



SYNAPT® G2-Si

RESOLUCIÓN EN TRES
DIMENSIONES

Waters
THE SCIENCE OF WHAT'S POSSIBLE.®

LOS BENEFICIOS SON CLAROS

Cromatografía. Movilidad. Masa. Cuando la resolución de masas y la cromatografía no bastan, la movilidad iónica de alta eficacia T-Wave proporciona una dimensión adicional de separación, basada en el tamaño molecular y la forma.

PROTEÓMICA DESCUBRIMIENTO DE MARCADORES BIOLÓGICOS PRODUCTOS FARMACÉUTICOS
LIPIDÓMICA CARACTERIZACIÓN DE ESTRUCTURAS METABONÓMICA BIOFÁRMACOS
BIOLOGÍA ESTRUCTURAL POLÍMEROS CARACTERIZACIÓN DEL PETRÓLEO IMAGING
IDENTIFICACIÓN DE METABOLITOS NANOPARTÍCULAS INVESTIGACIÓN DE ALIMENTOS

El sistema SYNAPT proporciona a sus análisis una tercera dimensión, que se ha demostrado que transforma su perspectiva analítica independientemente de la aplicación.



d e m o



STYRAO

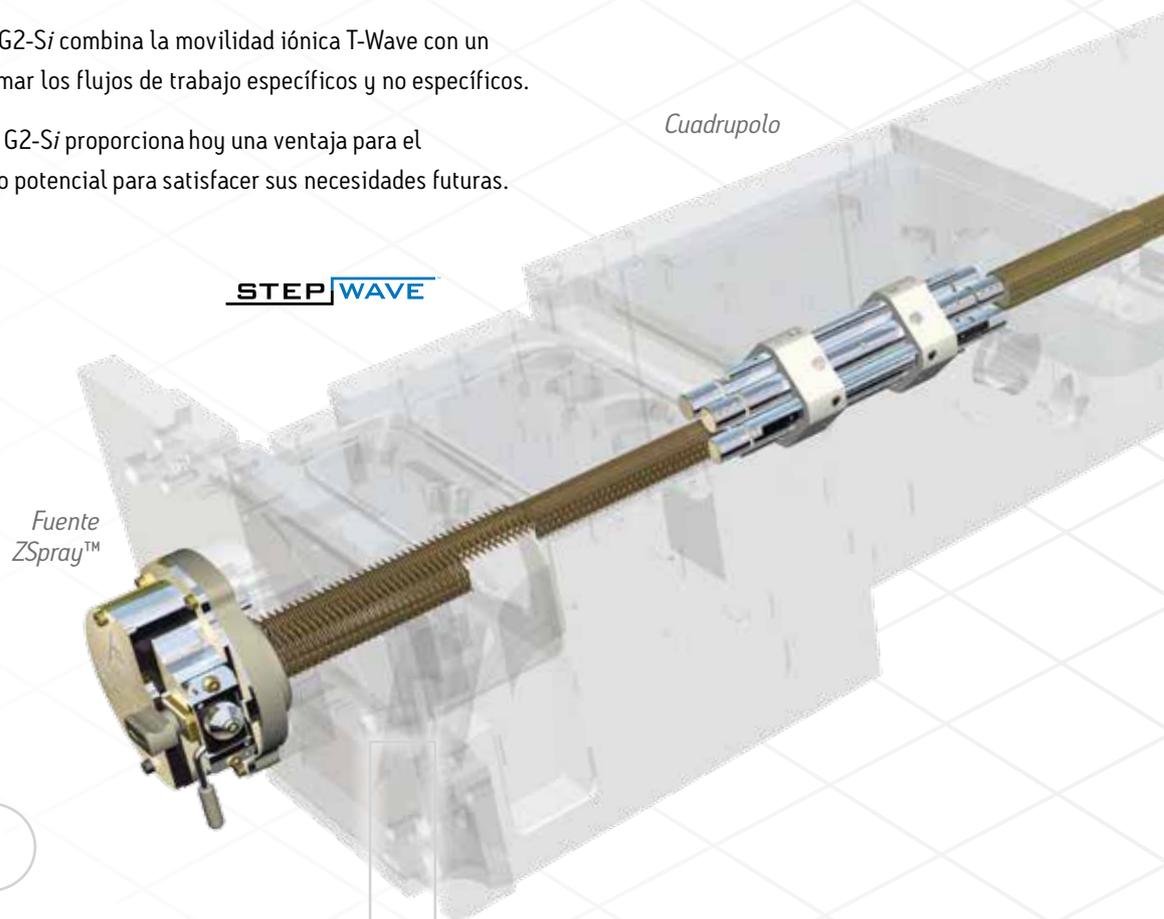
USTED LIDERA EL DESCUBRIMIENTO, CON NUESTRA TECNOLOGÍA LÍDER

Si necesita ser el primero en descubrir o en publicar, ya no busque más, elija la espectrometría de masas de alta definición SYNAPT.

Información. El sistema SYNAPT G2-Si utiliza la movilidad iónica T-Wave de alta eficacia para aumentar considerablemente la capacidad de picos, la especificidad y la sensibilidad de los análisis.

Informática. El sistema SYNAPT G2-Si combina la movilidad iónica T-Wave con un software innovador para transformar los flujos de trabajo específicos y no específicos.

