**CORE FACILITIES**

**MASPROT (*MASs spectometry and PROTein Research*)**

O CEFAP está implantando diversas plataformas para análises proteômicas e de biomoléculas. Entre os equipamentos, estão:

1- Sistema NanoLC-MS/MS - Espectrômetro de massas modelo LTQ Orbitrap Velos com módulo ETD (Electron Transfer Dissociation), marca Thermo Scientific;

2- Sistema LC-MS/MS - Espectrômetro de massas triplo quadrupolo modelo TSQ Quantum Access, marca Thermo Scientific;

3- Sistema MALDI TOF/TOF - Espectrômetro de massas Autoflex Speed, marca Bruker Daltonics;

4- Sistema de ressonância de superfície plasmônica Biacore 3000, marca GE.

**TEXTO QUE NÃO DEVE SER COLOCADO NO SITE:**

**1 - LC/MS/MSn LTQ Orbitrap Velos - Espectrômetro de massas LTQ Orbitrap (Thermo Scientific)**

**http://www.thermoscientific.com/ecomm/servlet/productsdetail\_11152\_L10684\_87170\_13133059\_-1**



O espectrômetro de massas LTQ Orbitrap permite a mensuração precisa de massas com alta resolução, tratando-se de uma plataforma para a identificação de proteínas e metabólitos, caracterização e quantificação, com alta precisão e acurácia.

* Características gerais:

- Permite identificar tanto proteínas intactas como as enzimaticamente digeridas

- Permite encontrar proteínas que sofreram modificação química e identificar o tipo e localização da modificação pós-traducional

- Possui sensibilidade sub-fentomol

- Rápidas taxas de aquisição

- Vários modos de ionização, de entrada e soluções cromatográficas

* Análise de moléculas pequenas:

- Excepcional qualidade de MSn espectral e informação precisa de massa

- Aquisição de dados dependente com dinâmica de exclusão

- Rotina de alta resolução, alta qualidade de análise MSn para sequenciamento de peptídeos

- Ampla faixa dinâmica e alta sensibilidade para a identificação segura dos componentes em matrizes complexas

A aquisição automatizada de dados dependentes de MSn com a análise precisa de massa pode ser facilmente combinada com uma rápida análise por LC/MS. O espectro exato de massa MS, normalmente registrado em resolução de 60.000, é usado para disparar subsequentes análises de massa MSn acuradas. Até três *scans* MSn podem ser realizados por segundo, produzindo informação sem precedentes para a identificação de traços de espécies em misturas complexas. A alta resolução e a precisão da massa com a calibração externa são usadas ​​para confirmar rapidamente e com confiança as atribuições elementares.

**2 - GC/MS - Espectrômetro de massas triploquadrupolo modelo TSQ Quantum Access (Thermo Scientific)**

 

Com base na performance comprovada da plataforma Quantum TSQ, este espectrofotômetro define o ponto de referência para sensibilidade e especificidade. Vantagens tecnológicas inovadoras, tais como monitoramento de reação altamente seletiva (*Highly Selective Reaction monitoring*, H-SRM) e espectrometria de alta mobilidade iônica em campo assimétrico (*high-Field Asymmetric Ion Mobility Spectrometry*, FAIMS), anteriormente disponíveis apenas em espectrômetros de massa em *tandem* avançados, são recursos disponíveis do Access. Ele possui características que permitem a análise quantitativa e qualitativa simultâneas.

* Características gerais:

- Maior sensibilidade e robustez

- Faixa de massa até m/z 3000

- Velocidade de scan de até 5000 u/s

- Ângulo de pulverização ideal de 60 graus para melhor sensibilidade e robustez

- Sondas de ionização ESI e APCI intercambiáveis

- Selecionável entre GC/MS e LC/MS

* Analizador de massas triplo quadrupolo:

- Faixa de massa de10–3000 daltons (Da)

- Célula de colisão quadrupolo quadrado de alta eficiência com 90°

- Pressão de gás CID programável através de software

- Seleção de pico de largura variável em todos os modos de varredura

* Funções do *scan*:

*- Full-scan* MS em Q1 ou Q3

*- Selected Ion Monitoring* (SIM) em Q1 ou Q3

*- Selected Reaction Monitoring* (SRM)

