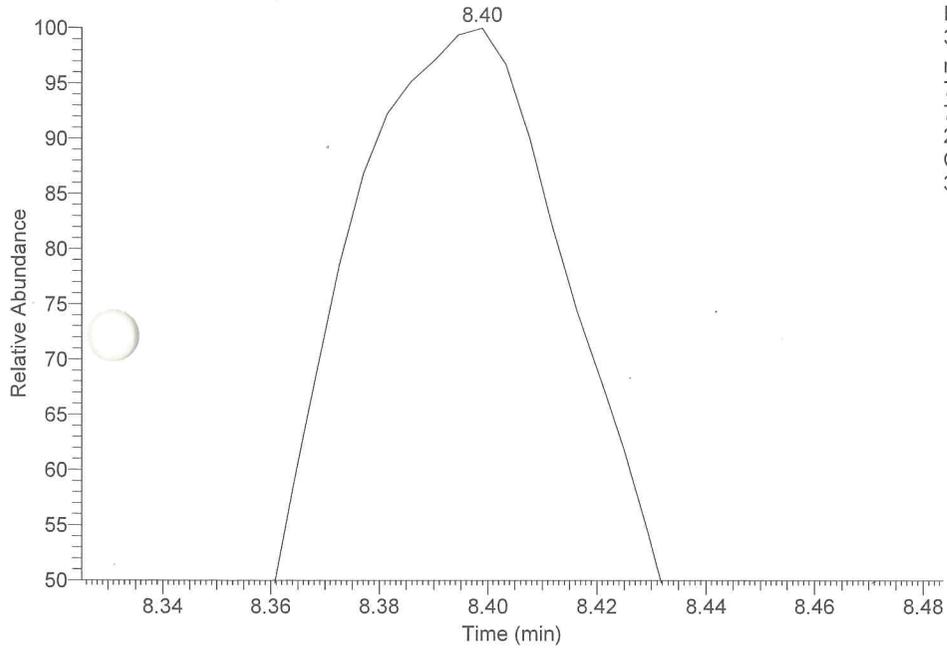
Customer's signature

Operator's signature

Date

K.C. Peng

RT: 8.33 - 8.48 SM: 7G



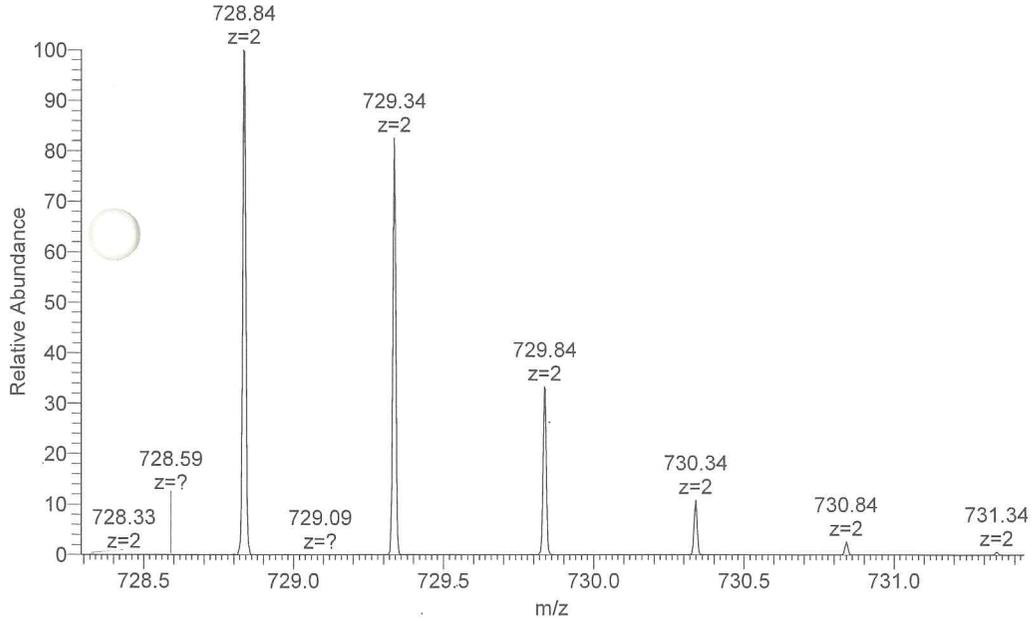
NL:
3.22E9
m/z=
728.34-
729.34 MS
20240826_
CycC_1p_2
3

ThermoFisher
SCIENTIFIC

Instrument: OE 480
Serial Number: MA11142C
Customer: TMU
Date: Aug.20 -27, 2024
FSE: KC Peng

Service Report

20240826_CycC_1p_23 #1930 RT: 8.42 AV: 1 NL: 1.18E9
T: FTMS + p NSI Full ms [375.0000-1200.0000]



Instrument: OE 480
Serial Number: MA11142C
Customer: TMU
Date: Aug.20 -27, 2024
FSE: KC Peng

Diagnostic Report

Date & Time Thursday, August 22, 2024 12:55:52 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

Name	Result	Comment
Calibrate HCD gas supply	Passed	

Calibrate HCD gas supply

Response time for closing: 4 s is in spec. Value does not exceed 6 s
Response time for opening: 4.999999 s is in spec. Value does not exceed 7 s
Settle time for closing: 40 s is in spec. Value does not exceed 90 s
Settle time for opening: 12 s is in spec. Value does not exceed 45 s
Max. work pressure: 0.01957667 mbar is in spec. Value is in the range 0.01926 mbar (inclusive) - 0.0207 mbar (inclusive)

Calibrate HCD gas supply passed.

System Configuration

Name	Value
Ion Source Type	ESI
Internal Calibration (EASY-IC) Source	enabled
Options	EASY-IC

Embedded System Information

Label	Version
Instrument Embedded Software	4.3.373.8
Instrument Hardware Hash	37370f3420d7e7584eda45762ae67a39fa2e8072

E1. HCD calibration

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Peng
Thursday, August 22, 2024 01:00:22 PM

Date & Time Thursday, August 22, 2024 02:54:23 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

Name	Result	Comment
Operational Test Pos Mode	Passed	

Operational Test Pos Mode

Name	Result	Value	Range	Comment
[2024-08-22 14:54] Inject Filter RF Frequency Calibration	Passed	-	-	Procedure passed. Low and high injection filter frequencies are calibrated and within specifications.
[2024-08-22 14:54] Quadrupole RF Frequency Calibration	Passed	-	-	Center RF Frequency 863.800 kHz, RF Frequency Plateau Width 5.0 kHz, RF Amplitude Imbalance 0.7%
[2024-08-22 14:54] C-Trap RF Frequency Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-22 14:55] Interference Peak Removal	Passed	-	-	
[2024-08-22 14:54] After Venting, Bake Out, or HW Change	Passed	-	-	
[2024-08-22 14:54] Electronics Calibration Smart Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-22 15:00] Checkpoint "Electronics Smart Calibration" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:00] eFT Phase Calibration	Passed	-	-	$t_0 = -0.75 \pm 0.01$, $\phi = -0.93 \pm 0.03$
[2024-08-22 15:00] Fine Mass Calibration	Passed	-	-	External rms deviation = 0.25 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm Internal rms deviation = 0.06 ppm (with lock mass m/z 322.04812), acceptance limit = 1.00 ppm
[2024-08-22 15:00] Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function	Passed	-	-	
[2024-08-22 15:00] Spectral Mass Accuracy Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-22 15:00] Checkpoint "Initial Mass Calibration" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:00] C-trap Entrance Lens Voltage Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-22 15:01] Bent Flatapole RF Scaling Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-22 15:01] Checkpoint "RF and Voltages" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:01] eFT dispersion UL Calibration	Passed	-	-	$t_0 = -0.70 \pm 0.01$, $\phi = -1.17 \pm 0.06$
[2024-08-22 15:02] eFT dispersion L Calibration	Passed	-	-	$t_0 = -0.73 \pm 0.01$, $\phi = -1.08 \pm 0.02$
[2024-08-22 15:02] eFT dispersion H Calibration	Passed	-	-	$t_0 = -0.76 \pm 0.01$, $\phi = -0.88 \pm 0.01$
[2024-08-22 15:02] Checkpoint "eFT" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:02] ICD Compensation Voltages Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-22 15:05] ICD Deflector Voltage Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-22 15:02] ICD Calibration (pos)	Passed	-	-	
[2024-08-22 15:05] Checkpoint "ICD" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:05] Mass Accuracy Transient Length Dependency Calibration	Passed	-	-	Maximum mass accuracy deviation is 0.7 ppm.
[2024-08-22 15:08] Mass Accuracy Space Charge Dependency Calibration	Passed	-	-	Maximum mass accuracy deviation is 0.3 ppm.
[2024-08-22 15:08] Fine Mass Calibration	Passed	-	-	External rms deviation = 0.25 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm Internal rms deviation = 0.07 ppm (with lock mass m/z 322.04812), acceptance limit = 1.00 ppm
[2024-08-22 15:08] Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function	Passed	-	-	

E2. Calibration for Positive

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Peng
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

Diagnostic Report

thermoscientific

[2024-08-22 15:08] Spectral Mass Accuracy Calibration	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:08] Checkpoint "Mass Accuracy" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:08] Quadrupole Rod Periodic Toggle Event	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:08] Quadrupole Isolation Calibration (rough)	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:08] Quadrupole Isolation Calibration (rough) Smart Calibration (pos)	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:10] Checkpoint "Quad Calibration (rough)" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:10] Injection Filter Res. DC Match Calibration	Passed	-	-	Inj. Filter Res. DC Match Voltage optimum is -0.02 V. Voltage is within specification range $[-0.75 - 0.75]$.
[2024-08-22 15:10] Injection Filter Low-m/z RF Calibration	Passed	-	-	Optimal injection filter low-m/z RF parameters: Offset -4.0 Vpp; Slope 0.737 Vpp/Th; Minimum RF Amp. 25.4 Vpp.
[2024-08-22 15:11] Checkpoint "Inject Filter and RF" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:11] Injection Filter Isolation Calibration	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:21] Injection Filter Isolation Check	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:23] Checkpoint "Inject Filter Check" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:23] Quadrupole Isolation Calibration (wide)	Passed	-	-	Wide quadrupole calibration passed in both rod orientations.
[2024-08-22 15:27] Checkpoint "Quadrupole Isolation Calibration (wide)" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:27] Quadrupole Main and End Segment DC Calibration	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:28] Checkpoint "Quadrupole Main and End Segment DC Calibration" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:28] Quadrupole Isolation Calibration (narrow)	Passed	-	-	Narrow quadrupole calibration passed in both rod orientations.
[2024-08-22 15:31] Quadrupole Isolation Check	Passed	-	-	Quadrupole isolation check passed in both rod orientations.
[2024-08-22 15:34] Checkpoint "Quadrupole Isolation Check" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:34] Quadrupole Transm./Rod Config. Calibration (pos)	Passed	-	-	Passed: Quadrupole rod switching enabled. Primary quadrupole rod set to 1 (was 1). Transmission of m/z [69, 195, 524, 1622] meet specifications for both rods configurations. Both rods meet transmission equivalence specifications for rod switching.
[2024-08-22 15:34] Quad. Transm./Rod Config. Smart Cal. (pos)	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:39] Checkpoint "Quad. Transm./Rod Config. Smart Cal. (pos)" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:39] Fine Mass Calibration	Passed	-	-	External rms deviation = 0.21 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm Internal rms deviation = 0.09 ppm (with lock mass m/z 69.04472), acceptance limit = 1.00 ppm
[2024-08-22 15:39] Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:39] Low m/z Spectral Mass Accuracy Calibration	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:40] Checkpoint "Low m/z Spectral Mass Accuracy" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:40] Fine Mass Calibration	Passed	-	-	External rms deviation = 0.23 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm Internal rms deviation = 0.06 ppm (with lock mass m/z 322.04812), acceptance limit = 1.00 ppm
[2024-08-22 15:40] Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:40] Spectral Mass Accuracy Calibration	Passed	-	-	-

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

Diagnostic Report

thermoscientific

[2024-08-22 15:40] Checkpoint "Spectral Mass Accuracy Calibration" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:40] ICD ProSA Scaling Calibration	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:43] Checkpoint "ICD / ProSA" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:43] PhiSDM Hi-Speed TMT Phase Calibration	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:44] Checkpoint "System Calibration positive" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:44] eFT Phase Check	Passed	-	-	Delta t0=0.03 +/- 0.01
[2024-08-22 15:44] PhiSDM Hi-Speed TMT Phase Check	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:45] Spectral Mass Accuracy Check	Passed	-	-	External Calibration Error rms = 0.3 ppm (Acceptance limit = 3.0 ppm). Internal Calibration Error rms = 0.1 ppm (Acceptance limit = 1.0 ppm).
[2024-08-22 15:45] Low m/z Spectral Mass Accuracy Check	Passed	-	-	External Calibration Error rms = 0.9 ppm (Acceptance limit = 3.0 ppm). Internal Calibration Error rms = 0.1 ppm (Acceptance limit = 1.0 ppm).
[2024-08-22 15:45] Mass Accuracy Transient Length Dependency Check	Passed	-	-	Maximum mass accuracy deviation is 0.9 ppm.
[2024-08-22 15:47] Mass Accuracy Space Charge Dependency Check	Passed	-	-	Maximum mass accuracy deviation is 0.3 ppm.
[2024-08-22 15:47] ICD ProSA Scaling Check	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:50] Checkpoint "ICD ProSA Scaling Check" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:50] Injection Filter Isolation Check	Passed	-	-	-
[2024-08-22 15:52] Checkpoint "Injection Filter Isolation Check" reached.		-	-	---
[2024-08-22 15:52] Quadrupole Isolation Check	Passed	-	-	Quadrupole isolation check passed in both rod orientations.
[2024-08-22 15:54] Quadrupole Transm./Rod Config. Check	Passed	-	-	Passed: Transmission of m/z [69, 195, 524, 1622] meet specifications for both rod configurations. Both rods meet transmission equivalence specifications for rod switching.
[2024-08-22 16:00] Checkpoint "Quadrupole Transm./Rod Config. Check" reached.		-	-	---
[2024-08-22 16:00] HCD Axial Field Evaluation	Passed	-	-	-
[2024-08-22 16:01] HCD RF Amplitude Evaluation	Passed	-	-	-
[2024-08-22 16:01] HCD Trapping Gas Evaluation	Passed	-	-	-
[2024-08-22 16:08] Checkpoint "HCD Trapping Gas Evaluation" reached.		-	-	---
[2024-08-22 16:08] HCD Fragmentation and Trapping Efficiency Check	Passed	-	-	All measurements within specifications.
[2024-08-22 16:09] Isotope Ratio Check	Passed	-	-	Overall Score is 0.38.
[2024-08-22 16:10] Cluster Evaluation	Passed	-	-	-
[2024-08-22 16:10] Resolution Check	Passed	-	-	-

Electronics Calibration Smart Calibration

After Venting, Bake Out, or HW Change

Inject Filter RF Frequency Calibration

Injection Filter High Frequency Optimum: 994 kHz is in spec. Value is in the range 930 kHz (inclusive) - 1055 kHz (inclusive)
Injection Filter Low Frequency Optimum: 522 kHz is in spec. Value is in the range 445 kHz (inclusive) - 570 kHz (inclusive)

Inject Filter RF Frequency Calibration passed:
Procedure passed. Low and high injection filter frequencies are calibrated and within specifications.

Quadrupole RF Frequency Calibration

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

Diagnostic Report



Center RF Frequency: 863.8 kHz is in spec. Value is in the range 857 kHz (inclusive) - 870 kHz (inclusive)
RF Amplitude A/B Imbalance: 0.738883 % is in spec. Value is in the range 0 % (inclusive) - 10 % (inclusive)
RF Frequency Plateau Width: 5 kHz is in spec. Value is at least 0.5 kHz

Quadrupole RF Frequency Calibration passed:
Center RF Frequency 863.800 kHz, RF Frequency Plateau Width 5.0 kHz, RF Amplitude Imbalance 0.7%

C-Trap RF Frequency Calibration

Target C-Trap RF Supply voltage deviation: 0.1937468 V is in spec. Value does not exceed 1 V
Target C-Trap RF Amplitude deviation: 8.354387 Vpp is in spec. Value does not exceed 130 Vpp

C-Trap RF Frequency Calibration passed.

Interference Peak Removal

M: [2024-08-22T14:55]: Default parameter: Target SNR: 10.000
M: [2024-08-22T14:55]: Default parameter: Calibrate Quad peak: Yes
M: [2024-08-22T14:55]: Default parameter: Calibrate Bent flat peak: Yes
M: [2024-08-22T14:55]: Default parameter: Calibrate Inj. flat(High) peak: Yes
M: [2024-08-22T14:55]: Default parameter: Calibrate Inj. flat(Low) peak: Yes
M: [2024-08-22T14:55]: Default parameter: Calibrate 5sig variant peak: Yes
M: [2024-08-22T14:55]: Default parameter: Minimum initial SNR for calibration: 10.000
M: [2024-08-22T14:55]: Default parameter: Minimum mass of peak for calibration: 40.000
M: [2024-08-22T14:55]: Default parameter: Maximum mass of peak for calibration: 6000.000
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] Enabling High Inject Flat Frequency.
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] setting Quadrupole to 2700 V.
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] setting Funnel to 250 V.
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] setting Inj. Flat High to 750 V.
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] setting Bent Flat to 900 V.
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] Bent Flat: Cancellation unnecessary, since the equivalent mass is outside instrument's mass range. Instrument's mass range: m/z 40.000..6000.000. Equivalent mass: m/z 25.194.
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] Quadrupole Base SNR: 796.9
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] Funnel Base SNR: 4.0
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] Funnel already in spec, does not require cancellation.
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] Inj. Flat High Base SNR: 21.4
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] Enabling Low Inject Flat Frequency.
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] setting Inj. Flat Low to 750 V.
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] Inj. Flat Low Base SNR: 3.5
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] Inj. Flat Low already in spec, does not require cancellation.
M: [2024-08-22T14:55]: [Base Peak Measurement] remaining devices : Quadrupole, Inj. Flat High
M: [2024-08-22T14:55]: [Resolution 15000] Initializing optimizers with polarity 0
M: [2024-08-22T14:55]: [Resolution 15000] polarity 0: Initialization done.
M: [2024-08-22T14:55]: [Resolution 15000] Initializing optimizers with polarity 1
M: [2024-08-22T14:55]: [Resolution 15000] polarity 1: Initialization done.
M: [2024-08-22T14:55]: [Resolution 15000] Inj. Flat High, polarity 1 measured at 5.2, marking as done in 200 steps.
M: [2024-08-22T14:55]: [Resolution 15000] Inj. Flat High, polarity 0 measured at 4.9, marking as done in 200 steps.
M: [2024-08-22T14:57]: [Resolution 15000] Quadrupole, polarity 1 measured at 6.8, marking as done in 200 steps.
W: [2024-08-22T14:57]: Quadrupole Giving up on polarity 0 after 500 attempts.
M: [2024-08-22T14:57]: [Resolution 240000] Initializing optimizers with polarity 0
M: [2024-08-22T14:58]: [Resolution 240000] polarity 0: Initialization done.
M: [2024-08-22T14:58]: [Resolution 240000] Initializing optimizers with polarity 1
M: [2024-08-22T14:58]: [Resolution 240000] polarity 1: Initialization done.
M: [2024-08-22T14:58]: [Resolution 240000] Inj. Flat High, polarity 1 measured at 1.5, marking as done in 50 steps.
M: [2024-08-22T14:58]: [Resolution 240000] Quadrupole, polarity 1 measured at 2.3, marking as done in 50 steps.
M: [2024-08-22T14:59]: [Resolution 240000] Giving up on polarity 0 for Inj. Flat High, as it is more than 25 steps behind polarity 1
M: [2024-08-22T15:00]: total run-time 5 minutes 8.5 seconds
M: [2024-08-22T15:00]: Quadrupole @863.850kHz (227.018m/z):
...Settings:
...Polarity: 180°
...Gain: 31.57%
...Coarse Phase: 0.00%
...Fine Phase: 10.98%
-->SNR: 2.16
M: [2024-08-22T15:00]: Inj. Flat High @994.007kHz (171.458m/z):
...Settings:
...Polarity: 180°
...Gain: 4.40%
...Coarse Phase: 43.14%
...Fine Phase: 53.33%
-->SNR: 0.00

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

Diagnostic Report



M: [2024-08-22T15:00]: Bent Flat @2593.100kHz (25.194m/z):
...Noise Cancelling Off.
M: [2024-08-22T15:00]: Funnel @1888.804kHz (47.486m/z):
...Noise Cancelling Off.
M: [2024-08-22T15:00]: Inj. Flat Low @522.004kHz (621.713m/z):
...Noise Cancelling Off.

Interference Peak Removal passed.

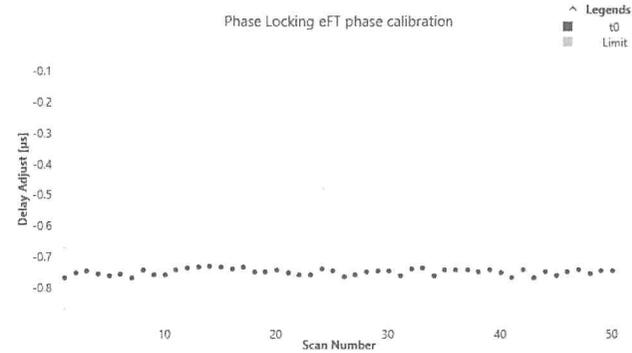
After Venting, Bake Out, or HW Change passed.

Electronics Calibration Smart Calibration passed.

eFT Phase Calibration

Phase jitter (sig_t0): 0.007258883 is in spec. Value does not exceed 0.1

eFT Phase Calibration passed:
t0=-0.75 +/- 0.01, phi=-0.93 +/- 0.03



Spectral Mass Accuracy Calibration

Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function

Fine Mass Calibration

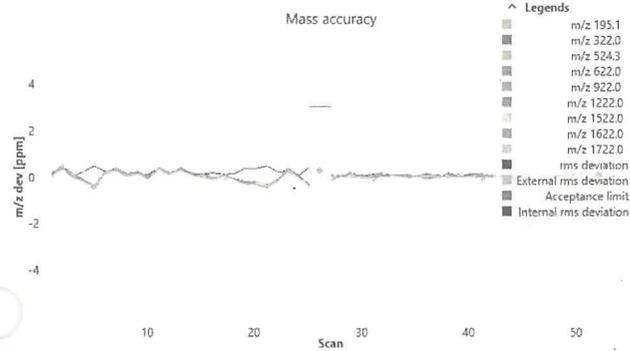
External rms deviation (without lock mass): 0.25 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm
Internal rms deviation (with lock mass m/z 322.04812): 0.06 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

Fine Mass Calibration passed:
External rms deviation = 0.25 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm
Internal rms deviation = 0.06 ppm (with lock mass m/z 322.04812), acceptance limit = 1.00 ppm

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

Diagnostic Report



Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function passed.

Spectral Mass Accuracy Calibration passed.

C-trap Entrance Lens Voltage Calibration

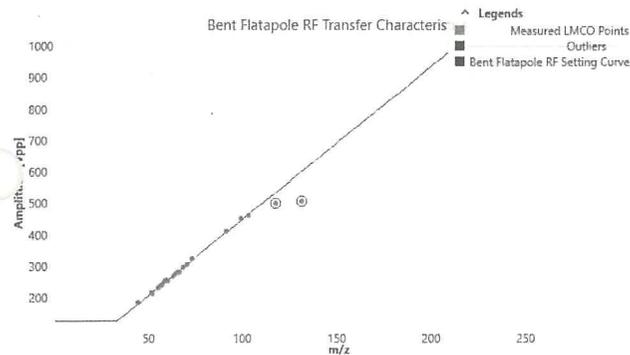
Number of Profile Maxima Found: 9 is in spec. Value is at least 3
 Optimum C-trap Ent. Lens -- Inj. voltage: 6.244444 V is in spec. Value is in the range 3 V (inclusive) - 7 V (inclusive)
 Variation of optimum C-trap Ent. Lens -- Inj. Voltages: 2.899319 % RSD is in spec. Value does not exceed 15 % RSD

C-trap Entrance Lens Voltage Calibration passed.

Bent Flatapole RF Scaling Calibration

Free Resonating Bent Flatapole Frequency: 2.592809 MHz is in spec. Value is in the range 2.4 MHz (inclusive) - 2.7 MHz (inclusive)
 Normalized LMCO RSD: 3.516661 % is in spec. Value does not exceed 6 %
 Slope LMCO @ 85%: 4.86644 Vpp/Th is in spec. Value is in the range 2.625 Vpp/Th (inclusive) - 9 Vpp/Th (inclusive)
 Bent Flatapole RF Parameters: Slope 4.86644 Vpp/Th, Intercept -36.05078 Vpp

Bent Flatapole RF Scaling Calibration passed.



eFT dispersion UL Calibration

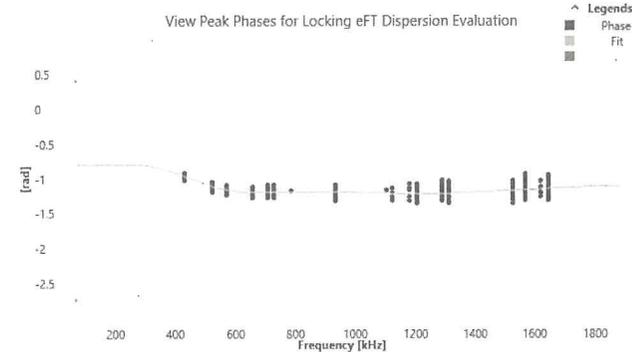
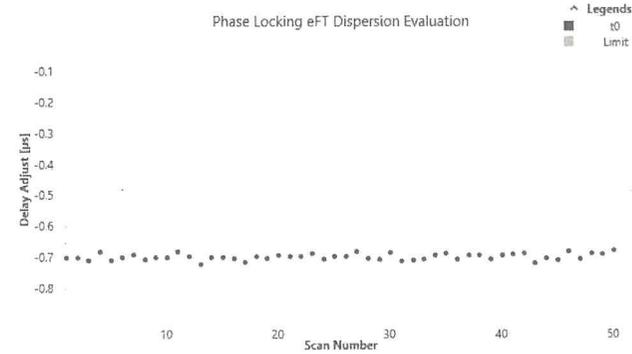
Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Peng
 Thursday, August 22, 2024 04:41:18 PM

Diagnostic Report

Phase jitter (sig_t0): 0.007235904 is in spec. Value does not exceed 0.1

eFT dispersion UL Calibration passed:
 $t_0 = -0.70 \pm 0.01$, $\phi = -1.17 \pm 0.06$



eFT dispersion L Calibration

Phase jitter (sig_t0): 0.008271501 is in spec. Value does not exceed 0.1

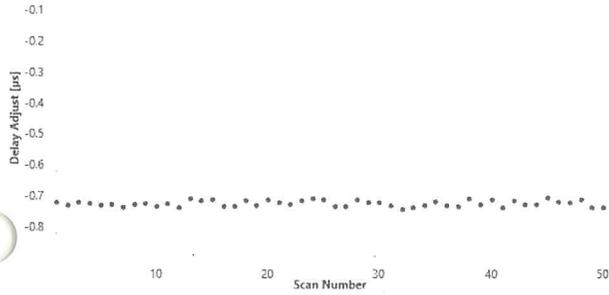
eFT dispersion L Calibration passed:
 $t_0 = -0.73 \pm 0.01$, $\phi = -1.08 \pm 0.02$

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Peng
 Thursday, August 22, 2024 04:41:18 PM

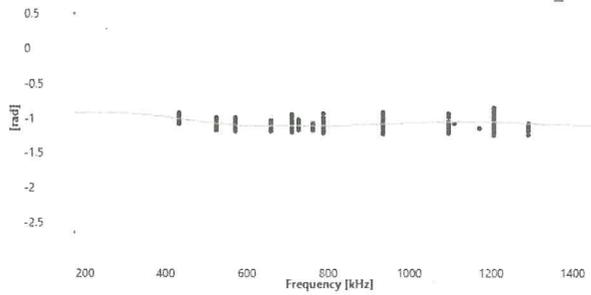
Phase Locking eFT Dispersion Evaluation

Legends
t0
Limit



View Peak Phases for Locking eFT Dispersion Evaluation

Legends
Phase
Fit



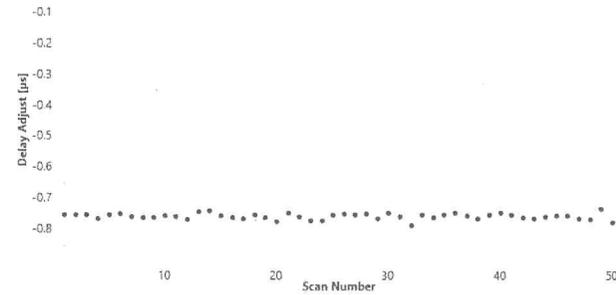
eFT dispersion H Calibration

Phase jitter (sig_t0): 0.005945434 is in spec. Value does not exceed 0.1

eFT dispersion H Calibration passed:
t0=-0.76 +/- 0.01, phi=-0.88 +/- 0.01

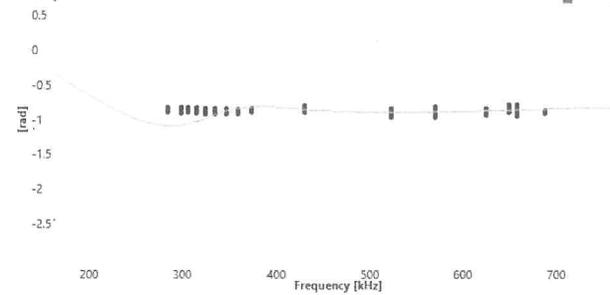
Phase Locking eFT Dispersion Evaluation

Legends
t0
Limit



View Peak Phases for Locking eFT Dispersion Evaluation

Legends
Phase
Fit



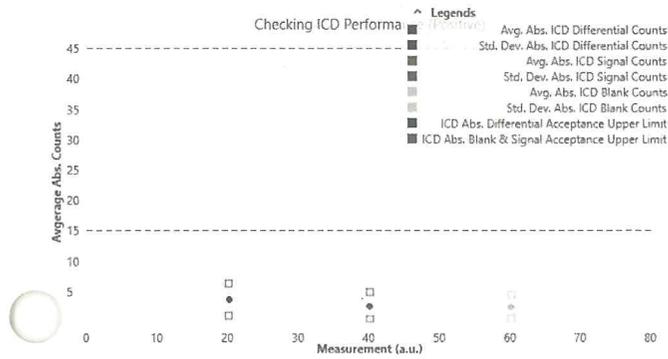
ICD Calibration (pos)

ICD Compensation Voltages Calibration

Avg. Abs. ICD Differential: 3.55 ct is in spec. Value does not exceed 15 ct
Avg. Abs. ICD Signal: 2.5 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct
Avg. Abs. ICD Blank: 2.35 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct

ICD Compensation Voltages Calibration passed.

Diagnostic Report



ICD Deflector Voltage Calibration

ICD Deflector Voltage Calibration passed.

ICD Calibration (pos) passed.

Mass Accuracy Transient Length Dependency Calibration

deviation at Resolution 480000: 0 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 360000: 0.088 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 240000: 0.092 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 180000: -0.031 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 120000: 0.0064 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 90000: -0.19 ppm is in spec. Value is in the range -2.1 ppm (inclusive) - 2.1 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 60000: -0.23 ppm is in spec. Value is in the range -2.4 ppm (inclusive) - 2.4 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 45000: -0.15 ppm is in spec. Value is in the range -2.6 ppm (inclusive) - 2.6 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 30000: -0.22 ppm is in spec. Value is in the range -3.1 ppm (inclusive) - 3.1 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 22500: -0.067 ppm is in spec. Value is in the range -3.5 ppm (inclusive) - 3.5 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 15000: 0.12 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 11250: -0.34 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

deviation at Resolution 7500: -0.67 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

Mass Accuracy Transient Length Dependency Calibration passed:
Maximum mass accuracy deviation is 0.7 ppm.

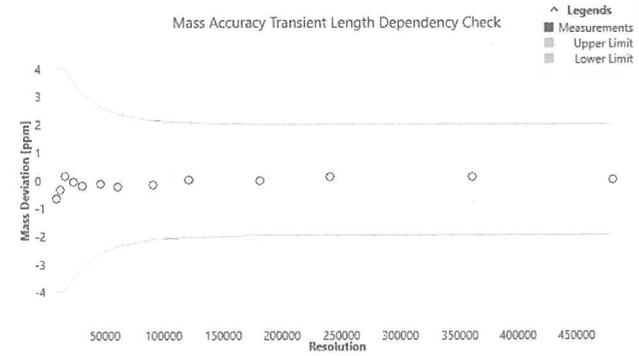


Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

10/24

Diagnostic Report



Mass Accuracy Space Charge Dependency Calibration

deviation at AGC Target 100000.0: 0 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

deviation at AGC Target 200000.0: -0.18 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

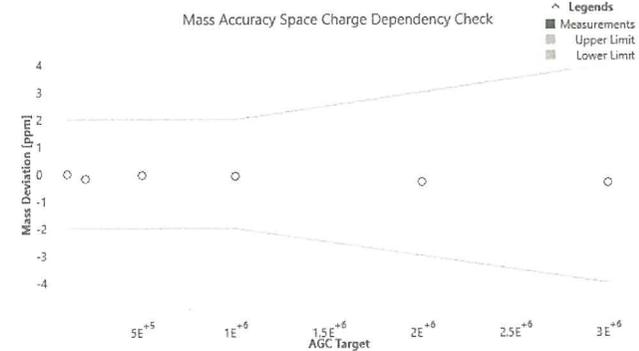
deviation at AGC Target 500000.0: -0.043 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

deviation at AGC Target 1000000.0: -0.083 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

deviation at AGC Target 2000000.0: -0.29 ppm is in spec. Value is in the range -3 ppm (inclusive) - 3 ppm (inclusive)

deviation at AGC Target 3000000.0: -0.32 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

Mass Accuracy Space Charge Dependency Calibration passed:
Maximum mass accuracy deviation is 0.3 ppm.



Spectral Mass Accuracy Calibration

Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function

Fine Mass Calibration

External rms deviation (without lock mass): 0.25 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm

Internal rms deviation (with lock mass m/z 322.04812): 0.07 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

Serial Number: MA11142C

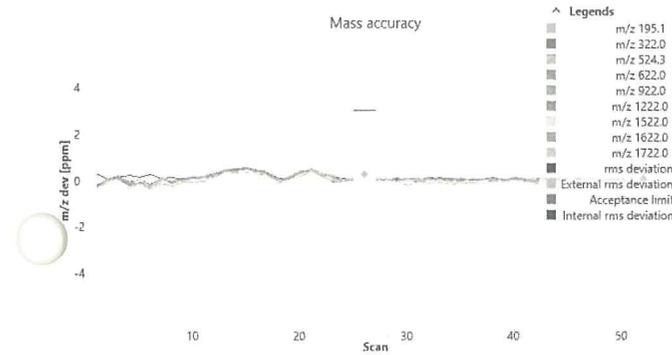
Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

11/24

Diagnostic Report



Fine Mass Calibration passed:
External rms deviation = 0.25 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm
Internal rms deviation = 0.07 ppm (with lock mass m/z 322.04812), acceptance limit = 1.00 ppm



Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function passed.

Spectral Mass Accuracy Calibration passed.

Quadrupole Rod Periodic Toggle Event

Quadrupole Rod Periodic Toggle Event passed.

