



圧倒的な高分解能 SELECT SERIES™ MRT



Waters™

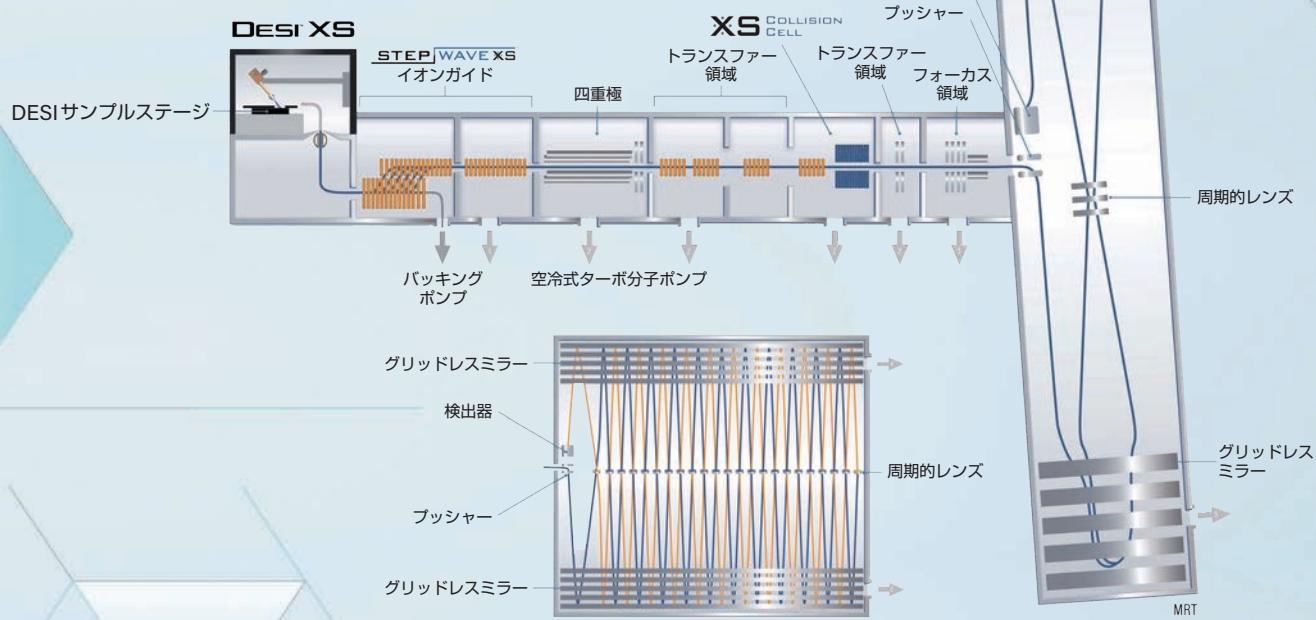
マルチリフレクション飛行時間技術を搭載

- 最先端のマルチリフレクション飛行時間技術を搭載しました
- ppb (1/1000 ppm) オーダーの質量精度で安定したルーチン分析を実現
- 複雑な混合物のスペクトルでも超高分解能な質量スペクトルにより正確な組成解析を実現
- 取り込みレートは 10 Hz 以上
- データファイルを圧縮することでデータアーカイブの簡素化と迅速なデータ解析を実現 (標準的なファイルサイズ 180 MB/hr)
- Resolution Enhancement Mode(REM)により分解能は最大 300,000 を実現



最新のイオン光学系

イオンの飛行経路は 50m
従来と同等の迅速なデータ取得を実現



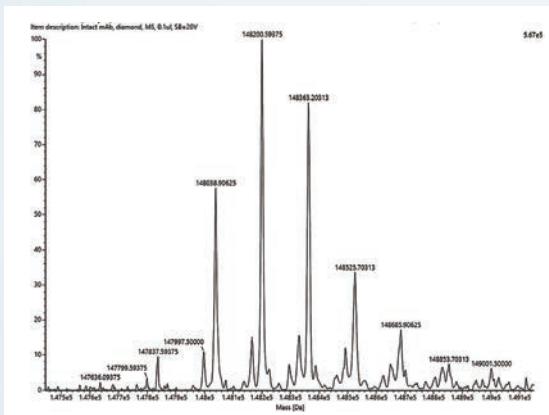
超高分解能の LC-MS として そして、イメージング MS まで幅広く活躍

バイオ医薬分析

ESI (標準搭載)

