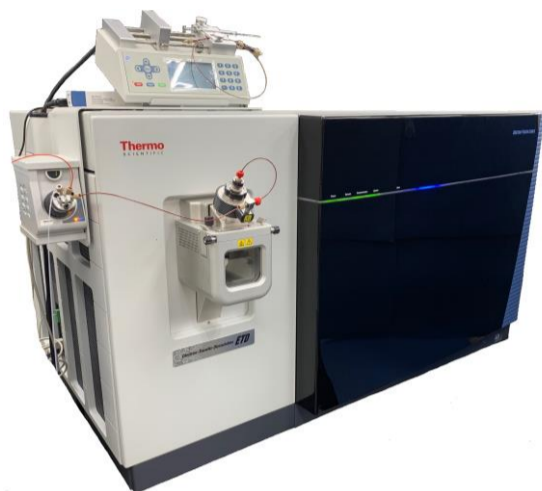


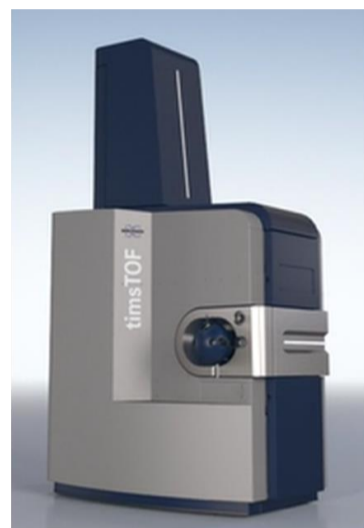
ペプチドマップ (全アミノ酸配列解析)

のご紹介

分析の流れ



Orbitrap Fusion Lumos (FT-MS)
(ThermoFisher Scientific)
高分解能、高分子量測定、ETD搭載



timsTOF Pro (Q-TOF)
(Bruker)
高分解能、高分子量測定
イオンモビリティ搭載

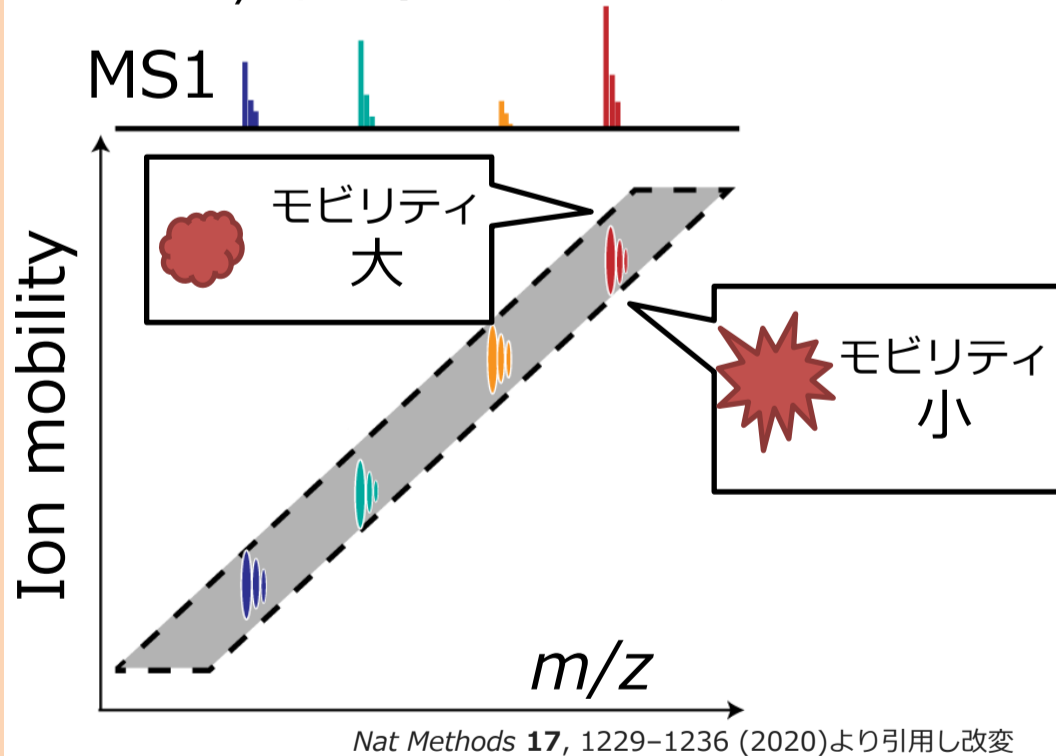


ZenoTOF 7600 (Q-TOF)
(AB SCIEX)
高分解能、EAD搭載

装置に搭載された機能の特徴

TIMS (Trapped Ion Mobility Spectrometry)