Quadrupole Isolation Calibration (rough) Smart Calibration (pos)

Quadrupole Isolation Calibration (rough)

Number of iterations for window 195.09-1621.97 (Rods A/0): 93 is in spec. Value does not exceed 500
Number of iterations for mass 69.04 (Rods A/0): 84 is in spec. Value does not exceed 500
Number of iterations for mass 1621.97 (Rods A/0): 67 is in spec. Value does not exceed 500

Quadrupole Isolation Calibration (rough) passed.

Quadrupole Isolation Calibration (rough) Smart Calibration (pos) passed.

Injection Filter Res. DC Match Calibration

IF Res. DC Match Voltage: -0.01666667 V is in spec. Value is in the range -0.75 V (inclusive) - 0.75 V (inclusive)

Injection Filter Res. DC Match Calibration passed:

Inj. Filter Res. DC Match Voltage optimum is -0.02 V. Voltage is within specification range ([-0.75 - 0.75]).

Injection Filter Low-m/z RF Calibration

Injection Filter Low-m/z RF Calibration passed:

Optimal injection filter low-m/z RF parameters: Offset -4.0 Vpp; Slope 0.737 Vpp/Th; Minimum RF Ampl. 25.4 Vpp.

Injection Filter Isolation Calibration

Injection Filter Isolation Calibration passed.

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pany
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM
12/24

Diagnostic Report



Injection Filter Isolation Check

total outliers: 0 is in spec. Must be exactly 0

Injection Filter Isolation Check passed.

Quadrupole Isolation Calibration (wide)

Number of iterations for window 195.09-1621.97 (Rods A/0): 87 is in spec. Value does not exceed 500
Number of iterations for mass 69.04 and width 1.50 (Rods A/0): 6 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 195.09 and width 1.50 (Rods A/0): 6 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 622.03 and width 1.50 (Rods A/0): 6 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 1621.97 and width 3.00 (Rods A/0): 7 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 2721.89 and width 3.00 (Rods A/0): 7 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for window 195.09-1621.97 (Rods B/1): 99 is in spec. Value does not exceed 500
Number of iterations for mass 69.04 and width 1.50 (Rods B/1): 6 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 195.09 and width 1.50 (Rods B/1): 6 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 622.03 and width 1.50 (Rods B/1): 5 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 1621.97 and width 3.00 (Rods B/1): 6 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 2721.89 and width 3.00 (Rods B/1): 6 is in spec. Value is less than 30

Quadrupole Isolation Calibration (wide) passed:

Wide quadrupole calibration passed in both rod orientations.

Quadrupole Main and End Segment DC Calibration

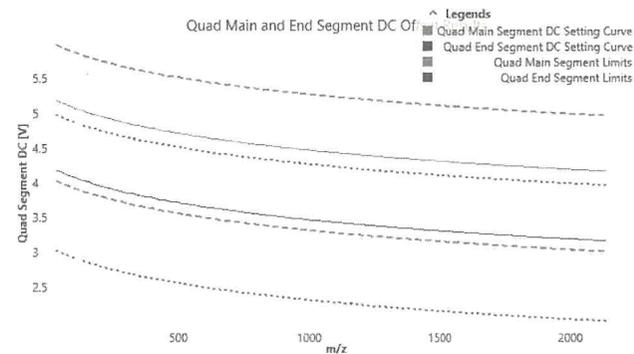
Fit Valid: 1 is in spec. Must be exactly True

Quad Main Segment Offset at m/z 40: 5.16 V is in spec. Value is in the range 4 V (inclusive) - 5.95 V (inclusive)

Maximum Number of High Residual Points (>0.5 V): 0 is in spec. Value does not exceed 2

Quad End Segment Offset at m/z 40: 4.16 V is in spec. Value is in the range 3 V (inclusive) - 4.95 V (inclusive)

Quadrupole Main and End Segment DC Calibration passed.



Quadrupole Isolation Calibration (narrow)

Invalid Measurements for Isolation Center m/z 322.048 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 195.088 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 69.045 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 2121.933 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 42.034 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 622.029 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 1621.965 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 922.018 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Isolation Center Masses with >1 Invalid Measurement (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 0
Overall Invalid Measurements (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 3

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pany
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM
13/24

Diagnostic Report

Invalid Isolation Center Mass Calibration Points (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 0
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 322.048 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 195.088 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 69.045 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 2121.933 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 42.034 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 622.029 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 1621.965 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 922.010 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Isolation Center Masses with >1 Invalid Measurement (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 0
Overall Invalid Measurements (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 3
Invalid Isolation Center Mass Calibration Points (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 0

Quadrupole Isolation Calibration (narrow) passed:
Narrow quadrupole calibration passed in both rod orientations.

Quadrupole Isolation Check

Quadrupole Isolation Check passed:
Quadrupole isolation check passed in both rod orientations.

Quad. Transm./Rod Config. Smart Cal. (pos)

Quadrupole Transm./Rod Config. Calibration (pos)

Quadrupole Transm./Rod Config. Calibration (pos) passed:
Passed: Quadrupole rod switching enabled. Primary quadrupole rod set to 1 (was 1). Transmission of m/z [69, 195, 524, 1622] meet specifications for both rods configurations. Both rods meet transmission equivalence specifications for rod switching.

Quad. Transm./Rod Config. Smart Cal. (pos) passed.

Low m/z Spectral Mass Accuracy Calibration

Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function

Fine Mass Calibration

External rms deviation (without lock mass): 0.21 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm
Internal rms deviation (with lock mass m/z 69.04472): 0.09 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

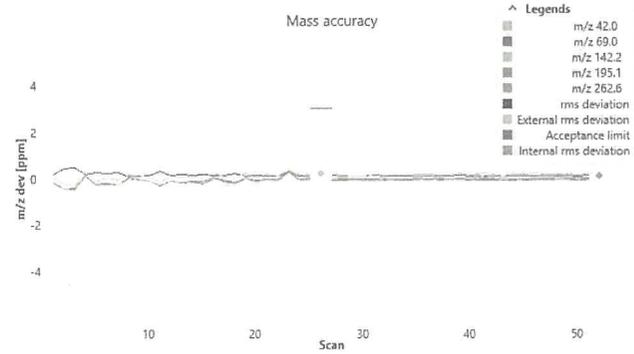
Fine Mass Calibration passed:
External rms deviation = 0.21 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm
Internal rms deviation = 0.09 ppm (with lock mass m/z 69.04472), acceptance limit = 1.00 ppm



Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

Diagnostic Report



Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function passed.

Low m/z Spectral Mass Accuracy Calibration passed.

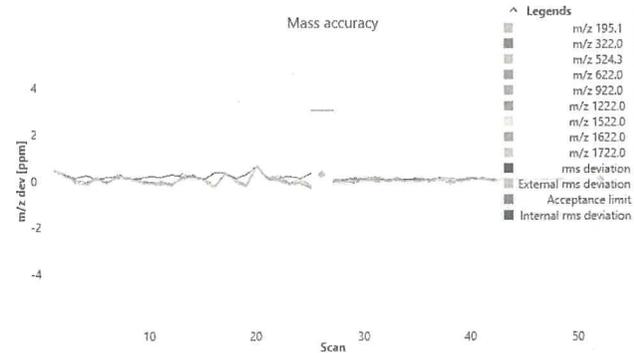
Spectral Mass Accuracy Calibration

Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function

Fine Mass Calibration

External rms deviation (without lock mass): 0.23 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm
Internal rms deviation (with lock mass m/z 322.04812): 0.06 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

Fine Mass Calibration passed:
External rms deviation = 0.23 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm
Internal rms deviation = 0.06 ppm (with lock mass m/z 322.04812), acceptance limit = 1.00 ppm



Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function passed.

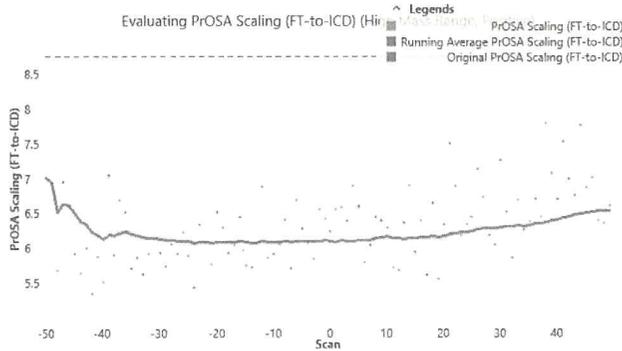
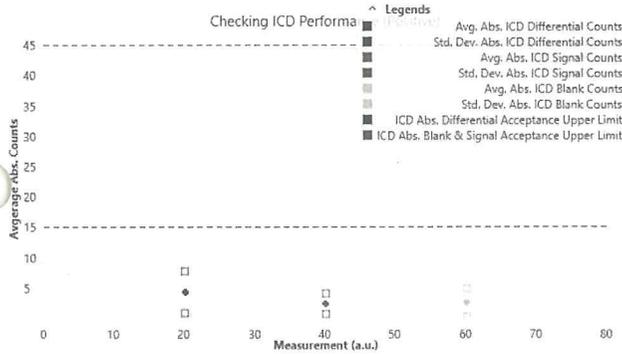
Spectral Mass Accuracy Calibration passed.

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:12:18 PM

ICD PROSA Scaling Calibration

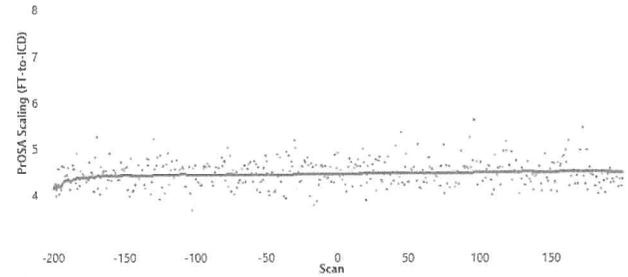
Avg. Abs. ICD Differential: 4.2 ct is in spec. Value does not exceed 15 ct
Avg. Abs. ICD Signal: 2.35 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct
Avg. Abs. ICD Blank: 2.55 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct



PROSA Scaling Factor (Normal Mass Range): 4.499 a.u. is in spec. Value is in the range 2 a.u. (inclusive) - 15 a.u. (inclusive)

PROSA Scaling Calibration passed.

Calibrating PROSA Scaling (FT-to-ICD) (Normal Mass Range)

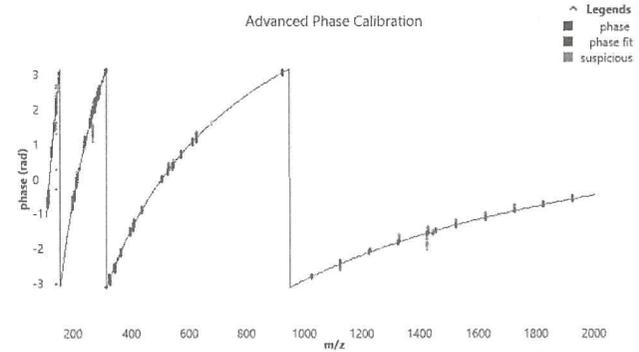


PhiSDM Hi-Speed TMT Phase Calibration

Number of Phase Samples: 6842 is in spec. Value is at least 1
c2: 5.325471 is in spec. Value is in the range -30 (inclusive) - 30 (inclusive)
Post fit outlier ratio: 0.04289296 is in spec. Value does not exceed 0.1

PhiSDM Hi-Speed TMT Phase Calibration passed.

Advanced Phase Calibration



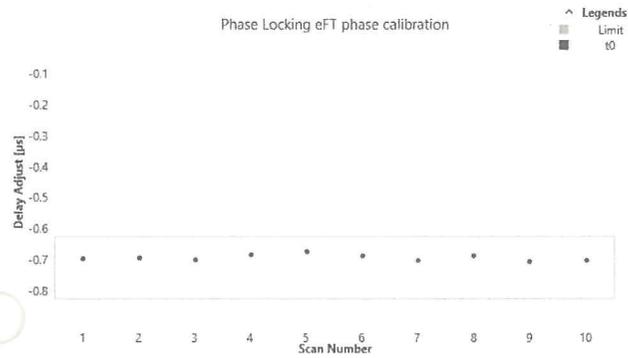
eFT Phase Check

Phase jitter (sig_t0): 0.009715964 is in spec. Value does not exceed 0.1
eFT Phase (Delta t0): 0.03186147 is in spec. Value does not exceed 0.1

eFT Phase Check passed:
Delta t0=0.03 +/- 0.01

Diagnostic Report

Phase Locking eFT phase calibration

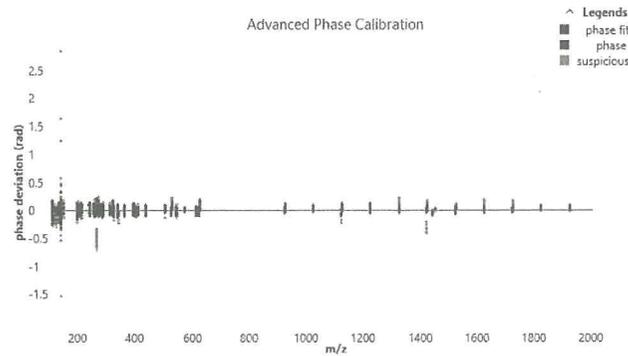


PHSDM Hi-Speed TMT Phase Check

Number of Phase Samples: 6834 is in spec. Value is at least 1
Post fit outlier ratio: 0.04580041 is in spec. Value does not exceed 0.1

PHSDM Hi-Speed TMT Phase Check passed.

Advanced Phase Calibration



Spectral Mass Accuracy Check

Missing Peak Ratio: 0 is in spec. Value does not exceed 0.1
External Calibration Error rms: 0.29 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm
Internal Calibration Error rms: 0.09 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

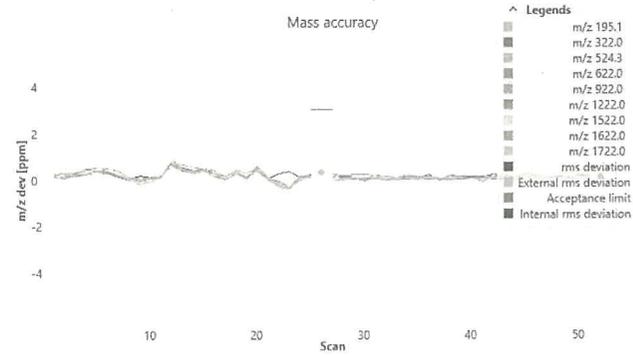
Spectral Mass Accuracy Check passed:
External Calibration Error rms = 0.3 ppm (Acceptance limit = 3.0 ppm).
Internal Calibration Error rms = 0.1 ppm (Acceptance limit = 1.0 ppm).

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

Diagnostic Report

Mass accuracy

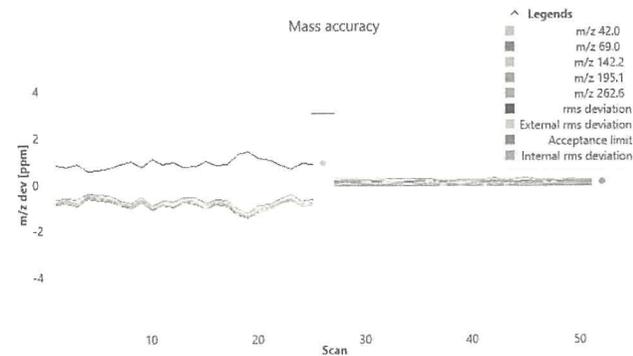


Low m/z Spectral Mass Accuracy Check

Missing Peak ratio: 0 is in spec. Value does not exceed 0.1
External Calibration Error rms: 0.88 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm
Internal Calibration Error rms: 0.1 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

Low m/z Spectral Mass Accuracy Check passed:
External Calibration Error rms = 0.9 ppm (Acceptance limit = 3.0 ppm).
Internal Calibration Error rms = 0.1 ppm (Acceptance limit = 1.0 ppm).

Mass accuracy



Mass Accuracy Transient Length Dependency Check

deviation at Resolution 480000: 0 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 360000: -0.13 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 240000: -0.036 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 180000: -0.33 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 120000: -0.35 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 90000: -0.42 ppm is in spec. Value is in the range -2.1 ppm (inclusive) - 2.1 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 60000: -0.33 ppm is in spec. Value is in the range -2.4 ppm (inclusive) - 2.4 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 45000: -0.19 ppm is in spec. Value is in the range -2.6 ppm (inclusive) - 2.6 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 30000: -0.2 ppm is in spec. Value is in the range -3.1 ppm (inclusive) - 3.1 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 22500: -0.3 ppm is in spec. Value is in the range -3.5 ppm (inclusive) - 3.5 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 15000: -0.2 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 11250: -0.51 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

Serial Number: MA11142C

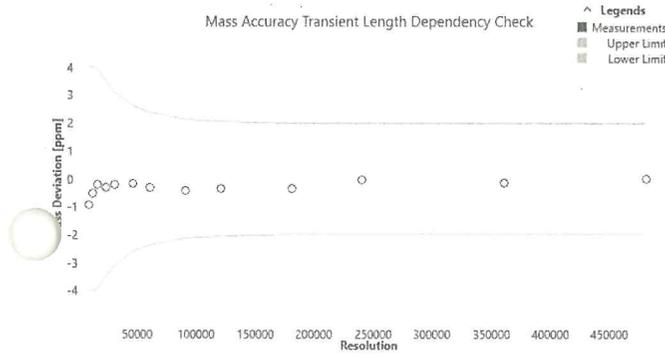
Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

Diagnostic Report



deviation at Resolution 7500: -0.93 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

Mass Accuracy Transient Length Dependency Check passed: Maximum mass accuracy deviation is 0.9 ppm.



Mass Accuracy Space Charge Dependency Check

deviation at AGC Target 100000.0: 0 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

deviation at AGC Target 200000.0: 0.016 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

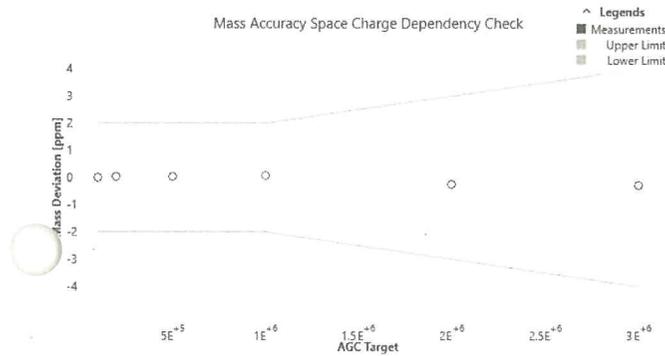
deviation at AGC Target 500000.0: 0.0053 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

deviation at AGC Target 1000000.0: 0.051 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

deviation at AGC Target 2000000.0: -0.28 ppm is in spec. Value is in the range -3 ppm (inclusive) - 3 ppm (inclusive)

deviation at AGC Target 3000000.0: -0.3 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

Mass Accuracy Space Charge Dependency Check passed: Maximum mass accuracy deviation is 0.3 ppm.



ICD ProSA Scaling Check

Avg. Abs. ICD Differential: 5.55 ct is in spec. Value does not exceed 15 ct

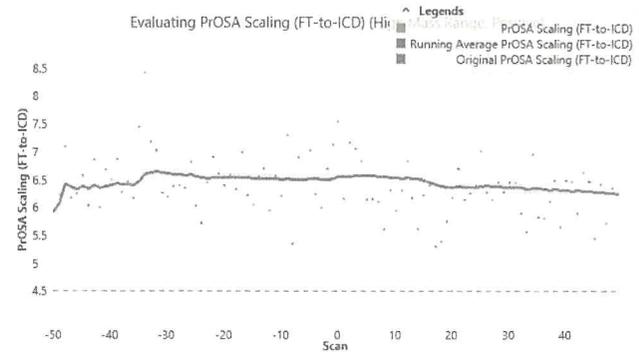
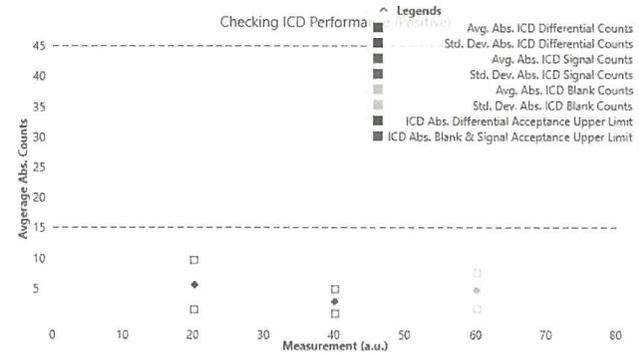
Avg. Abs. ICD Signal: 2.8 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct

Avg. Abs. ICD Blank: 4.55 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct

Serial Number: MA11142C

Signature: *K.C. Pang*
 Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM
 20/24

Diagnostic Report



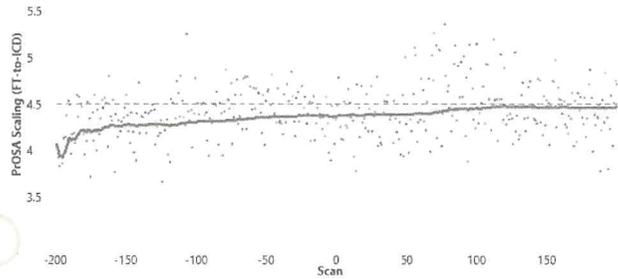
ProSA Scaling Factor (Normal Mass Range): 4.466 a.u. is in spec. Value is in the range 2.2495 a.u. (inclusive) - 8.998 a.u. (inclusive)

ICD ProSA Scaling Check passed.

Serial Number: MA11142C

Signature: *K.C. Pang*
 Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM
 21/24

Evaluating ProSA Scaling (FT-to-ICD) (Nor



Injection Filter Isolation Check

total outliers: 0 is in spec. Must be exactly 0

Injection Filter Isolation Check passed.

Quadrupole Isolation Check

Quadrupole Isolation Check passed:
Quadrupole isolation check passed in both rod orientations.

Quadrupole Transm./Rod Config. Check

Quadrupole Transm./Rod Config. Check passed:
Passed: Transmission of m/z [69, 195, 524, 1622] meet specifications for both rod configurations. Both rods meet transmission equivalence specifications for rod switching.

HCD Axial Field Evaluation

HCD Fragmentation ratio: 34.7 % is in spec. Value is in the range 5 % (inclusive) - 200 % (inclusive)
Relative variation: 5 % is in spec. Value does not exceed 15 %
HCD Axial Field Gradient: -20V, TIC: 0.1 % is in spec. Value does not exceed 3 %
HCD Axial Field Gradient: 20-40V, Min: 95.9 % is in spec. Value is in the range 75 % (inclusive) - 100 % (inclusive)
HCD Axial Field Gradient: 20-40V, Max: 96.6 % is in spec. Value is in the range 90 % (inclusive) - 100 % (inclusive)
HCD Axial Field Gradient: 200V, TIC: 100 % is in spec. Value is at least 75 %
Maximum TIC fit error: 8.2 % is in spec. Value does not exceed 30 %

HCD Axial Field Evaluation passed.

HCD RF Amplitude Evaluation

HCD Fragmentation ratio: 35.7 % is in spec. Value is in the range 5 % (inclusive) - 200 % (inclusive)
Relative variation: 6.3 % is in spec. Value does not exceed 15 %
Maximum deviation: 8.6 % is in spec. Value does not exceed 15 %
RF amplitude: 1600Vpp, TIC: 96.9 % is in spec. Value is at least 80 %
RF amplitude: 700Vpp, TIC: 9.6 % is in spec. Value does not exceed 20 %

HCD RF Amplitude Evaluation passed.

HCD Trapping Gas Evaluation

HCD Fragmentation ratio: 38.1 % is in spec. Value is in the range 5 % (inclusive) - 200 % (inclusive)
UHV:HCD delta ratio: 4.041449e-09 is in spec. Value is in the range 1.18e-09 (inclusive) - 1.767e-08 (inclusive)

Serial Number: MA11142C

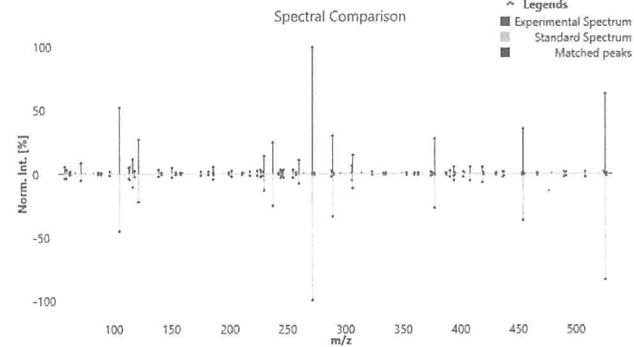
Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

22/24

HCD Trapping Gas Evaluation passed.

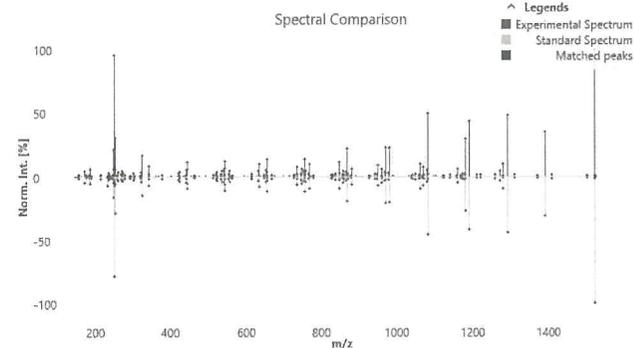
HCD Fragmentation and Trapping Efficiency Check

HCD TIC/Ext TIC (m/z 524.3): 73.79148 is in spec. Value is in the range 30 (inclusive) - 225 (inclusive)
Ext TIC/CT TIC (m/z 524.3): 125.998 is in spec. Value is in the range 75 (inclusive) - 200 (inclusive)
Ext 5e4 TIC/CT 5e4 TIC (m/z 524.3): 133.201 is in spec. Value is at least 75
HCD TIC/Ext TIC (m/z 1522.0): 56.30776 is in spec. Value is in the range 30 (inclusive) - 225 (inclusive)
Ext 5e4 TIC/CT 5e4 TIC (m/z 1522.0): 131.6625 is in spec. Value is in the range 75 (inclusive) - 200 (inclusive)
Ext 5e4 TIC/CT 5e4 TIC (m/z 1522.0): 138.7113 is in spec. Value is at least 75
HCD Spectral Similarity Score (m/z 524.3): 0.9886676 is in spec. Value is at least 0.85
Log10 fragmentation to m/z 104 (HCD of m/z 524.3): 1.917691 is in spec. Value is in the range 1.463757 (inclusive) - 2.342423 (inclusive)



HCD Spectral Similarity Score (m/z 1522.0): 0.9950096 is in spec. Value is at least 0.85
Log10 fragmentation to m/z 248 (HCD of m/z 1522.0): 1.981844 is in spec. Value is in the range 1.463757 (inclusive) - 2.342423 (inclusive)

HCD Fragmentation and Trapping Efficiency Check passed:
All measurements within specifications.



Isotope Ratio Check

Score for Iso m/z 196.085 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.6834578 is in spec. Value is at least 0
Score for Iso m/z 196.091 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.8793949 is in spec. Value is at least 0

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Thursday, August 22, 2024 04:11:18 PM

23/24

Diagnostic Report

thermo scientific

ThermoFisher
SCIENTIFIC

Instrument: OE 480
Serial Number: MA11142C
Customer: TMU
Date: Aug.20 -27, 2024
FSE: KC Peng

Score for Iso m/z 525.268 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.995916 is in spec. Value is at least 0
 Score for Iso m/z 527.264 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.8389975 is in spec. Value is at least 0
 Score for Iso m/z 1522.975 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.8781475 is in spec. Value is at least 0
 Score for Iso m/z 1523.977 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.7513271 is in spec. Value is at least 0
 Score for Iso m/z 1524.980 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.7105287 is in spec. Value is at least 0
 Score for Iso m/z 196.085 (m/z 195w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.8488951 is in spec. Value is at least 0
 Score for Iso m/z 196.091 (m/z 195w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.9027283 is in spec. Value is at least 0
 Score for Iso m/z 525.268 (m/z 524w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.9525048 is in spec. Value is at least 0
 Score for Iso m/z 527.264 (m/z 524w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.5885748 is in spec. Value is at least 0
 Score for Iso m/z 1522.975 (m/z 1522w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.6802395 is in spec. Value is at least 0
 Score for Iso m/z 1523.977 (m/z 1522w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.4516453 is in spec. Value is at least 0
 Score for Iso m/z 1524.980 (m/z 1522w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.3848919 is in spec. Value is at least 0
 Overall score: 0.3848919 is in spec. Value is at least 0

Isotope Ratio Check passed:
Overall Score is 0.38.

Cluster Evaluation

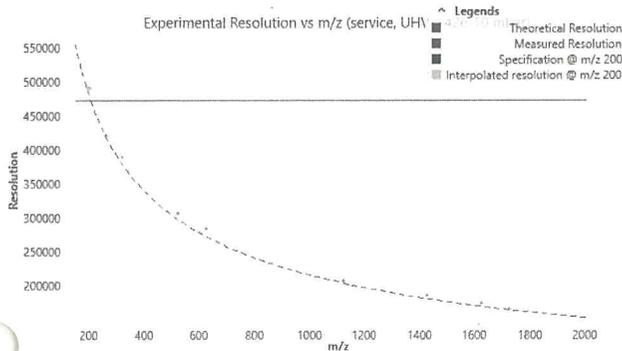
Intensity of m/z 195.088: 7.896454e+07 is in spec. Value is at least 1e+07
 Intensity of m/z 262.636: 2.13006e+08 is in spec. Value is at least 1e+07
 Cluster of m/z 195.09: 0 % is in spec. Value is in the range 0 % (inclusive) - 3 % (inclusive)
 Cluster of m/z 262.64: 0.005180328 % is in spec. Value is in the range 0 % (inclusive) - 10 % (inclusive)

Cluster Evaluation passed.

Resolution Check

Interpolated resolution at m/z 200: 489301 is in spec. Value is at least 471954
 UHV Pressure: 5.42e-10 mbar is in spec. Value does not exceed 1e-09 mbar

Resolution Check passed.



Positive Ion Mode passed.

System Configuration

Name	Value
Ion Source Type	ESI
Internal Calibration (EASY-IC) Source	enabled
Options	EASY-IC

Embedded System Information

Label	Version
Instrument Embedded Software	4.3.373.8
Instrument Hardware Hash	37370f3420d7e7584eda45762ae67a39fa2e8072

Serial Number: MA11142C

Signature: *K.C. Peng*
Thursday, August 22, 2024 04:18 PM

E3. Calibration for Negative

Diagnostic Report



Date & Time Friday, August 23, 2024 10:39:29 AM
 Instrument Model Orbitrap Exploris 480
 Instrument Serial MA11142C
 Software Version 4.3.458.15

Name	Result	Comment
Operational Test Neg Mode	Passed	

Operational Test Neg Mode

Name	Result	Value	Range	Comment
[2024-08-23 10:39] Electronics Calibration Smart Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:39] Checkpoint "Electronics Smart Calibration" reached.				---
[2024-08-23 10:39] eFT Phase Calibration	Passed	-	-	$t_0 = -0.84 \pm 0.01$, $\phi = 2.41 \pm 0.04$
[2024-08-23 10:39] Fine Mass Calibration	Passed	-	-	External rms deviation = 0.37 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm Internal rms deviation = 0.06 ppm (with lock mass m/z 318.97979), acceptance limit = 1.00 ppm
[2024-08-23 10:39] Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:39] Spectral Mass Accuracy Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:40] Checkpoint "Initial Mass Calibration" reached.				---
[2024-08-23 10:40] C-trap Entrance Lens Voltage Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:40] eFT dispersion UL Calibration	Passed	-	-	$t_0 = -0.72 \pm 0.01$, $\phi = 1.87 \pm 0.02$
[2024-08-23 10:40] Checkpoint "RF and Voltages" reached.				---
[2024-08-23 10:40] eFT dispersion L Calibration	Passed	-	-	$t_0 = -0.72 \pm 0.01$, $\phi = 1.94 \pm 0.04$
[2024-08-23 10:40] eFT dispersion H Calibration	Passed	-	-	$t_0 = -0.91 \pm 0.01$, $\phi = 2.49 \pm 0.02$
[2024-08-23 10:41] Checkpoint "eFT and Phi5DM" reached.				---
[2024-08-23 10:41] ICD Compensation Voltages Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:43] ICD Deflector Voltage Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:41] ICD Calibration (neg)	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:43] Checkpoint "ICD" reached.				---
[2024-08-23 10:43] Mass Accuracy Transient Length Dependency Calibration	Passed	-	-	Maximum mass accuracy deviation is 0.4 ppm.
[2024-08-23 10:46] Mass Accuracy Space Charge Dependency Calibration	Passed	-	-	Maximum mass accuracy deviation is 0.7 ppm.
[2024-08-23 10:47] Fine Mass Calibration	Passed	-	-	External rms deviation = 0.21 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm Internal rms deviation = 0.06 ppm (with lock mass m/z 318.97979), acceptance limit = 1.00 ppm
[2024-08-23 10:47] Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:47] Spectral Mass Accuracy Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:47] Checkpoint "Mass Accuracy" reached.				---
[2024-08-23 10:47] Quadrupole Rod Periodic Toggle Event	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:47] Quadrupole Isolation Calibration (rough)	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:47] Quadrupole Isolation Calibration (rough) Smart Calibration (neg)	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:49] Checkpoint "Quad Calibration (rough)" reached.				---

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
 Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM

Diagnostic Report



[2024-08-23 10:49] Injection Filter Res. DC Match Calibration	Passed	-	-	Inj. Filter Res. DC Match Voltage optimum is -0.03 V. Voltage is within specification range (-0.75 ± 0.75).
[2024-08-23 10:49] Injection Filter Low-m/z RF Calibration	Passed	-	-	Optimal injection filter low-m/z RF parameters: Offset -6.7 Vpp; Slope 0.719 Vpp/Th; Minimum RF Ampl. 23.0 Vpp.
[2024-08-23 10:49] Injection Filter Low-m/z RF Calibration (neg)	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:49] Checkpoint "Inject Filter DC and RF" reached.				---
[2024-08-23 10:49] Injection Filter Isolation Check	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:52] Checkpoint "Inject Filter Check" reached.				---
[2024-08-23 10:52] Quadrupole Isolation Calibration (wide)	Passed	-	-	Wide quadrupole calibration passed in both rod orientations.
[2024-08-23 10:56] Checkpoint "Quadrupole Isolation Calibration (wide)" reached.				---
[2024-08-23 10:56] Quadrupole Main and End Segment DC Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-23 10:56] Checkpoint "Quadrupole Main and End Segment DC Calibration" reached.				---
[2024-08-23 10:56] Quadrupole Isolation Calibration (narrow)	Passed	-	-	Narrow quadrupole calibration passed in both rod orientations.
[2024-08-23 10:59] Quadrupole Isolation Check	Passed	-	-	Quadrupole isolation check passed in both rod orientations.
[2024-08-23 11:01] Checkpoint "Quadrupole Isolation Check" reached.				---
[2024-08-23 11:01] Quadrupole Transm./Rod Config. Calibration (neg)	Passed	-	-	Passed: Quadrupole rod switching enabled. Primary quadrupole rod set to 0 (was 1). Transmission of m/z [69, 319, 602, 1634] meet specifications for both rods configurations. Both rods meet transmission equivalence specifications for rod switching.
[2024-08-23 11:01] Quad. Transm./Rod Config. Smart Cal. (neg)	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:07] Checkpoint "Quad. Transm./Rod Config. Smart Cal. (neg)" reached.				---
[2024-08-23 11:07] Fine Mass Calibration	Passed	-	-	External rms deviation = 0.25 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm Internal rms deviation = 0.07 ppm (with lock mass m/z 68.99576), acceptance limit = 1.00 ppm
[2024-08-23 11:07] Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:07] Low m/z Spectral Mass Accuracy Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:07] Checkpoint "Low m/z Spectral Mass Accuracy" reached.				---
[2024-08-23 11:07] Fine Mass Calibration	Passed	-	-	External rms deviation = 0.30 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm Internal rms deviation = 0.06 ppm (with lock mass m/z 318.97979), acceptance limit = 1.00 ppm
[2024-08-23 11:07] Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:07] Spectral Mass Accuracy Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:07] Checkpoint "Spectral Mass Accuracy Calibration" reached.				---
[2024-08-23 11:07] ICD PROSA Scaling Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:10] Checkpoint "ICD / PROSA" reached.				---
[2024-08-23 11:10] Short Burn-in of ICS	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:16] ICS HV Current Calibration	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:10] ICS Burn-in and HV Current Calibration (neg)	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:16] Checkpoint "System Calibration negative" reached.				---