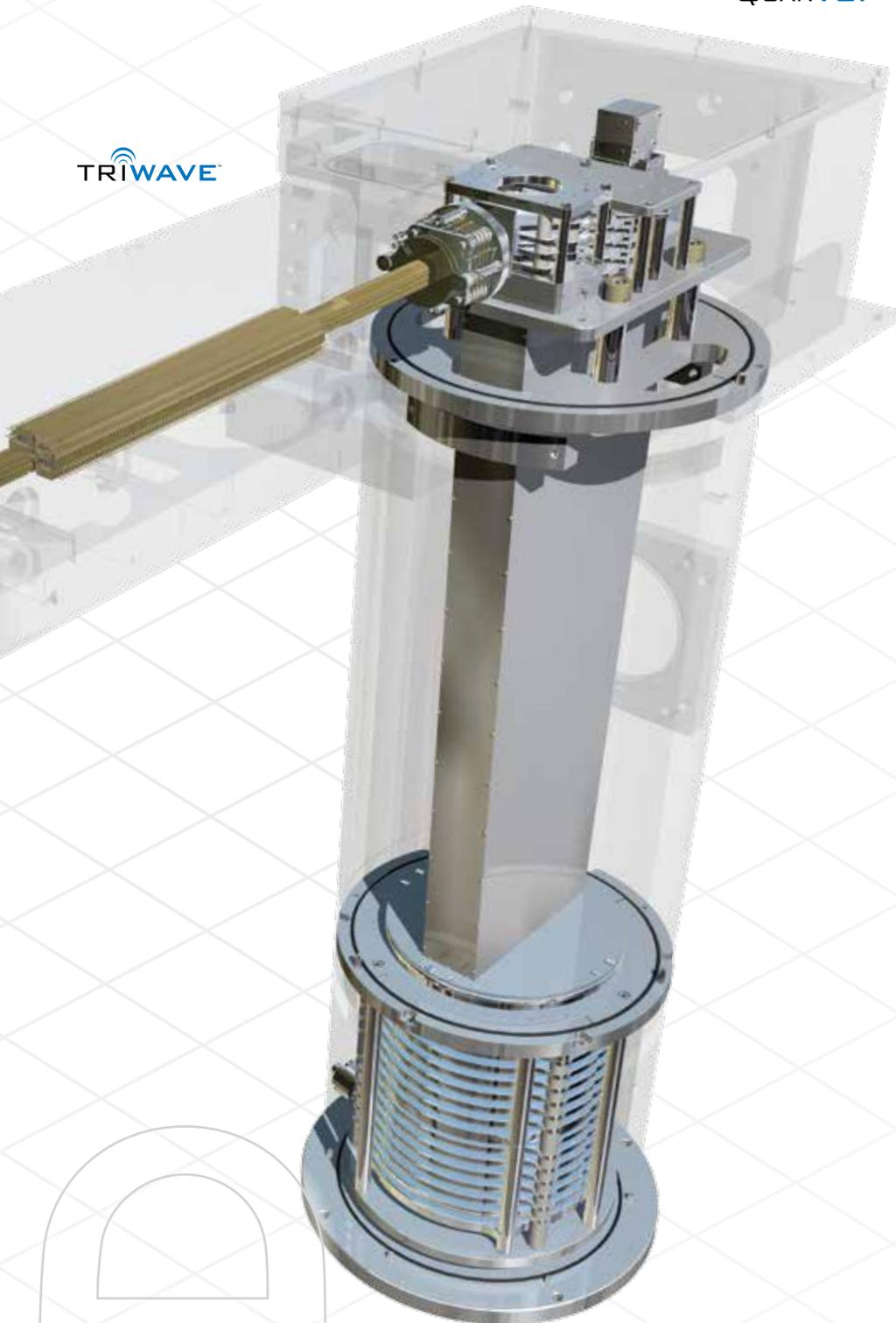
Repercusión. El sistema SYNAPT G2-Si proporciona hoy una ventaja para el descubrimiento única y el máximo potencial para satisfacer sus necesidades futuras.



líder

QUANTOF™

TRI WAVE™



■ **El mejor rendimiento en análisis cualitativo y cuantitativo**
StepWave, QuanTof y la adquisición por MS^E “independiente de los datos” se combinan para ofrecer la más completa y fiable identificación y cuantificación no dirigida de compuestos con UPLC/MS/MS, a los niveles de concentración más bajos en matrices complejas.

■ **Innovación con SYNAPT High Definition MS™**
Todo investigador puede extraer un contenido de información inigualable y realizar nuevos descubrimientos imposibles por ningún otro método, combinando las separaciones por movilidad iónica de alta eficacia T-wave con la MS en tándem de masa exacta y alta resolución.

■ **Máxima versatilidad**
Abarque la más amplia gama de aplicaciones con el rango más extenso de métodos de adquisición de datos dirigida, entradas cromatográficas y posibilidades de fuentes de ionización.

■ **Eficiencia instantánea**
Consiga la máxima facilidad de uso y eficiencia del sistema en toda su organización mediante la filosofía de diseño Engineered Simplicity™ de Waters.

■ **Éxito acelerado**
Optimize el éxito con soluciones integrales respaldadas por una excelente red de servicio técnico y de aplicaciones.

La tecnología QuanTof presenta una destacada combinación de atributos de rendimiento:

- Más de 50.000 FWHM de poder de resolución.
- Masa exacta (RMS < 1 ppm).
- Abundancia isotópica exacta.
- Intervalo dinámico en el espectro y linealidad en la respuesta del detector hasta 10^6 .
- Hasta 30 espectros por segundo.
- Ciclo de trabajo máximo de ToF para métodos HD-MRM y HD-DDA.

QUANTOF™

El pusher de alto voltaje y el reflectrón en dos etapas de QuanTof, que incorpora rejillas paralelas de alta transmisión, reducen los tiempos de retorno debidos a la dispersión de energía cinética antes del pulso y mejoran la concentración de los iones de alta energía, respectivamente.

Estas tecnologías innovadoras se combinan para proporcionar los niveles más altos de rendimiento en ToF. El singular sistema de detección de iones combina un multiplicador de electrones ultrarrápido y una electrónica con detector "ADC híbrido" que proporcionan una sensibilidad y un rendimiento cuantitativo extraordinarios.

