

Оптимизация масс-спектрометра MALDI-TOF для регистрации фрагментных ионов пептидов

Ашкарин И.Н.

Международный томографический центр СО РАН, г. Новосибирск
Новосибирский государственный университет

Метод матрично-активированной лазерной десорбции/ионизации (MALDI) применяется при исследовании большого числа высокомолекулярных соединений. Метод позволяет переводить сложные нелетучие вещества в газовую фазу и ионизовать их, избегая фрагментации. Наиболее часто MALDI используется в сочетании с времяпролетным масс-анализатором (TOF). Особый интерес для задач протеомики представляют исследования пептидов и белков. Использование масс-спектрометра MALDI-TOF в этих исследованиях позволяет достигнуть высокой точности идентификации соединений массой в несколько десятков тысяч Дальтон.

В режиме регистрации фрагментных ионов масс-спектрометр MALDI-TOF позволяет проводить диссоциацию выбранных ионов, что играет особую роль для определения первичной структуры исследуемых пептидов и белков. Фрагментация иона в большинстве случаев происходит вследствие разрыва пептидной связи, при этом разница между пиками фрагментных ионов будет совпадать с одной из 20 базовых аминокислот.

Целью данной работы являлась оптимизация параметров масс-спектрометра MALDI-TOF направленная на увеличение разрешения и повышение точности в получаемых спектрах, а также на уменьшение влияния погрешностей при секвенировании полипептидов. Многопараметрическая оптимизация масс-спектрометра проводилась по набору известных пептидов в диапазоне масс от 500 до 4000 Дальтон.

В результате работы определены оптимальные параметры для ряда узлов масс-спектрометра: ускоряющих и замедляющих высоковольтных пластин, систем выделения ионов для фрагментации, триггерных систем. Проведенная оптимизация позволила существенно увеличить разрешение прибора, сделав возможной качественную регистрацию фрагментных ионов пептидов и идентификацию неизвестного пептида массой около 1500 Дальтон.

Научный руководитель – канд. физ.-мат. наук В. В. Яньшолё