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
 Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM

Diagnostic Report

thermoscientific

[2024-08-23 11:16] Wait for spray stabilization	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:17] eFT Phase Check	Passed	-	-	Delta t0=-0.04 +/- 0.01
[2024-08-23 11:17] Spectral Mass Accuracy Check	Passed	-	-	External Calibration Error rms = 0.3 ppm (Acceptance limit = 3.0 ppm). Internal Calibration Error rms = 0.1 ppm (Acceptance limit = 1.0 ppm).
[2024-08-23 11:17] Low m/z Spectral Mass Accuracy Check	Passed	-	-	External Calibration Error rms = 0.3 ppm (Acceptance limit = 3.0 ppm). Internal Calibration Error rms = 0.1 ppm (Acceptance limit = 1.0 ppm).
[2024-08-23 11:18] Mass Accuracy Transient Length Dependency Check	Passed	-	-	Maximum mass accuracy deviation is 0.4 ppm.
[2024-08-23 11:19] Mass Accuracy Space Charge Dependency Check	Passed	-	-	Maximum mass accuracy deviation is 0.2 ppm.
[2024-08-23 11:19] ICD ProSA Scaling Check	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:22] Checkpoint "ICD ProSA Scaling Check" reached.		-	-	---
[2024-08-23 11:22] Injection Filter Isolation Check	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:24] Checkpoint "Injection Filter Isolation Check" reached.		-	-	---
[2024-08-23 11:24] Quadrupole Isolation Check	Passed	-	-	Quadrupole isolation check passed in both rod orientations.
[2024-08-23 11:26] Quadrupole Transm./Rod Config. Check	Passed	-	-	Passed: Transmission of m/z [69, 319, 602, 1634] meet specifications for both rod configurations. Both rods meet transmission equivalence specifications for rod switching.
[2024-08-23 11:32] Checkpoint "Quadrupole Transm./Rod Config. Check" reached.		-	-	---
[2024-08-23 11:32] Short burn-in of ICS	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:37] ICS Switch-off Time Evaluation (neg)	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:38] ICS Switch-on Time Evaluation (neg)	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:39] Checkpoint "ICS Switch-on Time Evaluation (neg)" reached.		-	-	---
[2024-08-23 11:39] Wait for spray stabilization	Passed	-	-	
[2024-08-23 11:40] HCD Fragmentation and Trapping Efficiency Check	Passed	-	-	All measurements within specifications.
[2024-08-23 11:40] Isotope Ratio Check	Passed	-	-	Overall Score is 0.47.
[2024-08-23 11:42] Resolution Check	Passed	-	-	

Electronics Calibration Smart Calibration

Electronics Calibration Smart Calibration passed.

eFT Phase Calibration

Phase jitter (sig_t0): 0.01171493 is in spec. Value does not exceed 0.1

eFT Calibration passed:

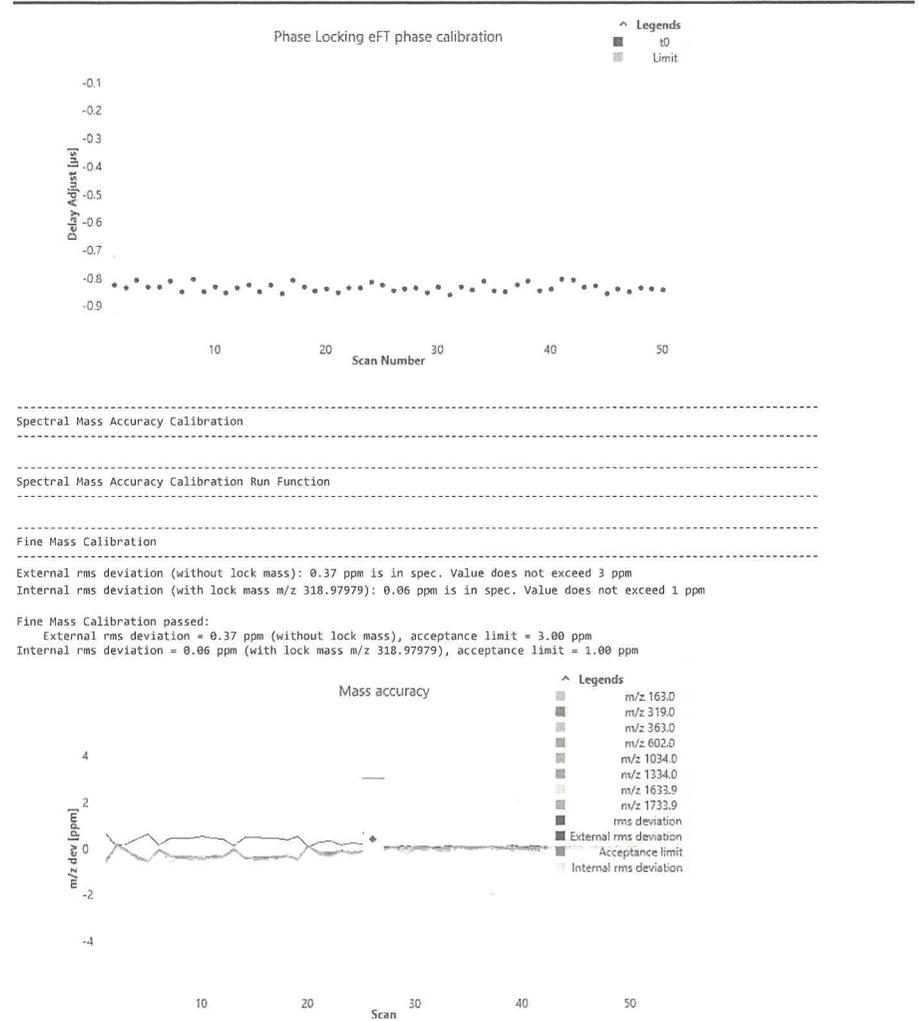
0.84 +/- 0.01, phi=2.41 +/- 0.04

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM

Diagnostic Report

thermoscientific



Spectral Mass Accuracy Calibration

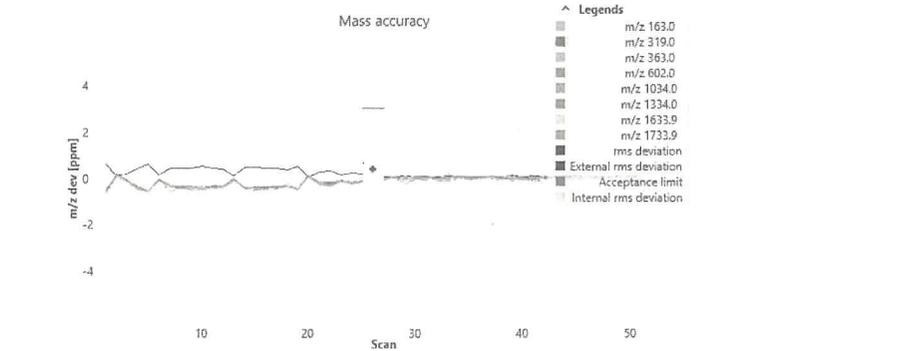
Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function

Fine Mass Calibration

External rms deviation (without lock mass): 0.37 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm
Internal rms deviation (with lock mass m/z 318.97979): 0.06 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

Fine Mass Calibration passed:

External rms deviation = 0.37 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm
Internal rms deviation = 0.06 ppm (with lock mass m/z 318.97979), acceptance limit = 1.00 ppm



Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function passed.

Spectral Mass Accuracy Calibration passed.

C-trap Entrance Lens Voltage Calibration

Number of Profile Maxima Found: 8 is in spec. Value is at least 3
Optimum C-trap Ent. Lens -- Inj. voltage: -6.9625 V is in spec. Value is in the range -7.5 V (inclusive) - -3 V (inclusive)

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM

Diagnostic Report

Variation of optimum C-trap Ent. Lens -- Inj. Voltages: 4.129821 % RSD is in spec. Value does not exceed 15 % RSD

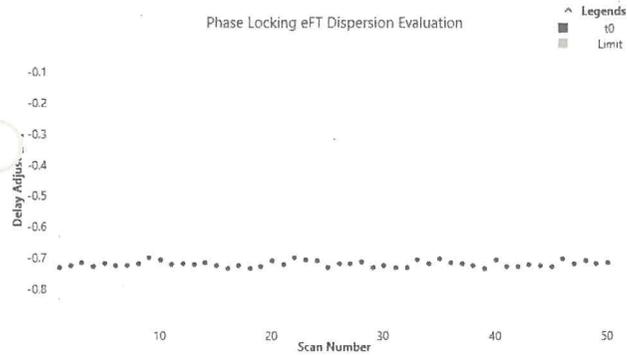
C-trap Entrance Lens Voltage Calibration passed.

eFT dispersion UL Calibration

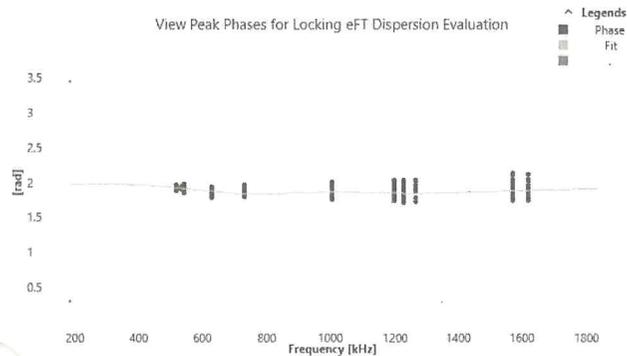
Phase jitter (sig_t0): 0.007391554 is in spec. Value does not exceed 0.1

eFT dispersion UL Calibration passed:
t0=-0.72 +/- 0.01, phi=1.87 +/- 0.02

Phase Locking eFT Dispersion Evaluation



View Peak Phases for Locking eFT Dispersion Evaluation



eFT dispersion L Calibration

Phase jitter (sig_t0): 0.007526134 is in spec. Value does not exceed 0.1

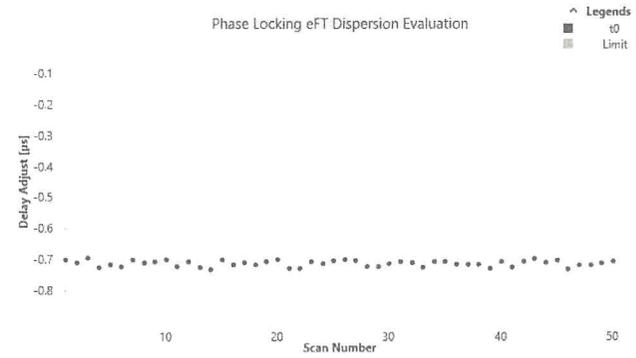
eFT dispersion L Calibration passed:
t0=-0.72 +/- 0.01, phi=1.94 +/- 0.04

Serial Number: MA11142C

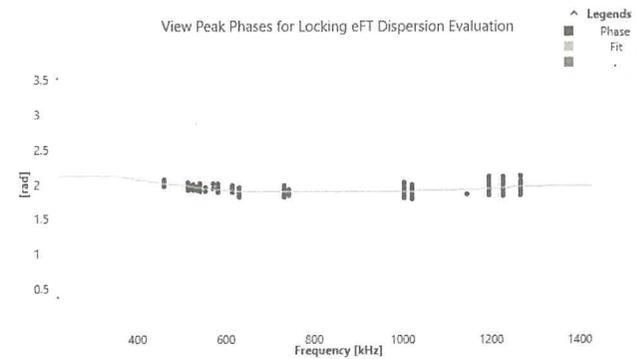
Signature: *K.C. Peng*
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM

Diagnostic Report

Phase Locking eFT Dispersion Evaluation



View Peak Phases for Locking eFT Dispersion Evaluation



eFT dispersion H Calibration

Phase jitter (sig_t0): 0.006355218 is in spec. Value does not exceed 0.1

eFT dispersion H Calibration passed:
t0=-0.91 +/- 0.01, phi=2.49 +/- 0.02

Serial Number: MA11142C

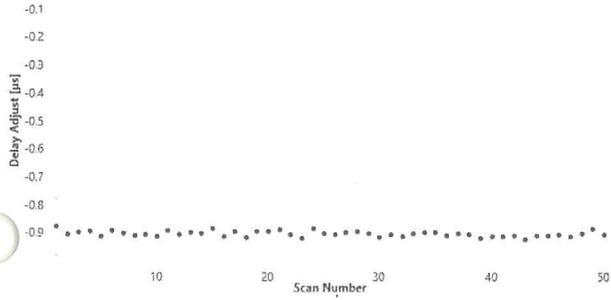
Signature: *K.C. Peng*
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM

Diagnostic Report



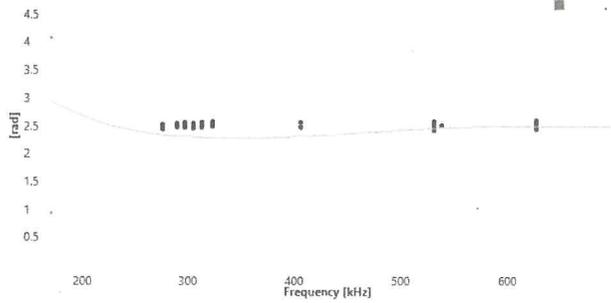
Phase Locking eFT Dispersion Evaluation

Legends: t0, Limit



View Peak Phases for Locking eFT Dispersion Evaluation

Legends: Phase, Fit



ICD Calibration (neg)

ICD Compensation Voltages Calibration

Avg ICD Differential: 7.25 ct is in spec. Value does not exceed 15 ct
Avg ICD Signal: 4.45 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct
Avg ICD Blank: 5 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct

ICD Compensation Voltages Calibration passed.

Serial Number: MA11142C

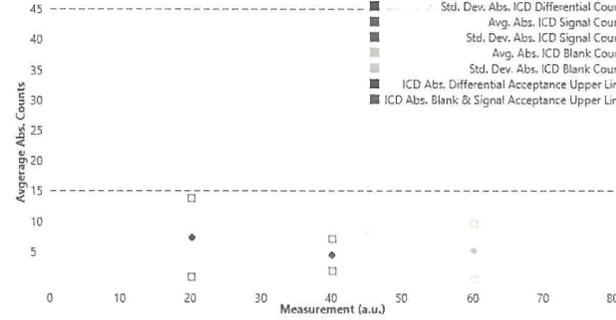
Signature: K.C. Poy
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM
7/21

Diagnostic Report



Checking ICD Performance

Legends: Avg. Abs. ICD Differential Counts, Std. Dev. Abs. ICD Differential Counts, Avg. Abs. ICD Signal Counts, Std. Dev. Abs. ICD Signal Counts, Avg. Abs. ICD Blank Counts, Std. Dev. Abs. ICD Blank Counts, ICD Abs. Differential Acceptance Upper Limit, ICD Abs. Blank & Signal Acceptance Upper Limit



ICD Deflector Voltage Calibration

ICD Deflector Voltage Calibration passed.

ICD Calibration (neg) passed.

Mass Accuracy Transient Length Dependency Calibration

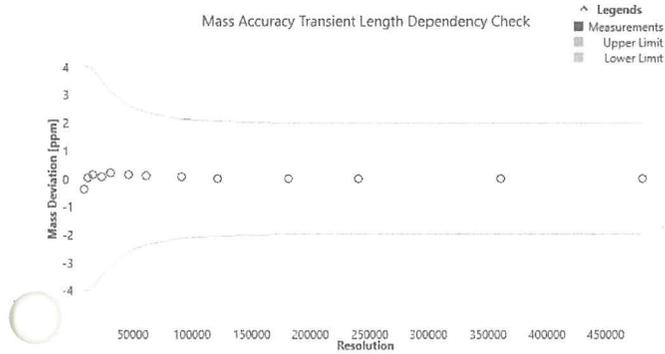
deviation at Resolution 480000: 0 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 360000: -0.0098 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 240000: 0.0093 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 180000: -0.0058 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 120000: 0.017 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 90000: 0.073 ppm is in spec. Value is in the range -2.1 ppm (inclusive) - 2.1 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 60000: 0.11 ppm is in spec. Value is in the range -2.4 ppm (inclusive) - 2.4 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 45000: 0.13 ppm is in spec. Value is in the range -2.6 ppm (inclusive) - 2.6 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 30000: 0.2 ppm is in spec. Value is in the range -3.1 ppm (inclusive) - 3.1 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 22500: 0.087 ppm is in spec. Value is in the range -3.5 ppm (inclusive) - 3.5 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 15000: 0.15 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 11250: 0.04 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 7500: -0.39 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

Mass Accuracy Transient Length Dependency Calibration passed:
Maximum mass accuracy deviation is 0.4 ppm.

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Poy
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM
8/21

Mass Accuracy Transient Length Dependency Check

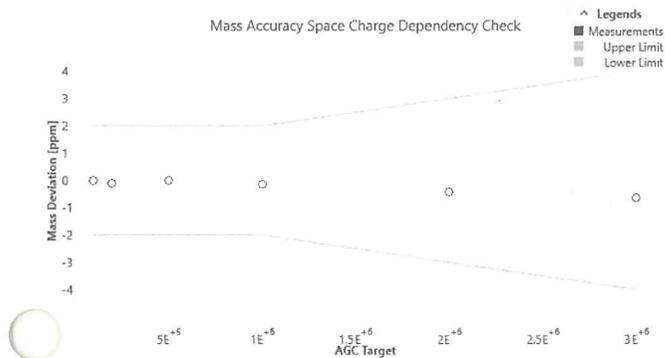


Mass Accuracy Space Charge Dependency Calibration

deviation at AGC Target 1000000.0: 0 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
 deviation at AGC Target 2000000.0: -0.13 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
 deviation at AGC Target 5000000.0: -0.015 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
 deviation at AGC Target 10000000.0: -0.16 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
 deviation at AGC Target 20000000.0: -0.44 ppm is in spec. Value is in the range -3 ppm (inclusive) - 3 ppm (inclusive)
 deviation at AGC Target 30000000.0: -0.67 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

Mass Accuracy Space Charge Dependency Calibration passed:
 Maximum mass accuracy deviation is 0.7 ppm.

Mass Accuracy Space Charge Dependency Check



Spectral Mass Accuracy Calibration

Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function

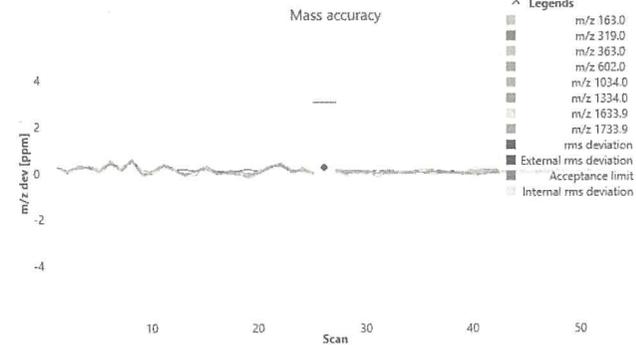
Fine Mass Calibration

External rms deviation (without lock mass): 0.21 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm
 Internal rms deviation (with lock mass m/z 318.97979): 0.06 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
 Friday, August 23, 2024 11:49:57 AM

Fine Mass Calibration passed:
 External rms deviation = 0.21 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm
 Internal rms deviation = 0.06 ppm (with lock mass m/z 318.97979), acceptance limit = 1.00 ppm



Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function passed.

Spectral Mass Accuracy Calibration passed.

Quadrupole Rod Periodic Toggle Event

Quadrupole Rod Periodic Toggle Event passed.

Quadrupole Isolation Calibration (rough) Smart Calibration (neg)

Quadrupole Isolation Calibration (rough)

Number of iterations for window 318.98-1633.95 (Rods A/θ): 112 is in spec. Value does not exceed 500
 Number of iterations for mass 162.98 (Rods A/θ): 69 is in spec. Value does not exceed 500
 Number of iterations for mass 1633.95 (Rods A/θ): 88 is in spec. Value does not exceed 500

Quadrupole Isolation Calibration (rough) passed.

Quadrupole Isolation Calibration (rough) Smart Calibration (neg) passed.

Injection Filter Res. DC Match Calibration

IF Res. DC Match Voltage: -0.03333333 V is in spec. Value is in the range -0.75 V (inclusive) - 0.75 V (inclusive)

Injection Filter Res. DC Match Calibration passed:

Inj. Filter Res. DC Match Voltage optimum is -0.03 V. Voltage is within specification range ([-0.75 - 0.75]).

Injection Filter Low-m/z RF Calibration (neg)

Injection Filter Low-m/z RF Calibration

Injection Filter Low-m/z RF Calibration passed:

Optimal injection filter low-m/z RF parameters: Offset -6.7 Vpp; Slope 0.719 Vpp/Th; Minimum RF Ampl. 23.0 Vpp.

Injection Filter Low-m/z RF Calibration (neg) passed.

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
 Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM

Injection Filter Isolation Check

total outliers: 0 is in spec. Must be exactly 0

Injection Filter Isolation Check passed.

Quadrupole Isolation Calibration (wide)

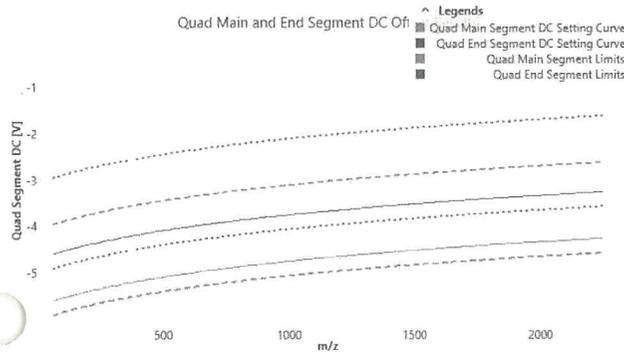
Number of iterations for window 318.98-1633.95 (Rods A/0): 127 is in spec. Value does not exceed 500
Number of iterations for mass 69.00 and width 1.50 (Rods A/0): 6 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 162.98 and width 1.50 (Rods A/0): 6 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 601.98 and width 1.50 (Rods A/0): 6 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 1633.95 and width 3.00 (Rods A/0): 6 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 2833.87 and width 3.00 (Rods A/0): 8 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for window 318.98-1633.95 (Rods B/1): 129 is in spec. Value does not exceed 500
Number of iterations for mass 69.00 and width 1.50 (Rods B/1): 5 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 162.98 and width 1.50 (Rods B/1): 5 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 601.98 and width 1.50 (Rods B/1): 5 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 1633.95 and width 3.00 (Rods B/1): 6 is in spec. Value is less than 30
Number of iterations for mass 2833.87 and width 3.00 (Rods B/1): 7 is in spec. Value is less than 30

Quadrupole Isolation Calibration (wide) passed:
Wide quadrupole calibration passed in both rod orientations.

Quadrupole Main and End Segment DC Calibration

Fit Valid: 1 is in spec. Must be exactly True
Quad Main Segment Offset at m/z 40: -5.63 V is in spec. Value is in the range -5.95 V (inclusive) - -4 V (inclusive)
Maximum Number of High Residual Points (>0.5 V): 0 is in spec. Value does not exceed 2
Quad End Segment Offset at m/z 40: -4.63 V is in spec. Value is in the range -4.95 V (inclusive) - -3 V (inclusive)

Quadrupole Main and End Segment DC Calibration passed.



Quadrupole Isolation Calibration (narrow)

Invalid Measurements for Isolation Center m/z 1633.950 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 162.982 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 2233.911 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 68.996 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 1033.988 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 362.970 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 601.979 (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Isolation Center Masses with >1 Invalid Measurement (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 0
Overall Invalid Measurements (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 2
Invalid Isolation Center Mass Calibration Points (Rods A/0): 0 is in spec. Value does not exceed 0

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pary
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM
11/21

Invalid Measurements for Isolation Center m/z 1633.950 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 162.982 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 2233.911 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 68.996 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 1033.988 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 362.970 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Invalid Measurements for Isolation Center m/z 601.979 (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 1
Isolation Center Masses with >1 Invalid Measurement (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 0
Overall Invalid Measurements (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 2
Invalid Isolation Center Mass Calibration Points (Rods B/1): 0 is in spec. Value does not exceed 0

Quadrupole Isolation Calibration (narrow) passed:
Narrow quadrupole calibration passed in both rod orientations.

Quadrupole Isolation Check

Quadrupole Isolation Check passed:
Quadrupole isolation check passed in both rod orientations.

Quad. Transm./Rod Config. Smart Cal. (neg)

Quadrupole Transm./Rod Config. Calibration (neg)

Quadrupole Transm./Rod Config. Calibration (neg) passed:
Passed: Quadrupole rod switching enabled. Primary quadrupole rod set to 0 (was 1). Transmission of m/z [69, 319, 602, 1634] meet specifications for both rods configurations. Both rods meet transmission equivalence specifications for rod switching.

Quad. Transm./Rod Config. Smart Cal. (neg) passed.

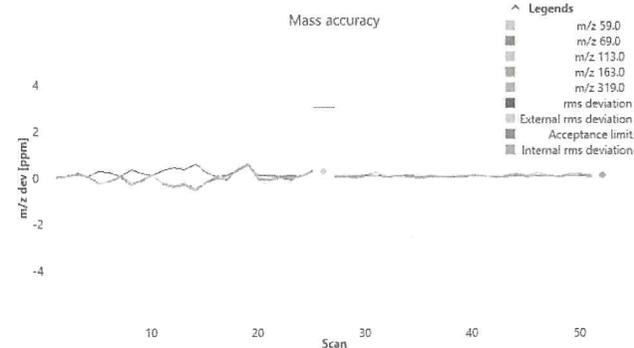
Low m/z Spectral Mass Accuracy Calibration

Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function

Fine Mass Calibration

External rms deviation (without lock mass): 0.25 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm
Internal rms deviation (with lock mass m/z 68.99576): 0.07 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

Fine Mass Calibration passed:
External rms deviation = 0.25 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm
Internal rms deviation = 0.07 ppm (with lock mass m/z 68.99576), acceptance limit = 1.00 ppm



Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pary
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM
12/21

Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function passed.

Low m/z Spectral Mass Accuracy Calibration passed.

Spectral Mass Accuracy Calibration

Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function

Fine Mass Calibration

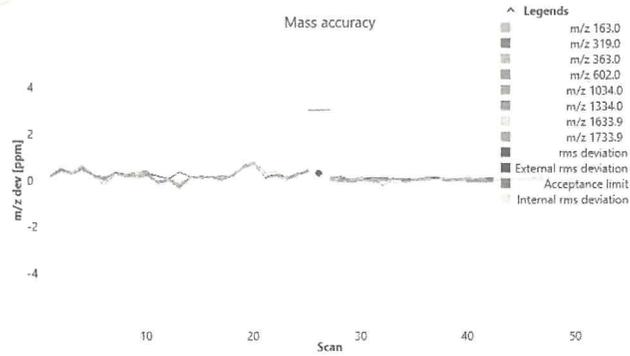
External rms deviation (without lock mass): 0.3 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm

Internal rms deviation (with lock mass m/z 318.97979): 0.06 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

Fine Mass Calibration passed:

External rms deviation = 0.30 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm

Internal rms deviation = 0.06 ppm (with lock mass m/z 318.97979), acceptance limit = 1.00 ppm



Spectral Mass Accuracy Calibration Run Function passed.

Spectral Mass Accuracy Calibration passed.

ICD ProSA Scaling Calibration

Avg. Abs. ICD Differential: 6.8 ct is in spec. Value does not exceed 15 ct

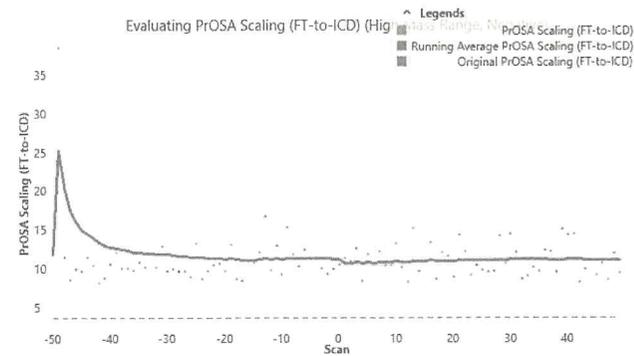
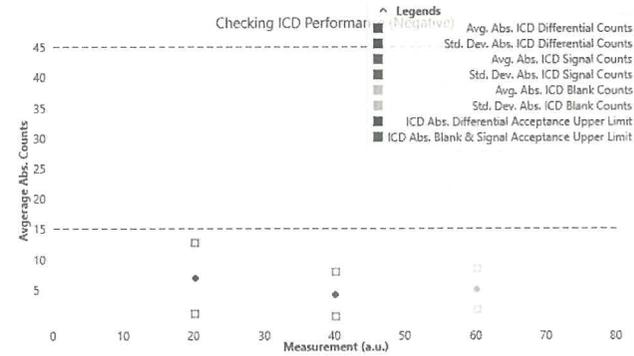
Avg. Abs. ICD Signal: 4.15 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct

Avg. Abs. ICD Blank: 4.95 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct



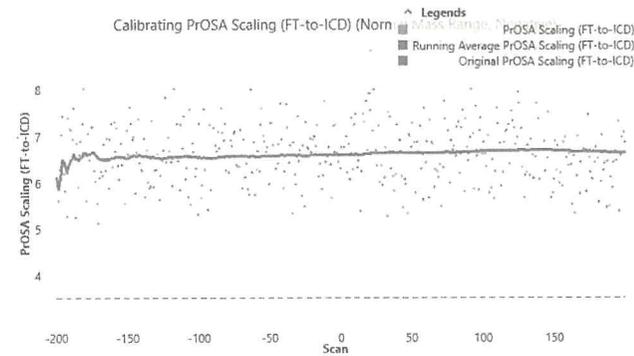
Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM



ProSA Scaling Factor (Normal Mass Range): 6.623 a.u. is in spec. Value is in the range 2 a.u. (inclusive) - 15 a.u. (inclusive)

ICD ProSA Scaling Calibration passed.



Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM

Diagnostic Report



ICS Burn-in and HV Current Calibration (neg)

Short Burn-in of ICS

Neg. Fluoranthene S/N: 180.8998 is in spec. Value is at least 75

Short Burn-in of ICS passed.

ICS HV Current Calibration

ICS active HV current: 6.176 µA is in spec. Value is in the range 2 µA (inclusive) - 12 µA (inclusive)
ICS ion signal (S/N) [2e+02k, 1µs, 0.4 ms]: 497.7 is in spec. Value is in the range 230 (inclusive) - 92000 (inclusive)

ICS HV Current Calibration passed.

ICS Burn-in and HV Current Calibration (neg) passed.

Wait for spray stabilization

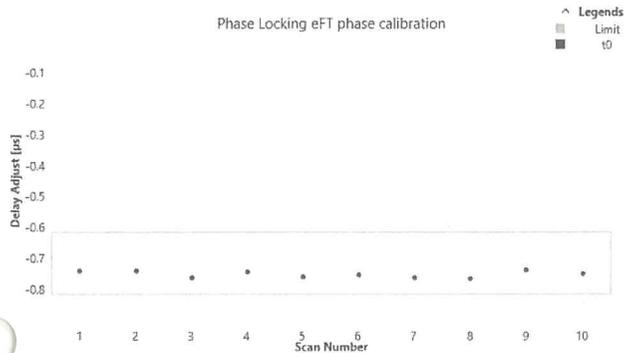
Wait for spray stabilization finished with neutral result.

eFT Phase Check

Phase jitter (sig_t0): 0.01005748 is in spec. Value does not exceed 0.1
eFT Phase (Delta t0): 0.0357029 is in spec. Value does not exceed 0.1

eFT Phase Check passed:
Delta t0=-0.04 +/- 0.01

Phase Locking eFT phase calibration



Spectral Mass Accuracy Check

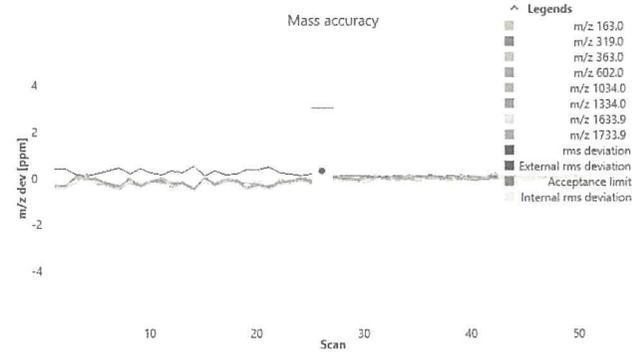
Missing Peak Ratio: 0 is in spec. Value does not exceed 0.1
External Calibration Error rms: 0.27 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm
Internal Calibration Error rms: 0.07 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

Spectral Mass Accuracy Check passed:
External Calibration Error rms = 0.3 ppm (Acceptance limit = 3.0 ppm).
Internal Calibration Error rms = 0.1 ppm (Acceptance limit = 1.0 ppm).

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM
15/21

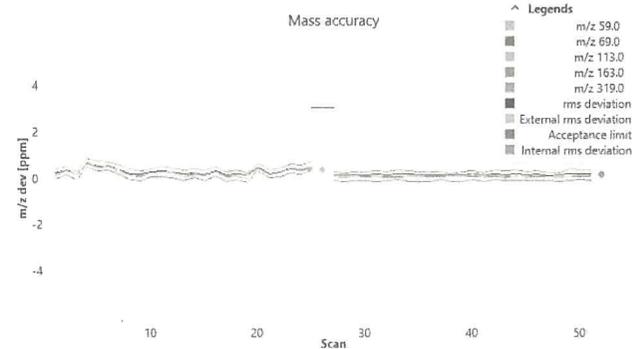
Diagnostic Report



Low m/z Spectral Mass Accuracy Check

Missing Peak Ratio: 0 is in spec. Value does not exceed 0.1
External Calibration Error rms: 0.32 ppm is in spec. Value does not exceed 3 ppm
Internal Calibration Error rms: 0.14 ppm is in spec. Value does not exceed 1 ppm

Low m/z Spectral Mass Accuracy Check passed:
External Calibration Error rms = 0.3 ppm (Acceptance limit = 3.0 ppm).
Internal Calibration Error rms = 0.1 ppm (Acceptance limit = 1.0 ppm).