*- Product Ion Scanning*

*- Precursor Ion Scanning*

*- Neutral Loss Scanning*

*- QED-MS/MS scanning*

*- Reversed Energy Ramp* (RER) *scanning*

*- Highly Selective Reaction Monitoring* (H-SRM)

* Aquisição:

- Processamento de sinal digital de alta velocidade em tempo real que elimina ruído de alta frequência

- Taxa de amostragem digital de até 195.000 amostras por segundo

*- High-resolution centroiding*

* Sistema de detecção:

- Sistema de detecção patenteado que usa uma comutação rápida (> 95 ms) de conversão dinodo pós-aceleração com ± 15 kV de tensão aplicada

- Multiplicador contínuo de elétrons dinodo *off-axis* com crescente gama dinâmica

- Sistema integrado de multiplicador de elétrons que elimina a emissão de campo e ruído no microfone

* Sistema de Vácuo:

- Bombeamento molecular turbo com monobloco (*close-coupled*) com tripla entrada

- Quatro estágios de bombeamento que proporciona vácuo ótimo ao longo do analisador LC/MS/MS

- Bomba mecânica simples

**3 - MALDI-TOF TOF/TOF System - Espectrômetro de massas Autoflex Speed (Bruker Daltonics)**



O espectrômetro de massas Autoflex Speed utiliza um laser de 1 kHz SmartBeam™-II, tem um extenso poder de resolução (R>26.000) e acurácia de massa (≤ 2 ppm) usando as tecnologias PAN™ e FlashDetector™, com um digitalizador de 4 Gs/s.

* Características gerais:

- Possui uma extensa capacidade de detecção de massa para lidar com proteínas intactas, peptídeos e moléculas, tais como polímeros de grandes dimensões (> 500 kDa).

- Proporciona o sequenciamento de proteínas rico em informações, com a análise direta das porções N- e C-terminais de proteínas e peptídeos.

- Permite a geração de imagens de moléculas individuais em secções de tecidos. Também pode ser utilizado para monitorizar a distribuição de lípideos, drogas ou seus metabólitos no tecido sem a necessidade de marcações.

- Análise de glicoproteínas e glicanos. Identificação de sequências de agliconas, localização de sítios de glicosilação e atribuição de estruturas de glicano a partir de digestão com tripsina.

- Análise de lipídeos e identificação de microorganismos

**4 - Sistema de ressonância de superfície plasmônica Biacore 3000 (GE)**



Recupera e caracteriza interações usando uma interface com espectrômetro de massa/Maldi-MS.  
Elucida mecanismos de doenças pela caracterização das interações de proteínas nativas ou recombinantes.

Define moléculas com potencial de drogas alvo e marcadores de diagnóstico.

**5 - Sistema de cromatografia líquida de alta eficiência SHIMADZU PROMINENCE (Shimadzu).**

Laboratório de análise de biomoléculas e proteômica - LABPROT

PROTEomics and INteractions laboratory - PROTEIN

PROTeomics and biomolecular INteractions laboratory - PREBIO

PROTeomics E INteractions Analysis laboratory - PROTEINA

PRotein Interactions and MAss spectrometry laboratory - PRIMA

PRotein characterization, Interactions and Mass spectrometry laboratory - PROCIMA

PROTeomics and interactions between biomolecules laboratory

Proteomics and spectrometry characterization and analysis Laboratory - PROT-SCAN

PRotein characterization and Interactions Analysis laboratory - PROCIAL

Laboratório de caracterização e análise de interações entre proteínas - LaCAIP

Characterization and analysis of interactions between proteins Laboratory - CAIP

Protein Interactions analysis and caracterization Laboratory - PIACL

Biomolecular interaction analysis and caracterization Laboratory - BIACAL

Protein and biomolecules interactions analysis laboratory - PROBIAL

Mass spectrometry and biomolecules interactions analysis laboratory - MasBIAL

Mass spectrometry and interactions between biomolecules laboratory - MaSIBL

Liquid and Mass spectrometry Analysis laboratory - LIMASAL

Characterization and analysis of biomolecules interactions Laboratory - CANBIL

Spectrometry and interactions between biomolecules research - SIBIO