

“创刊30周年”专栏

行波离子迁移质谱技术在蛋白质结构研究中的应用

贾伟; 赵焱; 钱小红

蛋白质组学国家重点实验室, 北京蛋白质组研究中心, 军事医学科学院放射与辐射医学研究所, 北京 102206

收稿日期 修回日期 网络版发布日期:

摘要 离子迁移 (ion mobility) 是一种在分子离子化后, 非溶液环境下的分离技术。与依靠离子质量与电荷比进行分离的质谱技术不同, 离子迁移是根据离子形状与电荷比实现分离的。因此, 离子迁移技术可以实现对质量相同而形状不同的离子分离, 其与质谱技术联用可为研究者提供更加丰富的结构信息。最新发展的行波离子迁移技术大大提高了灵敏度和分离速度, 适用于研究天然浓度条件下的蛋白质, 其在蛋白质单体折叠与去折叠以及蛋白复合物亚基组装的研究中已崭露头角。

关键词 [离子迁移](#) [行波离子迁移谱](#) [蛋白折叠](#) [蛋白四级结构](#)

分类号

The Application of Travelling Wave Ion Mobility-Mass Spectrometry in Protein Structure Research

JIA Wei ; ZHAO Yan; QIAN Xi ao-hong

State Key Laboratory of Proteomics, Beijing Proteome Research Center, Beijing Institute of Radiation Medicine, Beijing 102206, China

Abstract Different from mass spectrometry, whose separation is depended on the mass to charge, the ion mobility spectrometry(IMS) separate gaseous ions based on their size and shape. Thus the combination of IMS and MS can provide more information of protein structure. The travelling wave ion mobility spectrometry(TWIMS) is a new member of IMS family with good sensitivity and quick analysis rate. TWIMS-MS is suitable for analyzing the large molecular structure at biological concentration and within biological timescales, and its applications of protein complex structure and protein folding progress research have been paid great attention.

Key words [ion mobility](#) [travelling wave ion mobility spectrometry](#) [protein folding](#) [quaternary structure of protein](#)

DOI

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [\[PDF全文\]\(172KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“离子迁移”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [贾伟](#)
- [赵焱](#)
- [钱小红](#)