Mass Accuracy Transient Length Dependency Check

deviation at Resolution 480000: 0 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 360000: 0.12 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 240000: 0.24 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 180000: 0.2 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 120000: 0.044 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 90000: 0.15 ppm is in spec. Value is in the range -2.1 ppm (inclusive) - 2.1 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 60000: 0.27 ppm is in spec. Value is in the range -2.4 ppm (inclusive) - 2.4 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 45000: 0.16 ppm is in spec. Value is in the range -2.6 ppm (inclusive) - 2.6 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 30000: 0.18 ppm is in spec. Value is in the range -3.1 ppm (inclusive) - 3.1 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 22500: -0.051 ppm is in spec. Value is in the range -3.5 ppm (inclusive) - 3.5 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 15000: 0.11 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)
deviation at Resolution 11250: 0.048 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

Serial Number: MA11142C

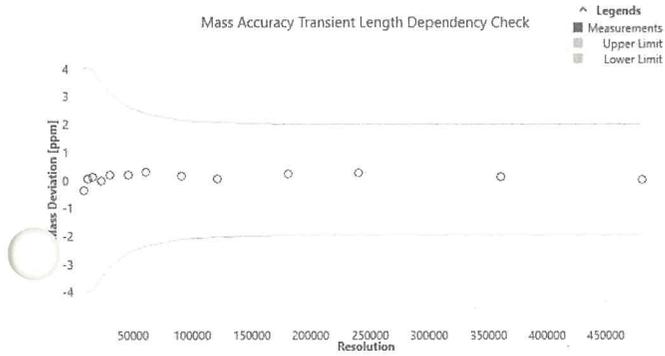
Signature: K.C. Pay
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM
16/21

Diagnostic Report



deviation at Resolution 7500: -0.37 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

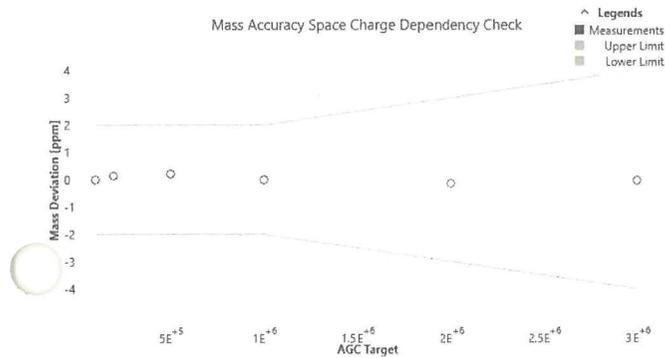
Mass Accuracy Transient Length Dependency Check passed:
Maximum mass accuracy deviation is 0.4 ppm.



Mass Accuracy Space Charge Dependency Check

deviation at AGC Target 100000.0: 0 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
 deviation at AGC Target 200000.0: 0.13 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
 deviation at AGC Target 500000.0: 0.18 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
 deviation at AGC Target 1000000.0: -0.034 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)
 deviation at AGC Target 2000000.0: -0.15 ppm is in spec. Value is in the range -3 ppm (inclusive) - 3 ppm (inclusive)
 deviation at AGC Target 3000000.0: -0.04 ppm is in spec. Value is in the range -4 ppm (inclusive) - 4 ppm (inclusive)

Mass Accuracy Space Charge Dependency Check passed:
Maximum mass accuracy deviation is 0.2 ppm.



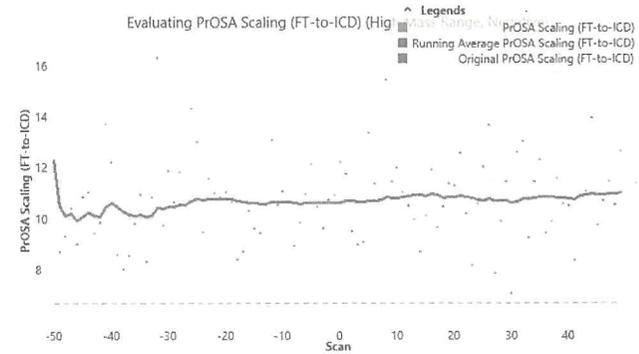
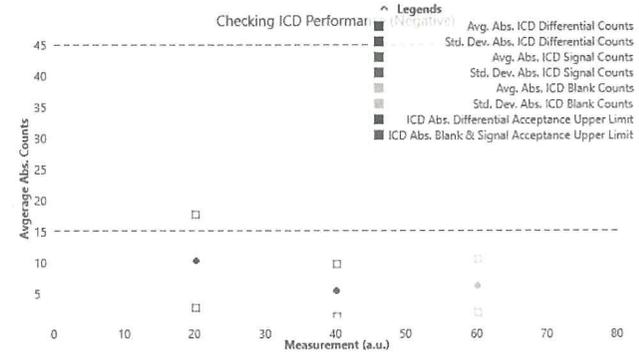
ICD ProSA Scaling Check

Avg. Abs. ICD Differential: 10.1 ct is in spec. Value does not exceed 15 ct
 Avg. Abs. ICD Signal: 5.35 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct
 Avg. Abs. ICD Blank: 6.15 ct is in spec. Value does not exceed 45 ct

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
 Friday, August 23, 2024 11:48:57 AM

Diagnostic Report

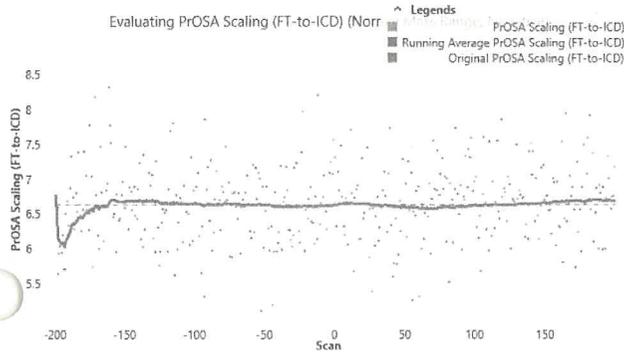


ProSA Scaling Factor (Normal Mass Range): 6.678 a.u. is in spec. Value is in the range 3.3115 a.u. (inclusive) - 13.246 a.u. (inclusive)

ICD ProSA Scaling Check passed.

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
 Friday, August 23, 2024 11:49:57 AM



Injection Filter Isolation Check

total outliers: 0 is in spec. Must be exactly 0

Injection Filter Isolation Check passed.

Quadrupole Isolation Check

Quadrupole Isolation Check passed:
Quadrupole isolation check passed in both rod orientations.

Quadrupole Transm./Rod Config. Check

Quadrupole Transm./Rod Config. Check passed:
Passed: Transmission of m/z [69, 319, 602, 1634] meet specifications for both rod configurations. Both rods meet transmission equivalence specifications for rod switching.

Short burn-in of ICS

Neg. Fluoranthene S/N: 180.4465 is in spec. Value is at least 75

Short burn-in of ICS passed.

ICS Switch-off Time Evaluation (neg)

ICS Switch-off time: 1.8 ms is in spec. Value is in the range 0.4 ms (inclusive) - 8 ms (inclusive)

ICS Switch-off Time Evaluation (neg) passed.

ICS Switch-on Time Evaluation (neg)

Actual ICS settling time: 1.6 ms is in spec. Value is in the range 0.4 ms (inclusive) - 8 ms (inclusive)
Optimal ICS bump duration: 1 ms is in spec. Value is in the range 0.2 ms (inclusive) - 1.6 ms (inclusive)

ICS Switch-on Time Evaluation (neg) passed.

Wait for spray stabilization

Wait for spray stabilization finished with neutral result.

Serial Number: MA11142C

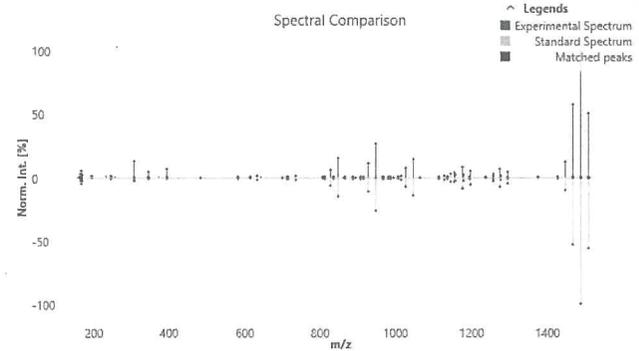
Signature: *K.C. Pary*
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM
19/21

HCD Fragmentation and Trapping Efficiency Check

HCD TIC/Ext TIC (m/z 1505.9): 83.58547 is in spec. Value is in the range 30 (inclusive) - 225 (inclusive)
Ext TIC/CT TIC (m/z 1505.9): 141.6351 is in spec. Value is in the range 75 (inclusive) - 225 (inclusive)
Ext 5e4 TIC/CT 5e4 TIC (m/z 1505.9): 144.9303 is in spec. Value is at least 75
HCD Spectral Similarity Score (m/z 1505.9): 0.9931426 is in spec. Value is at least 0.85
Log10 fragmentation to m/z 944 (HCD of m/z 1505.9): 1.72916 is in spec. Value is in the range 1.232765 (inclusive) - 2.111431 (inclusive)

HCD Fragmentation and Trapping Efficiency Check passed:
All measurements within specifications.

Spectral Comparison



Isotope Ratio Check

Score for Iso m/z 319.983 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.9088505 is in spec. Value is at least 0
Score for Iso m/z 602.982 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.8814751 is in spec. Value is at least 0
Score for Iso m/z 1534.959 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.8445921 is in spec. Value is at least 0
Score for Iso m/z 1535.962 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.7495959 is in spec. Value is at least 0
Score for Iso m/z 1536.965 (m/z 150-2000 (res 240k, AGC 3e6), Required): 0.7879096 is in spec. Value is at least 0
Score for Iso m/z 602.982 (m/z 602w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.9573091 is in spec. Value is at least 0
Score for Iso m/z 1534.959 (m/z 1534w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.7593757 is in spec. Value is at least 0
Score for Iso m/z 1535.962 (m/z 1534w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.7036166 is in spec. Value is at least 0
Score for Iso m/z 1536.965 (m/z 1534w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.4659258 is in spec. Value is at least 0
Score for Iso m/z 319.983 (m/z 319w20 (res 480k, AGC 2e5), Required): 0.83691 is in spec. Value is at least 0
Overall score: 0.4659258 is in spec. Value is at least 0

Isotope Ratio Check passed:
Overall Score is 0.47.

Resolution Check

Interpolated resolution at m/z 200: 496097 is in spec. Value is at least 472414
UHV Pressure: 5.34e-10 mbar is in spec. Value does not exceed 1e-09 mbar

Resolution Check passed.

Serial Number: MA11142C

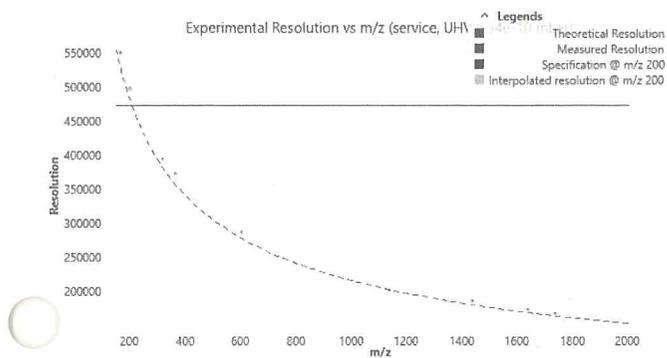
Signature: *K.C. Pary*
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM
20/21

Diagnostic Report

thermoscientific

ThermoFisher
SCIENTIFIC

Instrument: OE 480
Serial Number: MA11142C
Customer: TMU
Date: Aug.20 -27, 2024
FSE: KC Peng



Negative Ion Mode passed.

System Configuration

Name	Value
Ion Source Type	ESI
Internal Calibration (EASY-IC) Source	enabled
Options	EASY-IC

Embedded System Information

Label	Version
Instrument Embedded Software	4.3.373.8
Instrument Hardware Hash	37370F3420d7e7584eda45762ae57a39fa2e8072

E4. 2h Mass stable

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Peng
Friday, August 23, 2024 11:43:57 AM

Diagnostic Report



Date & Time Friday, August 23, 2024 12:06:48 PM
 Instrument Model Orbitrap Exploris 480
 Instrument Serial MA11142C
 Software Version 4.3.458.15

Name	Result	Comment
2h Mass Stability Test	Passed	ADVANCED 2.0H MASS ACCURACY TEST PASSED.

2h Mass Stability Test

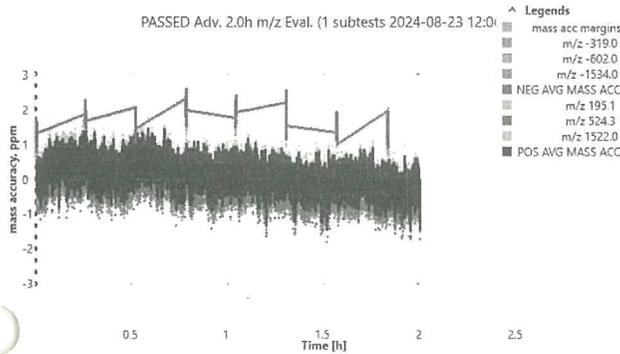
HARDWARE PARTS and SOFTWARE SETTINGS CHECKED BY Advanced Long Term Mass Accuracy Test:
 Orbitrap block SN: S-2506-SAX. Revision level: . Changed last time: 2024-05-14 09:36:54 (100.8 days ago)
 PCBA Orbitrap Supply SN: XS20141307. Revision level: 06. Changed last time: 2024-05-13 14:08:56 (101.6 days ago)
 PCBA Orbitrap Pulser SN: XS20741348. Revision level: 09. Changed last time: 2024-05-13 14:08:56 (101.6 days ago)
 Pos/neg mass-temperature coefficients: 2.28/2.28 ppm/K
 Mass temperature time delay constant: 1249 sec

2. Test #1: DONE '1. system stability', RMS: 0.5 ppm
 2.0h spec #1.1: PASSED mass acc dev, spec: -1.5..1.5 ppm
 2.00 h spec #1.1: measured mass acc dev (ref: 0.01-0.26 h): -0.7..0.2 ppm (pos ions), 0.1..0.7 ppm (neg ions)(min..max)

BELOW EVALUATIONS, APPLIED TO WHOLE TEST:

- Spec I.1: PASSED avg pos mass accuracy single jumps - relative amount, %: 0.000% (spec <= 0.10%)
- Spec I.2: PASSED avg pos mass accuracy grouped jumps - relative amount, %: 0.000% (spec <= 0.03%)
- Spec I.3: PASSED simultaneous pos m/z and UHV jumps - relative amount, %: 0.000% (spec <= 0.00%)
- Spec I.4: PASSED avg neg mass accuracy single jumps - relative amount, %: 0.000% (spec <= 0.10%)
- Spec I.5: PASSED avg neg mass accuracy grouped jumps - relative amount, %: 0.000% (spec <= 0.03%)
- Spec I.6: PASSED simultaneous neg m/z and UHV jumps - relative amount, %: 0.000% (spec <= 0.00%)

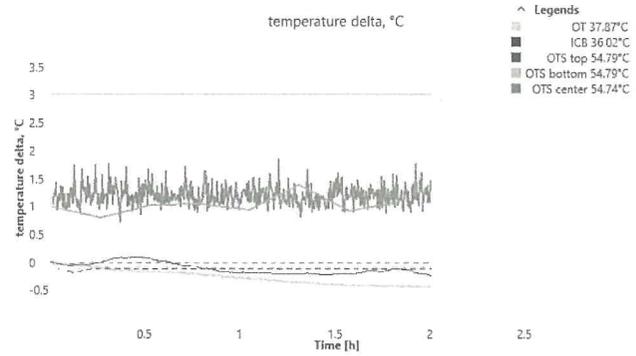
2h Mass Stability Test passed:
 ADVANCED 2.0H MASS ACCURACY TEST PASSED.



Serial Number: MA11142C

Signature: *K.C. Pay*
 Friday, August 23, 2024 02:07:46 PM

Diagnostic Report



System Configuration

Name	Value
Ion Source Type	ESI
Internal Calibration (EASY-IC) Source	enabled
Options	EASY-IC

Embedded System Information

Label	Version
Instrument Embedded Software	4.3.373.8
Instrument Hardware Hash	37370f3420d7e7584eda45762ae67a39fa2e8072

Serial Number: MA11142C

Signature: *K.C. Pay*
 Friday, August 23, 2024 02:07:46 PM

Instrument: OE 480
Serial Number: MA11142C
Customer: TMU
Date: Aug.20 -27, 2024
FSE: KC Peng

Diagnostic Report

Date & Time Friday, August 23, 2024 02:07:53 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

Name	Result	Comment
Polarity Switching Test	Passed	overall average mass accuracy -0.0 ppm (spec inside -2..+2 ppm) polarity switching scan rate 3.10Hz (spec > 2.1 Hz)

Polarity Switching Test

Mass acc down drift (after pol change, avg): 0.689 ppm is in spec. Value is in the range -2 ppm (inclusive) - 2 ppm (inclusive)

Polarity Switching Test passed:
overall average mass accuracy -0.0 ppm (spec inside -2..+2 ppm)
polarity switching scan rate 3.10Hz (spec > 2.1 Hz)

System Configuration

Name	Value
Ion Source Type	ESI
Internal Calibration (EASY-IC) Source	enabled
Options	EASY-IC

Embedded System Information

Label	Version
Instrument Embedded Software	4.3.373.8
Instrument Hardware Hash	37370f3420d7e7584eda45762ae67a39fa2e8072

E5. Polarity Switching Test

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Peng
Friday, August 23, 2024 02:09:42 PM

Instrument: OE 480
Serial Number: MA11142C
Customer: TMU
Date: Aug.20 -27, 2024
FSE: KC Peng

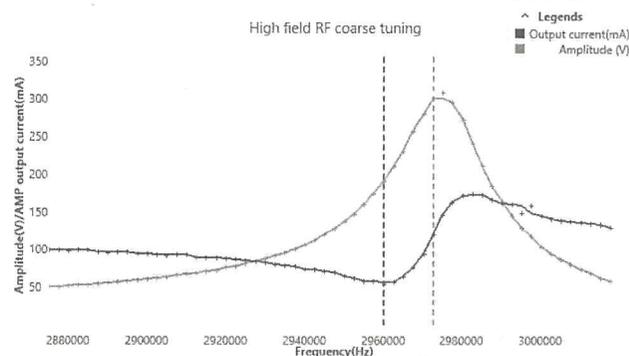
Diagnostic Report

Date & Time Friday, August 23, 2024 03:39:44 PM
Instrument Model Orbitrap Exploris 480
Instrument Serial MA11142C
Software Version 4.3.458.15

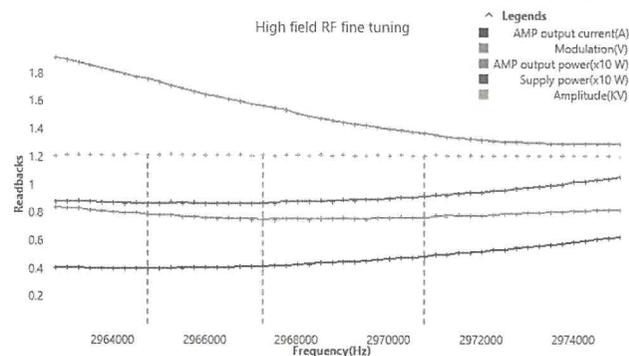
Name	Result	Comment
DV Tune	Passed	

DV Tune

High field coarse RF tuning
Min output current 56.40 at frequency 2960000.0
Max amplitude 300.17 at frequency 2972500.0
High field fine RF tuning
Min output power 7.45 at frequency 2967250.0
High field RF dipping is done! Set RF frequency to 2967250.0
Low field coarse RF tuning



Min output current 90.23 at step 132.0
Max amplitude 753.18 at step 108.0
Low field fine RF tuning



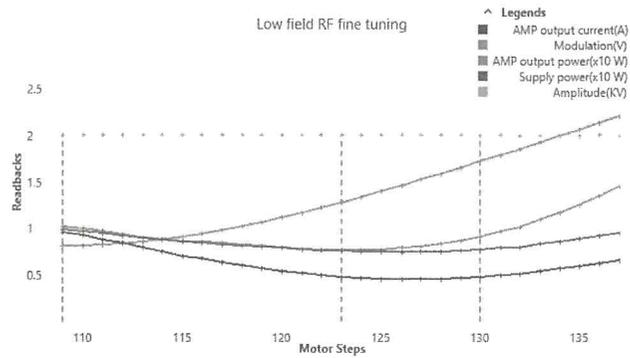
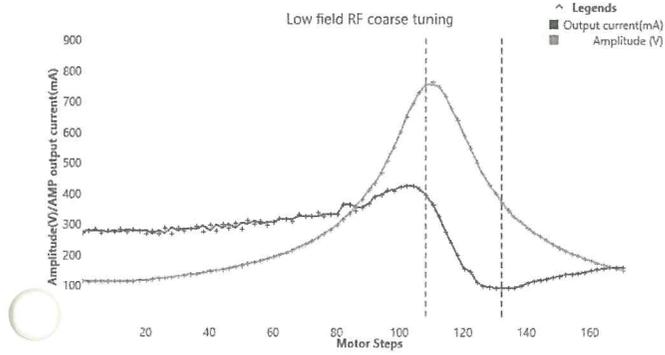
Min output power 7.67 at step 123.0
Low field RF dipping is done! Set motor position to 122.0
Wait DV modulation DAC to settle...

Serial Number: MA11142C

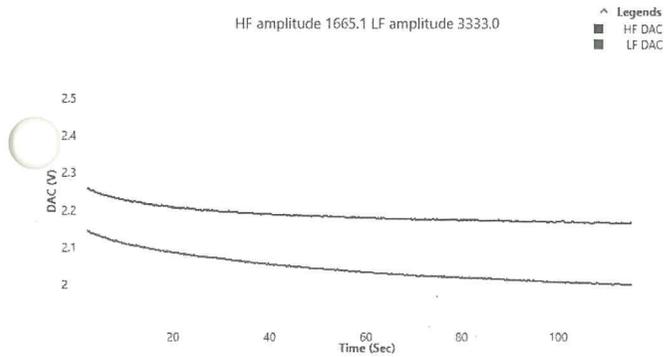
Signature: *K.C. Peng*
Friday, August 23, 2024 03:44:56 PM

F4. DV Tune

Diagnostic Report



Adjust DV modulation DAC for head room



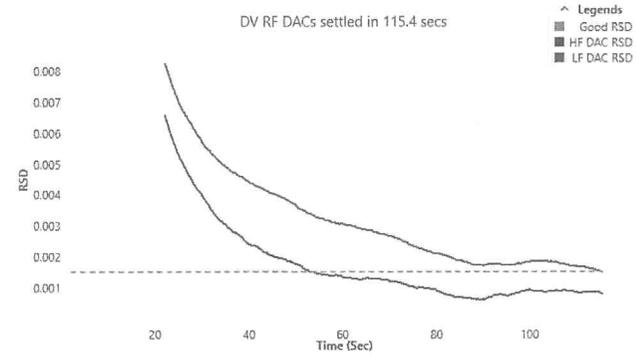
High field DAC regulated at 2.16 V
High field Output power is 14.78 W

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Peng
Friday, August 23, 2024 03:44:56 PM

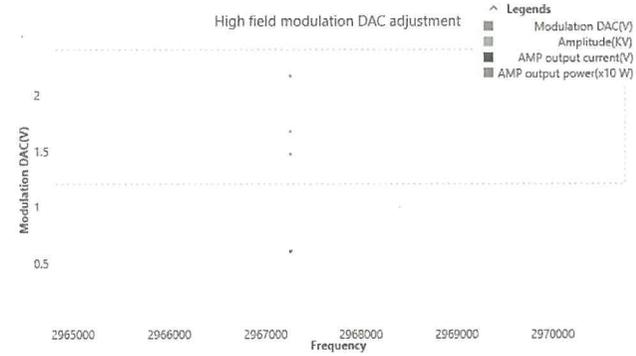
Diagnostic Report

Calibrated value: 2967250.0 saved
MaxDAC value: 2.5 saved
Minimal power: 14.70 (W) saved



Low field DAC regulated at 1.99 V
Low field Output power is 21.92 W
Calibrated value: 122.0 saved
MaxDAC value: 2.5 saved
Minimal power: 21.92 (W) saved

DV Tune passed.

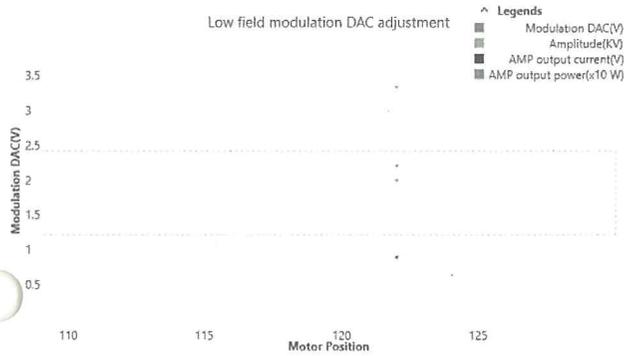


Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Peng
Friday, August 23, 2024 03:44:56 PM

Diagnostic Report

thermo scientific



System Configuration

Name	Value
Ion Source Type	ESI
Internal Calibration (EASY-IC) Source	enabled
Options	EASY-IC

Embedded System Information

Label	Version
Instrument Embedded Software	4.3.373.8
Instrument Hardware Hash	37378f3420d7e7584eda45762ae67a39fa2e8072

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
 Friday, August 23, 2024 03:41:56 PM

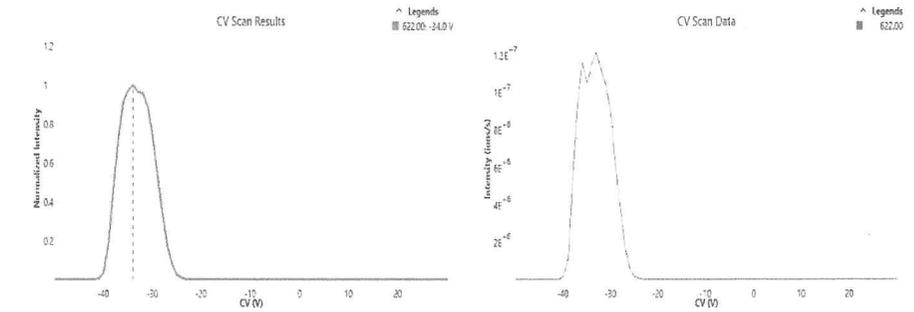
CV Scan Report

thermo scientific

Date & Time Friday, August 23, 2024 03:46:24 PM
 Instrument Model Orbitrap Exploris 480
 Instrument Serial MA11142C
 Software Version 4.3.458.15

FAIMS Settings	
CV Step	1
MS Polarity	Positive
Scan Type	SIM Scan
Operating Mode	Standard Resolution
Total Carrier Gas Flow (L/min)	4.6
Electrode Temperatures (°C)	Inner: 100; Outer: 100
CV Range (V)	-50 to 30

Mass	Peak CV (V)	FWHM (V)	Peak Intensity (ions/s)	Comment
622.00	-34	9.09	1.2e+7	



Serial Number: MA11142C

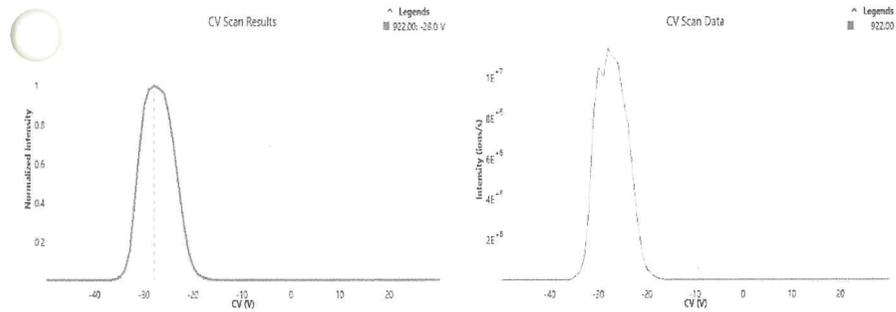
Signature: K.C. Pay
 Friday, August 23, 2024 03:46:36 PM

CV Scan Report

thermoscientific

Date & Time Friday, August 23, 2024 03:47:38 PM
 Instrument Model Orbitrap Exploris 480
 Instrument Serial MA11142C
 Software Version 4.3.458.15

FAIMS Settings				
CV Step	1			
MS Polarity	Positive			
Scan Type	SIM Scan			
Operating Mode	Standard Resolution			
Total Carrier Gas Flow (L/min)	4.6			
Electrode Temperatures (°C)	Inner: 100; Outer: 100			
CV Range (V)	-50 to 30			
Mass	Peak CV (V)	FWHM (V)	Peak Intensity (ions/s)	Comment
922.00	-28	8.54	1.1e+7	

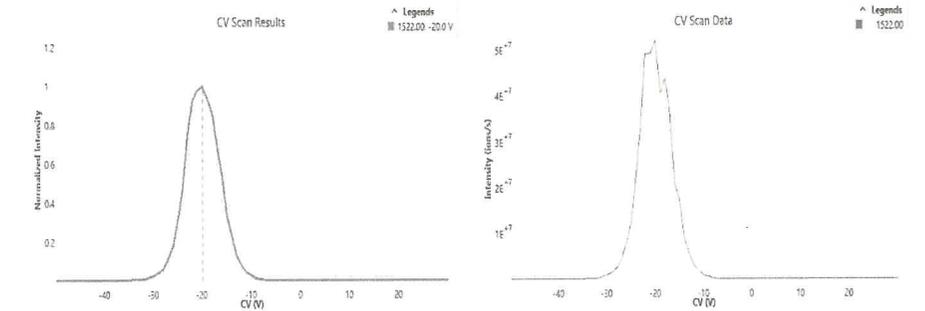


CV Scan Report

thermoscientific

Date & Time Friday, August 23, 2024 03:46:58 PM
 Instrument Model Orbitrap Exploris 480
 Instrument Serial MA11142C
 Software Version 4.3.458.15

FAIMS Settings				
CV Step	1			
MS Polarity	Positive			
Scan Type	SIM Scan			
Operating Mode	Standard Resolution			
Total Carrier Gas Flow (L/min)	4.6			
Electrode Temperatures (°C)	Inner: 100; Outer: 100			
CV Range (V)	-50 to 30			
Mass	Peak CV (V)	FWHM (V)	Peak Intensity (ions/s)	Comment
1522.00	-20	7.74	4.7e+7	



Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
 Friday, August 23, 2024 03:47:59 PM

Serial Number: MA11142C

Signature: K.C. Pay
 Friday, August 23, 2024 03:47:26 PM

Certificate of Completion

This certifies that

KC Peng

Has successfully completed

NPI: Orbitrap Exploris 480 Series System Install/PM Service Training

Issued electronically and
approved by:

TFS - Learning Management
System, Training Mentoring,
and Certification Group
tmc.training@thermofisher.com

Valid Certificate no expire date:

Jan/29/2021

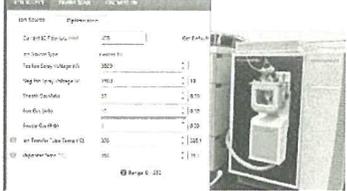
The world leader in serving science

Important note: The certificate is only valid during employment with the Thermo Fisher Scientific including its subsidiaries and certified contractors.

安裝測試結果報告

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

決標日期：113 年 06 月 06 日
契約編號：TMU112G036 號

採購項目及規格內容	測試結果標示
奈米微流液相層析高解析質譜儀壹套，所含設備及功能規格如下：	
一、質譜儀系統壹套，所含組件及功能規格如下：	
(一)離子源二組：	
1. 須具加熱式且溫度可達 500°C(含)以上之電噴灑離子源一組。	(已架設於儀器主機上設置) 
2. 可控溫式奈米微流電噴灑離子源一組。	
3. 須具備離子遷移分離功能之裝置或設計，可進行一價或指定價數離子之選擇過濾之功能。	(已架設於儀器主機上設置) 

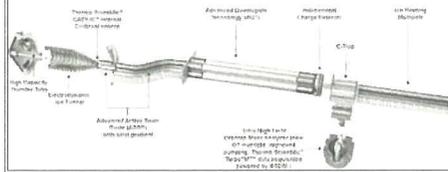
安裝測試結果報告

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

決標日期：113年06月06日
契約編號：TMU112G036號

(二) 質量分析器一組：

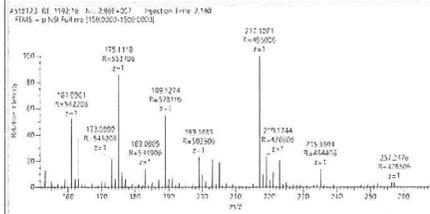
1. 須為四極桿質量選擇器串接傅立葉轉換電場軌道阱



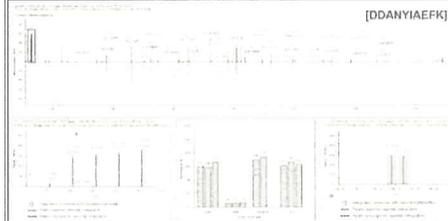
(1) 傅立葉轉換電場軌道阱質量分析器：偵測器解析度於m/z200時，傅立葉轉換電場軌道阱須達到400,000(含)以上，確定可支援同一實驗內超過10組以上之同位素標定胜肽定量解析。

解析度結果m/z 200, >400,000

Resolution Check Passed



可支援同一實驗內11組同位素標定胜肽定量解析



安裝測試結果報告

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

決標日期：113年06月06日
契約編號：TMU112G036號

2. 四極桿質量選擇器範圍須可達1,200 Da。

最高可達2,000

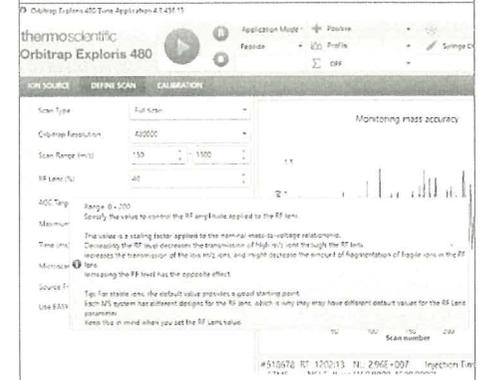


3. 質量分析器質量掃描範圍須為達m/z 6,000(含)以上。

mass range. Instrument's mass range: m/z 40,000..6000,000.

