

JMS-S3000 Application Data

JMS-S3000 “SpiralTOF” TOF-TOF モードを用いた Bovine Serum Albumin の定性分析例

【はじめに】

JMS-S3000 “SpiralTOF”は、弊社独自の SpiralTOF 型イオン光学系を搭載した MALDI-TOFMS であるが (Fig.1 及び 2), これに TOF-TOF オプションを装着することで、高エネルギー衝突誘起解離 (高エネルギー CID)により生成したプロダクトイオンの観測が可能となる。TOF-TOF モードにおいてプリカーサーイオンを選択するために必要なイオンゲートは、イオン源から 15 m の位置にある。そのため JMS-S3000 “SpiralTOF”は、従来の MALDI-TOF-TOF に比べて高いプリカーサーイオン選択能を有している。

第二 TOF には、弊社独自の再加速機構とオフセットパラボリックリフレクトロンを採用しており、低質量のプロダクトイオンからプリカーサーイオンまで一度の測定で観測することが可能である。

また、SpiralTOF 型イオン光学系の扇形電場は MALDI-TOF 特有のポストソースディケイ由来のイオンを排除し、プロダクトイオンスペクトル上には高エネルギーCID 由来の開裂経路が優先的に観測される。

MSTips No.166¹⁾では、Bovine Serum Albumin (BSA) の Spiral モード及び Linear モードでの定性分析について紹介した。本 MSTips では、従来装置には無い種々の優れた特長を有する TOF-TOF モードを用いた BSA の定性分析例について報告する。



Fig.1 JMS-S3000 “SpiralTOF” with TOF-TOF attachment.

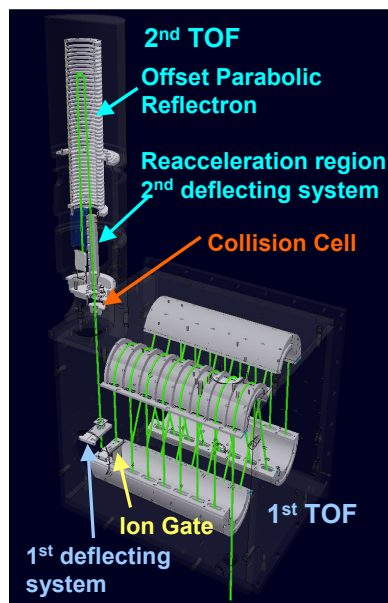


Fig.2 Ion trajectory of “SpiralTOF” and TOF-TOF attachment.

【測定と結果】

最初に BSA トリプシン消化物 (tBSA) を Spiral モードで測定した。測定は SpiralTOF の制御・測定プログラムである msTornado Control の自動測定機能を用いた。質量較正は Peptide 混合物による外部標準法を用いた。得られた MALDI マスペクトルにて MASCOT PMF 検索を行い、BSA が 1 位で同定される事を確認した。その際にマッチしたペプチドの質量誤差は 4 ppm (R.M.S.) と、極めて高い質量精度をもって PMF 検索が可能であった。

次に Spiral モードで得られた質量スペクトル中において、強度の高いイオン上位 10 本をプリカーサーイオンとして TOF-TOF 自動測定を実施した。得られた TOF-TOF スペクトルを用い、MASCOT MS/MS Ion Search 検索を行ったところ、Fig.3 に示すように BSA が 1 位で同定された。また Fig.4 には m/z 927.5, 1439.8, 1567.7 のプロダクトイオンスペクトルを示しているが、高エネルギー CID に特有の Immonium イオンや, a イオンシリーズ, d イオンシリーズ, w イオンシリーズなどが観測された。

JMS-S3000 Spiral モードでは、極めて高い質量精度をもって測定が可能であるため、タンパク質の同定を PMF 法で行う場合には、Peptide tolerance (許容誤差設定) の幅を ± 10 ppm と狭く設定しても、タンパク質の同定が行える。加えて種々の優れた特長を有する TOF-TOF モードを用いることで、MS/MS Ion Search 法によるタンパク質同定もまた可能である。

高い質量精度を活かした Spiral モード測定及び TOF-TOF モード測定を組み合わせることで、擬陽性が少なく信頼性の高い同定結果が得られるため、JMS-S3000 はタンパク質定性分析に対して極めて有効なツールと成り得る。

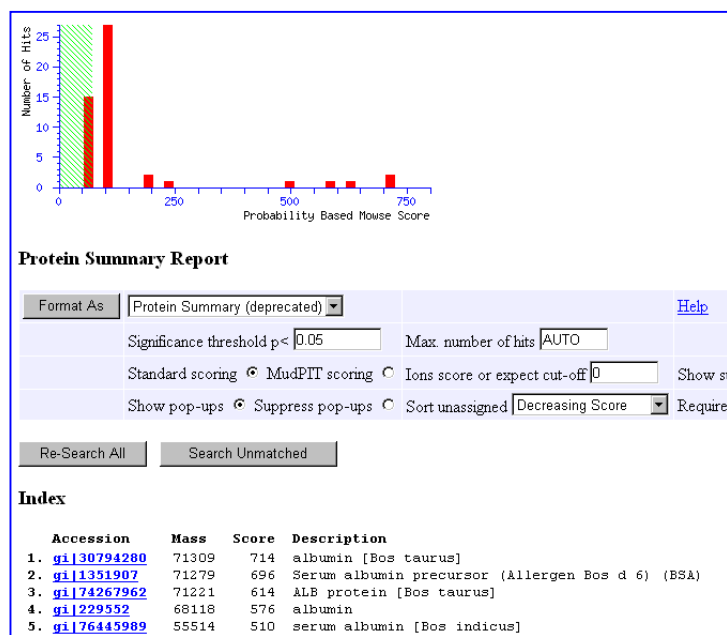


Fig.3 MASCOT MS/MS Ion search result of tBSA by TOF-TOF mode.

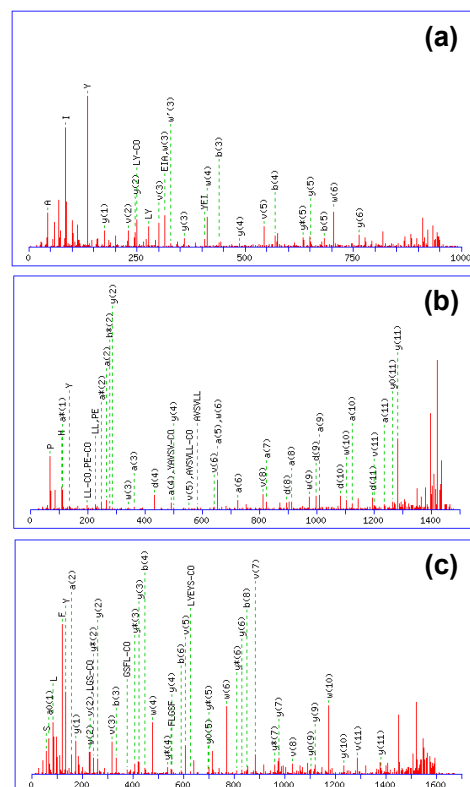


Fig.4 Product ion spectra of m/z 927.5 (a), 1439.8 (b) and 1567.7 (c).

【関連情報】

1) MSTips No.166, <http://www.jeol.co.jp/>