



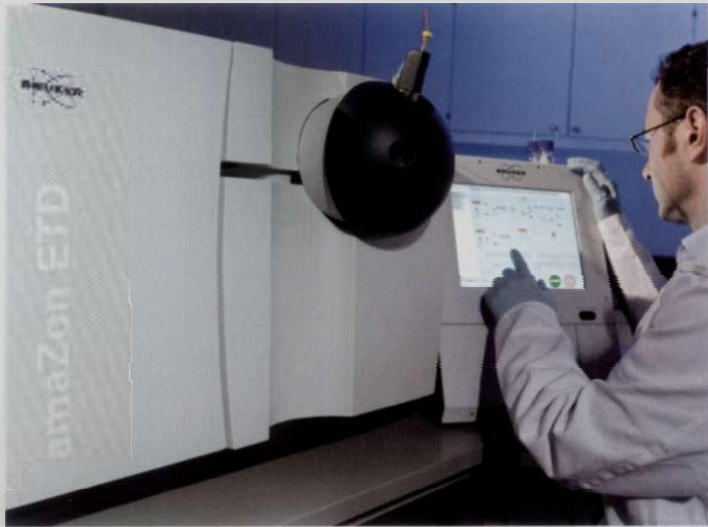
amaZon

- Новое поколение ионных ловушек

think forward

Ion-Trap MS

Высокотехнологичные инновации



Ионная ловушка amaZon – это совокупность наиболее успешных разработок фирмы Bruker Daltonics в области масс-спектрометрии. Компания Bruker занимает лидирующее положение в области создания ионных ловушек, включая сферические ионные ловушки высокой емкости со сверхбыстрым нелинейным выбросом ионов и ETD (диссоциация с переносом электрона). amaZon продолжает совершенствовать технологию ловушек для масс-спектрометрии, в первую очередь, за счет принципиальных инноваций и улучшения технических характеристик.

amaZon обеспечивает более высокое качество работы ионных ловушек, применяя целый набор новых технологий.

Огромный опыт работы компании Bruker с ионными ловушками позволил создать серию amaZon с улучшенными рабочими характеристиками:

- Ионная оптика на базе двойной воронки для непараллельного переноса ионов, определяющая увеличение чувствительности более чем на порядок.
- Непревзойденная скорость сканирования, 52000 а.е.м./сек при ширине пика в 0,58 Да, позволяет применить скоростную UHPLC (жидкостная хроматография ультравысокого давления).
- Разрешающая способность до 20000 FWHM при полном сканировании в интервале от 50 до 3 000 m/z и скорости сканирования 4600 а.е.м./сек, что важно для интерпретации ETD PTR (реакция протонного переноса) спектров в реальном времени LCMS (комбинация жидкостной хроматографии и масс-спектрометрии).
- Новейшая ETD/PTR технология для высокоэффективной, сверхнадежной и сверхчувствительной фрагментации пептидов и белков.
- Изменение полярности без задержки – высокоскоростное переключение ионной полярности без потери чувствительности и времени. Скорость сбора данных при масс-спектропии с комбинированной полярностью выше 20 Гц идеальна для разделения методом UHPLC.
- Доступ к специальным библиотекам MSⁿ amaZon представляет собой уникальный спектрометр для многоцелевого MS/MS скрининга.

Серия приборов amaZon выпускается в двух вариантах:

amaZon ETD для протеомики
amaZon X для определения низкомолекулярных соединений.

Серия amaZon, спроектированная для скрининга и идентификации соединений в области протеомики и метаболомики, является самой прогрессивной в настоящее время.

... Применяйте наши достижения для эффективного решения Ваших задач

Новый качественный уровень в любых исследованиях.

Протеомика:

- Наиболее эффективное определение белковой последовательности.
- Однозначная характеристика посттрансляционных модификаций (PTM).
- „Top-Down“ протеомика с самым эффективным перекрытием белковых последовательностей.
- Полный информационный поиск и сохранение данных с помощью специализированной биоинформатики.