4. 須具備離子傳輸元件。

具備離子傳輸元件(RF-Lens)



安裝測試結果報告

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

決標日期：113 年 06 月 06 日
契約編號：TMU112G036 號

5. 須具備可正負電切換並立即可穩定分析之功能或相同功能設計。

Diagnostic Report		thermoscientific												
Time @ Run	Friday, August 25, 2023 02:07:53 AM													
Instrument Model	Orbitrus Exploris-006													
Instrument Serial	1001142													
Software Version	v 3.000.14													
<table border="1"> <thead> <tr> <th>Method</th> <th>Name</th> <th>Method</th> <th>Comment</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Positive Locking Test</td> <td></td> <td>Method: positive lock accuracy: 0.60 ppm (with lock mass m/z 322.04812)</td> <td></td> </tr> <tr> <td>Negative Locking Test</td> <td></td> <td>Method: negative lock accuracy: 0.60 ppm (with lock mass m/z 322.04812)</td> <td></td> </tr> </tbody> </table>			Method	Name	Method	Comment	Positive Locking Test		Method: positive lock accuracy: 0.60 ppm (with lock mass m/z 322.04812)		Negative Locking Test		Method: negative lock accuracy: 0.60 ppm (with lock mass m/z 322.04812)	
Method	Name	Method	Comment											
Positive Locking Test		Method: positive lock accuracy: 0.60 ppm (with lock mass m/z 322.04812)												
Negative Locking Test		Method: negative lock accuracy: 0.60 ppm (with lock mass m/z 322.04812)												
Positivity Switching Test Time: 00:00:00.000 (0.000 sec) Avg. 0.40 ppm Stdev. 0.10 ppm n: 10000 Pass: 100% (0.000 sec) 1 ppm (100%)														
Negativity Switching Test Time: 00:00:00.000 (0.000 sec) Avg. 0.40 ppm Stdev. 0.10 ppm n: 10000 Pass: 100% (0.000 sec) 1 ppm (100%)														

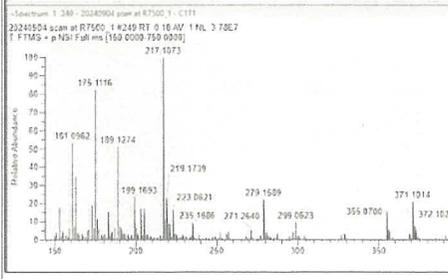
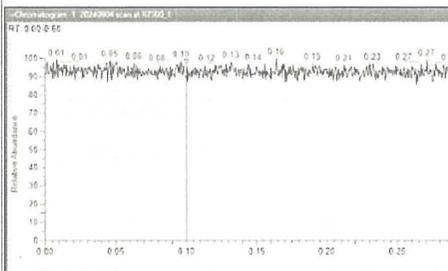
6. 須內建自動校正裝置或相同功能設計，確保批次分析之質量準確度。

System Configuration	
Name	MS1
Host Name	MS1
Instrument Path	\\MS1\MS1
Software Path	\\MS1\MS1

外校誤差結果0.25ppm;內校誤差0.06ppm
 Fine Mass Calibration
 External rms deviation (without lock mass): 0.25 ppm in spec, value does not exceed 1 ppm
 Internal rms deviation (with lock mass m/z 322.04812): 0.06 ppm in spec, value does not exceed 1 ppm
 Fine Mass Calibration passed:
 External rms deviation = 0.25 ppm (without lock mass), acceptance limit = 3.00 ppm
 Internal rms deviation = 0.06 ppm (with lock mass m/z 322.04812), acceptance limit = 1.00 ppm

8. 掃描速度須達40Hz(含)以上。

249 scans in 6 sec: scan speed=41.5 Hz



安裝測試結果報告

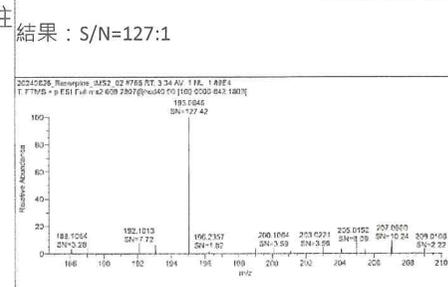
採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

決標日期：113 年 06 月 06 日
契約編號：TMU112G036 號

9. 碰撞室：須具碰撞誘導解離(CID)·或是高能量碰撞誘導解離(HCD)之碎裂方法。

HCD Gas valve off/ on	
Vacuum System	
Fore Vacuum Pressure	3.330 mbar
IF Region Pressure	0.126 mbar
HCD Cell Pressure	1.080e-002 mbar
UHV Pressure	5.714e-010 mbar
#Delta UHV= 3.5 e-11 mbar	

10. 靈敏度需達以MS/MS 模式下以管柱進樣100 fg reserpine 標準溶液，可測得訊號雜訊比(signal to noise ratio, S/N)達100:1。



二、奈米微流液相層析系統壹套

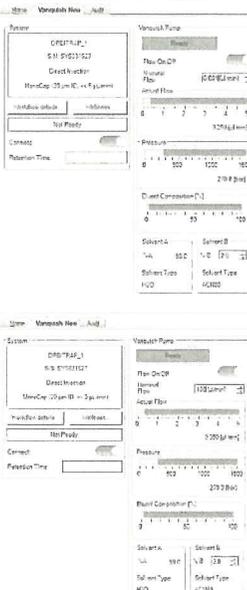
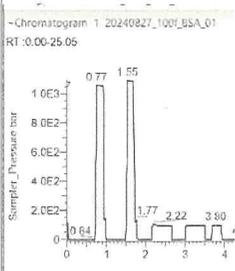
(一)奈米微流液相溶媒梯度幫浦一組，功能規格如下：

1. 流速範圍可設定1 nL/min– 100 μL/min 區間。	0.001uL/min-100uL/min設定畫面
------------------------------------	---------------------------

安裝測試結果報告

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

決標日期：113 年 06 月 06 日
契約編號：TMU112G036 號

	
<p>2. 系統壓力最高可達1000 bar(含)以上。</p>	<p>可由測試結果確認>1000bar (1.0E3)</p> 
<p>(二)自動進樣裝置一組：</p>	

安裝測試結果報告

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

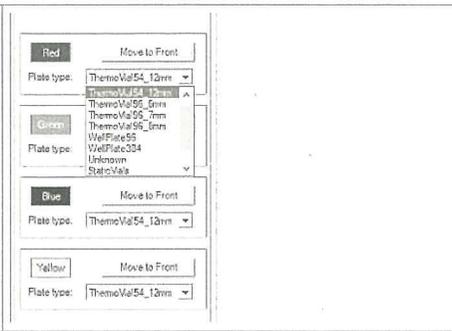
決標日期：113 年 06 月 06 日
契約編號：TMU112G036 號

<p>1. 進樣體積區間為0.1– 25 μL。</p>	<p>可以設定0.1– 25 μL區間</p> <table border="1" data-bbox="1624 383 2072 438"> <thead> <tr> <th>Inj. Method</th> <th>Position</th> <th>Inj. Vol.</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>D:\Method\DDA\25min_10051-5_DD4_60K150_AGC100_M5350-1250_1002</td> <td>B:A2</td> <td>0.10</td> </tr> <tr> <td>D:\Method\DDA\25min_10051-5_DD4_60K150_AGC100_M5350-1250_1002</td> <td>B:A2</td> <td>25.00</td> </tr> </tbody> </table>	Inj. Method	Position	Inj. Vol.	D:\Method\DDA\25min_10051-5_DD4_60K150_AGC100_M5350-1250_1002	B:A2	0.10	D:\Method\DDA\25min_10051-5_DD4_60K150_AGC100_M5350-1250_1002	B:A2	25.00															
Inj. Method	Position	Inj. Vol.																							
D:\Method\DDA\25min_10051-5_DD4_60K150_AGC100_M5350-1250_1002	B:A2	0.10																							
D:\Method\DDA\25min_10051-5_DD4_60K150_AGC100_M5350-1250_1002	B:A2	25.00																							
<p>2. 具備4– 40 $^{\circ}$C 溫控功能。</p>	<p>可以設定4-40 $^{\circ}$C</p> <table border="1" data-bbox="1624 526 2072 726"> <thead> <tr> <th colspan="2">Temperature Control:</th> <th colspan="2">Temperature Control:</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Nominal Temp:</td> <td>40 [°C]</td> <td>Nominal Temp:</td> <td>40 [°C]</td> </tr> <tr> <td>Actual Temp:</td> <td>7.0 [°C]</td> <td>Actual Temp:</td> <td>7.0 [°C]</td> </tr> <tr> <td>Inj. Position:</td> <td>B:A1</td> <td>Inj. Position:</td> <td>B:A1</td> </tr> <tr> <td>Inj. Volume:</td> <td>0.10 μL</td> <td>Inj. Volume:</td> <td>0.10 μL</td> </tr> <tr> <td>Loop Volume:</td> <td>25.00 μL</td> <td>Loop Volume:</td> <td>25.00 μL</td> </tr> </tbody> </table>	Temperature Control:		Temperature Control:		Nominal Temp:	40 [°C]	Nominal Temp:	40 [°C]	Actual Temp:	7.0 [°C]	Actual Temp:	7.0 [°C]	Inj. Position:	B:A1	Inj. Position:	B:A1	Inj. Volume:	0.10 μ L	Inj. Volume:	0.10 μ L	Loop Volume:	25.00 μ L	Loop Volume:	25.00 μ L
Temperature Control:		Temperature Control:																							
Nominal Temp:	40 [°C]	Nominal Temp:	40 [°C]																						
Actual Temp:	7.0 [°C]	Actual Temp:	7.0 [°C]																						
Inj. Position:	B:A1	Inj. Position:	B:A1																						
Inj. Volume:	0.10 μ L	Inj. Volume:	0.10 μ L																						
Loop Volume:	25.00 μ L	Loop Volume:	25.00 μ L																						
<p>3. 須具直接進樣(Direct injection)或Trap-and-elute injection 功能或相同功能設計。</p>	<p>設定畫面下拉式選單可選擇</p> 																								
<p>4. 須可放置96 個(含)以上的1.5 mL vial 瓶。</p>	<p>共四盤，一盤54個，共216個vial擺放位置</p>																								

安裝測試結果報告

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

決標日期：113 年 06 月 06 日
契約編號：TMU112G036 號

	
<p>5. 管柱溫控範圍最高可達60°C。</p>	

三、 儀器控制及數據分析用電腦組含分析軟體壹套

(一)儀器控制用桌上型電腦壹套

1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。
2. 中央處理器：Intel Core i7(含)以上。
3. 記憶體：32 GB DDR5(含)以上。
4. 系統硬碟：1TB SSD(含)以上。
5. 資料儲存硬碟：4TB HDD(含)以上。
6. 液晶螢幕：27 吋(含)以上。

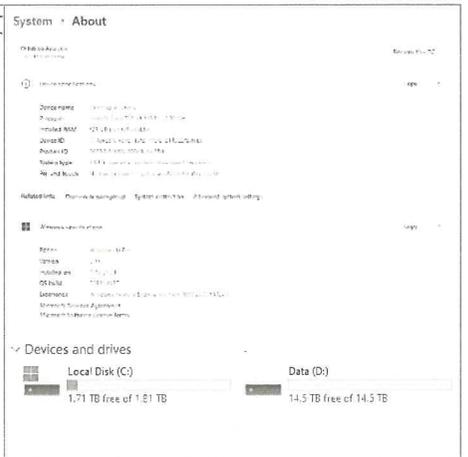
<p>Device specifications</p> <p>OPTIPLEX XE4</p> <p>Device name: OPTIPLEX</p> <p>Processor: Intel Core i7-14700</p> <p>Installed RAM: 32 GB DDR5</p> <p>Device ID: 14700</p> <p>Product ID: 14700</p> <p>System type: 64-bit operating system, x64-based processor</p> <p>Pen and touch: No pen or touch input support</p> <p>Copy</p> <p>Reboot this PC</p>	<p>Windows specifications</p> <p>Edition: Windows 10 Pro</p> <p>Version: 22H2</p> <p>Installed on: 10/15/2023</p> <p>OS build: 22H2.1000.22H2.1000</p> <p>Experience: Windows 10 Pro</p>
--	---

(二)數據分析用桌上型電腦壹套

安裝測試結果報告

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

決標日期：113 年 06 月 06 日
契約編號：TMU112G036 號

<ol style="list-style-type: none"> 1. 作業系統：Windows 10 pro 以上英文版本。 2. 中央處理器：Intel Core i9 (含)以上。 3. 記憶體：128 GB DDR4(含)以上。 4. 系統硬碟：2TB SSD(含)以上。 5. 資料儲存硬碟：16TB HDD(含)以上。 6. 液晶螢幕：27 吋 (含)以上。 	
---	---

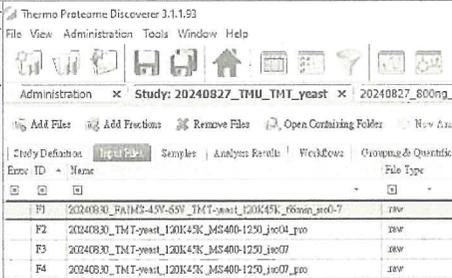
安裝測試結果報告

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

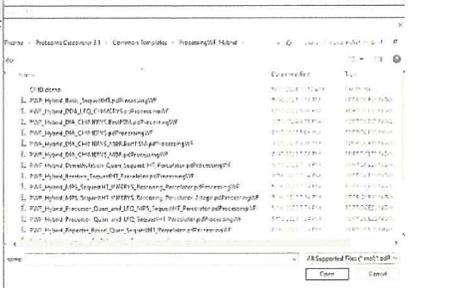
決標日期：113 年 06 月 06 日
契約編號：TMU112G036 號

(三)蛋白質數據分析軟體壹套

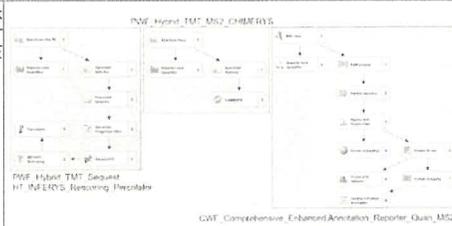
1. 分析軟體須可直接分析本層析儀、質譜儀之原始數據或mgf、mzXML、mzML、mzData 等格式數據，以確保實驗數據分析完整相容性。



2. 須可支援數據依賴掃描模式(DDA)與非依賴(DIA)掃描模式之數據分析。



3. 須具有內建流程圖的數據分析工作流程，並可客製化，以符合實驗設計的工作流程。



安裝測試結果報告

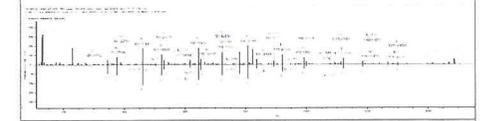
採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

決標日期：113 年 06 月 06 日
契約編號：TMU112G036 號

4. 須具內建智能搜索功能，於此軟體同一介面內即可呈現完整結果。

綠色標記即為內建智能搜索功能，提供預測圖譜

功能呈現



5. 軟體須安裝於品項三(二)數據分析用桌上型電腦中，且須確保軟體能正常分析運作並達到上述功能。

確認軟體已安裝之截圖



四、不斷電系統壹套

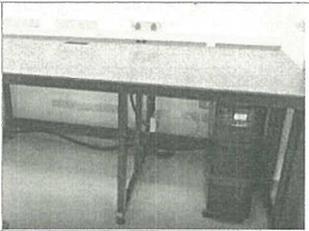
- (一) 須與儀器運作電壓相同，且容量須為12KVA(含)以上。
- (二) 須為在線式不斷電系統。
- (三) 不斷電系統體積高度需可置放實驗桌下

12KVA不斷電系統擺放如圖

安裝測試結果報告

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀
(採購案號：1120210527)

決標日期：113年06月06日
契約編號：TMU112G036 號

	
<p>五、實驗桌壹張</p>	
<p>(一) 須配合層析儀、質譜儀、儀器控制及分析用電腦等放置，桌體至少須長180公分、深100公分及高80公分(含)以上。 (二) 須具耐重度，可承受質譜儀系統、奈米微流液相層析系統及儀器控制電腦等設備之重量。</p>	<p>實驗桌提供230公分，深100公分，高90公分</p> 

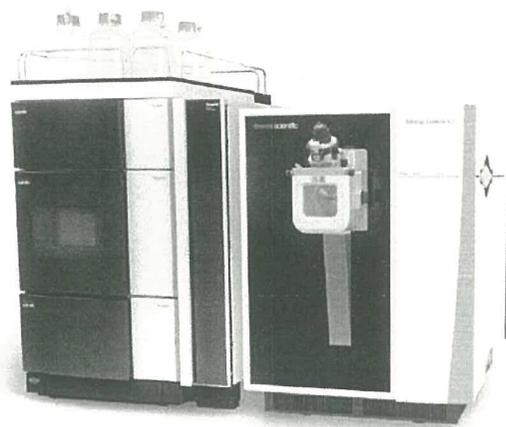
---以下空白---

ThermoFisher
SCIENTIFIC

台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
11493 台北市內湖區洲子街85號6樓之1
電話：(02)8751-6655
傳真：(02)8751-5353

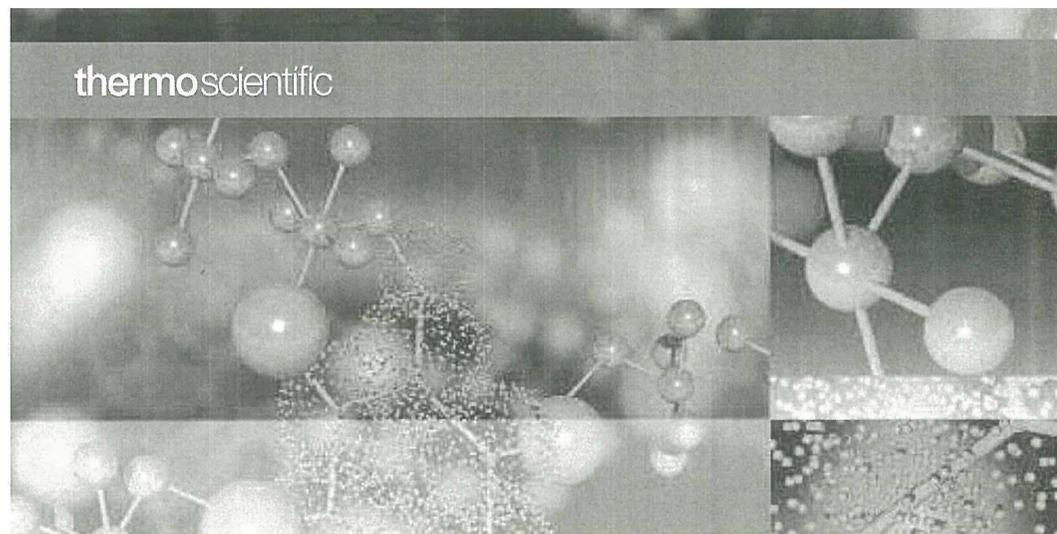
採購案號: 1120210527

採購名稱：奈米微流液相層析高解析質譜儀



質譜儀系統

使用操作說明書



Orbitrap Exploris 480 Operating Manual

BRE0014471 Revision A February 2019

ThermoFisher
SCIENTIFIC

Legal Notices

© 2019 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved.

Original Operating Instructions

Published by:

Thermo Fisher Scientific (Bremen) GmbH, Hanna-Kunath-Str. 11, 28199 Bremen, Germany
Tel: +49(0)421 5493 0, Fax: +49(0)421 5493 396

Orbitrap, Thermo Scientific, UltiMate, Unity, and Xcalibur are registered trademarks of Thermo Fisher Scientific Inc. in the United States. Fisher Scientific is a registered trademark of Fisher Scientific Co. in the United States.

The following are registered trademarks in the United States and possibly other countries: Liquinox is a registered trademark of Alconox, Inc. MICRO-MESH is a registered trademark of Micro-Surface Finishing Products, Inc. Microsoft is a registered trademark of Microsoft Corporation. Rheodyne is a registered trademark of IDEX Health & Science, LLC. SOGEVAC is a registered trademark of Leybold Vacuum GmbH. Swagelok is a registered trademark of the Crawford Fitting Company. Teflon and Vespel are registered trademarks of E. I. du Pont de Nemours & Co. Tygon is a registered trademark of Saint-Gobain Performance Plastics Company.

QR Code is a registered trademark of DENSO WAVE INCORPORATED in Japan and other countries.

Automatic Gain Control, Data Dependent, OptaMax NG, LTQ Velos, Optima, and Pierce are trademarks of Thermo Fisher Scientific Inc.

Kimwipes is a trademark of Kimberly-Clark Corporation. MX Series II is a trademark of IDEX Health & Science, LLC. PEEK polymer is a trademark of Victrex plc. PEEKSil is a trademark of SGE International Pty. Ltd.

All other trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific Inc. and its subsidiaries.

Thermo Fisher Scientific Inc. provides this document to its customers with a product purchase to use in the product operation. This document is copyright protected and any reproduction of the whole or any part of this document is strictly prohibited, except with the written authorization of Thermo Fisher Scientific Inc.

Release History: Revision A released in February 2019.

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures.

Contents

Chapter 1	Using this Manual	1-1
	About this Manual	1-1
	Typographical Conventions	1-2
	Signal Words.....	1-2
	Viewpoint Orientation.....	1-2
	Data Input	1-2
	Topic Headings.....	1-3
	Reference Documentation.....	1-4
	Contacting Us.....	1-5
Chapter 2	Scope of Delivery	2-1
Chapter 3	Functional Description	3-1
	General Description	3-2
	Layout of the Orbitrap Exploris 480 Mass Spectrometer.....	3-2
	Operating Modes of the Orbitrap Exploris 480 MS	3-3
	Instrument Front Side.....	3-5
	System Status LEDs	3-5
	Atmospheric Pressure Ionization Source.....	3-6
	Ion Source Interface	3-8
	Left Instrument Side	3-11
	Forevacuum Ports	3-11
	Source Drain Port	3-11
	Gas Inlets.....	3-11
	Right Instrument Side.....	3-13
	Control Panel.....	3-14
	Ion Optics.....	3-19
	Source Ion Optics	3-19
	Curved Linear Trap	3-22
	Orbitrap Analyzer	3-23
	Extraction of Ion Packets	3-23
	Measuring Principle.....	3-24
	Ion Detection.....	3-24
	HCD Cell	3-26
	Vacuum System	3-26
	Forepumps.....	3-27
	Turbo-molecular Pump.....	3-28
	Vent Valve	3-28
	System Bakeout.....	3-28
	Electronic Assemblies	3-29

	Cooling Fans.....	3-29			
	Additional Hardware.....	3-30			
	Syringe Pump.....	3-30			
	Switching Valves.....	3-31			
Chapter 4	Safety.....	4-1			
	Safety Symbols and Signal Words in this Manual.....	4-2			
	Observing this Manual.....	4-2			
	Safety Symbols on the Instrument.....	4-3			
	Rating Plate.....	4-4			
	Intended Use.....	4-5			
	Qualification of the Personnel.....	4-5			
	Permitted Materials.....	4-6			
	Electric Safety Precautions.....	4-8			
	In Case of Emergency.....	4-9			
	Residual Hazards.....	4-11			
	Personal Protective Equipment.....	4-12			
Chapter 5	Installation.....	5-1			
	Placing the Instrument.....	5-2			
	Instrument Dimensions.....	5-2			
	Workbench for Instrument.....	5-3			
	Moving the Instrument.....	5-4			
	Placing the Forepumps.....	5-6			
	Laboratory Conditions.....	5-8			
	Power Supply.....	5-8			
	Gas Supply.....	5-10			
	Laboratory Temperature.....	5-12			
	Humidity.....	5-12			
	Ventilation and Fume Exhaust.....	5-13			
	Vibration.....	5-14			
	Airborne Noise Emission.....	5-14			
	Setting Up Instrument Hardware and Adjusting System Parameters.....	5-14			
	Configuring the Ion Source.....	5-15			
	Connecting the Source Housing Drain to the Solvent Waste Container.....	5-15			
	Changing the Ion Source Housing.....	5-16			
	Changing the API Probe.....	5-17			
	Connecting Frequently Used Devices.....	5-18			
	Connecting the API Probe to the Mass Spectrometer.....	5-18			
	User I/O Connections.....	5-23			
	Obtaining the Calibration Solution.....	5-25			
Chapter 6	Operation.....	6-1			
	Safety Guidelines for Operation.....	6-2			
	Before Operating the System.....	6-3			
	Checking the Forepumps.....	6-3			
	Checking the Nitrogen Supply.....	6-3			
	Checking the System Vacuum Levels.....	6-4			
	Checking the Disk Space on the Data System.....	6-5			
	Checking the Mass Accuracy of the Instrument.....	6-5			
	Setting the System in Standby Condition.....	6-6			
	Shutting Down the System.....	6-7			
	Starting Up the System after a Shutdown.....	6-9			
	Checks for an Instrument that was vented.....	6-10			
	Introducing Sample into the Mass Spectrometer.....	6-12			
	Performing Mass Spectrum Measurements.....	6-12			
	Resetting the System.....	6-14			
	After Operating the System.....	6-15			
	Flushing the Sample Transfer Line, the Sample Tube, and the API Probe.....	6-15			
	Flushing the Ion Sweep Cone and the Ion Transfer Tube.....	6-16			
	Purging the Oil in the Forepumps.....	6-18			
	Emptying the Solvent Waste Container.....	6-19			
Chapter 7	Troubleshooting.....	7-1			
	Safety Guidelines for Troubleshooting.....	7-2			
	Fault Table.....	7-3			
	Main Power Failure.....	7-4			
	Vacuum Leak.....	7-5			
	Failure of UHV Chamber Heating Control.....	7-6			
	Turbomolecular Pump is not Running.....	7-7			
	Turbomolecular Pump cannot reach full Rate.....	7-7			
	Failure of Source Heaters / Tube Heaters.....	7-8			
Chapter 8	Maintenance.....	8-1			
	Safety Guidelines for Maintenance.....	8-2			
	Guidelines for Maintenance.....	8-3			
	Inspection- and Servicing Plan.....	8-4			
	Cleaning the Surface of the Instrument.....	8-6			
	Checking the Warning Labels.....	8-6			
	Leak-Checking the Gas Lines.....	8-6			
	Checking the Condition of Tubings and Hoses.....	8-7			
	Tools and Supplies.....	8-8			
	Maintaining the Vacuum System.....	8-10			
	Maintenance of the Forepumps.....	8-10			
	Maintenance of the Turbomolecular Pump.....	8-12			
	Baking Out the System.....	8-12			
	Maintenance of the Fan Filters.....	8-14			
	Maintenance of the API Source.....	8-16			
	Frequency of Cleaning.....	8-16			
	Removing and Reinstalling the API Source Housing.....	8-16			



API Source Housing Maintenance	8-18
Removing, Cleaning, and Reinstalling the Ion Transfer Tube	8-19
API Probe Maintenance	8-23
Ion Source Interface Maintenance	8-24
Maintaining LCs or Autosamplers	8-33
Consumables	8-33
Thermo Fisher Scientific Service	8-34
Returning Parts	8-34
Services to be Performed by Thermo Fisher Scientific Service Only	8-34

Chapter 9	Replaceable Parts	9-1
	Ion Source Probes and Parts	9-2
	Instrument Parts	9-2

Appendix A	Internal Calibration	A-1
	Additional Hardware of an MS/IC System	A-2
	Internal Calibrant Discharge Source	A-2
	Gas Distribution	A-3
	Electronic Assemblies	A-4
	IC Source Heater Interface	A-4
	Maintenance of the Internal Calibrant Discharge Source	A-5
	Replacing the Internal Calibrant Discharge Source	A-5
	Reinstalling the API Source Interface	A-8
	Cleaning the Calibrant Ion Source	A-9
	Fluoranthene	A-11

Appendix B	Legal Documents	B-1
-------------------	------------------------------	------------

Appendix C	Component Suppliers' Documents	C-1
-------------------	---	------------

Index	I-1
--------------------	------------

Technical Data for Orbitrap Exploris 480 Systems

The table summarizes the most important technical data of the Orbitrap Exploris 480 systems. See the respective chapters of the manual for details and additional instrument properties.

Technical Data for Orbitrap Exploris 480 Systems (Sheet 1 of 2)

Parameter	Specification	Value	
Instrument Properties			
Mass spectrometer	Length × width × height	763 × 534 × 703 mm	
	Weight	120 kg	
Source vacuum pump ^a	Length × width × height	731 × 420 × 394 mm	
	Weight	82 kg	
Auxiliary forepump ^a	Length × width × height	411 × 127 × 191 mm	
	Weight	17 kg	
Complete system (incl. data system)	Noise emission	Below 70 dB(A)	
	Heat generation	3440 W	
Power Requirements			
Mass spectrometer	Input	Nominal voltage	208–240 V AC, 50/60 Hz, 10 A
		Power	apparent power: 800 VA; effective power: 750 W
	Fuse ^b		15/16 A (tripping characteristic C)
		Output 4×	208–240 V AC, 50/60 Hz, 3 A total
Source vacuum pump	Input	Nominal voltage	200–240 V AC, 50/60 Hz
		Power	2.2 kW
		Fuse ^b	15/16 A (tripping characteristic C)
Auxiliary forepump	Input	Nominal voltage	115 V or 230 V AC, 50/60 Hz, single phase
		Power	0.25 kW (50 Hz) / 0.3 kW (60 Hz)
		Fuse ^b	16 A (115 V) / 6 A (230 V), slow
Data system	Input	Nominal voltage	200–240 V AC, 50/60 Hz
		Fuse ^b	15/16 A
Gas Requirements			
Source gas (minimum requirement)	Type		Nitrogen
	Purity		99% or better (high purity)
	Supply rate		max. 45 L/min
	Pressure		0.6 ± 0.05 MPa
HCD gas (mandatory)	Type		Nitrogen
	Purity		99.999% or better (ultra high purity)
	Supply rate		max. 0.04 L/min ^c
	Pressure		0.6 ± 0.05 MPa

Technical Data for Orbitrap Exploris 480 Systems

Technical Data for Orbitrap Exploris 480 Systems (Sheet 2 of 2)

Parameter	Specification	Value
Operating Environment	Laboratory temperature	18–27 °C
	Max. temperature fluctuation	1 °C/10 min
	Humidity	20–80%, non-condensing and non-corrosive atmosphere
	Pollution degree	2
	Max. altitude	3000 m above sea level
Pump exhaust requirements	Inrush flow rate	3 L/min
	Continuous flow rate	1 L/min
Ion source exhaust requirements	Maximum flow rate	45 L/min

^a Dimensions depend on the actually used pump model.

^b dedicated wall outlet

^c If the Internal Calibration option is installed, the consumption of HCD collision gas increases by up to 175 sccm (≈ 0.18 L/min).

台北醫學大學貴重儀器中心
Orbitrap Exploris-480 教育訓練簽到表

日期：2024/08/22

1. Introduction to High Resolution Accurate Mass (HRAM) Analysis
2. Detailed Overview of the Orbitrap Exploris 480 Instrument
3. Atmospheric Pressure Ionization (API) and Ion Beam Purification
4. Ion Selection, Trapping and Fragmentation
5. Ion Detection with the Orbitrap Analyzer
6. Orbitrap Exploris 480 Applications
7. Q&A

講師：Application Specialist 陳聖文

參加人員簽名

黃婉婷	陳柏暘
朱晏伶	趙凱柔
盧峻峯	劉玟儀
何宛承	翁郁勝
祝合楨	陳希聖
陳銘喲	林楷峰
韓嘉莉	彭
林竹熾	葉竹雅
林周庭	

台北醫學大學

Proteome Discoverer 3.1 with CHIMERY'S 教育訓練簽到表

日期：2024 08 22

1. Introduction & Third-party Nodes
2. Basic Identification and PTM Analysis
3. Quantification based on Precursor ions and Reporter Ions
4. Study Factors Setup and Quan Roll-up
5. INFERYS Rescoring & CHIMERY'S Searching Algorithm
6. CHIMERY'S in LFQ and TMT
7. New Features in PD 3.1 and Ardia Server
8. PD 3.1 CHIMERY'S DDA & DIA Practice
9. Q&A

講師：Application Specialist 陳聖文

參加人員簽名

林楷峰	林竹熾
蔡重遠	何宛承
陳銘喲	葉竹雅
趙凱柔	陳希聖
翁郁勝	趙凱柔
劉玟儀	陳如慧
何宛承	陳如慧
林周庭	葉竹雅

教育訓練簽到表

日期	2024/9/2	客戶	臺北醫學大學 共儀中心
講者	何銘益 博士 與 彭冠傑 (FSE)		
主題	Orbitrap Exploris 480 新機教育訓練		
內容	OE480 Tune, Xcalibur, and Method editor 軟體的基本操作演示: 1. OE 480 各種掃描模式及其應用 2. Tune & Method editor 軟體簡介 3. Tune 軟體的基本功能及參數介紹 4. 說明 Xcalibur 軟體的基本操作介面 5. Xcalibur 軟體進行方法參數設定，並設置序列進行實際演練 6. Q&A FAIMS-Pro Due Interface 7. 基本概述與功能介紹 8. 實機介紹，演練，與基本維護。 9. 方法設定與實際演練 Q&A		
簽到			
	何銘益	彭冠傑	
	祝金儀	劉郁騰	
	劉政儀	陳柏蒼	
	劉政儀		

教育訓練簽到表

日期	2024/9/3	客戶	臺北醫學大學 共儀中心
講者	何銘益 博士 與 彭冠傑 (FSE)		
主題	Orbitrap Exploris 480 新機教育訓練		
內容	軟體： Raw data and Freestyle Q&A 質譜儀硬體操作介紹及簡易維護： 1. 硬體介紹：各部組件結構與功能介紹、開機關機注意事項、硬體環境與氣電配合需求 2. Tune：系統確認與校正 3. 安全需知及疑難排解：指導學員於使用上可能遭遇的問題其排除的方法以及日常使用上的簡單清潔方法 4. 系統校正實際演練		
簽到			
	何銘益	彭冠傑	
	祝金儀	劉郁騰	
	劉政儀	陳柏蒼	
	劉政儀		

Outline

- 1 蛋白質體非標定肽定量方式 (DIA & DDA)
- 2 標定肽定量方式, 含isobaric tag須單一實驗超過10組以上 (TMT11plex)
- 3 單細胞分析實驗 (250pg ~ 10ng HeLa digests)
- 4 臨床檢體Glycoforms分析 (human Ig glycoforms)
- 6 結論 & 附錄



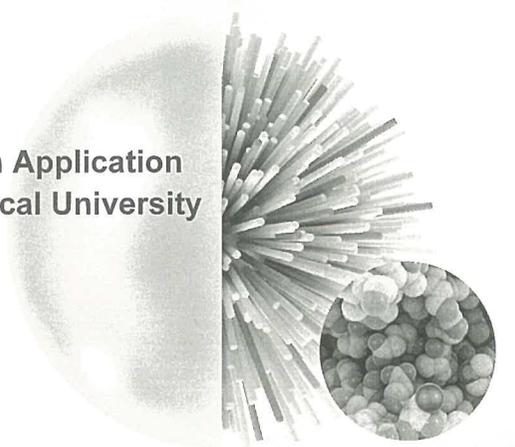
Vanquish Neo & OE480 Installation Application Acceptance Report for Taipei Medical University

陳聖文 Sheng-Wen Chen Ph.D.

