

## JMS-S3000 “SpiralTOF™”の紹介 ～Bovine Serum Albuminの分析～

関連製品: 質量分析計(MS)

### 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。弊社独自の卓越した技術により、限られた空間内に17 mのらせん状のイオン軌道を実現した。らせん軌道は、円筒電場の中に9枚のマツダプレートを組み込んだ階層状トロイダル電場4組により実現されている。イオン源で加速されたイオンは、4組の階層状トロイダル電場の各階層を順次通過し、検出器まで到達する。この長い飛行距離により、極めて高い分解能と質量確度を広い質量範囲で同時に実現する事を可能とした。

しかし、SpiralTOF光学系においても、飛行中に自発的に開裂してしまう極めて寿命の短いイオン(例:高分子量のタンパク質、多重にリン酸化されたペプチドなどのプロトン付加分子)が検出できない、という点に関しては、従来からのリフレクトロン型TOFMSと同様である。MALDI法の広い応用範囲を考えたとき、このような寿命の短いイオンを確実に検出する手段が必要である。このため、JMS-S3000には「リニアTOF」オプションが用意されている。

今回は、Spiralモードを用いた分析の一例としてBovine Serum Albumin(BSA)のトリプシン消化物の分析を、Linearモードを用いた分析の一例として、BSA(インタクト)の分析を紹介する。

### 測定と結果

BSAトリプシン消化物は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、マスキャリブレーションは、外部標準法を用いた。得られた結果をMASCOT PMF法にて検索を行い、BSAが1位でヒットして同定される事を確認した。検索に用いたBSAトリプシン消化物(消化前のタンパク質25 fmol相当)のマススペクトルを示す (Fig. 1)。その際にマッチしたペプチドの質量誤差は、3 ppm(R.M.S.)であった(Fig. 2)。

Linearモードを用いてBSAを測定した結果をFig.3に示す。BSAの一次構造から予想される $m/z$ の1価イオンと2価イオンのシグナルが得られる事を確認した。

### まとめ

Spiralモードによる測定では、高い質量確度のデータが得られる。ペプチド混合物の測定によりタンパク質をPMF法で同定する場合には、Peptide tolerance(許容誤差設定)の幅を±10 ppmと狭く設定した上でも、タンパク質の同定が行える。これは、擬陽性が少ない信頼性の高い同定結果が得られる事を意味する。

また、Linearモードを用いれば分子量の大きなタンパク質などの分子量を容易に決定する事が可能である。

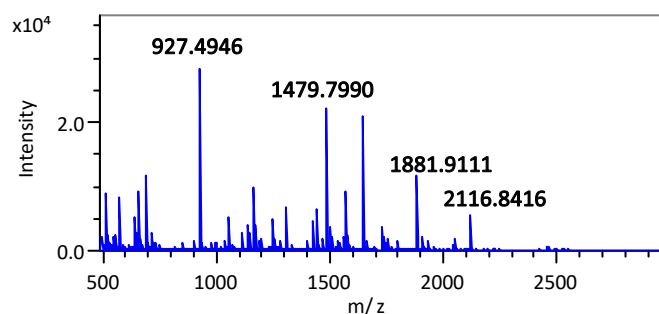


Fig. 1 Mass Spectrum of tBSA (25 fmol)

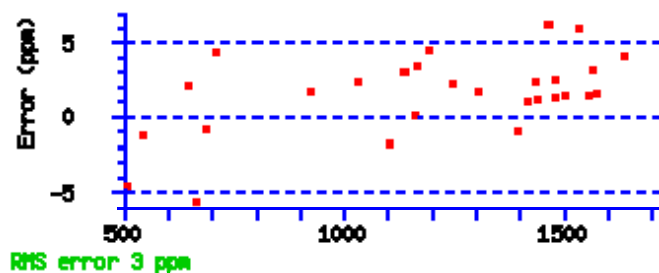


Fig. 2 RMS error of MASCOT search results

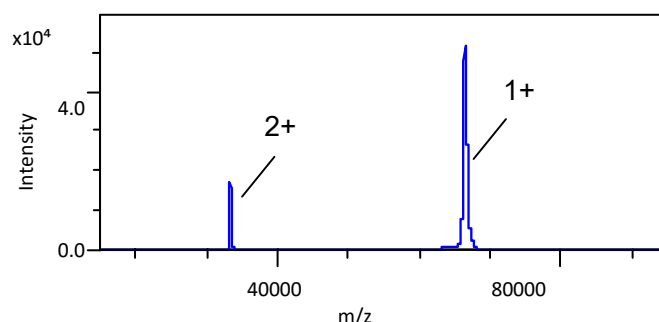


Fig. 3 Mass Spectrum of BSA (2.5 pmol)