Идентификация и количественный анализ метаболитов:

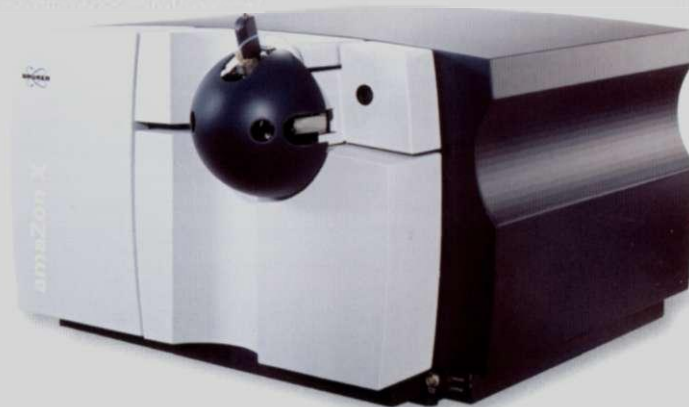
- Высочайшая скорость необходимая для определения многокомпонентных трудноразделяемых образцов.
- Интуитивно понятное программное обеспечение для предсказания метаболитов, дифференцированная хроматографическая и статистическая обработка метаболитических профилей.
- Достоверное количественное определение при высокой стабильности и максимальной чувствительности.

Скрининг:

- Целевое подтверждение на основе специальных библиотек MS/MS.
- Определение максимального количества целевых молекул с ультрабыстрым переключением полярности.
- Интуитивно понятные модули программного обеспечения для целевого анализа и количественного определения.
- Исключительно надежная рабочая конструкция.

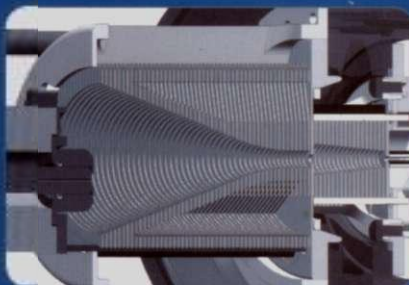
Общая химия:

- Непревзойденная гибкость анализа для всех MS и MSⁿ режимов.
- Широкие возможности выбора источников ионизации при атмосферном давлении (API).
- Исключительная надежность.
- Открытый доступ к программным ресурсам через интернет.



Последние технологические достижения:

Новая запатентованная двойная ионная воронка с высокой пропускной способностью (слева) обеспечивает уникальную чувствительность в любом эксперименте. Быстро сканирующий детектор последнего поколения (справа) оптимизирован для максимальной скорости сбора данных и определения масс.



Полная характеристика белков на масс-спектрометре amaZon ETD

Высокая чувствительность и скорость для идентификации большего количества белков

Rank	Protein Name	Accession	MW	pI	Score	Length	PSM	Protein
1	CMO_ECO24	60 kDa chaperonin - Escherichia coli	57.3	4.7	1523.7 (M1523.7)	30	732	74.99
2	EFU1_ECO24	Elongation factor Tu - Escherichia coli	42.3	5.2	1516.6 (M1516.6)	27	713	61.20
3	DMAL_ECO24	DNAase I - Escherichia coli	69.1	4.7	1510.0 (M1510.0)	28	617	61.29
4	OWMP_ECO24	Outer membrane protein P - Escherichia coli	59.3	4.6	1468.6 (M1468.6)	18	66.6	147.83
5	PHB_ECO24	Formate acetyltransferase I - Escherichia coli	85.3	5.6	1394.0 (M1394.0)	26	55.2	109.67
6	Y448_ECO24	Ferredoxin receptor protein - Escherichia coli	82.1	5.3	1323.4 (M1323.4)	26	57.6	55.29
7	Y489_ECO24	Maltose dehydrogenase - Escherichia coli	32.3	5.5	1253.0 (M1253.0)	1	67.9	66.26
8	Y491_ECO24	Phosphoglycerate kinase - Escherichia coli	41.1	4.9	1065.0 (M1065.0)	15	60.5	73.91
9	Y492_ECO24	ATP synthase subunit epsilon - Escherichia coli	50.3	4.8	1023.0 (M1023.0)	24	66.5	163.97
10	Y493_ECO24	Outer membrane protein A - Escherichia coli	37.2	4.0	983.5 (M983.5)	16	54.0	60.74
11	Y494_ECO24	Fumarate dehydratase - Escherichia coli	99.6	5.4	971.4 (M971.4)	25	65.1	60.79