Team Lead
Center of Excellence for Application & Training,
Chromatography & Mass Spectrometry, SEATW

The world leader in serving science

shengwen.chen@thermo.com



Outline

- 1 蛋白質體非標定肽定量方式 (LFQ DIA & DDA)
 - LFQ-DIA for triplicate analysis of 200ng membrane proteome
 - LFQ-DIA for triplicate analysis of 200ng neat serum proteome
 - LFQ-DIA for triplicate analysis of 200ng depleted serum proteome
 - LFQ-DIA for triplicate analysis of 500ng serum exosome proteome
 - LFQ-DDA for QC sample of bovine serum albumin
- 2 標定肽定量方式, 含isobaric tag須單一實驗超過10組以上 (TMT11plex)
- 3 單細胞分析實驗 (250pg ~ 10ng HeLa digests)
- 4 臨床檢體Glycoforms分析 (human Ig glycoforms)
- 6 結論 & 附錄



投標標價清單：(第二次公告) 標單：TMU112-277 (工程會 112.06.30 版)



標價清單

(請列示分項價格)

採購項目及規格內容	數量	單價	總價
<p>※交貨驗收及保固維護事項：</p> <p>一、廠商所提供之規格，至少與上述相同或更高規格等級，得以符合本案之需求。</p> <p>二、為確保品質，廠商履約所供應或完成之標的應以新品交貨，不得以展示品或整修品或拼裝交貨，請檢附儀器原廠測試報告。</p> <p>三、交貨裝機時須提供驗收文件：</p> <p>(一)送貨驗收單 (須符合標單及契約相關內容)。</p> <p>(二)儀器原廠安裝測試報告，測試內容須依標單規格項目為主。</p> <p>(三)中文或英文相關使用操作說明書</p> <p>(四)須可同時應用於蛋白質體非標定肽定量方式，例如數據依賴掃描模式(DDA)與數據非依賴掃描(DIA)模式之定量分析，以及標定肽定量方式，含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上，且於定量離子訊號須完整解析，以確定可支援臨床多重標品定量監測，須提供軟體分析報告。</p> <p>(五)須可進行單細胞分析實驗，於 250pg 膜蛋白或 HeLa 標品進樣，須於 20 分鐘有效深度分析時間內單次數據結果，透過分析軟體鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質，須提供軟體分析報告。</p> <p>(六)須可於臨床檢體例如 Ig 標品於小於 1 μg 進樣條件下，經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下，透過分析軟體，鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果，須提供軟體分析報告。</p> <p>四、教務訓練計畫 Training schedule：配合採購單位需要進行教務訓練課程，訓練內容包括儀器操作及軟體應用、日常檢查、保養方法、校正操作、故障判斷及排除等。保固期內另配合採購單位進行全校性與內部教務訓練課程(中文或英文)，訓練內容應包括但不限於：儀器原理、大分子軟體教學、標品前處理、儀器操作、數據分析、基本儀器維護及錯誤排除。</p> <p>五、原廠應提供可校驗之原廠標準品，以測試儀器功能。</p> <p>六、安裝作業程序需遵守職業安全衛生管理或其他相關法規規範。</p> <p>七、全實保固至少二年，保固期內須含每年二次保養及免費提供軟體版本更新(含與硬體相容之修正與更新)。如儀器無法正常運作(包含與其連線之電腦軟體維修)需廠商維修時，最遲於三個工作日內，須派遣工程師至本校採購單位指定地點進行修護。</p>			

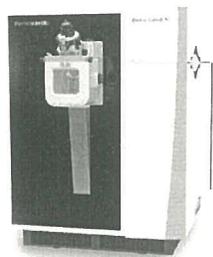
MS Settings : FullIMS_ddMS2 (DDA) method



• Mass Spec : OE480 (Thermo Scientific)

ESI condition (nanoESI Probe)

Spray voltage (kV)	1.8
Capillary temp. (°C)	275
Default Charge State	2
Internal Calibration	IC, Run_Start mode
Advanced Peak Determination	True



Resolution	60,000
Scan Range (m/z)	400-800
RF Lens(%)	50
AGC Target	300% (3e6)
Injection Time	25ms
Data Type	Profile
Polarity	Positive

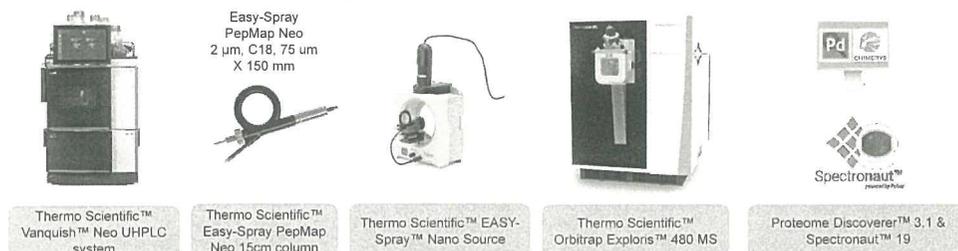
DIA-MSMS	
Isolation Window (m/z)	12.5
HCD Collision Energy (%)	30
Resolution	30,000
Scan Range	m/z 145 - 1450
AGC Target	1000% (1e6)
Max Injection Time	auto (54ms)
Micro Scan	1
Polarity	Positive

High-throughput DIA & DDA workflow setup



Workflow for high-throughput label-free quantitation and proteome coverage

Data-Independent Acquisition (DIA) & Data-dependent Acquisition (DDA)



Spectronaut™ 19 此款體未包含於採購規格中

Experimental briefing and results for velocity HR-DIA proteomics analysis



• Brief conditions for LC-MS experiments and data analysis

- The samples of membrane proteome, neat/depleted/exosome serum proteome resuspended using 0.1% FA to make 200ng/uL samples.
- The samples were separated using Easy-Spray PepMap Neo column at 0.35 µL/min (45°C) and analyzed by LC-MS analysis on VQ neo and OE480 (active gradient: 20 min)..
- Full MS range was set to m/z 400 - 800 and scan at resolution of 60,000 with 300% AGC.
- DIA-MS2 was also set to m/z 400 - 800 (12.5 Th isolation window with 32 scan events) and scan at resolution of 30,000 with 1000% AGC.
- The raw files resulted from triplicate analysis are analyzed by Spectronaut 19 using library-free directDIA method (fasta file: 1, uniprot_sprot_human_canonical: 20435 entries. 2, universal contaminant proteins: 298 entries).

• Result summary:

- Overlaid base peak chromatograms for the triplicate analysis of samples
- The results of identified protein group and peptide group numbers at 1% FDR from triplicate analysis.
- The results of high confident protein groups and peptides with quantitation CVs below 10 and 20%.
- The median and distribution of CVs across the triplicate runs of DirectDIA analysis.

LC Settings, 50SPD with Easy-Spray PepMap Neo



• HPLC: Vanquish Neo (Thermo Scientific)

Analysis Column	:	Easy-Spray PepMap Neo, 15cm x 75 µm ID, 2µm
Trap Column	:	None (Direct Injection)
Column Oven	:	45c (Easy-Spray Column Heater)
Solvent A	:	Water / 0.1% FA
Solvent B	:	80% Acetonitrile/ 0.1% FA

Loading Parameters:

Mode	:	Combined Control
Flow [µL/min]	:	2.00
Pressure [bar]	:	1450

Wash and Equilibration (Separation Column):

Fast Equilibration	:	enabled
Equilibration Factor	:	3

Separation Column Specification

Inner Diameter:	75 (µm)
Length:	15.0 (cm)
Void Volume:	0.440 (µL)
Maximum Pressure:	1500 (bar)
Maximum Flow:	2.0 (µL/min)
Maximum Temperature:	60.0 (C)
Maximum Pressure Change Up:	1000 (bar/min)
Maximum Pressure Change Down:	1000 (bar/min)

Gradient:

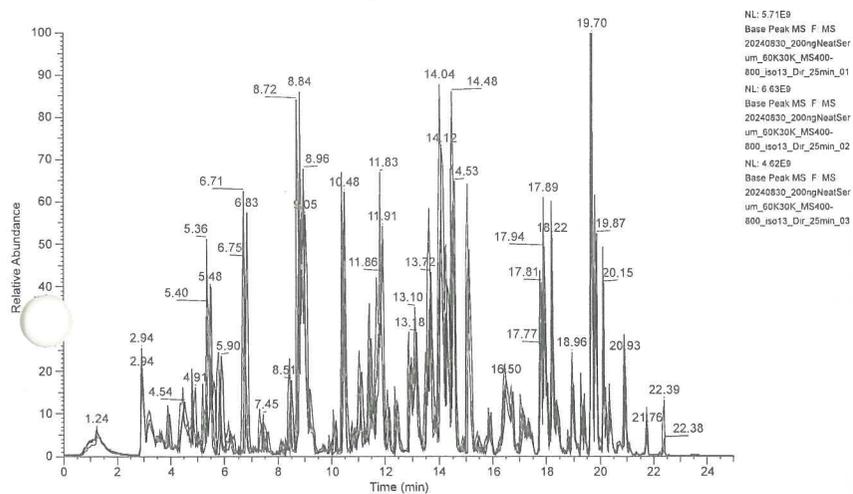
Time (min)	Duration (min)	Flow (µL/min)	%B
0.000	0.000	0.350	2
14.500	14.50	0.350	20
20.000	5.500	0.350	35
20.500	0.500	0.350	65.0
20.700	0.200	0.350	99.0
25.000	4.300	0.350	99.0

} Active gradient : 20 min



Overlaid triplicate base peak chromatograms of 200ng neat serum proteome sample

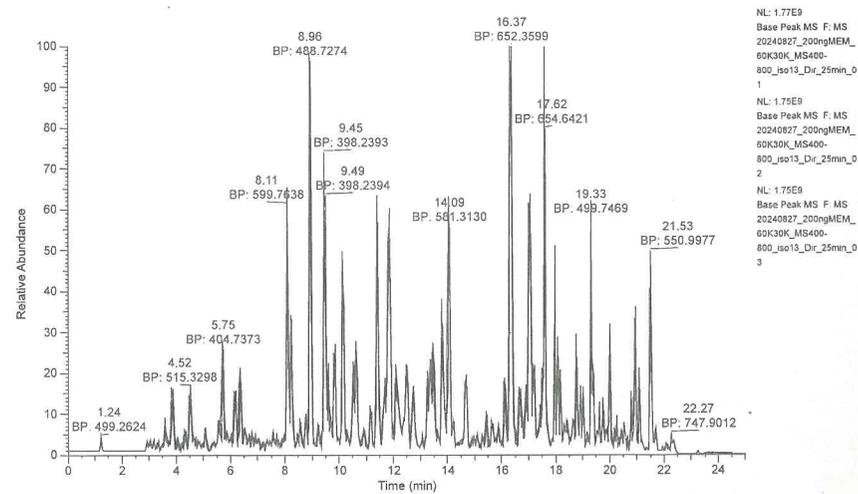
ThermoFisher
SCIENTIFIC



11

Overlaid triplicate base peak chromatograms of 200ng membrane proteome sample

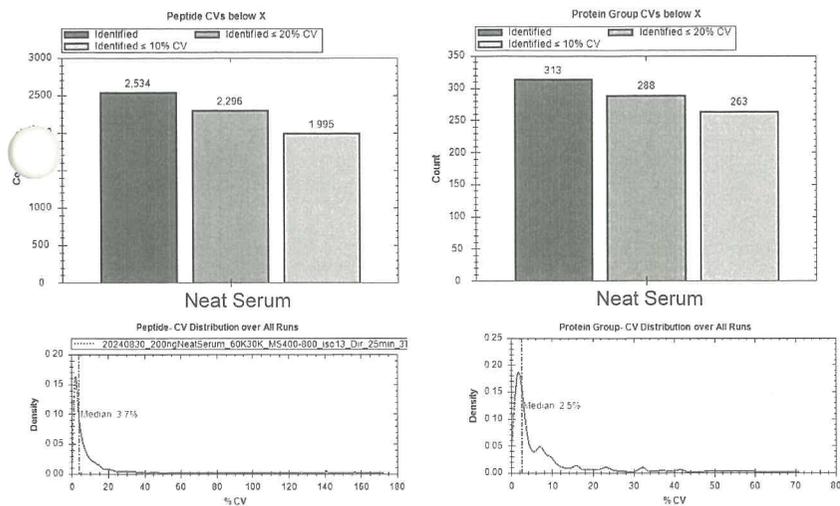
ThermoFisher
SCIENTIFIC



9

Library-free directDIA results for triplicate analysis of 200ng neat serum proteome

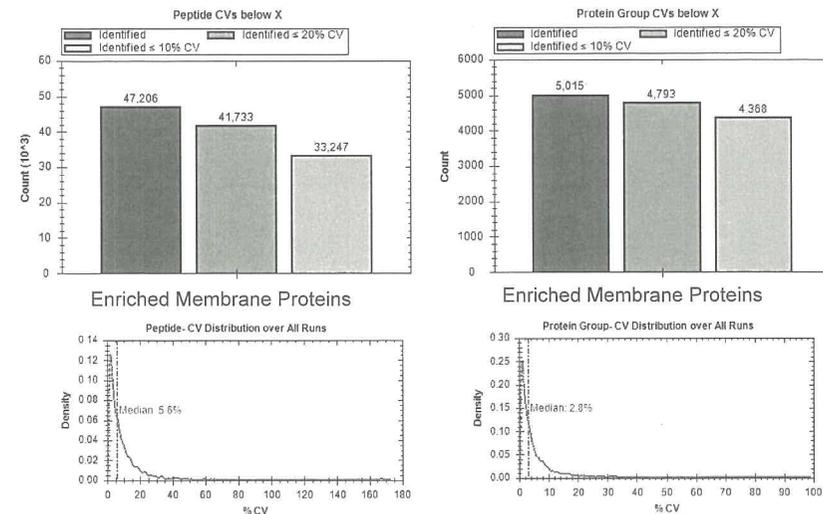
ThermoFisher
SCIENTIFIC



12

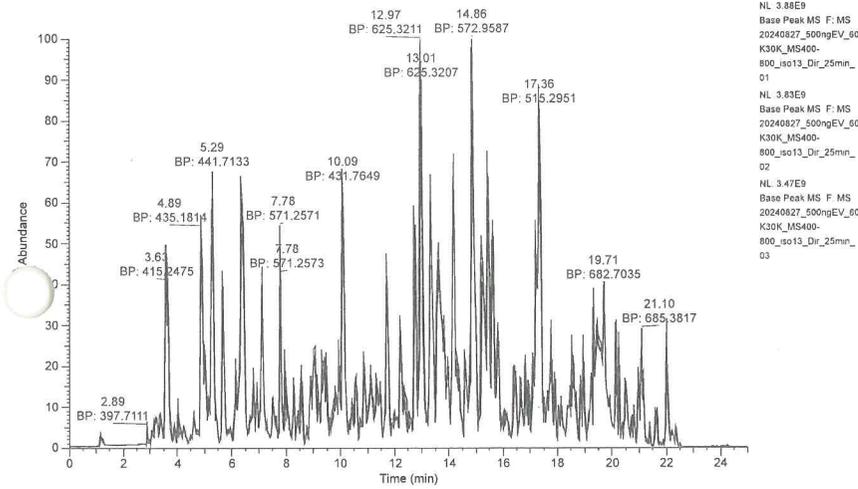
Library-free directDIA results for triplicate analysis of 200ng membrane proteome

ThermoFisher
SCIENTIFIC

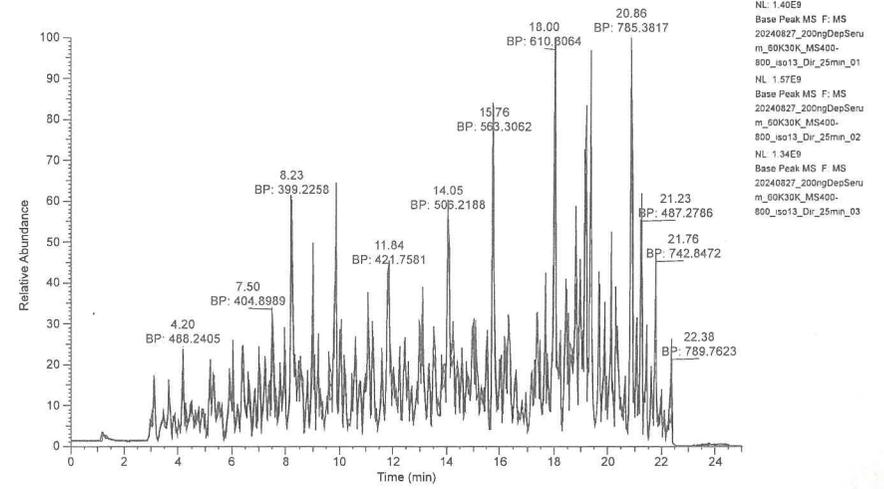


10

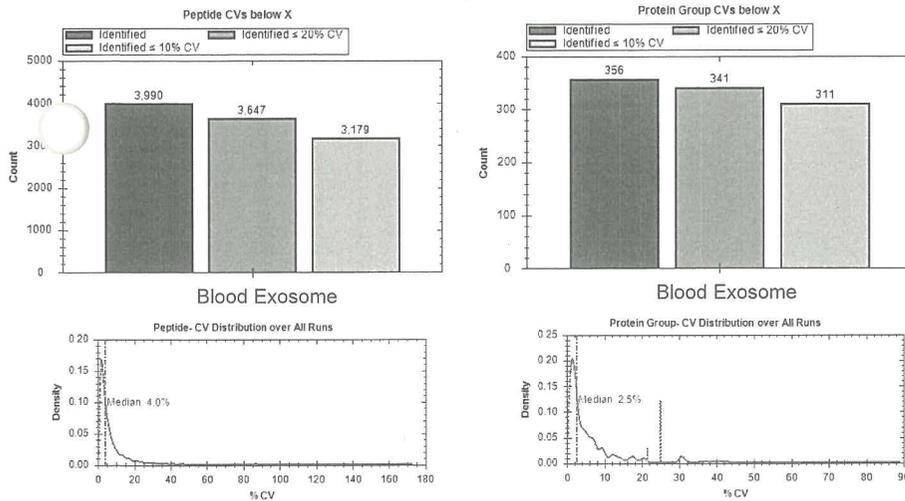
Overlaid triplicate base peak chromatograms of 500ng serum exosome sample



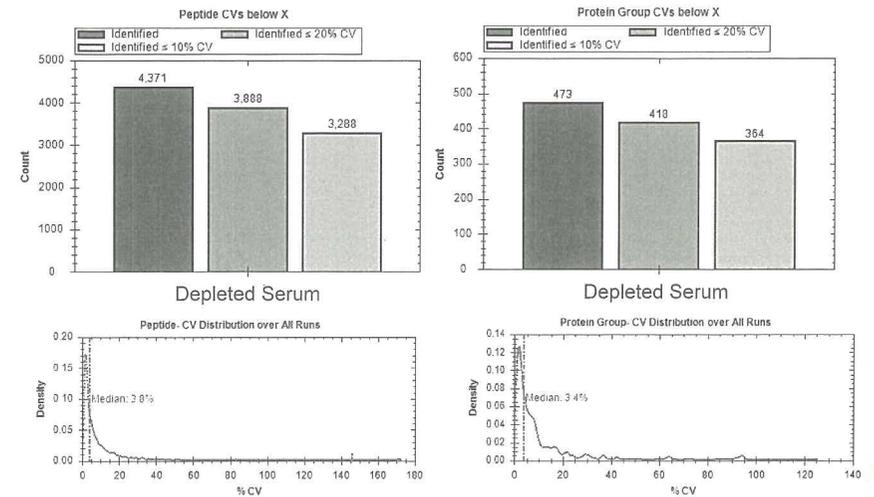
Overlaid triplicate base peak chromatograms of 200ng depleted serum proteome samples



Library-free directDIA results for triplicate analysis of 500ng blood exosome proteome

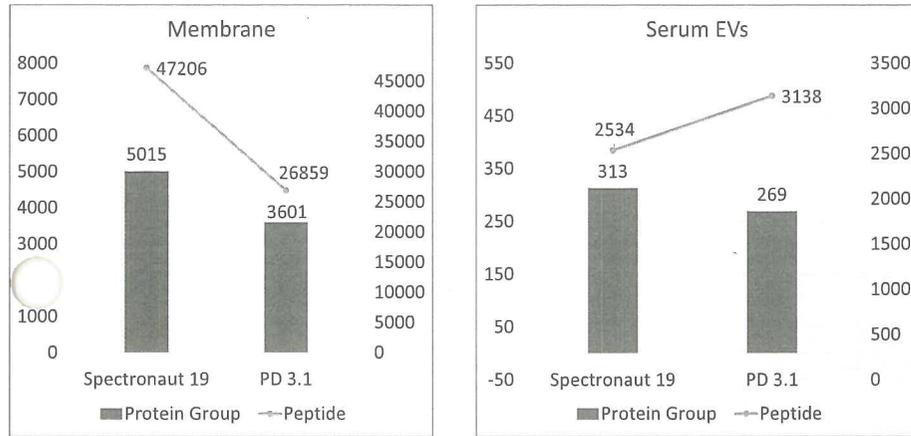


Library-free directDIA results for triplicate analysis of 200ng depleted serum proteome



Comparison of LFQ DIA for Membrane & Serum EVs proteins using SN19 and PD3.1 (FDR 1%)

ThermoFisher
SCIENTIFIC

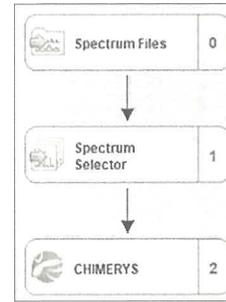


Spectronaut™ 19 此軟體未包含於採購規格中

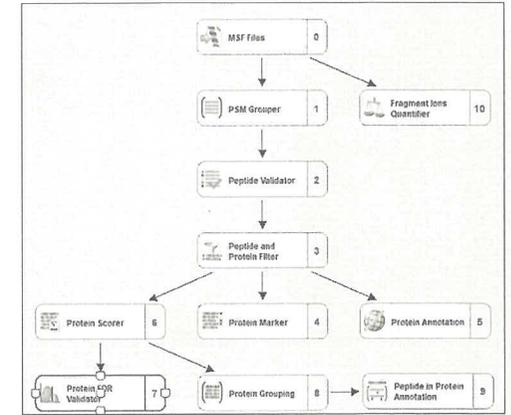
PD: processing and consensus workflow for CHIMERY5 DIA

ThermoFisher
SCIENTIFIC

PWF_Hybrid_DIA_CHIMERY5_MBR.BestPSM



CWF_Comprehensive_Enhanced Annotation_DIA

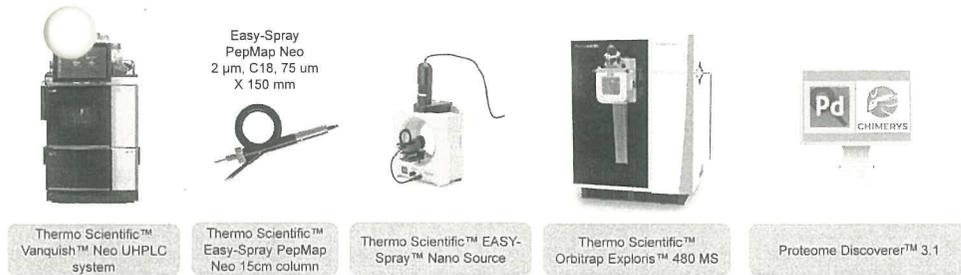


High-throughput DDA workflow setup

ThermoFisher
SCIENTIFIC

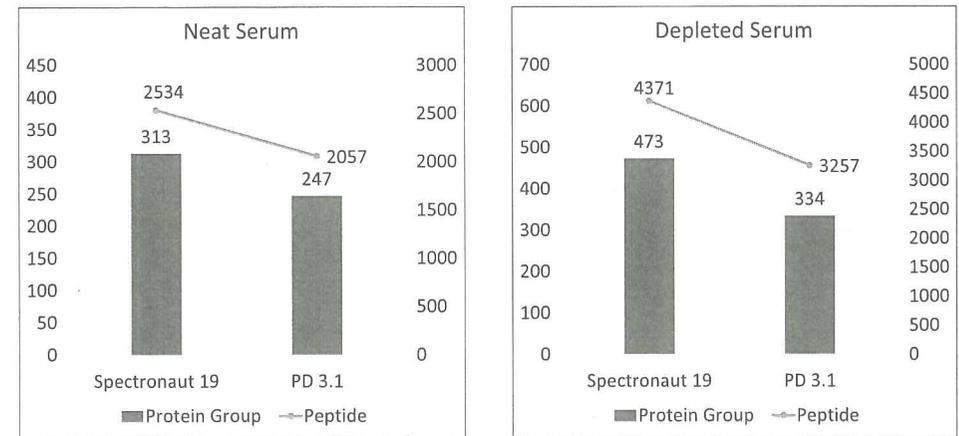
Workflow for high-throughput label-free quantitation and proteome coverage

Data-dependent Acquisition (DDA)



Comparison of LFQ DIA for Neat & Dep Serum proteins using SN19 and PD3.1 (FDR 1%)

ThermoFisher
SCIENTIFIC

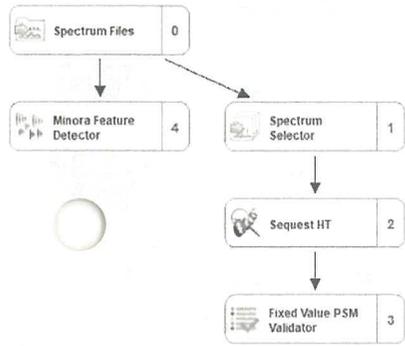


Spectronaut™ 19 此軟體未包含於採購規格中

PD: processing & consensus workflow for LFQ DDA

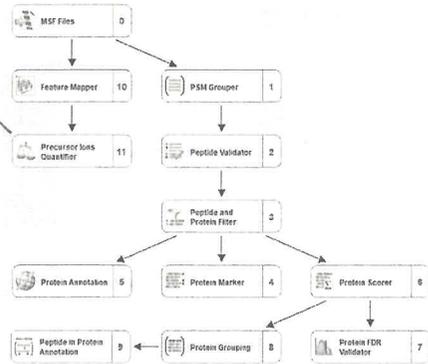


PWF_Hybrid_Basic_SequestHT



- 1, uniprot_sprot_Bostaurus_canonical: 6040 entries.
- 2, PD contaminant proteins: 298 entries

CWF_Comprehensive_Enhanced Annotation_LFQ_and_Precursor_Quan



5. Qian Kollip and Hypothesis Testing
 Protein Abundance Calibration: Top N Average
 N for Top N
 Protein Ratio Calibration: Favorable Ratio Based
 Measurement Allowed Fold Chg: 100
 Hypothesis Mode: None
 Hypothesis Test: None

LCMS setting for DDA workflow



Gradient: Active gradient : 19.0 min

Time (min)	Duration (min)	Flow (uL/min)	%B
0.000	0.000	0.350	2
0.500	0.500	0.350	6
19.500	19.000	0.350	40
20.000	0.500	0.350	65.0
22.000	2.000	0.350	99.0
25.000	3.000	0.350	99.0



ESI condition (nanoESI Probe)

- Spray voltage (kV): 1.8
- Capillary temp. (°C): 275
- Default Charge State: 2
- Internal Calibration: IC, Run Start
- Advanced Peak Determination: True

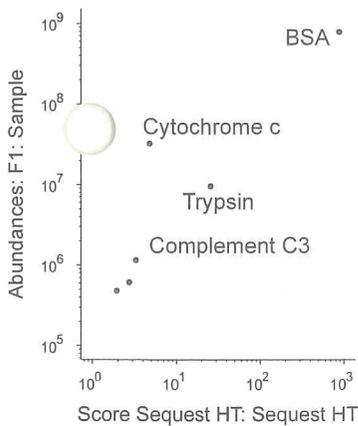
Full MS

- Orbitrap Resolution: 60,000
- Scan Range (m/z): 350-1250
- RF Lens(%): 50
- AGC Target: 300% (1e6)
- Injection Time: 25ms
- Data Type: Profile
- Polarity: Positive

DDA-MSMS

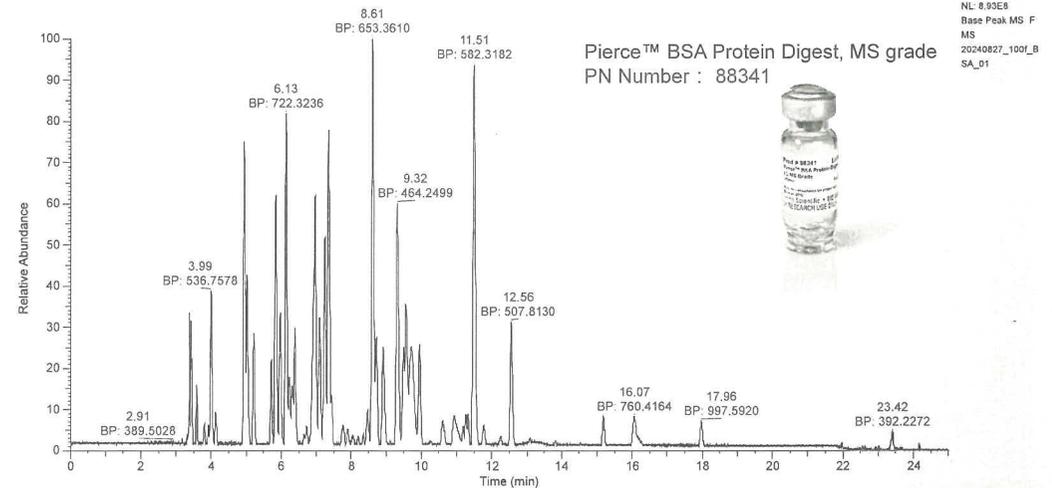
- Intensity Threshold: 5E4
- Isolation Window (m/z): 2
- HCD Collision Energy (%): 30
- Resolution: 15,000
- Scan Range: start from m/z 120
- AGC Target: 300% (3e5)
- Max Injection Time: auto (22ms)
- Micro Scan: 1
- Polarity: Positive

LFQ of BSA digest QC STD using PD 3.1



Description	Coverage [%]	# Peptides	# PSMs	# Unique Peptides	MW [kDa]	Score Sequest HT	Abundance
Albumin [OS=Bos taurus]	74	50	277	50	69.2	894.4	7.63E+08
Cytochrome c [OS=Bos taurus]	36	4	7	4	11.7	26.3	9.29E+06
Trypsin OS=Sus scrofa PE=1 SV=1	8	2	2	2	24.4	4.83	3.17E+07
Complement C3 [OS=Bos taurus]	1	1	1	1	187.1	3.35	1.14E+06
(Bos taurus) 55 kDa protein [OS=Bos taurus]	9	1	1	1	54.6	2.77	6.03E+05
Synaptonemal complex protein 3 [OS=Bos taurus]	4	1	1	1	26.3	1.99	4.69E+05

Base peak chromatogram of 100fmole BSA digest



Pierce™ TMT11plex Yeast Digest Standard

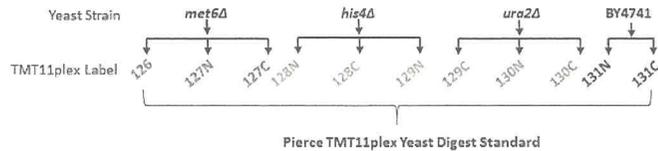
產品號碼: A40938

相關應用: Protein Mass Spectrometry Analysis



The Pierce TMT11plex Yeast Digest Standard consists of four congenic strains of *Saccharomyces cerevisiae* (a parental line, BY4741, and three lines lacking the non-essential proteins Met6, His4, or Ura2) labeled in triplicate (knock-out strains) or duplicate (parental strain) with TMT11-plex label reagents. The knock-out strains are used in combination with the parental strain to enable comparison of peptide and protein abundance for quantitation. Pierce TMT11plex Yeast Digest Standard:

- **Convenient**—ready-to-use lyophilized powder pre-labeled with TMT11plex reagents
- **Quality**—yeast strains verified for genotype, equimolar mixing of the TMT-labeled strains
- **Quantitative**—measure the quantitative precision of TMT reporter ions for 11 channels
- **Diagnostic**—excellent QC assay tool for protein quantitation using TMT on LC-MS/MS instruments



27

Outline

- 1 蛋白質體非標定肽定羰基方式 (DIA & DDA)
- 2 標定肽定量方式 · 含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上 (TMT11plex)
 - TMT11 plex quantitative analysis of yeast digests QC sample
- 3 單細胞分析實驗 (250pg ~ 10ng HeLa digests)
- 4 臨床檢體 Glycoforms 分析 (human Ig glycoforms)
- 6 結論 & 附錄

25

Experimental briefing and results for velocity HR-DIA proteomics analysis

• Brief conditions for LC-MS experiments and data analysis

- The TMT11plex labeled yeast digests were resuspended using 0.1% FA to make 100ng/uL samples.
- 250ng samples were separated using Easy-Spray PepMap Neo column at 0.35 μ L/min (45°C) from 4% to 40% buffer B (A: 0.1% FA in ddH₂O; B: 0.1% FA in 80% ACN) and analyzed by ESI-LC-MS analysis on VQ neo, FAIMS Pro Duo, and OE480 (active gradient: 59 min)..

- MS range was set to m/z 400 - 1250 and scanned at resolution of 120,000 with 100% AGC.
- TMT FAIMS MS2 was also set to start from m/z 110 and scanned at resolution of 45,000 with 200% AGC. The detailed method parameters are shown next slide.
- The raw file was analyzed by PD 3.1 (fasta file: 1, uniprot_yeast_canonical: 7283 entries. 2, universal contaminant proteins: 298 entries), with detailed processing and consensus workflows shown in later slide.

• Result summary:

- Comparison of total ion & base peak chromatograms with different FAIMS CVs are shown.
- The detailed TMT protein identification and quantitation info using CHIMERYS and Sequest HT are compared for review.
- The identified peptides can be well separated in gas phase using different FAIMS CVs.
- Quan ratios for Ura2, Met6, and His4 are shown, and the results are as expected.
- Peptide spectrum match and the quan channel for a TMT labeled Met6 peptide are shown to demonstrate that the 11 reporter ions are well separated and quantitated in high resolution MS2 spectra.