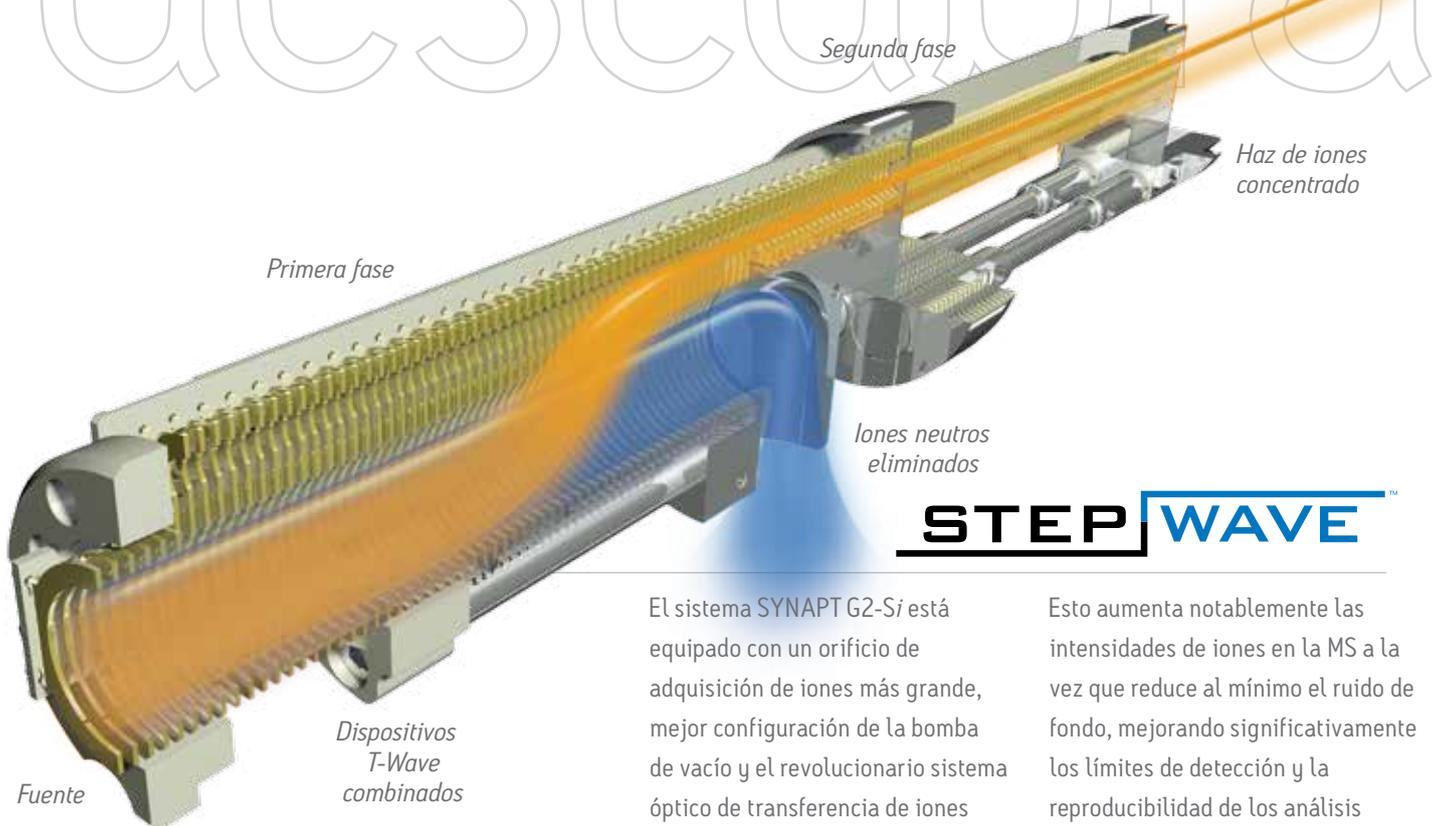


*Reflectrón
en dos
etapas*

EXPERIMENTE EL MÁXIMO RENDIMIENTO CUALITATIVO Y CUANTITATIVO

Cuando su progreso se vea limitado por falta de información o por el riesgo de falsos positivos en su análisis, la combinación de la óptica de iones StepWave, el analizador QuanTof y las adquisiciones por MS^E “independientes de los datos” aumentarán al máximo sus posibilidades de éxito. Al ofrecer los mejores atributos de rendimiento cualitativo y cuantitativo, estas innovadoras tecnologías aumentan significativamente la cobertura de compuestos y la confianza en la identificación, caracterización y cuantificación para sus aplicaciones más exigentes.

descubra

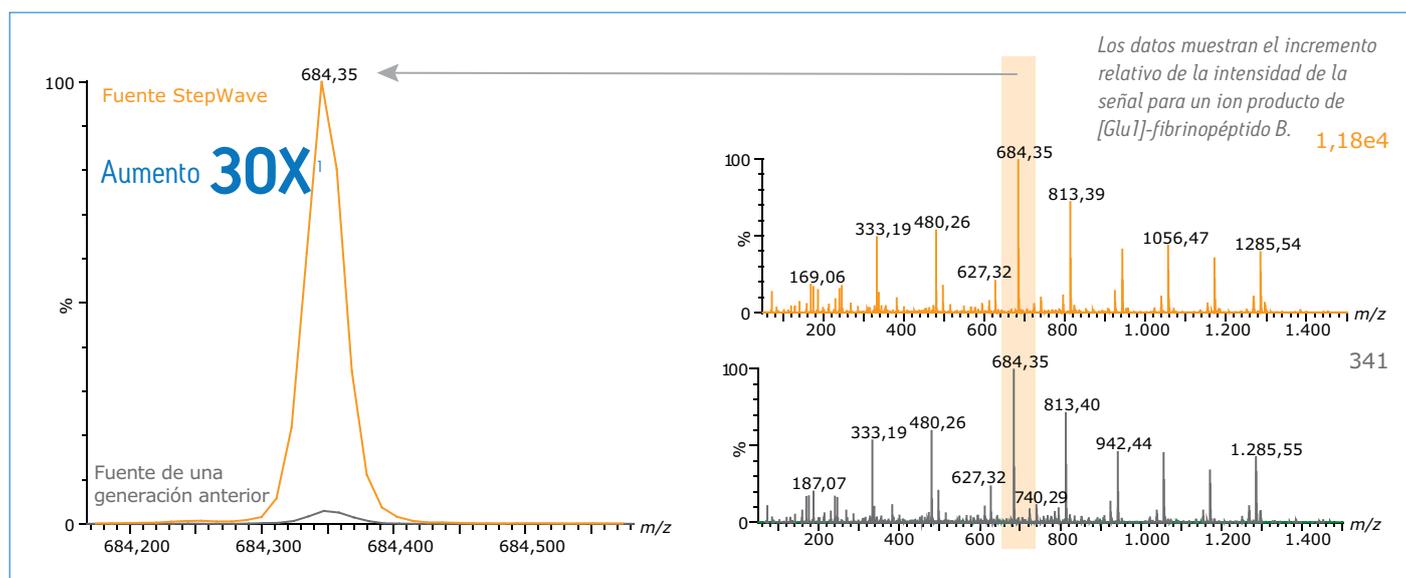


El sistema SYNAPT G2-Si está equipado con un orificio de adquisición de iones más grande, mejor configuración de la bomba de vacío y el revolucionario sistema óptico de transferencia de iones StepWave.