472 белка из 5 нг гидролизата *E. Coli* (FDR 1.5%)

Rank	Protein Name	Accession	MW	pI	Score	Length	PSM	Protein
1	Y495_ECO24	Phenylalanyl-tRNA synthetase - Escherichia coli	51.2	5.8	953.0 (M953.0)	2	1.0	60.10
2	Y496_ECO24	330 protein - Escherichia coli	32.0	5.0	283.0 (M283.0)	2	1.0	102.12
3	Y497_ECO24	Malate dehydrogenase - Escherichia coli	36.3	5.2	283.0 (M283.0)	2	1.0	64.23
4	Y498_ECO24	Phosphatase 1.7 - Escherichia coli	23.2	4.8	283.0 (M283.0)	1	1.0	26.58
5	Y499_ECO24	Acetylcholinesterase - Escherichia coli	60.2	5.2	279.0 (M279.0)	2	9.0	54.70
6	Y500_ECO24	Glycylglycyl-L-prolyl-L-alanine - Escherichia coli	30.8	5.8	279.0 (M279.0)	2	9.0	240.82
7	Y501_ECO24	Carbonyl sulfide lyase - Escherichia coli	38.0	4.3	277.0 (M277.0)	2	44.4	53.69
8	Y502_ECO24	Uncharacterized protein yjgM - Escherichia coli	22.1	5.0	276.0 (M276.0)	2	36.5	54.92
9	Y503_ECO24	Phenylalanyl-tRNA synthetase - Escherichia coli	51.2	5.8	273.0 (M273.0)	1	13.3	97.25
10	Y504_ECO24	Uncharacterized protein yjgM - Escherichia coli	22.1	5.0	273.0 (M273.0)	1	6.3	50.00

Идентифицированные пептиды из образца №6

Rank	Protein Name	Accession	MW	pI	Score	Length	PSM	Protein
1	Y495_ECO24	Phenylalanyl-tRNA synthetase - Escherichia coli	51.2	5.8	953.0 (M953.0)	2	1.0	60.10
2	Y496_ECO24	330 protein - Escherichia coli	32.0	5.0	283.0 (M283.0)	2	1.0	102.12
3	Y497_ECO24	Malate dehydrogenase - Escherichia coli	36.3	5.2	283.0 (M283.0)	2	1.0	64.23
4	Y498_ECO24	Phosphatase 1.7 - Escherichia coli	23.2	4.8	283.0 (M283.0)	1	1.0	26.58
5	Y499_ECO24	Acetylcholinesterase - Escherichia coli	60.2	5.2	279.0 (M279.0)	2	9.0	54.70
6	Y500_ECO24	Glycylglycyl-L-prolyl-L-alanine - Escherichia coli	30.8	5.8	279.0 (M279.0)	2	9.0	240.82
7	Y501_ECO24	Carbonyl sulfide lyase - Escherichia coli	38.0	4.3	277.0 (M277.0)	2	44.4	53.69
8	Y502_ECO24	Uncharacterized protein yjgM - Escherichia coli	22.1	5.0	276.0 (M276.0)	2	36.5	54.92
9	Y503_ECO24	Phenylalanyl-tRNA synthetase - Escherichia coli	51.2	5.8	273.0 (M273.0)	1	13.3	97.25
10	Y504_ECO24	Uncharacterized protein yjgM - Escherichia coli	22.1	5.0	273.0 (M273.0)	1	6.3	50.00

Перекрывание последовательностей образца №6



Список пептидов, идентифицированных из 5 нг лизата клеток *E. Coli* с FDR 1,5%. 472 белка были найдены в базе данных Mascot (Macot Mudpit scoring, „require bold red“, SwissProt 56.1, *E. Coli*, FDR 1.5%). В нижней части рисунка показаны пептиды, определенные в образце №6 и их последовательности. Внизу приведен MS/MS спектр одного из определенных пептидов.