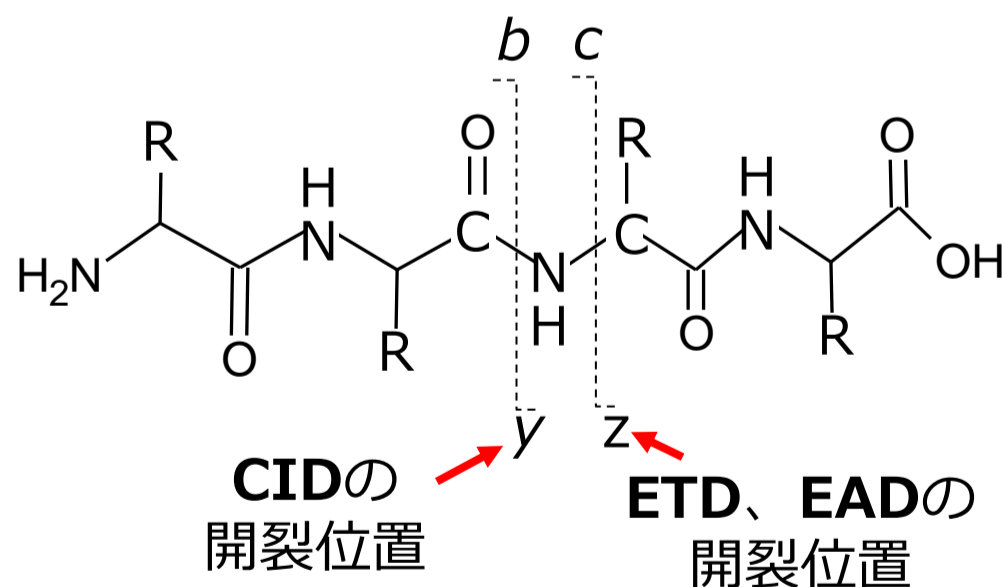
イオンの**かさ高さ**の違いを利用して同一の m/z 値を持つ分子を識別できる



- 構造異性体の分離が可能
- クリーンアップ効果により微量のペプチドを検出可能

EAD(電子励起解離) / ETD(電子移動解離)

ラジカル反応によりタンパク質を開裂させる。CIDとは開裂位置が異なる。



※反応効率にはCIDの方が高い

- 糖鎖などの修飾基が外れにくい
- CIDで識別できないアミノ酸を識別可能 (LeuとIle、AspとisoAsp等)

裏面では、分析結果をご報告する場合の内容や分析に必要な情報についてご紹介いたします

続きは
裏面へ

ペプチドマップ (全アミノ酸配列解析)

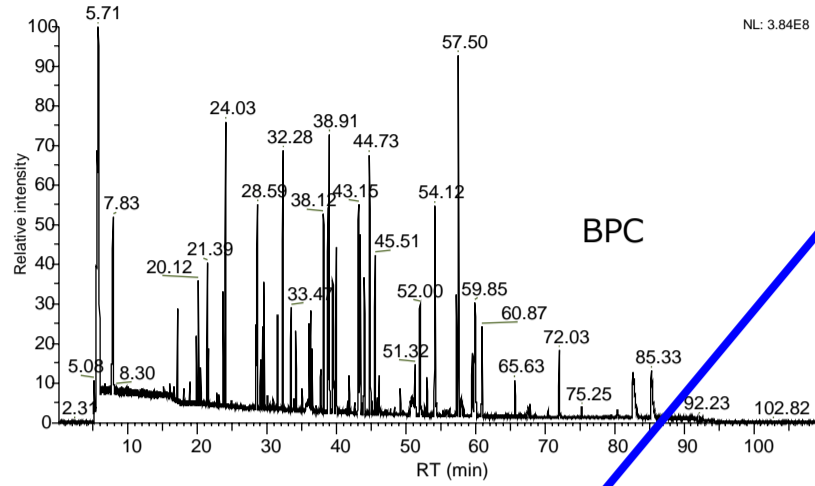
のご紹介

分析結果の例 (Orbitrap Fusion Lumos を使用)

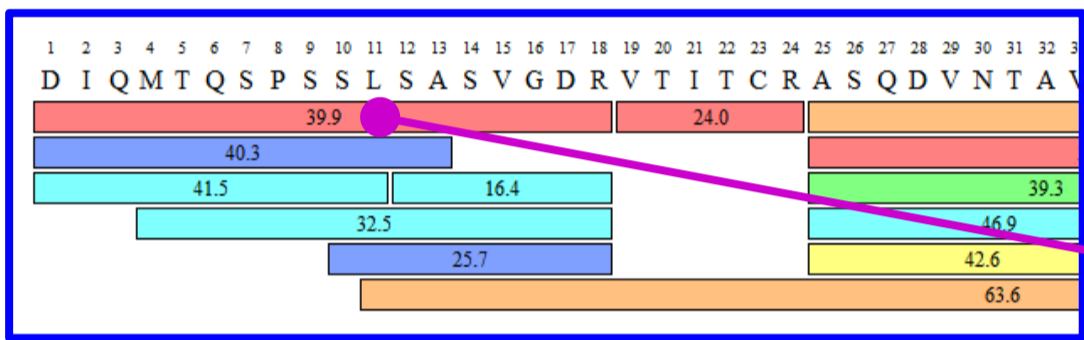
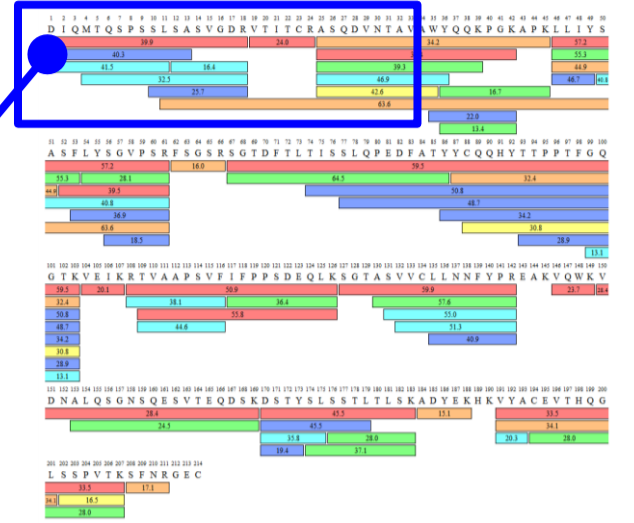