- 飛行時間型の特長である大きな m/z でも高い質量分解能が得られます。
- 特に、インタクトタンパク質などの分析において威力を発揮します。

モノクローナル抗体の分析事例



MS イメージング

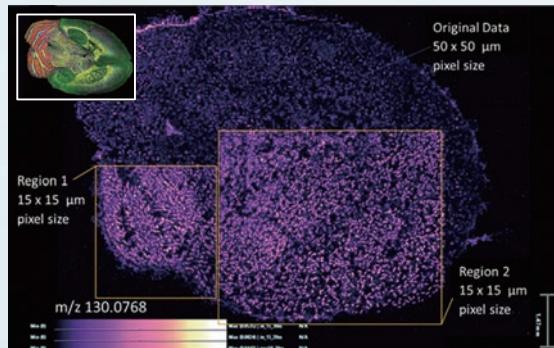
ウォーターズは MS イメージングをより簡単に行える技術を提供します

DESI XS (オプション)

- マトリクスが不要なので、マトリクス由來の低質量域への妨害がありません。
- 大気圧のイオン源であり、サンプルの厚さに左右されることはありません。そのため、実験の自由度が高まります。
- 独自の DESI テクノロジーを開発し、高性能スプレイヤーと加熱ransfer line により感度を 100 倍*向上されました。

* 従来のウォーターズ DESI と比較・空間分解能は一般的な MALDI と同等の 20 μm を実現します。

マウスの脳を 4 色で重ねて表示

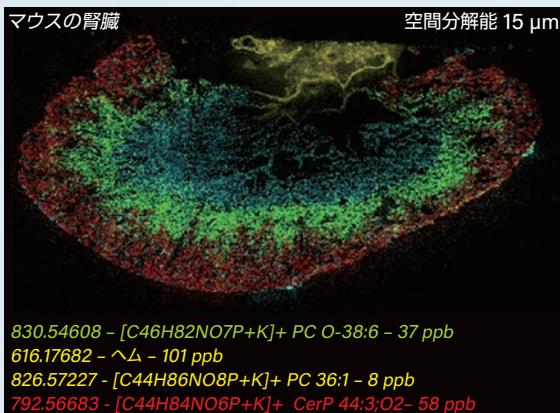


高い空間分解能でのイメージングにより、
詳細な構造が表示されます(ピクセルサイズ 15 μm)



MALDI (オプション)