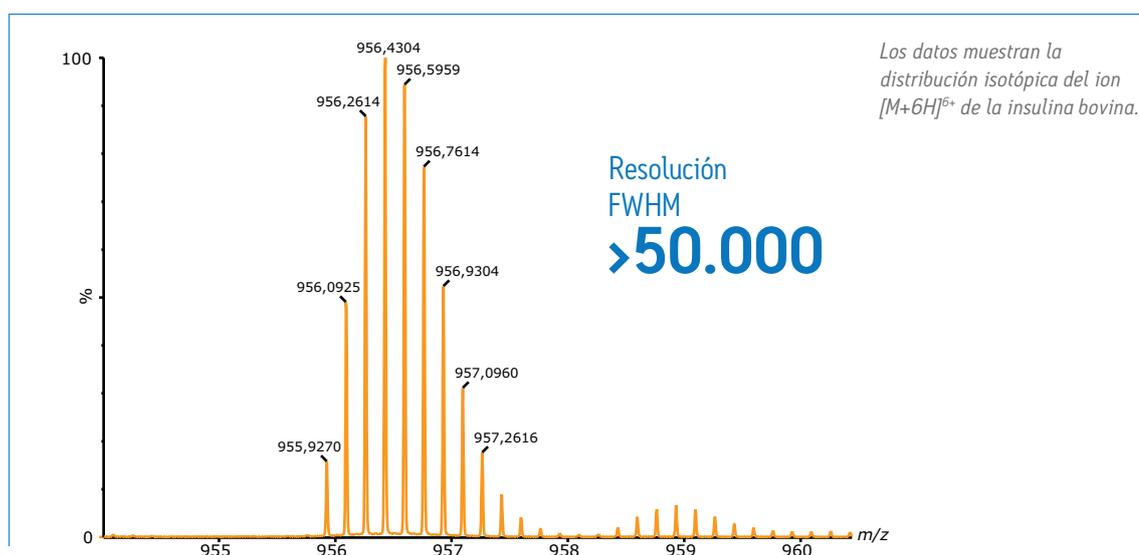
Este innovador diseño de T-Wave doble con eje desplazado transfiere los iones de la fuente de ionización al analizador de MS de cuadrupolo con la más alta eficiencia posible, garantizando al mismo tiempo la eliminación activa de los contaminantes neutros no deseados.

Esto aumenta notablemente las intensidades de iones en la MS a la vez que reduce al mínimo el ruido de fondo, mejorando significativamente los límites de detección y la reproducibilidad de los análisis cuantitativos.

Sensibilidad extrema



Resolución a masas altas



■ Selectividad y exactitud

QuanTof proporciona una abundancia isotópica exacta, de alta resolución y masa exacta, un amplio intervalo dinámico y gran velocidad de adquisición, sin concesiones, para la separación por UPLC de muestras muy complejas.

■ Sensibilidad y linealidad

Stepwave y QuanTof ofrecen LOD y LOQ a concentraciones significativamente más bajas de lo que jamás se creyó posible con la MS de alta resolución, con linealidad y reproducibilidad excepcionales, incluso en las matrices más complejas.

Máxima cobertura

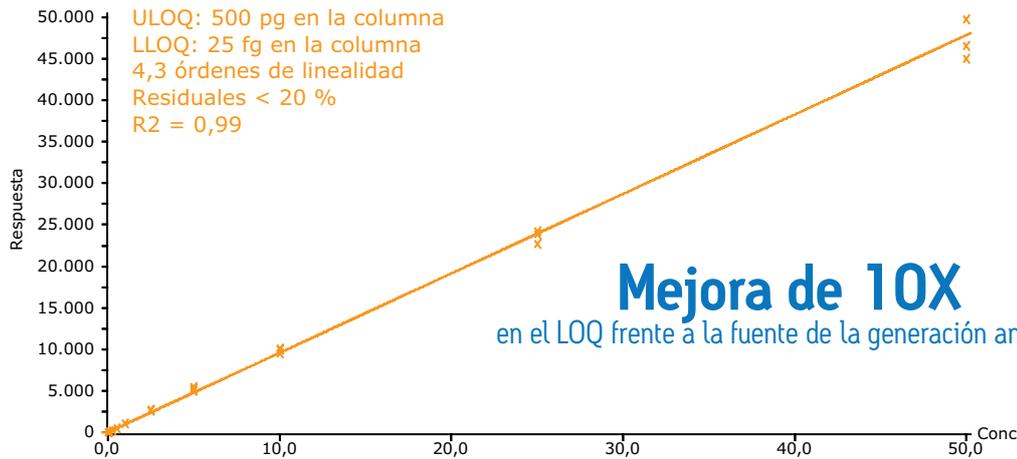
Elimine el riesgo de análisis incompletos con UPLC®/MS^E, un método de adquisición de datos sencillo y patentado que cataloga exhaustivamente las muestras en un solo análisis.