Orbitrap Fusion Lumos
(ThermoFisher Scientific)

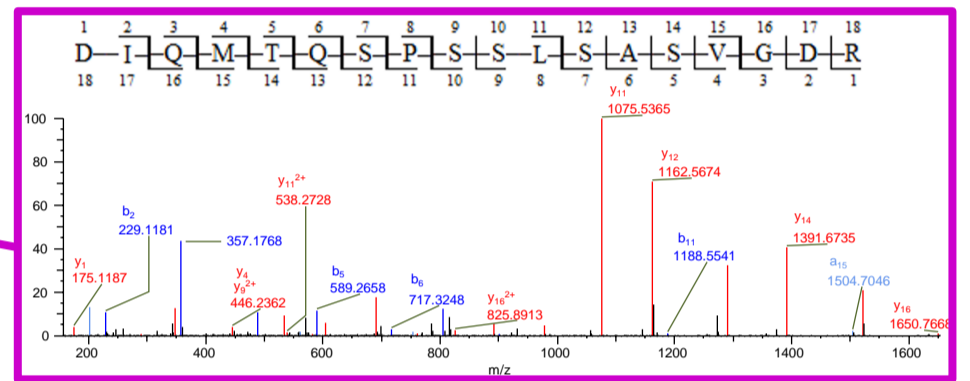
抗体医薬品 (Trastuzumab) のペプチドマップ



L鎖のカバレッジマップ



検出したペプチドでカバーできる配列が表示されます
様々な修飾を考慮した解析が可能です
配列のカバー率も同時に算出可能です



任意のペプチドのMS/MSスペクトルを確認することも可能です

ご報告の内容

基本的な内容

- ペプチドマップ
- カバレッジマップ (自動解析)
- 配列カバー率 (自動解析)

オプション

- 多試料のペプチドマップの拡大比較図
- 任意のペプチドのMS/MSスペクトル
- 各ピークの詳細解析結果 (自動解析、マニュアル解析)
- 配列に帰属できないピークの分取、プロテインシーケンサーによる配列解析結果
- 修飾されたペプチドの存在比 (MSのピーク面積に基づく)

詳細解析結果の例

Peak No.	Time (min)	Accurate mass	Error (ppm)	Position	Sequence
1	11.84	868.3498	-1.0	L 208-214	SFNRGEC
2	15.11	748.3902	-0.5	L 19-24	VITTCR
3	21.82	487.3006	-3.2	L 104-107	VEIK
4	23.65	2134.9614	-1	L 150-169	VDNALQSGNSQESVTEQDSK
5	25.41	2140.0735	0.7	L 189-207	HKVYACEVTHQG LSSPVTK
6	28.71	903.4814	-3.2	L 143-149	EAKVQWK
7	31.28	1874.9196	1	L 191-207	VYACEVTHQGLSS PVTK
8	34.71	2286.1757	-1	L 25-45	ASQDVNTAVAWY QQKPGKAPK
9	37.15	1989.9908	2	L 25-42	ASQDVNTAVAWY QQKPGK
10	37.44	575.3067	-3.4	L 146-149	VQWK
11	38.60	2676.2627	-0.6	L 146-169	VQWKVDNALQSG NSQESVTEQDSK

分析に必要な情報

- 試料数
- 分子量
- アミノ酸配列 (ペプチドマップ取得のみの場合は不要です)
- タンパク質の修飾の有無 (糖鎖, 薬物など)
- 試料の形態 (粉末, 液体など)
- 試料の溶媒 (又は可溶性溶媒)
- 試料に含まれる分析対象の純度
- タンパク質濃度

お問い合わせ先: 株式会社 東レリサーチセンター (URL: <https://www.toray-research.co.jp/>)

お問い合わせフォーム: <https://www.toray-research.co.jp/contact/>