28

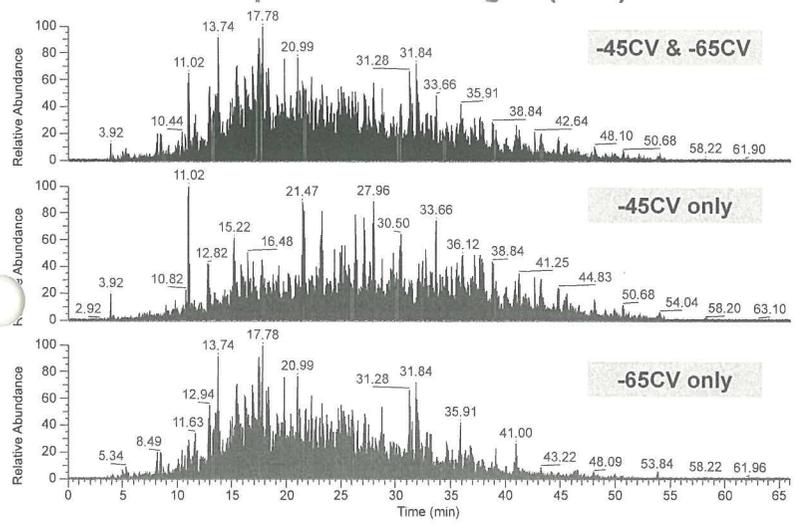
DDA workflow setup for FAIMS TMT MS2 Quantitation

Data-dependent Acquisition (DDA) for TMT11plex quantitative Proteomics

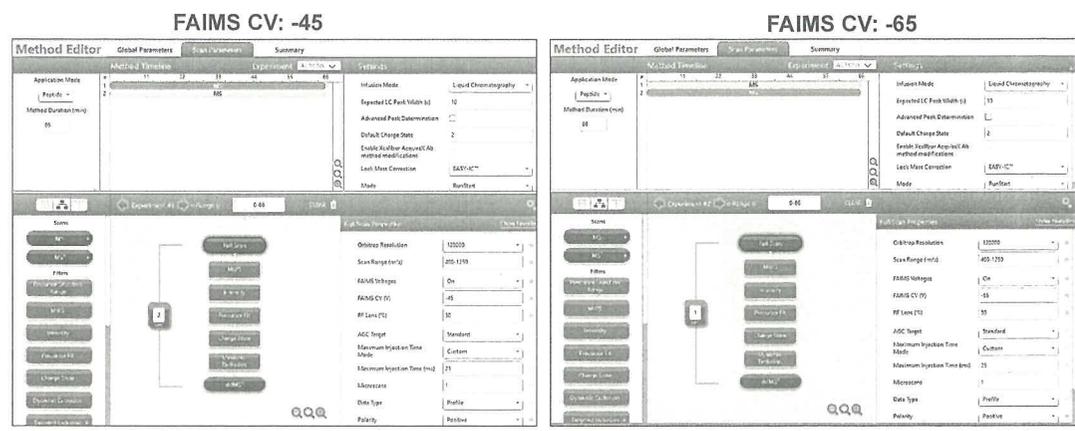


26

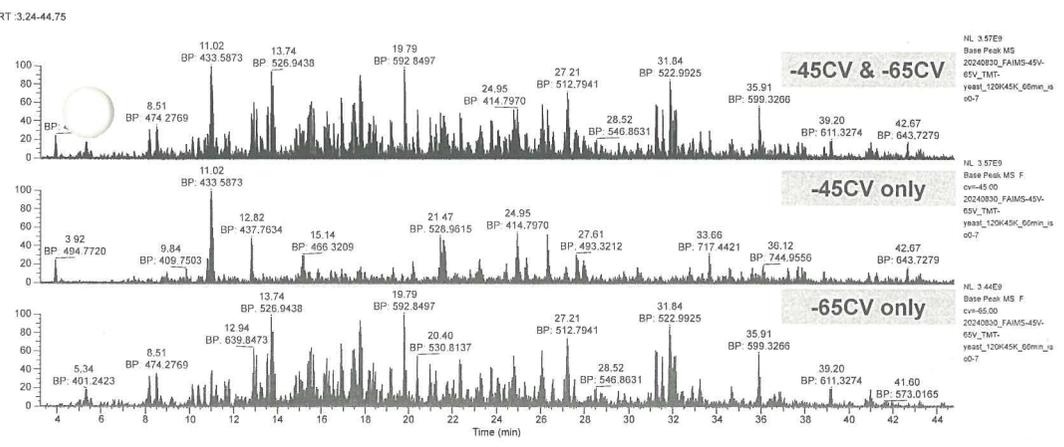
Total ion chromatograms of TMT-labeled yeast peptides with two different compensation voltages (CVs)



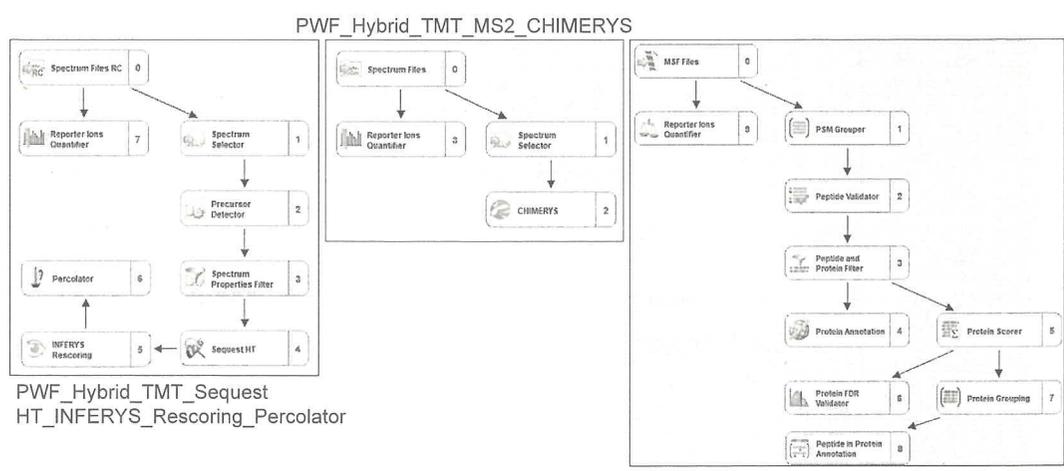
OE480 FAIMS TMT Full MS + ddMS2 Experiments



Base peak chromatograms of TMT-labeled yeast peptides with two different CVs

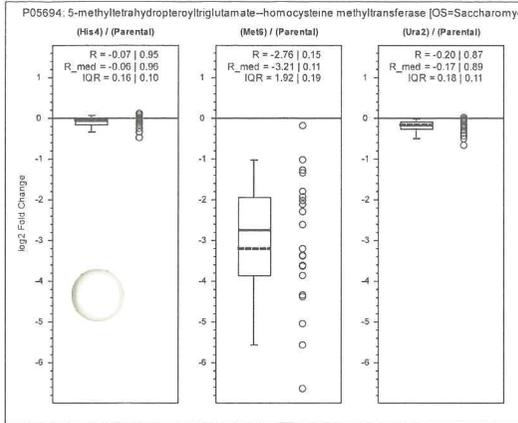


PD: processing & consensus workflow for TMT MS2 quan

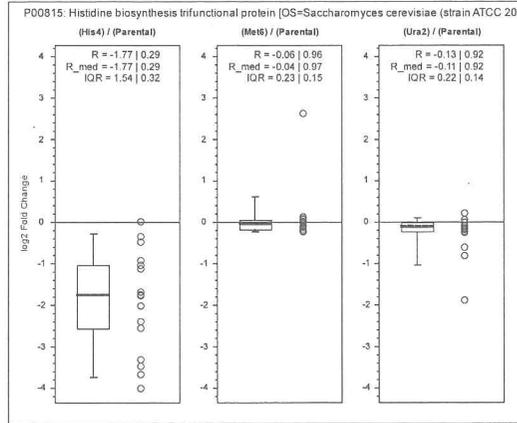


Quan ratio distributions For Met6 and His4

Met6: Ratio = 0.148



His4: Ratio = 0.293



TMT protein identification and quantitation info using CHIMERYS and Sequest HT

detailed ID info

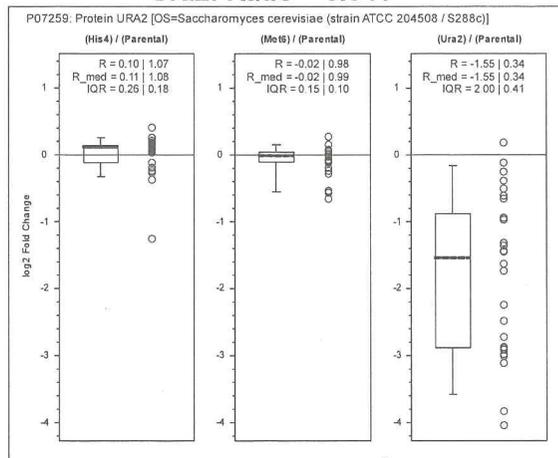
	TMT MS2	Master Proteins (FDR 1%)	Quan No	Quan %	Peptides	PSMs	MS/MS	PSM%
CHIMERYS	45K (IT auto)	2536	2008	79.18%	11576	13515	20000	67.58%
Sequest HT	45K (IT auto)	1854	1802	97.20%	8218	8777	20000	43.89%

detailed Quan info

	TMT MS2	Quan Spectra	Rejected by Average Reporter ions S/N	Rejected by Isolation Interference	Shared Spectra	No Quan Value	Used Quan Value
CHIMERYS	45K (IT auto)	20002	1472 (7.36%)	284 (1.42%)	3068 (5.15%)	46 (0.23%)	15815 (79.07%)
Sequest HT	45K (IT auto)	20002	1472 (7.36%)	284 (1.42%)	312 (1.56%)	46 (0.23%)	17888 (89.43%)

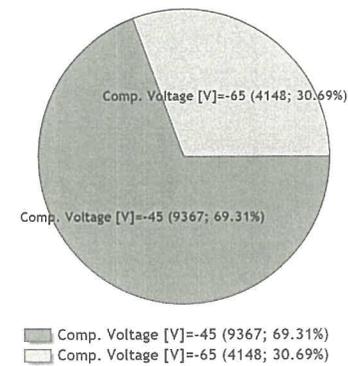
Quan ratio distributions For Ura2

Ura2: Ratio = 0.341

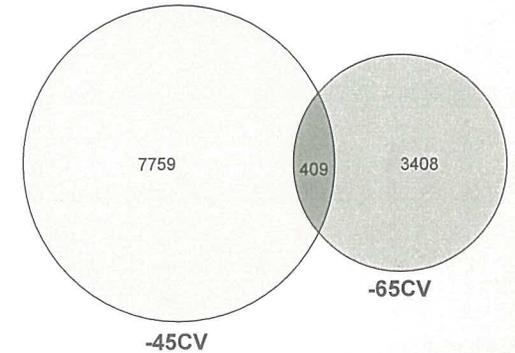


The FAIMS effect on the gas phase separation of peptide groups

Pie chart showing the proportional distribution of CV-specific PSMs



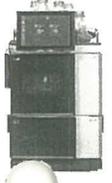
Overlapping chart showing the shared peptides between different CVs



High Throughput HR-DIA workflow setup for SCP



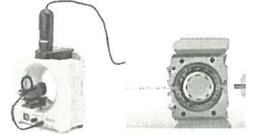
High Resolution Data-independent Acquisition (DIA) for Single Cell Proteomics



Thermo Scientific™
Vanquish™ Neo UHPLC
system



Thermo Scientific™
Easy-Spray PepMap
Neo 15cm column



Thermo Scientific™ FAIMS-Pro™ & EASY-
Spray™ Nano Source

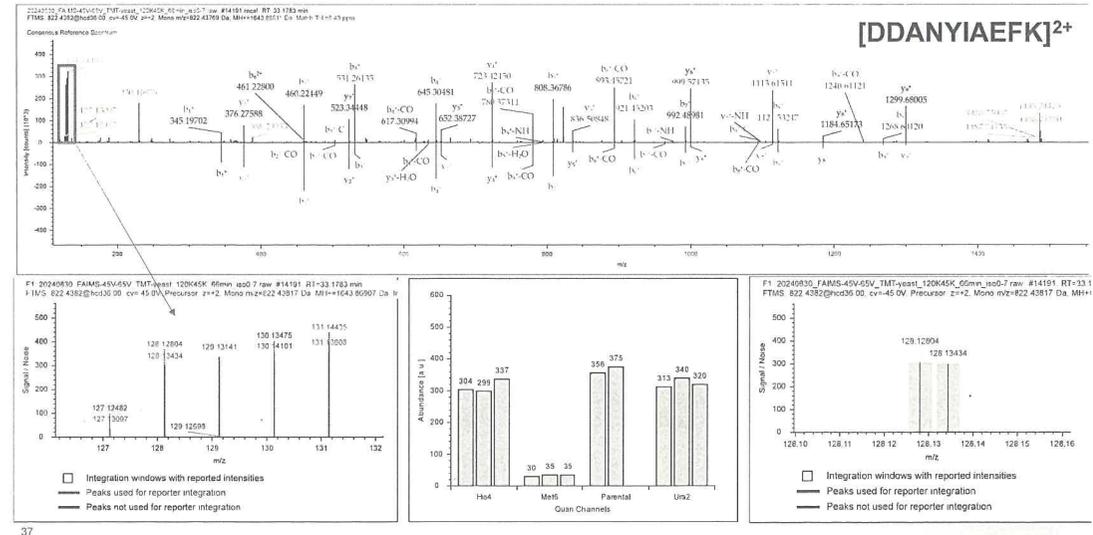


Thermo Scientific™
Orbitrap Exploris™ 480 MS



Spectronaut™ 19
此款離未包含於採購規格中

PSM and quan channel for TMT labeled Met6 peptide



LC Settings with flow rate ramping and Easy-Spray PepMap Neo



• HPLC: Vanquish Neo (Thermo Scientific)

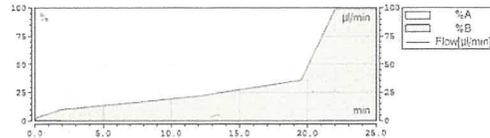
- Analysis Column : Easy-Spray PepMap Neo, 15cm x 75 µm ID, 2µm
- Trap Column : None (Direct Injection)
- Column Oven : 45c (Easy-Spray Column Heater)
- Solvent A : Water / 0.1% FA
- Solvent B : 80% Acetonitrile/ 0.1% FA

Wash Equilibration (Separation Column)

Fast Equilibration: enabled
Equilibration Factor : 3

Loading Parameters:

Mode : Combined Control
Flow [µL/min] : 2.00
Pressure [bar] : 1450

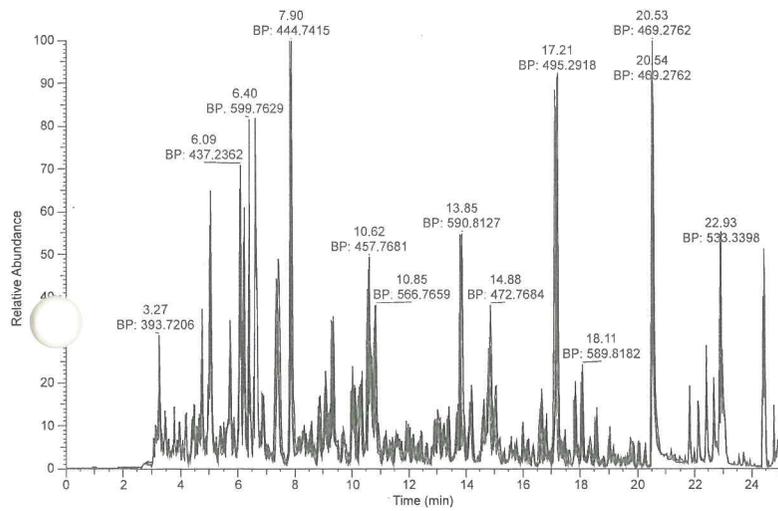


No	Time	Duration [min]	Flow [µl/min]	%B	Volume [µl]	No. of Column Volumes
1	0.000					
2	0.000	0.000	0.450	1.0	0.00	0.00
3	0.100	0.100	0.450	3.0	0.04	0.10
4	1.900	1.800	0.450	10.0	0.81	1.82
5	2.000	0.100	0.200	0.03	0.07	
6	12.000	10.000	0.200	22.0	2.00	4.50
7	19.500	7.500	0.200	36.0	1.50	3.28
8	19.500					Column Wash
9	22.000	2.500	0.300	99.0	0.83	1.41
10	25.000	3.000	0.300	99.0	0.90	2.03
11	25.000					Stop Run
12	25.000					Column Equilibration

Outline

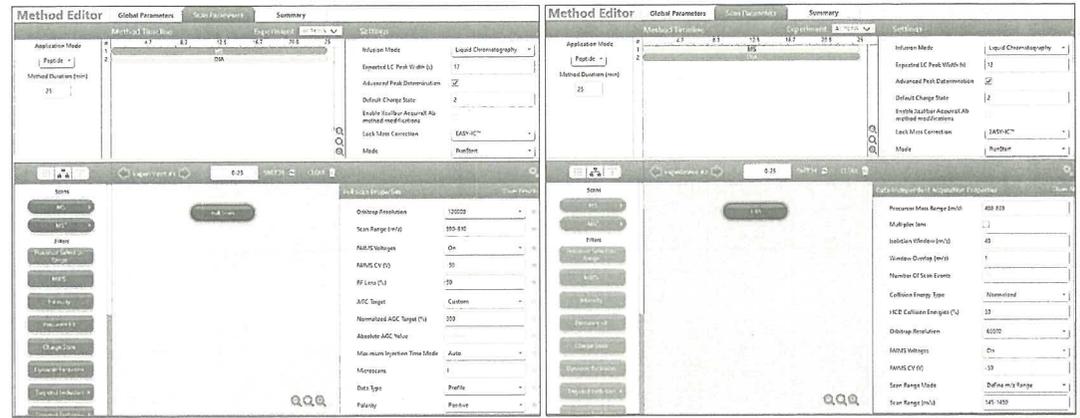
- 1 蛋白質體非穩定性肽鏈定量方式 (DIA & DDA)
- 2 穩定肽鏈定量方式 - 含isobaric tag須單一實驗超過10組以上 (TMT11plex)
- 3 單細胞分析實驗 (250pg ~ 10ng HeLa digests)
 - High throughput high resolution DIA for SCP and low input proteomic samples
- 4 臨床檢體Glycoforms分析 (human Ig glycoforms)
- 6 結論 & 附錄

Overlaid triplicate base peak chromatograms of 250pg HeLa digests

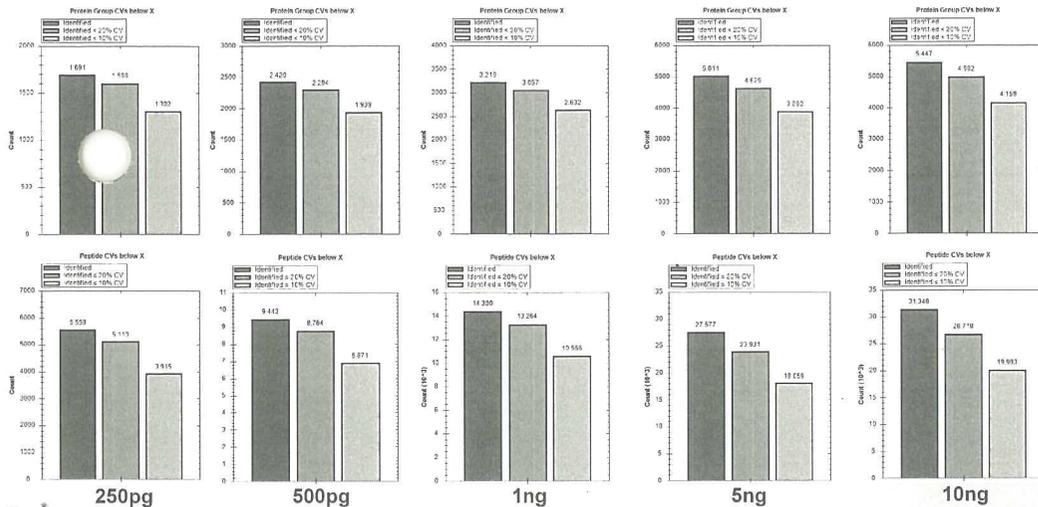


NL 2.07E6
 Base Peak MS F MS
 20240829_FAIMS-
 50V_FRAM_250pgHeLa
 a_120K6DK_iso40_01
 NL 2.25E6
 Base Peak MS F MS
 20240829_FAIMS-
 50V_FRAM_250pgHeLa
 a_120K6DK_iso40_02
 NL 2.32E6
 Base Peak MS F MS
 20240829_FAIMS-
 50V_FRAM_250pgHeLa
 a_120K6DK_iso40_03

OE480 FAIMS SCP Full MS + DIA MS2 Experiments



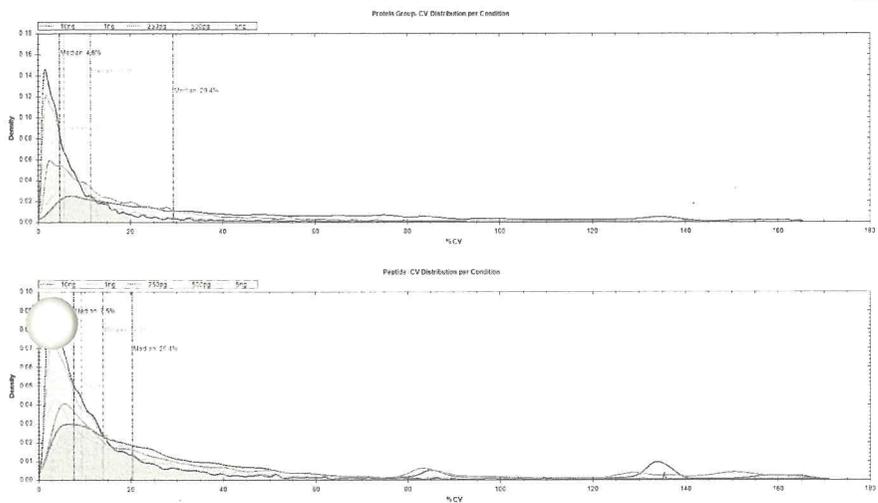
Triplicate analysis results of HeLa digest from the sample injection of 250pg to 10ng (w/o MBR)



Experimental briefing and results for the velocity HR-DIA analysis at single-cell and sample-limited levels

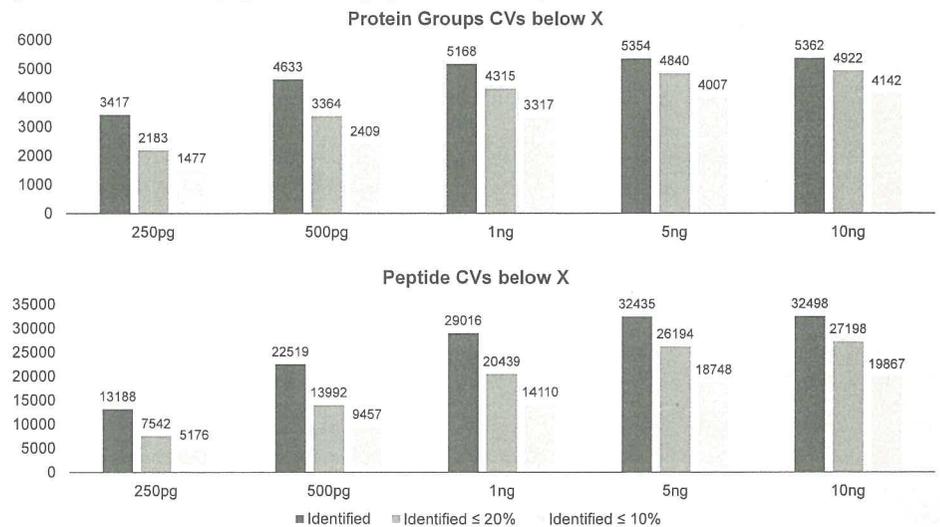
- **Brief conditions for LC-MS experiments and data analysis**
 - The HeLa digests were resuspended using 0.015% DDM in 0.1% FA, followed by sample dilution to mimic single-cell proteomic samples for analysis.
 - The samples (250 pg, 500 pg, 1ng, 5 ng, and 10 ng) were separated using Easy-Spray column at 0.35 μ L/min (45°C) and analyzed by ESI-LC-MS analysis on U3000nano and OE480 (active gradient: 19.5 min).
 - To enhance spray sensitivity, the flow rate was dropped to 0.2 μ L/min (45°C) during data acquisition.
 - FAIMS-Pro interface: single -50 CV was set for the analysis.
 - Full MS range was set to m/z 400 - 800 and scan at resolution of 120,000 with 300% AGC. DIA-MS2 was also set to m/z 400 - 800 (40 Th isolation window with 10 scan events) and scan at resolution of 60,000 with 1000% AGC.
 - The raw files resulted from respective triplicate analysis were analyzed by Spectronaut 19 using library-free directDIA method with and without match-between-run (MBR).
 - Fasta file: 1, uniprot_sprot_human_canonical: 20435 entries. 2, universal contaminant proteins: 298 entries.
- **Result summary:**
 - Overlaid base peak chromatograms for the triplicate HR-DIA analysis of 250pg HeLa digests.
 - The results of identified protein groups and peptide groups at 1% FDR from triplicate membrane proteome analysis of 0.25 ng to 10 ng injections.
 - Around 1700 proteins are identified and quantified from SCP level of HeLa digest sample. Notably, the strategy of match between run (MBR) boosts the numbers of protein group to be around 3400 at SCP level.
 - The comparison of quantitation using MS1 and MS2 are shown and revealing that MS1 quan is recommended to be used for SCP and low input samples, which can result in lower CVs of quantitation.

Protein groups & peptide CV distribution using MS2 quan



47

Triplicate analysis results of HeLa digest from the sample injection of 250pg to 10ng (with MBR)



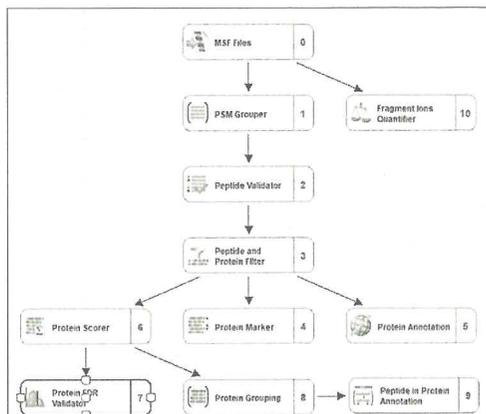
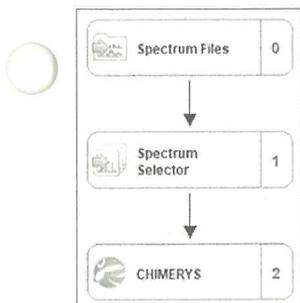
45

PD: processing and consensus workflow for CHIMERYS DIA



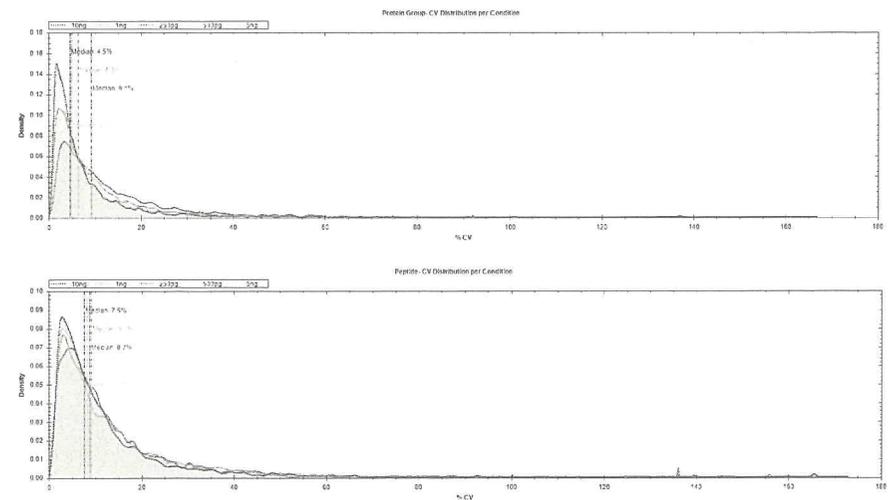
PWF_Hybrid_DIA_CHIMERYS_MBR_BestPSM

CWF_Comprehensive_Enhanced_Annotation_DIA



46

Protein groups & peptide CV distribution using MS1 quan



46

LC HRAM MS2 workflow setup for human Ig glycosylation



Data-dependent Acquisition (DDA) and oxonium ions trigger high resolution MS2 analysis

Scientific™ Neo UHPLC system

Thermo Scientific™ Easy-Spray PepMap Neo 15cm column

Thermo Scientific™ EASY-Spray™ Nano Source

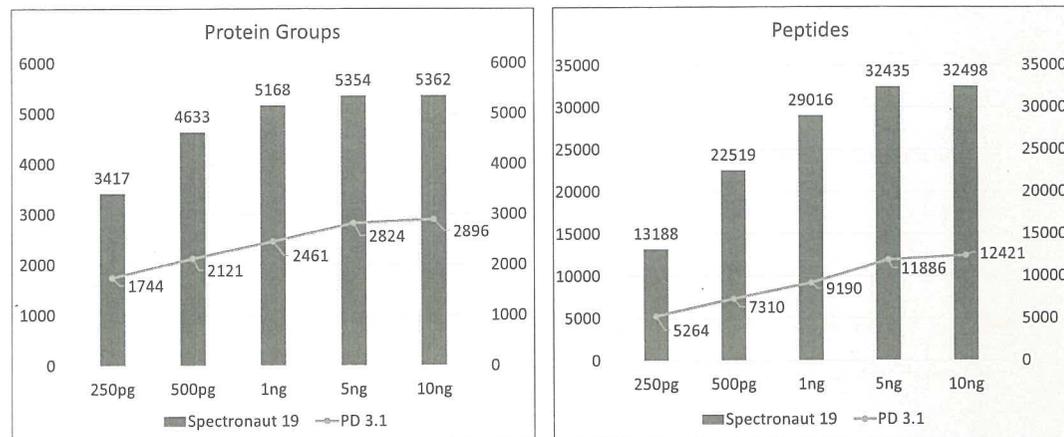
Thermo Scientific™ Orbitrap Exploris™ 480 MS

BioPharma Finder 5.2

BioPharma Finder 此軟體未包含於採購規格中



Comparison of LFQ DIA for HeLa SCP and low input of samples using SN19 and PD3.1 (with MBR, FDR 1%)



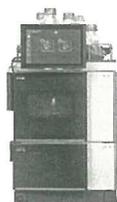
Spectronaut™ 19 此軟體未包含於採購規格中

LCMS setting for DDA workflow



Gradient:

Time (min)	Duration (min)	Flow (uL/min)	%B
0.000	0.000	0.350	2
0.500	0.500	0.350	4
59.500	59.000	0.350	40
60.000	0.500	0.350	65.0
61.000	1.000	0.350	99.0
62.000	5.000	0.350	99.0



ESI condition (nanoESI Probe)

Spray voltage (kV)	1.8
Capillary temp. (°C)	275
Default Charge State	2
Internal Calibration	IC, Run_Start mode
Advanced Peak Determination	True

Full MS

Orbitrap Resolution	120,000
Scan Range (m/z)	650-1800
RF Lens (%)	50
AGC Target	300% (1e6)
Injection Time	25ms
Data Type	Profile
Polarity	Positive

DDA-MSMS

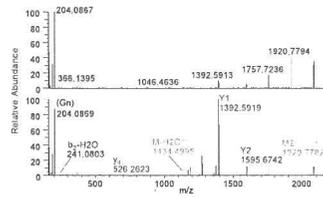
Cycle Time	3sec
Intensity Threshold	5E4
Isolation Window (m/z)	2
HCD Collision Energy (%)	35 (20, 35, 50)
Resolution	30,000 (45K, 60K)
Scan Range	start from m/z 120
AGC Target	300% (3e5)
Max Injection Time	auto
Micro Scan	1
Polarity	Positive



Outline

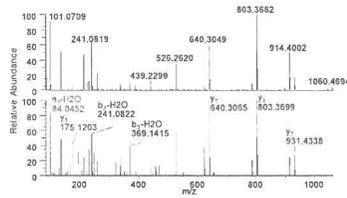
- 1 蛋白質非標定肽定序方式 (DIA & DDA)
- 2 標定肽定序方式 · 含isobaric tag須單一實驗超過10組以上 (TMT11plex)
- 3 蛋白質分析實驗 (250pg ~ 10ng HeLa digests)
- 4 臨床檢體Glycoforms分析 (human Ig glycoforms)
 - Human Ig Glycoforms Analysis using High Resolution MS2 and BPF 5.2
- 6 結論 & 附錄

Glycopeptide Analysis using BioPharma Finder 5.2

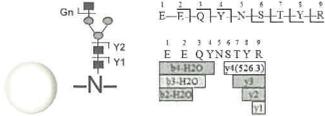


predicted spectra

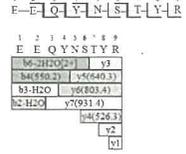
acquired spectra



Glycosylated peptide (A1G0)



Unmodified peptide

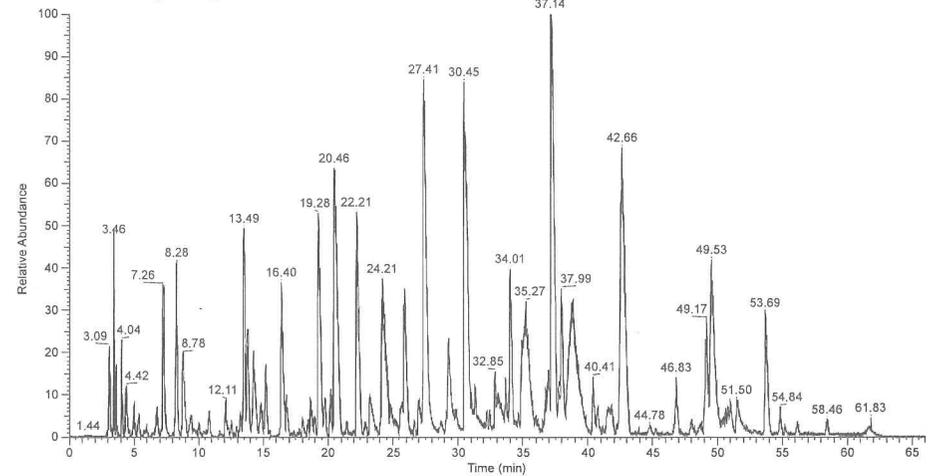


Site Occupancy of Glycosylation
Signature HCD fragment ions for glycans (Gn) and glycopeptides (Y1, Y2) are identified in BioPharma Finder software.

Protein	Protein #	Modification	Observed	Expected	Abundance
Human Heavy Chain	100	N180-A1G0	Oxyform	1.129E+104 = 1.189 50473=IN100-A1G0	1.00%
Human Heavy Chain	100	N180-A1G0F	Oxyform	1.129E+104 = 1.189 50473=IN100-A1G0F	1.00%
Human Heavy Chain	100	N180-A1G1F	Oxyform	1.129E+104 = 1.189 50473=IN100-A1G1F	1.00%
Human Heavy Chain	100	N180-A200	Oxyform	1.129E+104 = 1.189 50473=IN100-A200	1.00%
Human Heavy Chain	100	N180-A200F	Oxyform	1.129E+104 = 1.189 50473=IN100-A200F	1.00%
Human Heavy Chain	100	N180-A201F	Oxyform	1.129E+104 = 1.189 50473=IN100-A201F	1.00%

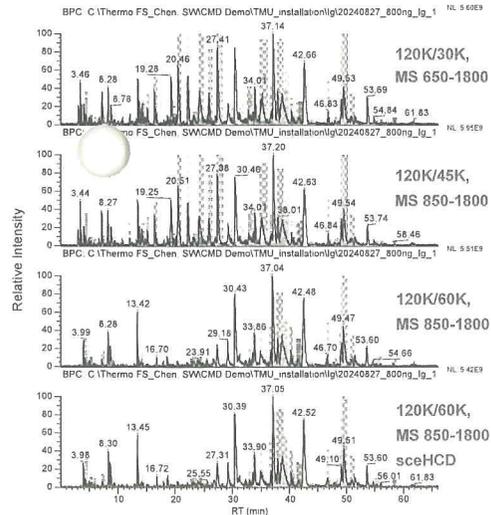
Signature Ion Detection with HCD fragmentation

Overlaid duplicate base peak chromatograms of 800ng human Ig digests



NL 5.60E9
Base Peak MS F: MS
20240827_800ng_Ig_120K30K_HCD35_MS
650-1800_60min
NL 5.95E9
Base Peak MS F: MS
20240827_800ng_Ig_120K45K_HCD35_MS
650-1800_60min

Peptide mapping analysis for human Ig glycopeptides



Level	Flag	No.	Protein
1	Protein	1	sp P01877 IGHG1_HUMAN Immunoglobulin heavy constant gamma 1
2	Protein	2	sp P01859 IGHG2_HUMAN Immunoglobulin heavy constant gamma 2
3	Protein	3	sp P01860 IGHG3_HUMAN Immunoglobulin heavy constant gamma 3
4	Protein	4	sp P01861 IGHG4_HUMAN Immunoglobulin heavy constant gamma 4
5	Protein	5	sp P01876 IGHA1_HUMAN Immunoglobulin heavy constant alpha 1
6	Protein	6	sp P01876-1 IGHA1_HUMAN Isoform 1 of Immunoglobulin heavy constant alpha 1
7	Protein	7	sp P01877 IGHA2_HUMAN Immunoglobulin heavy constant alpha 2
8	Protein	8	sp P01877-1 IGHA2_HUMAN Isoform 1 of Immunoglobulin heavy constant alpha 2
9	Protein	9	sp P01871 IGHM_HUMAN Immunoglobulin heavy constant mu
10	Protein	10	sp P01591 IGJ_HUMAN Immunoglobulin J chain
11	Protein	11	sp P01871-1 IGHM_HUMAN Isoform 1 of Immunoglobulin heavy constant mu
12	Protein	12	Unidentified

Sequence Coverage (run 1)

Proteins	Number of MS Peaks	MS Peak Abundance	Sequence Coverage	Abundance (total)
1.sp P01876 IGHG1_HUMAN Immunoglobulin heavy constant gamma 1	253	26.6%	73.2%	62.49%
2.sp P01859 IGHG2_HUMAN Immunoglobulin heavy constant gamma 2	122	4.8%	51.1%	15.92%
3.sp P01860 IGHG3_HUMAN Immunoglobulin heavy constant gamma 3	79	1.8%	70.4%	5.150%
4.sp P01861 IGHG4_HUMAN Immunoglobulin heavy constant gamma 4	96	2.2%	72.7%	8.830%
5.sp P01876 IGHA1_HUMAN Immunoglobulin heavy constant alpha 1	107	4.5%	64.0%	0.5029%
6.sp P01876-1 IGHA1_HUMAN Isoform 1 of Immunoglobulin heavy constant alpha 1	14	0.1%	74.5%	1.193%
7.sp P01877 IGHA2_HUMAN Immunoglobulin heavy constant alpha 2	48	0.4%	67.0%	0.8224%
8.sp P01877-1 IGHA2_HUMAN Isoform 1 of Immunoglobulin heavy constant alpha 2	23	0.2%	65.6%	1.910%
9.sp P01871 IGHM_HUMAN Immunoglobulin heavy constant mu	140	2.9%	91.8%	0.6031%
10.sp P01591 IGJ_HUMAN Immunoglobulin J chain	39	0.7%	85.5%	1.353%
11.sp P01871-1 IGHM_HUMAN Isoform 1 of Immunoglobulin heavy constant mu	14	0.1%	97.6%	1.017%
Unidentified	4083	35.7%		

Experimental briefing and results for the analysis of human Ig



Brief conditions for LC-MS experiments and data analysis

- 0.8 µg human Ig peptides were separated using Easy-Spray column at 0.35 µL/min (45°C) and analyzed by ESI-LC-MS/MS analysis on U3000nano and OE480.
- LC gradient was performed from 4% to 40% of mobile phase B (buffer A: 0.1% FA / buffer B: 0.1% FA, 80% ACN; active gradient: 59 min).
- MS range was set to m/z 650 - 1800 (850 - 1800) for glycopeptides analysis and quantitation.
- Glyco-Analysis Strategy: Step collision energy HCD (see HCD) and high resolution MS2 analysis on OE480.
- Glycopeptides analysis and quantitation was analyzed by BioPharma Finder 5.2 with Peptide Mapping Analysis against 11 human Ig fasta.
- N-glycan library with a human or CHO host cell type was applied for human Ig glycopeptide analysis and quantitation.