■ Análisis sencillos y completos

Cuantifique con todas las ventajas del oa-ToF, MS^E, ToF-MRM y HD-MRM:

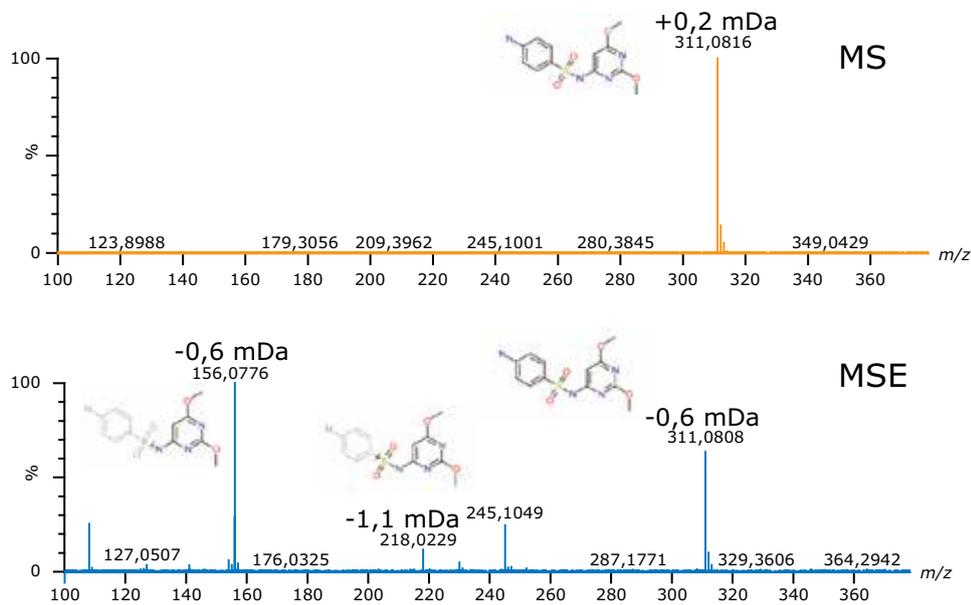
- Cuantifique y confirme un número ilimitado de componentes en un solo análisis.
- Elimine o reduzca el desarrollo prolongado de métodos.
- Consulte series de datos archivadas para detectar, identificar y cuantificar nuevos compuestos.

Cuantificación exacta en > 4 órdenes de linealidad con UPLC/MS^E

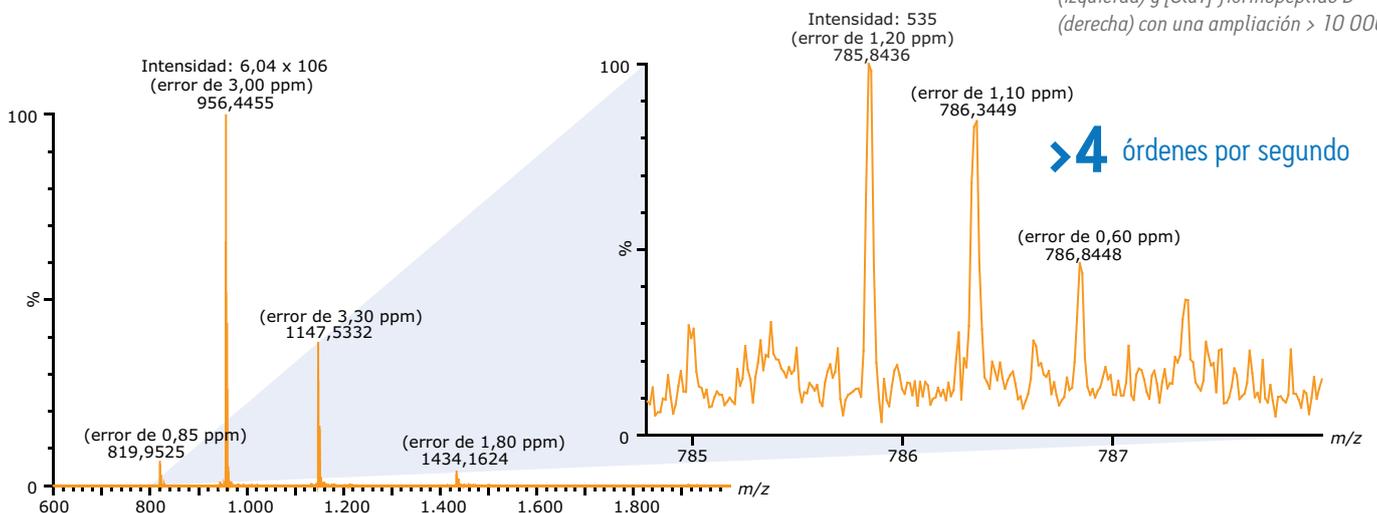


Cuantificación e identificación simultáneas con UPLC/MS^E. Todos los compuestos quedan registrados con espectros moleculares (MS) y de iones producto (MS^E) para facilitar la identificación de los compuestos. Los datos de masa espectral mostrados corresponden a 2,5 pg de sulfadimetoxina en la columna.

Mejora de 10X
en el LOQ frente a la fuente de la generación anterior²

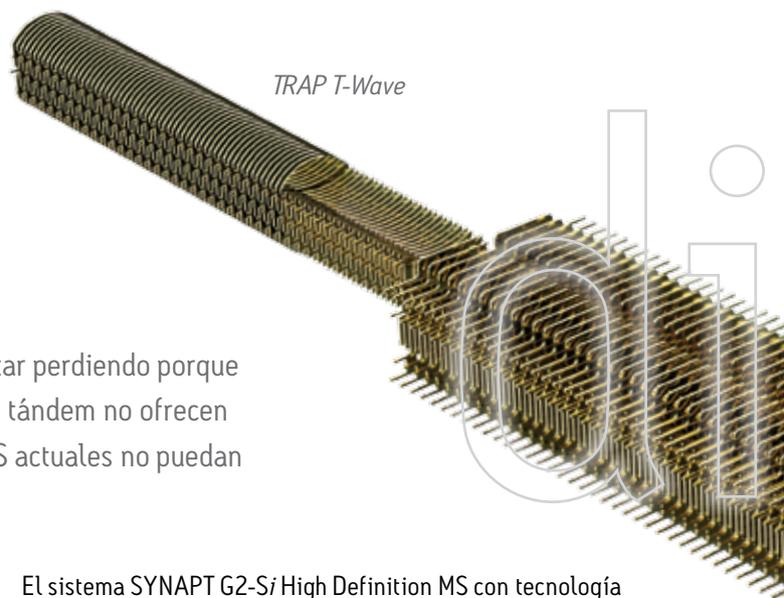


Intervalo dinámico en el espectro



Los datos muestran insulina bovina (izquierda) y [Glu1]-fibrinopéptido B (derecha) con una ampliación > 10 000X.

