

A

# 线性离子阱-傅立叶变换离子回旋共振质谱的结构原理及在蛋白质组学研究中的应用

@卞利萍\$北京绿绵科技有限公司!北京100080 @张洪杰\$中国科学院生物物理所!北京100101

收稿日期 2005-2-24 修回日期 网络版发布日期:

**摘要** 介绍了线性离子阱-傅立叶变换离子回旋共振质谱(LTQ-FT-MS)的结构和特点,并以美国热电集团的LTQ-FT-MS为例,介绍了该仪器在蛋白质组学研究中的应用。LTQ-FT-MS将液相色谱-质谱技术联用,将测量精度提高到1~2μg/g,可以显著提高全新肽链测序的确定性。FT-MS可通过电子捕获解离技术对天然蛋白质的结构进行鉴定;还可用于蛋白质分子的“由上而下”的多级质谱分析,对高度同源的蛋白质序列进行鉴定。

**关键词** [线性离子阱-傅立叶变换回旋共振质谱\(LTQ-FT-MS\)](#) [蛋白质组学](#) [蛋白质鉴定](#)

**分类号** [O657.63](#) [Q51](#)

## Structural Principle of the Linear Ion Trap-Fourier Transform Ion Cyclotron Resonance Mass Spectrometry and Its Application in Proteomics

LIAN Li -ping~1, ZHANG Hong-jie~

**Abstract** The structural principle of the linear ion trap-Fourier transform ion cyclotron resonance mass spectrometry(LTQ-FT-MS)was introduced using the LTQ-FT-MS produced by Thermo Corporation as an example.Also its application in proteomics was introduced briefly.Using liquid chromatographymass spectrometry(LC-MS) coupling technique,LTQ-FT-MS could provide high measure accuracy,routinely at 1-2 μg/g,which could significantly enhance the validation of peptide identification.This FT-MS could use electron capture dissociation technique,getting more information in structural identification.The top-down multiple mass spectrometer analysis of protein molecules could also be applied,which could identify some protein sequence from high homogeneity family.

**Key words** [linear ion trap-Fourier transform ion cyclotron resonance mass spectrometry](#) [proteomics](#) [protein identification](#)

DOI

通讯作者

### 扩展功能

#### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [\[PDF全文\]\(698KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

#### 服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

#### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“线性离子阱-傅立叶变换回旋共振质谱\(LTQ-FT-MS\)”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)