Result summary:

- Glycoforms analysis and quantitation for IgG1 (N180), IgG2 (N176), IgA1 (N144), IgA2 (N205), IgM (N46, N209), IgJ, and the isoforms of IgA1 (N340), IgA2 (N327), and IgM (N440) are characterized and quantified.
- IgG1 N180 glycoforms, IgG2 N176 glycoforms, and IgA1 N144 glycoforms measured by peptide mapping are shown.
- The MS2 peaks assignment for A2S1G1 modified N144 at IgA1 is shown as an example for glycoforms mapping.
- 162 human Ig glycoforms (at least 80% confidence) could be characterized and quantified on OE480. The detailed results are summarized in the supplemental Excel file.

IgA1 N144 glycoforms measured by peptide mapping

ThermoFisher
SCIENTIFIC

Accession	Gene	Residue #	Modification	Category	Peptide Sequence	Confidence	% Avg	% Run1	% Run2	% Run3	% Run4	% Run5	% Run6
P01876	IGHA1	144	N144+A2S1G1	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	46.1	45.95	46.37	46.04	48.15	45.51	44.68
P01876	IGHA1	144	N144+A3S1G1	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	18.9	18.74	19.01	18.54	19.52	18.83	18.76
P01876	IGHA1	144	N144+A3S1G0	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	7.3	6.77	7.39	7.18	6.70	8.02	7.89
P01876	IGHA1	144	N144+A2S2	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	5.7	6.85	5.40	6.14	4.79	5.27	5.73
P01876	IGHA1	144	N144+A3G0	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	4.3	4.66	4.38	4.51	4.15	4.08	4.16
P01876	IGHA1	144	N144+A3G1	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	4.2	4.16	4.03	4.30	4.01	4.33	4.41
P01876	IGHA1	144	N144+A2S1G0	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	2.7	2.47	2.75	2.65	2.50	3.02	2.96
P01876	IGHA1	144	N144+A1S1M4	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	1.5	1.41	1.55	1.47	1.42	1.70	1.67
P01876	IGHA1	144	N144+A3G2	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	1.2	1.12	1.24	1.22	1.15	1.29	1.40
P01876	IGHA1	144	N144+A1S1M5	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	1.2	1.24	1.23	1.19	1.23	1.21	1.30
P01876	IGHA1	144	N144+A2S1G1F	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	1.0	1.00	1.02	0.99	1.04	1.00	1.11
P01876	IGHA1	144	N144+A2G2	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.8	0.71	0.79	0.73	0.76	0.81	0.81
P01876	IGHA1	144	N144+M6	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.6	0.66	0.61	0.67	0.62	0.66	0.65
P01876	IGHA1	144	N144+A3S1G1F	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.6	0.65	0.63	0.62	0.64	0.62	0.68
P01876	IGHA1	144	N144+A1S1	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.5	0.46	0.51	0.56	0.42	0.51	0.50
P01876	IGHA1	144	N144+M8	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.4	0.41	0.44	0.45	0.39	0.45	0.50
P01876	IGHA1	144	N144+M7	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.4	0.33	0.36	0.36	0.34	0.37	0.41
P01876	IGHA1	144	N144+A3S1G2	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.3	0.30	0.29	0.29	0.28	0.30	0.29
P01876	IGHA1	144	N144+A2S1G1M4	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.3	0.26	0.27	0.26	0.25	0.28	0.28
P01876	IGHA1	144	N144+A1G1M5	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.3	0.25	0.27	0.26	0.25	0.29	0.28
P01876	IGHA1	144	N144+A3G1F	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.2	0.25	0.22	0.24	0.22	0.24	0.25
P01876	IGHA1	144	N144+M5	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.2	0.23	0.24	0.24	0.23	0.22	0.22
P01876	IGHA1	144	N144+A1G1	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.2	0.15	0.20	0.15	0.21	0.22	0.21
P01876	IGHA1	144	N144+A2G1	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.2	0.17	0.16	0.15	0.15	0.16	0.16
P01876	IGHA1	144	N144+A2S2F	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.2	0.19	0.14	0.17	0.12	0.16	0.18
P01876	IGHA1	144	N144+A3S2G0	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.1	0.17	0.10	0.17	0.09	0.09	0.11
P01876	IGHA1	144	N144+A3S2G0F	N-Glycan	LSLHRPALEDLLLG	100.0	0.1	0.14	0.11	0.13	0.10	0.10	0.11

IgG1 N180 glycoforms measured by peptide mapping

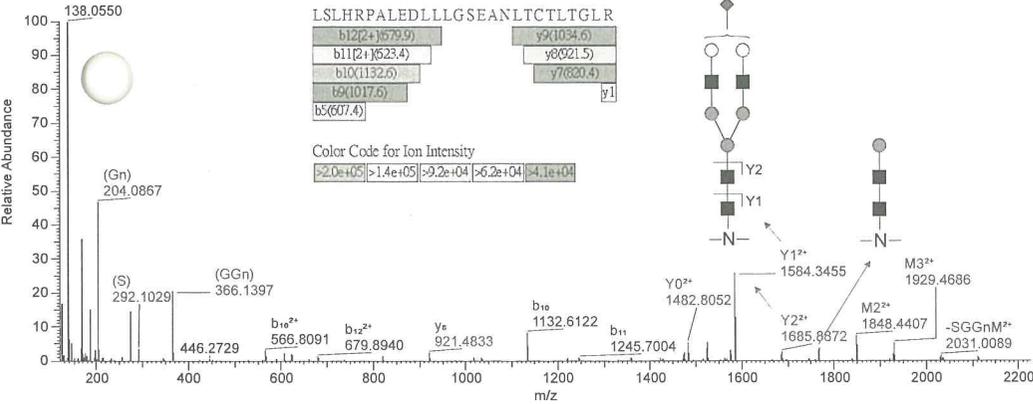
ThermoFisher
SCIENTIFIC

Accession	Gene	Residue #	Modification	Category	Peptide Sequence	Confidence	% Avg	% Run1	% Run2	% Run3	% Run4	% Run5	% Run6
P01857	IGHG1	180	N180+A2G1F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	26.1	31.64	23.43	31.21	23.59	23.71	23.09
P01857	IGHG1	180	N180+A2G2F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	24.2	19.85	26.43	19.66	26.53	26.52	26.28
P01857	IGHG1	180	N180+A2G0F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	12.8	14.88	11.77	14.96	11.87	11.78	11.61
P01857	IGHG1	180	N180+A2S1G1F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	7.2	6.06	7.78	6.23	7.60	7.78	7.86
P01857	IGHG1	180	N180+A3G1F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	6.4	5.33	7.00	5.44	6.99	6.85	6.95
P01857	IGHG1	180	N180+A2S2F	N-Glycan	EEQYNSTYRWSV	86.7	3.8	3.43	3.92	3.50	4.01	4.00	3.72
P01857	IGHG1	180	N180+A2G1	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	2.5	2.88	2.27	2.95	2.26	2.30	2.27
P01857	IGHG1	180	N180+A3G2F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	2.2	1.76	2.38	1.79	2.36	2.30	2.36
P01857	IGHG1	180	N180+A2G2	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	2.1	2.44	1.89	2.53	1.89	1.92	1.96
P01857	IGHG1	180	N180+A3G0F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	1.9	2.28	1.73	2.33	1.74	1.68	1.72
P01857	IGHG1	180	N180+A2S1G0F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	1.2	1.06	1.31	1.06	1.32	1.29	1.33
P01857	IGHG1	180	N180+A2G0	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.8	0.87	0.77	0.89	0.77	0.76	0.79
P01857	IGHG1	180	N180+A2S1G1	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.7	0.59	0.80	0.59	0.77	0.77	0.78
P01857	IGHG1	180	N180+A1G0	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.7	0.25	0.85	0.25	0.84	0.89	0.90
P01857	IGHG1	180	N180+A1G1	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.5	0.20	0.68	0.21	0.67	0.71	0.75
P01857	IGHG1	180	N180+A2G1M5F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.5	0.35	0.55	0.34	0.59	0.54	0.55
P01857	IGHG1	180	N180+A3G1	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.4	0.46	0.35	0.47	0.36	0.34	0.35
P01857	IGHG1	180	N180+M3	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.4	0.02	0.51	0.02	0.52	0.52	0.51
P01857	IGHG1	180	N180+GnF	N-Glycan	EEQYNSTYR; TKP	100.0	0.3	0.35	0.20	0.38	0.21	0.21	0.21
P01857	IGHG1	180	N180+Gn	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.2	0.02	0.27	0.02	0.28	0.28	0.28
P01857	IGHG1	180	N180+A3G2	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	82.2	0.1	0.09	0.16	0.11	0.15	0.16	0.15
P01857	IGHG1	180	N180+A3S1G1F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.1	0.10	0.14	0.10	0.14	0.14	0.15
P01857	IGHG1	180	N180+A3S1G0F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	98.7	0.1	0.09	0.13	0.10	0.15	0.14	0.15
P01857	IGHG1	180	N180+A2S1G1MAF	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.1	0.09	0.13	0.09	0.13	0.13	0.13
P01857	IGHG1	180	N180+A1G1F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.1	0.05	0.10	0.05	0.09	0.10	0.11
P01857	IGHG1	180	N180+A1G0F	N-Glycan	TKPREEQYNSTYR	100.0	0.0	0.02	0.06	0.02	0.01	0.02	0.08

MS2 peaks assignment for A2S1G1 modified N144 at IgA1

ThermoFisher
SCIENTIFIC

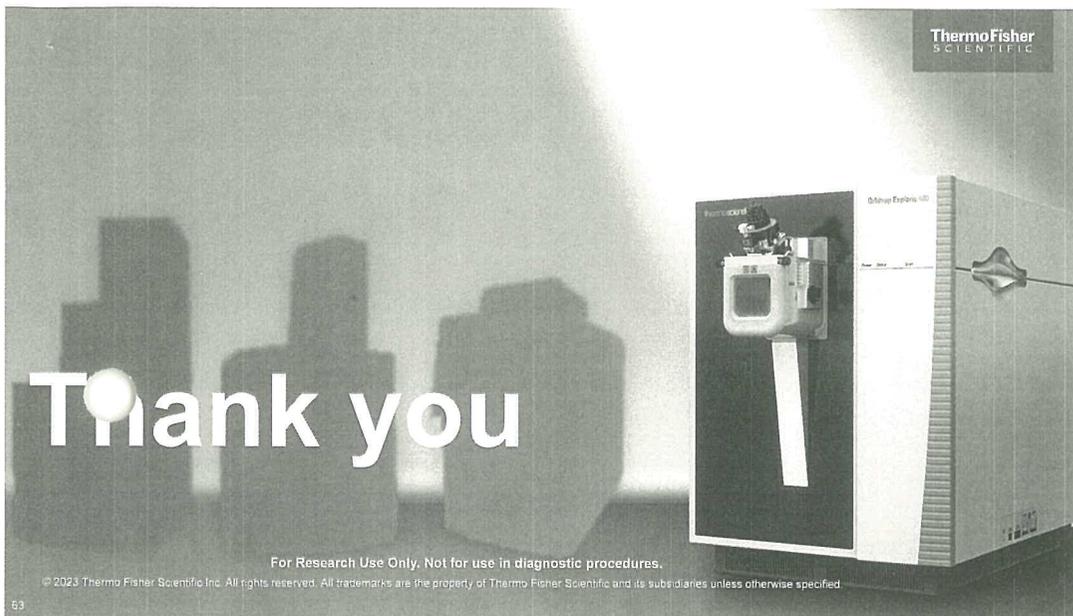
File: 20240827_800ng_Ig_120K30K_HCD35_MS650-1800_66min
 F: FTMS + c NSI d Full ms2 1220.5823@hcd35.00 [120.0000-5002.8315]
 Experimental ID=5:L127-R153 = 2962.5910m(N144+A2S1G1)[nonunique], +4, Peptide=LSLHRPAEDLLIIGSFANLCTLTGLR



IgG2 N176 glycoforms measured by peptide mapping

ThermoFisher
SCIENTIFIC

Accession	Gene	Residue #	Modification	Category	Peptide Sequence	Confidence	% Avg	% Run1	% Run2	% Run3	% Run4	% Run5	% Run6
P01859	IGHG2	176	N176+A2G1F	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	30.8	36.98	27.76	37.29	27.72	27.71	27.47
P01859	IGHG2	176	N176+A2G2F	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	22.0	18.83	23.58	18.60	23.83	23.65	23.64
P01859	IGHG2	176	N176+A2G0F	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	19.0	21.07	18.33	20.58	18.24	17.98	18.07
P01859	IGHG2	176	N176+A2S1G1F	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	9.3	8.13	9.82	8.16	9.86	9.90	10.02
P01859	IGHG2	176	N176+A2S1G0F	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	5.0	4.42	5.29	4.42	5.21	5.38	5.36
P01859	IGHG2	176	N176+A3G1F	N-Glycan	EEQFNSTFR; TKP	100.0	4.2	3.43	4.49	3.59	4.34	4.63	4.54
P01859	IGHG2	176	N176+A3G0F	N-Glycan	EEQFNSTFR; TKP	100.0	3.0	2.89	2.98	2.95	3.03	3.07	3.09
P01859	IGHG2	176	N176+A2S1G1	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	1.8	1.19	2.09	1.26	2.10	2.00	2.06
P01859	IGHG2	176	N176+A3G2F	N-Glycan	EEQFNSTFR; TKP	100.0	1.3	1.05	1.46	1.10	1.41	1.52	1.49
P01859	IGHG2	176	N176+A2G1	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	0.7	0.77	0.69	0.80	0.68	0.69	0.68
P01859	IGHG2	176	N176+A2G1M5F	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	0.4	0.31	0.51	0.32	0.48	0.47	0.51
P01859	IGHG2	176	N176+A2G0	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	0.4	0.43	0.40	0.44	0.42	0.42	0.41
P01859	IGHG2	176	N176+A1G1	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	0.4	0.08	0.53	0.09	0.52	0.56	0.53
P01859	IGHG2	176	N176+A1G0F	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	0.3	0.07	0.40	0.08	0.44	0.42	0.43
P01859	IGHG2	176	N176+GnF	N-Glycan	EEQFNSTFR; TKP	100.0	0.3	0.19	0.35	0.20	0.36	0.36	0.35
P01859	IGHG2	176	N176+Gn	N-Glycan	TKPREEQFNSTFR	100.0	0.3	0.01	0.38	0.01	0.41	0.35	0.38
P01859	IGHG2	176	N176+A2G2	N-Glycan	EEQFNSTFR	100.0	0.3	0.22	0.29	0.23	0.27	0.27	0.26



Outline

- 1 蛋白質精非標定肽定最方式 (DIA & DDA)
- 2 標定肽定最方式，含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上 (TMT11plex)
- 3 單細胞分析實驗 (250pg ~ 10ng HeLa digests)
- 4 臨床檢體 Glycoforms 分析 (human Ig glycoforms)
- 6 結論 & 附錄

61

Summary

- Altogether, the above results demonstrate that the new installed Vanquish Neo and OE480 can fully meet the installation application acceptance criteria.

(四)須可同時應用於蛋白質體非標定肽定最方式，例如數據依賴掃描模式(DDA)與數據非依賴掃描(DIA)模式之定最分析，以及標定肽定最方式，含 isobaric tag 須單一實驗超過 10 組以上，且於定最離子訊號須完整解析，以確定可支援臨床多重標品定最監測，須提供軟體分析報告。

(五)須可進行單細胞分析實驗，於 250pg 膜蛋白或 HeLa 樣品進樣，須於 20 分鐘有效梯度分析時間內單次數據結果，透過分析軟體鑑定出 1,500 個(含)以上蛋白質，須提供軟體分析報告。

(六)須可於臨床檢體例如 Ig 樣品於小於 1 μg 進樣條件下，經由質譜儀 LC-MS/MS 模式下，透過分析軟體，鑑定出 150 個(含)以上之 human Ig glycoforms 結果，須提供軟體分析報告。

Supplemental

- The detailed glycoforms analysis results are summarized in the supplemental Excel file.
- The update of PD 3.1 workflow and results for LFQ DIA



Microsoft Excel
Worksheet

台北醫學大學貴重儀器中心
Orbitrap Exploris-480 教育訓練簽到表

日期：2024/08/22

1. Introduction to High Resolution Accurate Mass (HRAM) Analysis
2. Detailed Overview of the Orbitrap Exploris 480 Instrument
3. Atmospheric Pressure Ionization (API) and Ion Beam Purification
4. Ion Selection, Trapping and Fragmentation
5. Ion Detection with the Orbitrap Analyzer
6. Orbitrap Exploris 480 Applications
7. Q&A

講師：Application Specialist 陳聖文

參加人員簽名

黃婉婷	陳柏熹
朱曼婷	游凱柔
盧峻宏	曾詠儀
何昶承	鄭郁勝
祝金儀	陳沛萱
陳鈺晴	林楷山
韓嘉莉	彭子
林竹韻	梁竹雅
柯國彥	

台北醫學大學

Proteome Discoverer 3.1 with CHIMERY5 教育訓練簽到表

日期：2024/08/22

1. Introduction & Third-party Nodes
2. Basic Identification and PTM Analysis
3. Quantification based on Precursor ions and Reporter Ions
4. Study Factors Setup and Quan Roll-up
5. INFERYS Rescoring & CHIMERY5 Searching Algorithm
6. CHIMERY5 in LFQ and TMT
7. New Features in PD 3.1 and Ardia Server
8. PD 3.1 CHIMERY5 DDA & DIA Practice
9. Q&A

講師：Application Specialist 陳聖文

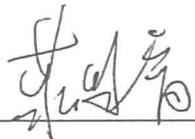
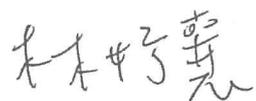
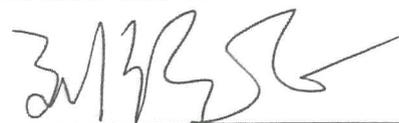
參加人員簽名

林楷峰	林甘宇
蔡重遠	Yeh NURCOEIA
陳銘喆	吳竹雅
祝金儀	蔣佩芬
鄭郁騰	游凱棠
劉政儀	陳相慈
蔡伊琳	陳澤遠
林思廷	李曼玲

教育訓練簽到表

日期	2024/9/2	客戶	臺北醫學大學 共儀中心
講者	何銘益 博士 與 彭冠傑 (FSE)		
主題	Orbitrap Exploris 480 新機教育訓練		
內容	<p>OE480 Tune, Xcalibur, and Method editor 軟體的基本操作演示:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. OE 480 各種掃描模式及其應用 2. Tune & Method editor 軟體簡介 3. Tune 軟體的基本功能及參數介紹 4. 說明 Xcalibur 軟體的基本操作介面 5. Xcalibur 軟體進行方法參數設定，並設置序列進行實際演練 6. Q&A <p>FAIMS-Pro Due Interface</p> <ol style="list-style-type: none"> 7. 基本概述與功能介紹 8. 實機介紹，演練，與基本維護。 9. 方法設定與實際演練 Q&A 		
簽到			
張明倫		林軒堯	
祝全儀		劉郁騰	
劉政儀		陳柏蒼	
孫俊子			

教育訓練簽到表

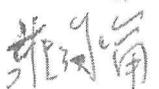
日期	2024/9/3	客戶	臺北醫學大學 共儀中心
講者	何銘益 博士 與 彭冠傑 (FSE)		
主題	Orbitrap Exploris 480 新機教育訓練		
內容	<p>軟體： Raw data and Freestyle Q&A</p> <p>質譜儀硬體操作介紹及簡易維護：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 硬體介紹：各部組件結構與功能介紹、開機關機注意事項、硬體環境與氣電配合需求 2. Tune：系統確認與校正 3. 安全需知及疑難排解：指導學員於使用上可能遭遇的問題其排除的方法以及日常使用上的簡單清潔方法 4. 系統校正實際演練 		
簽到			
			
	祝金儀		黃淑婷
	劉詠儀		陳柏蒼
			

臺北醫學大學 財物及勞務類 驗收紀錄表

採購案號	1120210527	請購單位	共同儀器中心
請購人	莊詠甯	保管人	劉俊志
採購名稱	奈米微流液相層析高解析質譜儀		
成交廠商	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司	成交金額	NT\$22,000,000
履約期限	決標次日90個日曆天	履約有無逾期	<input checked="" type="checkbox"/> 未逾期 <input type="checkbox"/> 逾期
到貨日期	113/08/20	排驗日期	113/09/20

【驗收經過】

- 本案設備於113年08月20日完成到貨，113年09月05日完成功能驗收，113年09月20日會同保管人、財務處、事務組辦理正式驗收。
- 奈米微流液相層析高解析質譜儀共1套，抽驗所含設備如下：
 - 質譜儀系統1套，加熱式電噴灑離子源1組及可控溫式奈米微流電噴灑離子源1組，與採購規格書相符，符合。
 - 奈米微流液相層析系統1套，奈米微流速溶媒梯度幫浦1組及自動進樣裝置1組且可放置216個1.5ml vial瓶，與採購規格書相符，符合。
 - 儀器控制用桌上型電腦1套，作業系統Windows10Pro、CPU Intel Corei7、記憶體32GB DDR5、系統硬碟1TB、資料儲存硬碟4TB，與採購規格書相符，符合。
 - 數據分析用桌上型電腦1套，作業系統Windows11Pro、CPU Intel Corei9、記憶體128GB DDR5、系統硬碟2TB、資料儲存硬碟16TB，與採購規格書相符，符合。
 - 蛋白質數據分析軟體1套，可直接分析質譜儀及層析儀之原始數據，與採購規格書相符，符合。
 - 不斷電系統1套，容量為12KVA，與採購規格書相符，符合。
 - 實驗桌1張，桌體長180cm、深100cm、高80cm，與採購規格書相符，符合。
- 抽驗驗收文件分析結果報告，單細胞分析實驗報告結果，與採購規格書相符，符合。

廠商	請購單位	保管組	事務組	財務處	總務長
 (簽章及日期)	20240920  (簽章及日期)	邱育廷 113.9.20  (簽章及日期)	 劉又濤 (簽章及日期)	 113.9.20 林靜怡 (簽章及日期)	 113.9.20 張正恆 (簽章及日期)

註：用印完成資料請送回保管組

保固證明書

立保固書人 台灣賽默飛世爾科技股份有限公司，今承攬臺北醫學大學
「奈米微流液相層析高解析質譜儀」(採購案號：1120210527，契約編
號：TMU112-G036，廠牌機型、數量等詳如契約附件：決標單價分析表，
本公司保證於自驗收合格之日起全責保固參年（保固期間：自民國 113 年
09 月 27 日至 116 年 09 月 26 日止，共計參年）且保固期間除人為或不可
抗力之天然災害外，在正常使用情況下，如發生任何故障、損壞或性能不佳
等情事時，本公司當無償負責維護修復，特立本保固書為憑，餘未盡事項，
依本案契約及投標須知含標單所載相關規定為主。

本公司維修聯絡窗口：董小姐

維修連絡電話：02-89794230

此致

臺北醫學大學

公司名稱：台灣賽默飛世爾科技(股)公司 (簽章)

負責人：楊淑雯 (簽章)

地址：台北市內湖區洲子街 85 號 6F-1

統一編號：28685123



中 華 民 國 一 一 三 年 九 月 二 十 六 日

本行如未於上開期限屆滿前接獲貴公司請求履行擔保責任，本行之擔保責任自動解除。本擔保書即行作廢，無論正本是否退回。

保固保證金連帶保證書

保證編號：5100751666

- 一、立連帶保證書人花旗(台灣)商業銀行股份有限公司(以下簡稱本行)茲因台灣賽默飛世爾科技股份有限公司(以下簡稱廠商)得標臺北醫學大學之「奈米微流液相層析高解析質譜儀」(採購案號:1120210527契約編號:TMU112-G036)(以下簡稱採購)，依招標文件(含其變更或補充)規定應向臺北醫學大學繳納保固保證金新臺幣陸拾陸萬元整(NT\$660,000)(以下簡稱保證總額)，該保固保證金由本行開具本連帶保證書負連帶保證責任。
- 二、臺北醫學大學依政府採購法/契約規定認定有不發還廠商保固保證金之情形者，一經臺北醫學大學書面通知本行後，本行當即在前開保證總額內，依臺北醫學大學書面通知所載金額如數撥付，絕不推諉拖延，且無需經過任何法律或行政程序。本行亦絕不提出任何異議，並無民法第七百四十五條之權利。保證金有依契約規定遞減者，保證總額比照遞減。
- 三、本保證書如有發生訴訟時，本行同意以中華民國臺灣臺北地方法院為第一審管轄法院。
- 四、本保證書有效期間自本保證書簽發日起，至民國117年1月15日止。
- 五、本保證書正本一式二份，由臺北醫學大學及本行各執一份，副本一份由廠商存執。
- 六、本保證書由本行負責人或代表人簽署，加蓋本行印信或經理職章後生效。

連帶保證銀行：花旗(台灣)商業銀行股份有限公司
 負責人(或代表人)：安 孚 達
 地址：台北市松智路1號
 電話：(02)2576-6991#3/(02)2576-6260

中 華 民 國 一 百 一 十 三 年 十 月 七 日

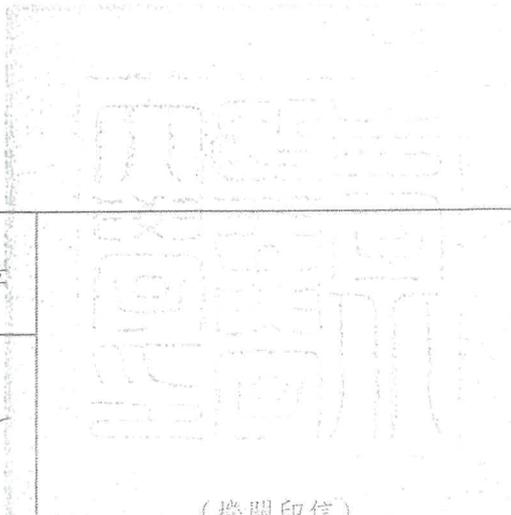
正本

對保請至台北市南京東路四段16號15樓進口部門

此保證書於完成履行義務後或過期後請退還本行致台北市南京東路四段16號15樓進口部門收



填發日期：113/10/01

案號及契約號	1120210527		廠商名稱	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司	
標的名稱及數量摘要	奈米微流液相層析高解析質譜儀				
採購金額	<input type="checkbox"/> 未達公告金額 <input checked="" type="checkbox"/> 公告金額以上未達查核金額 <input type="checkbox"/> 查核金額以上未達巨額 <input type="checkbox"/> 巨額				
履約期限	決標次日90個日曆	履約地點	藥學暨營養大樓B1F		
完成履約日期	113/08/20	開始驗收日期	113/08/20	驗收完畢/驗收合格日期	113/09/25
履約逾期總天數	0	不計違約金天數	0	應計違約金天數	0
逾期違約金	NT\$0		其他違約金	NT\$0	
契約金額	NT\$22,000,000				
增減價款	次別	第 1 次		第 2 次	
	類別	金額	簽准日期或核准文號	金額	簽准日期或核准文號
	增加金額				
	減少金額				
驗收扣款	(不包括逾期違約金及其他違約金)				
結算總價 (金額中文大寫)	新台幣		貳仟貳佰萬元整		
驗收意見	〇與契約規定相符，驗收合格。〇 				
承辦單位主管及人員簽章	本機關監驗人員簽章	上級機關監驗人員簽章或授權自辦文號 (未達查核金額者免)	主驗人員簽章		
			 113.10.1 (機關印信)		

說明：

- 一、本證明書已登載於採購公告者，得免附具「結算明細表」，以資簡化；依實做數量或自行購辦勞工辦理者，應附具「結算明細表」。
- 二、本證明書份數應依採購執行需要備具，例如由主辦機關自存、送主(會)計單位製作憑證之用、報上級機關備查、交廠商收執。
- 三、「驗收完畢/驗收合格日期」，指政府採購法第73條所定「驗收完畢」之日期，亦即參加驗收人員於驗收紀錄會同簽認廠商所與契約、圖說、實價規定相符時之日期。惟其屬減價收受者，指依政府採購法第72條第2項報經上級機關核准(查核金額以上)或該機關首長或其授權人核准(未達查核金額)之日期。
- 四、「逾期違約金」及「其他違約金」以預算外或營業外收入處理，不必扣抵結算總價；「其他違約金」，指例如政府採購法施行細則第98條第2項所定之減價收受懲罰性違約金。
- 五、「結算總價」之計算方式為「契約金額」加「增加金額」減「減少金額」減「驗收扣款」。至主辦機關供給材料及管理費或作常費等契約以外之各項支出均不必合併結算。
- 六、本證明書所定欄位如不敷使用，得新增其他欄位或增補附頁。
- 七、本證明書原則不得塗改，並應循公文處理程序簽核後加蓋驗收機關印信；供機關自存者，得免加蓋機關印信。



113107485

臺北醫學大學付款憑單

會1

財務處承辦人:施千代

預算編號	113-3407-001-202		計畫 編號 (名稱)	113-3407-001-2024151B- (113)教補款(資本門)- 113計畫五、聚焦臨床轉 譯與發展特色研究計畫		採購 案號	112021052 700		序號
計畫期間	113/01/01~113/12/31								
請款 單位	請款人	計畫 主持人	單位 主管	一級 主管	會計 審核	主辦 會計	副校長	校長	
共同儀器 中心			李彥蓉 				依財務系統 簽核權限辦 理	依財務系統 簽核權限辦 理	

●支出憑證為外幣金額，應註明折合率

●個人領款：憑此單及領款單可領款(限領一次)

會計科目	用途及說明	金額
機械儀器及設備	奈米微流液相層析高解析質譜儀	22,000,000
本款支付	台灣賽默飛世爾科技股份有限公司	22,000,000

學年度	會計編號	會計項目	沖預付款	摘要	傳票號碼	附件
113	113107485	134101	0		C1131009004	原始憑證 0 件 發 呈 0 件 其 他 0 件

113107489
52,200,000

113/10/31付款

台灣賽默飛世爾科技股份有限公司

電子發票證明聯

2024-09-26 格式 25

發票號碼: ED53241697

買方: 臺北醫學大學

統一編號: 03724606

地址:

買受人註記欄

區分	進貨及費用	固定資產
得抵扣		
不得抵扣		

品名	數量	單價	金額	備註
奈米微流液相層析高解析質譜儀	1	20,952,381.00	20,952,381	客戶訂單: TMU112-277 銷貨單號: 2401668 出貨單號: 其他備註: 匯款資料: 花旗(台灣)商業銀行營業部 銀行代碼:0210018 帳號:5830406001 戶名:台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
銷售額合計			20,952,381	
營業稅	應稅	V	零稅率	免稅
總計			22,000,000	

總計新台幣 貳仟貳佰零拾零萬零仟零佰零拾零元整
(中文大寫)

營業人蓋用統一發票專用章

- 應稅、零稅率、免稅之銷售額應分別開立統一發票，並應於各該欄打「V」。
- 買受人註記欄之註記方法：營業人購進貨物或勞務應先按其用途區分為「進貨及費用」與「固定資產」，其進項稅額，除營業稅法第十九條第一項屬不可扣抵，其餘均得扣抵，並在各該適當欄內打「V」符號。

台灣賽默飛世爾科技股份有限公司
(已條列營業人資料者得免蓋章)

統一編號 28685123



臺北醫學大學
分錄轉帳傳票



傳票日期：2024/10/09

傳票編號： C11131009004

會計項目	摘要	借方金額	貸方金額
1 134101 機械儀器及設備	奈米微流液相層析高解析質譜儀	21,041,700	
2 136101 其他設備	奈米微流液相層析高解析質譜儀	37,500	
3 162101 電腦軟體	奈米微流液相層析高解析質譜儀	920,800	
4 212401 應付設備款	奈米微流液相層析高解析質譜儀		22,000,000
Page 1 of 1	合計：	22,000,000	22,000,000

製票 施千代 複核 林靜怡
2024/10/09 2024/10/18

主辦會計 許淑群 2024/10/21
校長(或授權代簽人) 依核決
權限授
權決行

臺北醫學大學
分錄轉帳傳票明細表

傳票編號：C11131009004

承辦人：施千代

傳票 序號	會計項目/名稱 立沖帳 對象名稱	專帳/單位/摘要/備註 分錄備註	借方金額	貸方金額
1	134101 機械儀器及設備	113-3407-001-2024151B-(113)教補款(資本門)-113計畫五、聚焦臨床轉譯與發展特色研究計畫 D0200共同儀器中心 奈米微流液相層析高解析質譜儀	21,041,700	
2	136101 其他設備	113-3407-001-2024151B-(113)教補款(資本門)-113計畫五、聚焦臨床轉譯與發展特色研究計畫 D0200共同儀器中心 奈米微流液相層析高解析質譜儀	37,500	
3	162101 電腦軟體	113-3407-001-2024151B-(113)教補款(資本門)-113計畫五、聚焦臨床轉譯與發展特色研究計畫 D0200共同儀器中心 奈米微流液相層析高解析質譜儀	920,800	
4	212401 應付設備款 立帳 台灣賽默飛世爾科技股份有限公司	D0200共同儀器中心 奈米微流液相層析高解析質譜儀		22,000,000
合計：			22,000,000	22,000,000