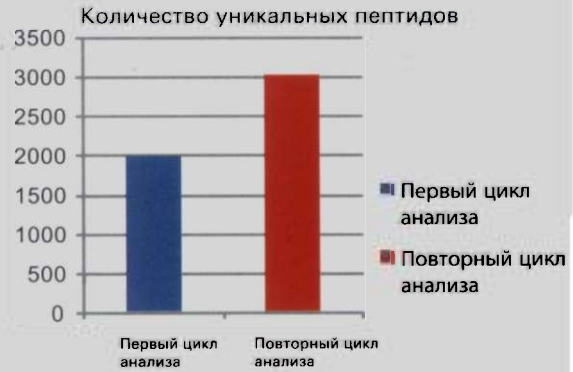
Увеличение числа определенных пептидов после повторного анализа. Все пептиды, определенные в первом цикле анализа, были внесены в исключающий список для того, чтобы определить пептиды с еще более низкой концентрацией в повторном цикле анализа.

Масс-спектрометр amaZon ETD сконструирован для проведения самых сложных анализов белков. amaZon ETD обеспечивает эффективную работу ионной ловушки с высокой скоростью сбора данных для максимального количества MS/MS спектров и ETD/PTR самого последнего поколения, а также чувствительности, которая на порядок выше, чем у обычной ионной ловушки.

Надежная идентификация белков в пробах с низким содержанием вещества

Высокая чувствительность и скорость MS/MS анализа amaZon ETD позволяет определить максимальное количество белков в сложных белковых смесях. Более 470 белков может быть достоверно определено (с FDR 1,5%) за один 90-минутный цикл LC-autoMS/MS пробы, содержащей только 5 нг лизата клеток *E. Coli*. Высокая чувствительность amaZon позволяет пользователю подвергать MS/MS анализу даже следовые количества пептидов. На этом примере показано, что приблизительно 2000 уникальных пептидов с достоверностью > 25 было определено на amaZon ETD за один цикл анализа 50 нг фрагментированного образца клеток *E. Coli*. Эти 2000 пептидов были исключены из дальнейшего анализа, и еще 1000 минорных пептидов было определено при повторном введении той же пробы.

Определение пептидов низкой концентрации



● Новейшие достижения для анализа белков

Характеристика пост-трансляционных модификаций

Подробная характеристика белков комбинацией методов Bottom-up и Top-Down

ETD/PTR интактных белков

amaZon ETD, оборудованный ячейкой CID и современным модулем ETD/PTR, дает возможность анализа интактных белков методом Top-Down и их детального описания с помощью Bottom-up подхода. amaZon ETD обеспечивает ширину пика менее 0,1 единицы для многозарядных ионов при высокой скорости сканирования (4600 ед./сек), что позволяет получать высокоточные данные и достоверно идентифицировать белки. Широкий диапазон до 3000 m/z дает возможность идентифицировать максимальное количество белковых фрагментов, что приводит к наиболее полному определению белковой последовательности при помощи ионной ловушки.

ETD анализ модифицированных пептидов

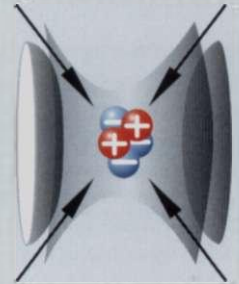
amaZon ETD определяет место любой белковой модификации. Даже многочисленные модификации белков и пептидов определяются одновременно.