- 従来の MALDI によるイメージングデータとの互換性を維持しながら、さらなる質量高分解能で未知の未分離成分を可視化します。

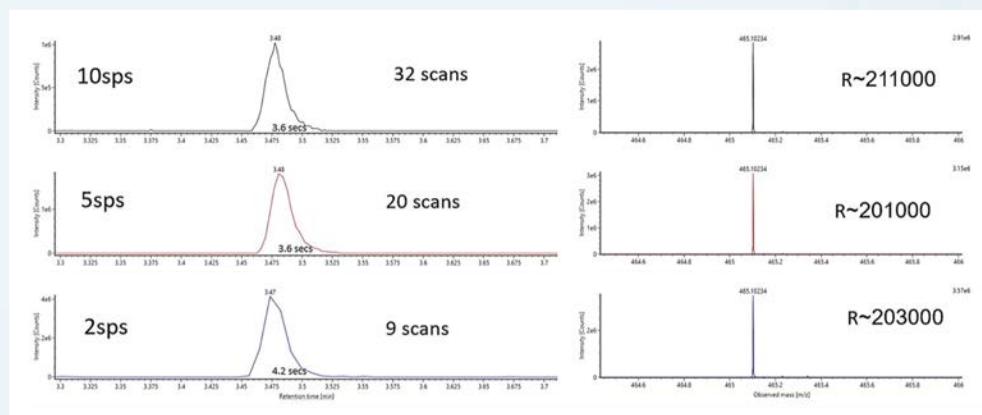


代謝物解析のための質量精度と堅牢性

質量誤差の小さいデータは、代謝物組成への理解を深めます

SELECT SERIES MRTは m/z に依存せず、高い質量分解能を提供します

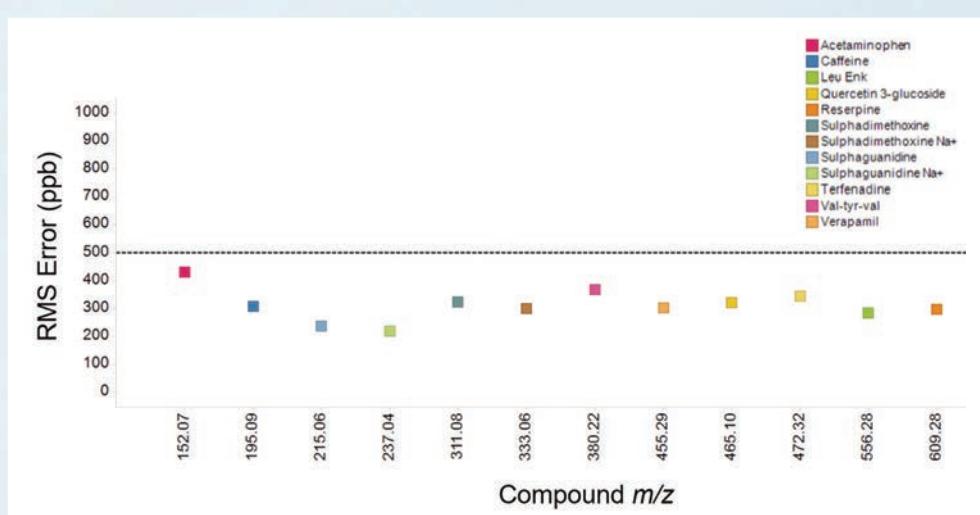
スキャン回数と分解能の比較



ケルセチン β -3-O-グルコシドの分析

スキャン回数を9～32回(2～10 Hz)としても、スキャン回数に依存せず分解能200,000以上を維持します。

ヒト尿中化合物の分析



複数の薬物をヒト尿にスパイクしたときの各成分の質量精度

600回以上の繰り返し分析の結果、すべての成分においてRMS errorは500 ppb以内であった。

妥協のない、高分解能と質量精度を実現

同位体ピークも活用した 確かな組成解析

従来の組成解析は、モノアイソトピックピークの測定精密質量を用いて計算します。同位体ピークはおよその炭素数や、塩素など特徴的な同位体パターンを示す元素の有無を見る程度にしか利用していません。これは、同位体ピークに複数の同位体組成が混じっているために、精密質量が得られないからです。MRT の非常に高い分解能性能は、これらの同位体ピークを分離することができます(Figure A)。一般的にモノアイソトピックピークからは多くの組成候補が出ますが、同位体ピークのパターンも比較することで、より確実な組成解析をすることができるようになります(Figure B)。

