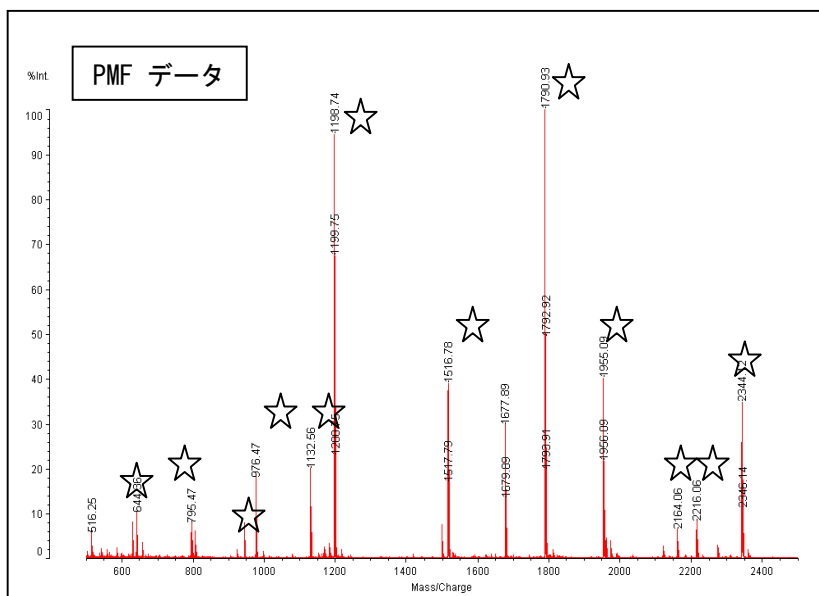


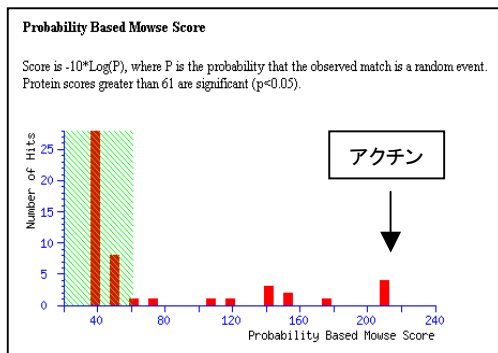
ライブラリサーチによるタンパク質の同定
—Seamless PSD測定によるMS-Tag法の活用—

試料提供: 新潟薬科大学応用生命科学部 応用微生物学
遺伝子工学研究室 梨本先生

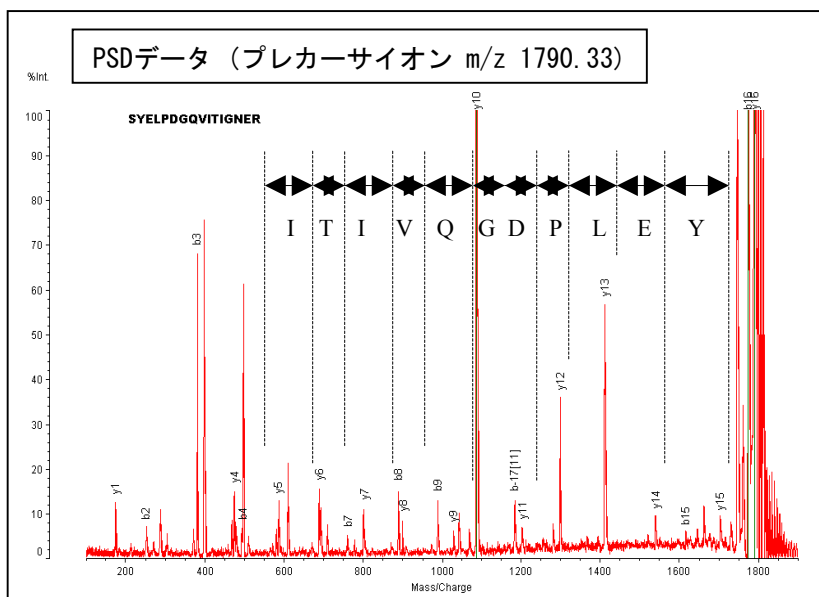


MALDI-TOFMS (AXIMA-CFR) スペクトル

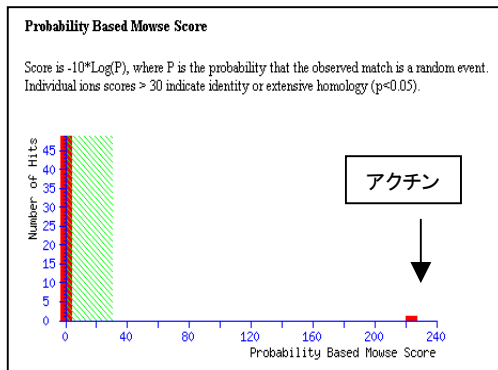
☆印のピークから分析対象はヒト由来アクチンと同定できました。また、PSDによるMS/MS分析から全16アミノ酸の内、11アミノ酸について、配列を確認できました。AXIMA-CFRの高精度解析能力はタンパク質研究のソリューションを提供します。



MSデータからのライブラリサーチ結果(PMF法)



MALDI-TOFMS (AXIMA-CFR) スペクトル



MS/MSデータからのライブラリサーチ結果 (MS-Tag法)