Идентификация интактного белка с высоким разрешением на amaZon. На вставке показано точное определение массы (R=21500) трехзарядного иона-предшественника интактного убиквитина (молекулярная масса 8565 Да). ETD/PTR в режиме максимального разрешения SNAP II™ определяет фрагментационные ионы с зарядом до 6+. Технология распознавания пиков (SNAPII™), запатентованная фирмой Bruker, надежно определяет массы моноизотопных фрагментов. Полная последовательность убиквитина определяется после деконволюции (см. ниже результат Mascot).

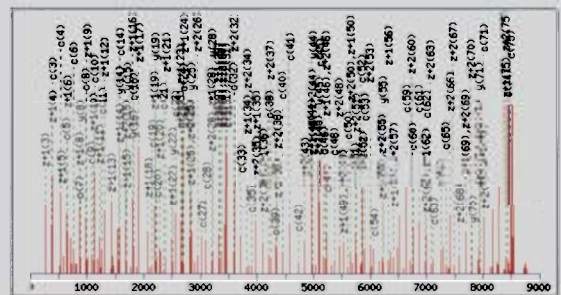
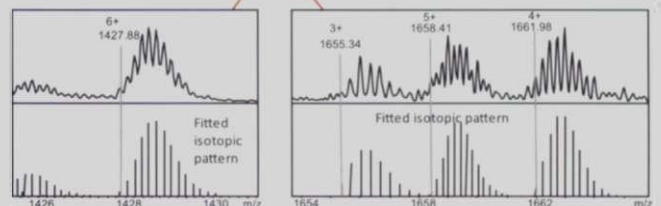
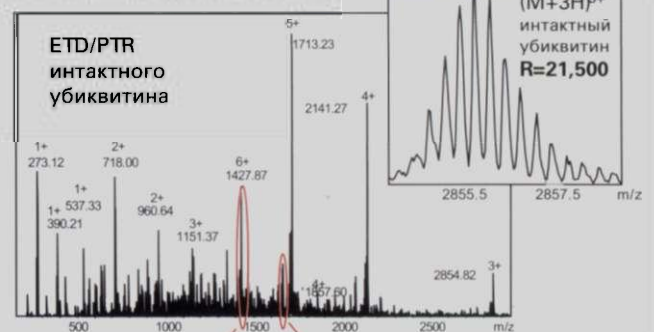
Сферические ионные ловушки лучше всего подходят для ETD/PTR

- Прямая диссоциация с помощью переноса электронов (ETD) как только анионы попадают в ловушку.
- Катионы и анионы сжаты в одном и том же сферическом объеме в центре ловушки. Максимальное взаимодействие между ионами дает высокоэффективную фрагментацию ETD.

Концентрация ионов



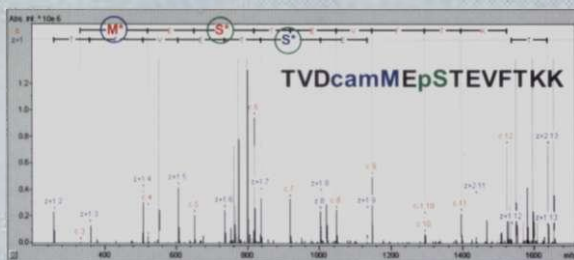
Top-Down анализ интактных белков



Molecular weight of neutral peptide Mr(calc): 8559.6167
 Ions Score: 376 Expect: 5.5e-033

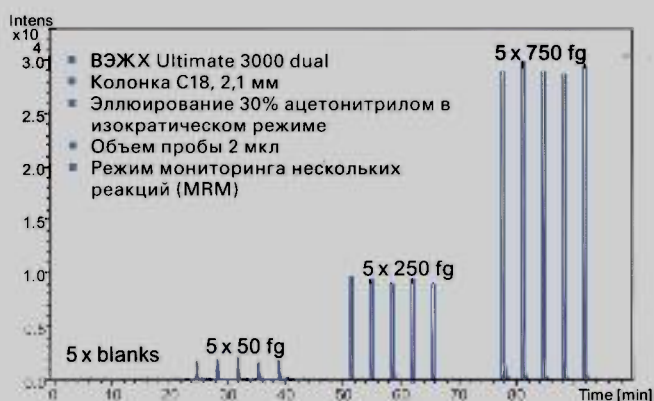
ETD-MS/MS спектр (M + 3H)³⁺ пептида, полученного ферментативным гидролизом с последующей наножидкостной хроматографией в течение 11,8 мин. Карбамидометилирование метионина (M156), похожее на природное фосфорилирование по S158, было обнаружено.