INNOVE CON SYNAPT HIGH DEFINITION MS



¿Se ha preguntado alguna vez qué componentes se puede estar perdiendo porque la resolución a masas altas o sus métodos actuales de MS en tándem no ofrecen suficiente selectividad? ¿Frustrado de que sus técnicas de MS actuales no puedan resolver ciertos desafíos?

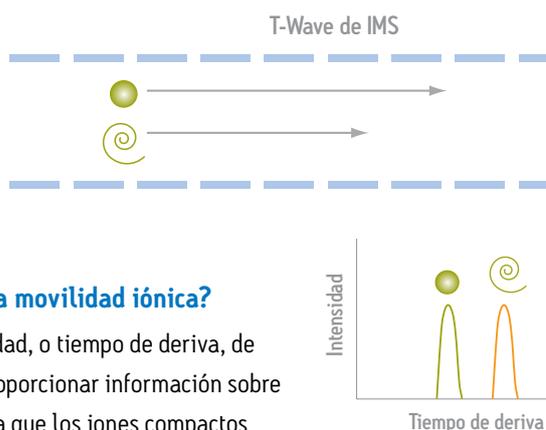
El sistema SYNAPT G2-Si ofrece una plataforma única para impulsar sus iniciativas de descubrimiento gracias a la ampliación de las posibilidades de la instrumentación de MS convencional.

SYNAPT High Definition Mass Spectrometry® es la combinación de mediciones y separaciones por movilidad iónica de alta eficacia T-Wave con MS en tándem de alto rendimiento, lo que permite la diferenciación de muestras por tamaño, forma y carga, además de por masa.

La introducción de la dimensión ortogonal en la separación por movilidad iónica en fase gaseosa permite aprovechar la sección transversal de colisión de una molécula para aumentar considerablemente la separación, la especificidad, la sensibilidad y la información estructural en el análisis.

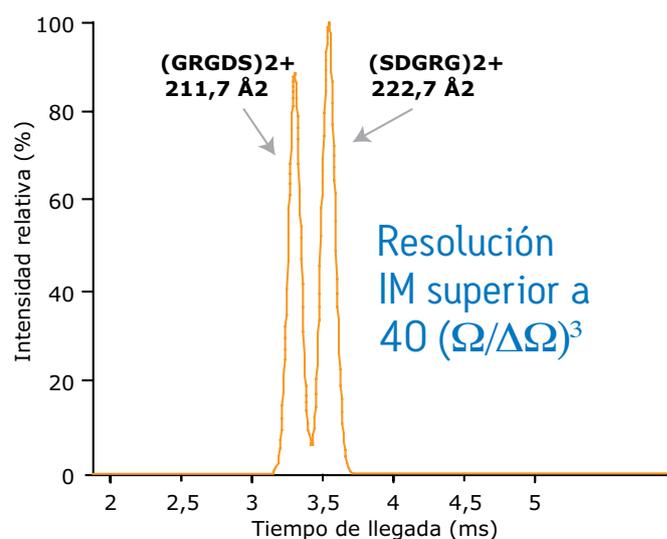
El sistema SYNAPT G2-Si High Definition MS con tecnología Triwave ofrece:

- Separaciones por movilidad iónica T-Wave rápidas y de alta eficacia
- Eliminación de interferencias, purificación de espectros
- Aumento significativo de la capacidad analítica de picos
- Separación de isómeros estructurales y conformacionales, y compuestos isobáricos.
- Identificación y caracterización estructural mejoradas de compuestos
- Mediciones de CCS sencillas y reproducibles
- Herramientas informáticas completas que aceleran la visualización, el procesamiento y la interpretación de los datos multidimensionales del SYNAPT G2-Si HDMS.™



¿Qué aporta la movilidad iónica?

Medir la movilidad, o tiempo de deriva, de un ion puede proporcionar información sobre su estructura, ya que los iones compactos con secciones transversales de colisión pequeñas tienen una deriva más rápida que los iones extendidos con grandes secciones transversales de colisión. Las mezclas de iones compactos y extendidos pueden separarse en la fase gaseosa.



Mayor potencia de separación por IM: el elevado poder de resolución por movilidad iónica del SYNAPT G2-Si permite separar fácilmente una mezcla de dos péptidos con secuencias inversas (GRGDS y SDGRG), que difieren en solo un 5% de las CCS (Ω).³ Se indica una resolución de la movilidad superior a 40 ($\Omega/\Delta\Omega$).

Dimensionación

*IMS (separación por
movilidad iónica) T-Wave*



T-Wave de TRANSFERENCIA

TRI WAVE™

Para acceder a una gama de posibilidades experimentales única para mejorar la identificación, caracterización o localización de compuestos específicos, Triwave es la clave. Triwave utiliza tres guías de ionización T-Wave™ que permiten atrapar y acumular los iones, separarlos en función de su movilidad y después transferirlos al analizador QuanTof para su análisis de alta resolución.

La innovadora configuración del Triwave garantiza que la introducción de la IM no se haga a costa de la sensibilidad.

La movilidad iónica de alta resolución se ha logrado gracias al aumento de la presión de trabajo del dispositivo Triwave (mediante la adición de una novedosa cámara de entrada llena de helio en el T-Wave de IMS).³ Las regiones TRAP y TRANSFER del T-Wave pueden utilizarse de forma independiente o conjunta como cámaras de colisión, con (modo HDMS) o sin (modo TOF) separaciones por movilidad iónica, lo que ofrece una gama única y diversa de posibilidades experimentales para lograr una caracterización estructural mejor y más completa.

TRANSFORME SU CAPACIDAD DE DESCUBRIMIENTO

Hallar compuestos desconocidos impulsa el descubrimiento y el progreso del conocimiento científico. Si desea ver lo que otros no han visto nunca, la singular geometría de los sistemas SYNAPT ofrece una ventaja indiscutible para el descubrimiento.^{6,9}

CAPACIDAD DE PICOS

Gracias a la combinación de las separaciones por movilidad iónica de alta eficacia con un analizador de tiempo de vuelo de alta resolución, el SYNAPT G2-Si aumenta notablemente la capacidad de picos y el contenido de información en comparación con los que se obtienen con la máxima resolución cromatográfica o de masas por sí sola.