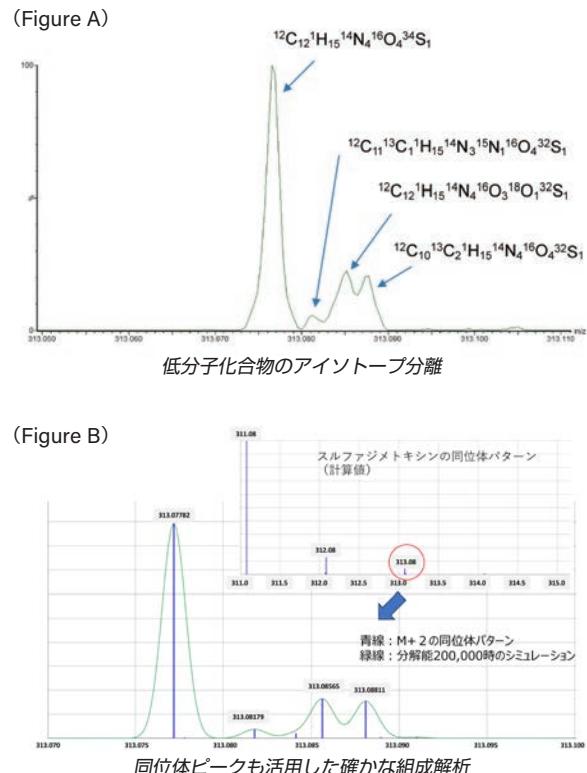
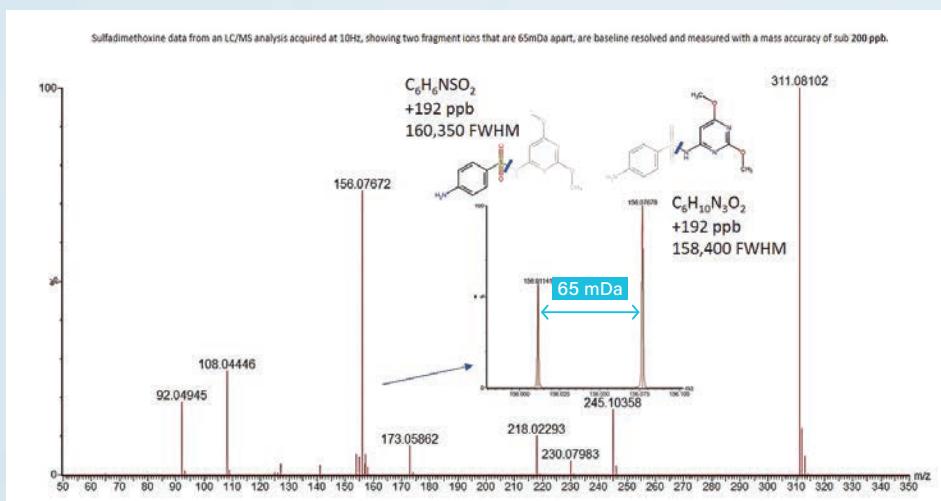


Figure A
低分子化合物のアイソトープ分離
Figure B
スルファジメトキシンの同位体パターン
(計算値)
同位体ピークも活用した確かな組成解析
シミュレーション)
Loos, M., Gerber, C., Corona, F., Hollender, J., Singer, H. (2015). Accelerated isotope fine structure calculation using pruned transition trees, Analytical Chemistry 87(11), 5738-5744.

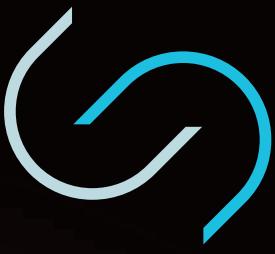
MS/MS スペクトルの質量精度と分解能

MS/MS スペクトルの帰属に困ったことはありませんか？



100 pg/ μ L
スルファジメトキシン

近接した質量のピークが未分離になると、観測値はそれらの合算値となってしまい、帰属不可能なピークとなってしまいます。MRTを使用すると質量差 65 mDa のピークをベースライン分離し、それぞれを正確に帰属できるようになります。



SELECT™
SERIES
MRT

Waters Advanced Mass Spectrometry

Waters™

日本ウォーターズ株式会社 www.waters.com

東京本社 〒140-0001 東京都品川区北品川1-3-12 第5小池ビル TEL 03-3471-7191

大阪支社 〒532-0011 大阪市淀川区西中島5-14-10 新大阪トヨタビル11F TEL 06-6304-8888

ショールーム 東京 大阪

サービス拠点 東京 大阪 札幌 福島 静岡 富山 名古屋 徳島 福岡

Waters および SELECT SERIES は Waters Corporation の商標です。

その他すべての商標はそれぞれの所有者に帰属します。

©2023 Waters Corporation. Printed in Japan. 2023年10月 MKT23016 10B (PU)