Нецелевое определение белковых модификаций



Определение низкомолекулярных соединений на масс-спектрометре amaZon X

Несравненная чувствительность



Многочисленное инжектирование резерпина в количестве от 50 до 750 фемтограмм. Самое малое количество (50 фг) дает соотношение сигнал/шум около 40 : 1.

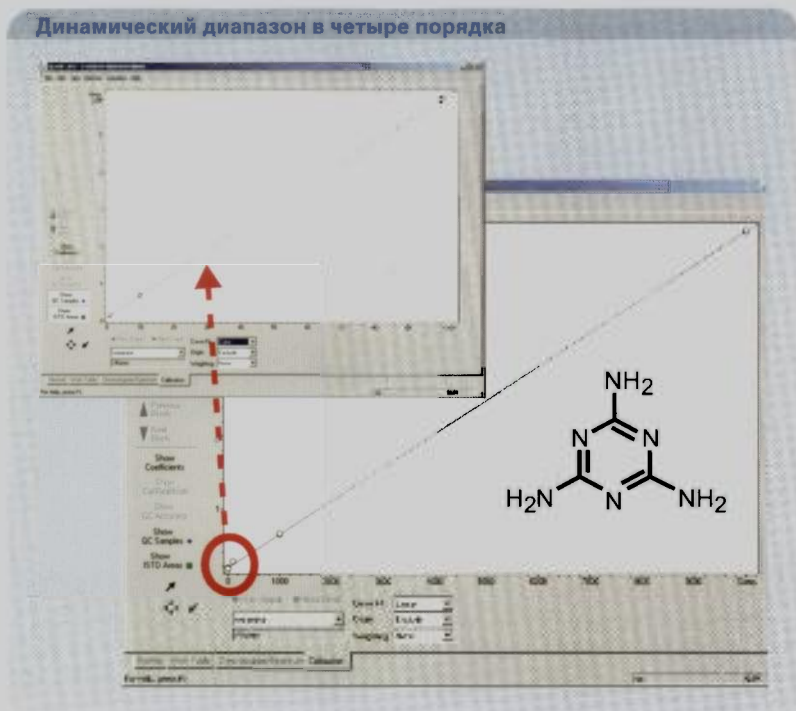
Исключительная чувствительность достигается с помощью новой технологии ионной воронки

amaZon X наиболее быстродействующий и наиболее чувствительный MS и MSⁿ спектрометр для подробнейшей характеристики новых химических веществ, метаболитов, продуктов синтеза и других небольших молекул. Сверхмалые количества образца можно анализировать с прекрасным соотношением сигнал/шум и отличной воспроизводимостью.

Высокий динамический диапазон при количественном анализе

amaZon X может анализировать пробы, концентрации которых различаются по меньшей мере на четыре порядка. Успешные измерения концентрации на amaZon X возможны даже при низком диапазоне ppb. Примером линейного динамического интервала прибора может служить анализ примесей в пищевых и фармацевтических продуктах.

Динамический диапазон в четыре порядка



Анализ меланина в динамическом интервале от 1 ppb до 10 ppb (количество образца отличается на четыре порядка). Время анализа составило 5 мин на жидкостном хроматографе Dionex ultimate 3000™ с использованием колонки Acclaim Mix-Mode Wax-1 (2,1x150 мм, 5 мкм) при 30°C в режиме HILIC (жидкостная хроматография гидрофильных взаимодействий). 10 мкл пробы было введено при скорости потока 300 мкл/мин. Прекрасная линейность результатов представлена на рисунке.