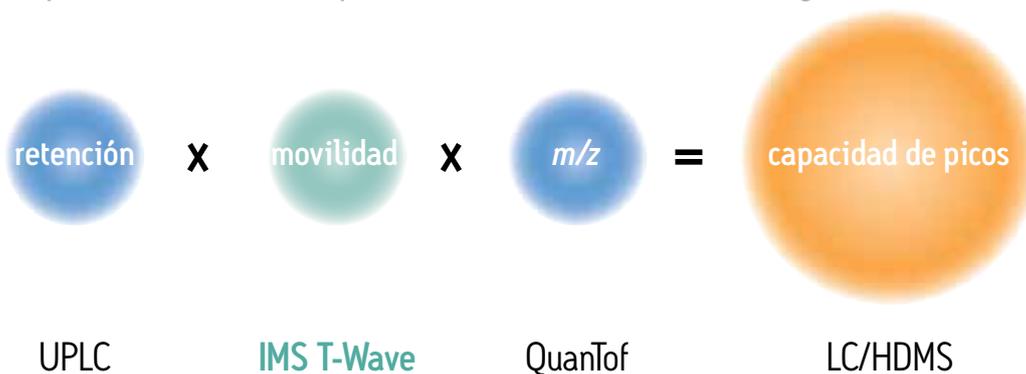
SEPARACIÓN POR MOVILIDAD IÓNICA

La separación ortogonal que permite la separación por IM de alta eficacia incrementa de forma espectacular el número de componentes detectables e identificables en mezclas complejas, gracias a la rápida separación de moléculas con la misma relación masa/carga, sin dejar de ofrecer mediciones relacionadas con su conformación en fase gaseosa.

FLUJOS DE TRABAJO PARA HDMS^E Y CCS

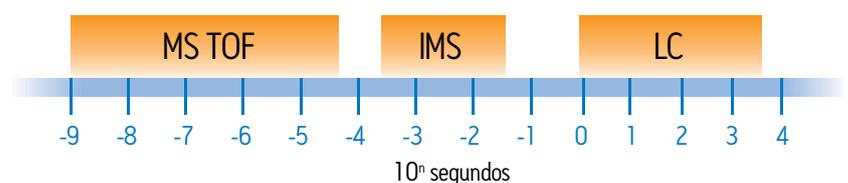
Para permitir la confirmación de la identidad de los compuestos sin ambigüedades, la combinación de movilidad iónica y adquisición por MS^E "independiente de los datos" (HDMS^E) permite obtener información de los iones producto para todos los componentes detectables, mientras que los programas TransOmics,TM BiopharmaLynx,TM High Definition Imaging, DynamXTM (HDX) y UNIFI[®] CCS Research Edition (para moléculas pequeñas) permiten acceder ahora a todos estos beneficios con rapidez y facilidad en una amplia gama de aplicaciones.

*capacidad total de picos de MS con una sola carga hasta 5x
capacidad total de picos de MS con varias cargas hasta 10x*



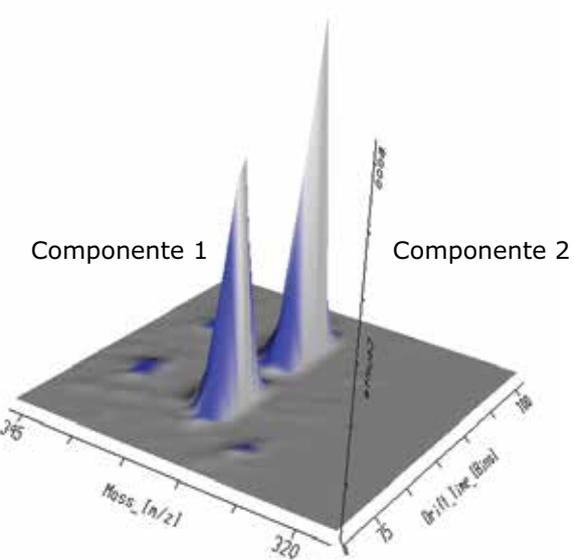
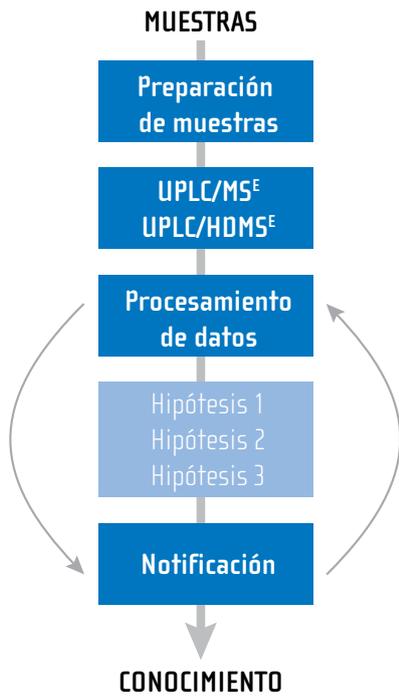
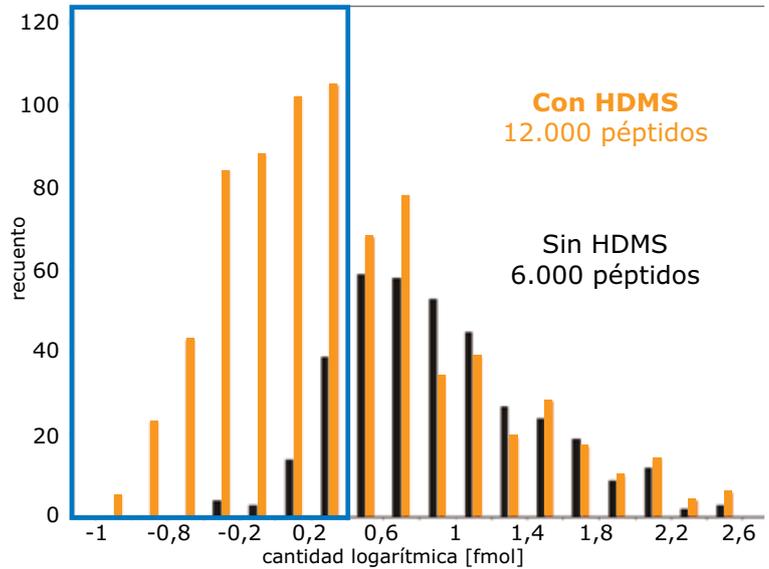
Una metodología de adquisición en paralelo

completamente anidada es la clave para aprovechar todo el potencial de la UPLC (segundos), la separación por IM de alta eficacia (milisegundos) y la MS TOF de alta resolución (microsegundos). Las tres técnicas de separación ofrecen la posibilidad de separar sin dificultad las mezclas más complejas.



La separación por movilidad iónica permite un aumento de la capacidad analítica de picos con UPLC/IMS/MS

La introducción de las separaciones por movilidad iónica T-Wave permite obtener un mayor número de identificaciones de péptidos a las concentraciones más bajas (indicadas por el recuadro azul). Datos obtenidos en un estudio proteómico con UPLC/HDMS^E.⁴

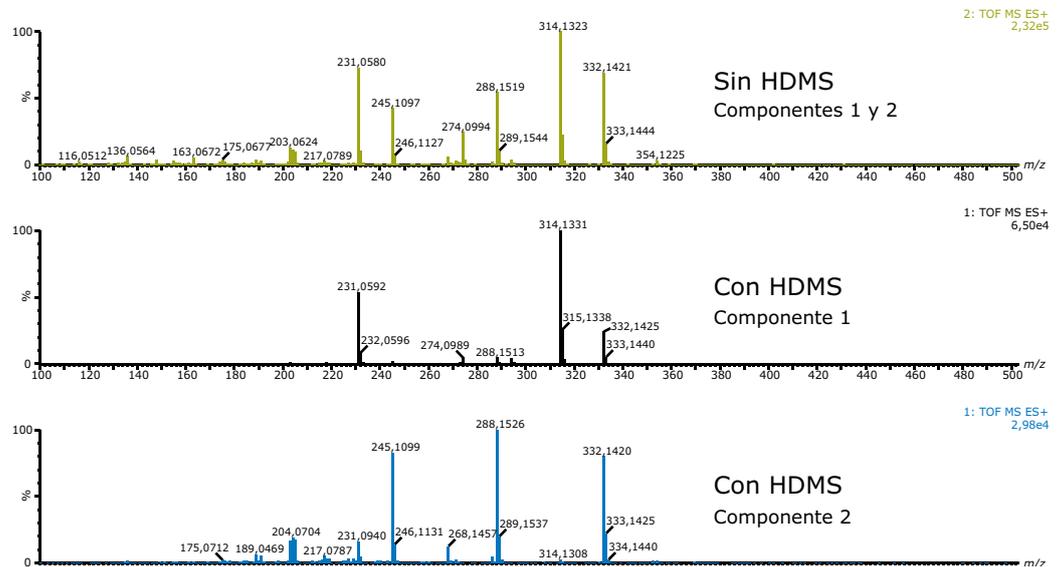


Permite la separación de isómeros y proporciona espectros purificados de más alta calidad⁵

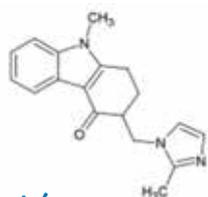
La MS^E y la HDMS^E ofrecen un método sencillo y genérico para la obtención de perfiles exhaustivos de los conjuntos de datos más complejos, para que no tenga que diseñar nuevos experimentos para diferentes conjuntos de datos. Se generan espectros moleculares y de iones producto de alta calidad para cada componente detectable mediante la alineación del tiempo de retención o del tiempo de deriva (movilidad iónica).

La naturaleza exhaustiva de cada conjunto de datos significa que puede limitarse a explorar de nuevo los datos, sin tener que volver a analizar la muestra.

La selectividad adicional que proporcionan las separaciones por movilidad iónica permite más identificaciones y proporciona una cobertura general para las mezclas más complejas.

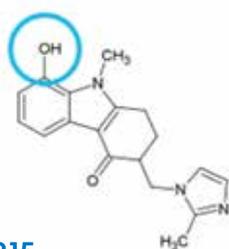


AUMENTE AL MÁXIMO SU CAPACIDAD ANALÍTICA



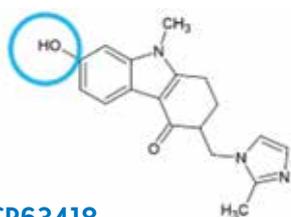
Ondansetrón

Teórica 107,7 Å²
T-Wave **107,4** Å²



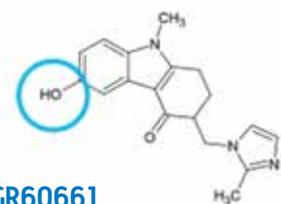
GR90315

Teórica 109,8 Å²
T-Wave **110,4** Å²



GR63418

Teórica 111,2 Å²
T-Wave **111,5** Å²



GR60661

Teórica 111,4 Å²
T-Wave **111,7** Å²

Investigación y diferenciación de la estructura del fármaco ondansetrón y de sus metabolitos mediante espectrometría de masas por movilidad iónica de onda progresiva (datos de MS y de MS/MS), y modelos moleculares.⁷

El sistema SYNAPT G2-Si ofrece una amplia y singular gama de posibilidades analíticas que permiten abordar y caracterizar moléculas específicas o familias de componentes con más detalle y confianza que nunca.

Sección transversal de colisión, porque la forma importa

La sección transversal de colisión (CCS)⁷ es una característica distintiva importante de un ión, y está relacionada con su estructura química y su conformación tridimensional en fase gaseosa.

La conformación de una molécula puede verse influida por diversos factores, como el número de cargas y su posición. La CCS medida de un ion puede utilizarse para confirmar su identidad o investigar su estructura.

La CCS puede determinarse de forma rápida y sencilla en las separaciones por movilidad iónica T-Wave para una amplia gama de analitos, desde moléculas pequeñas, lípidos y péptidos, hasta moléculas más grandes, como polímeros y complejos de proteínas.

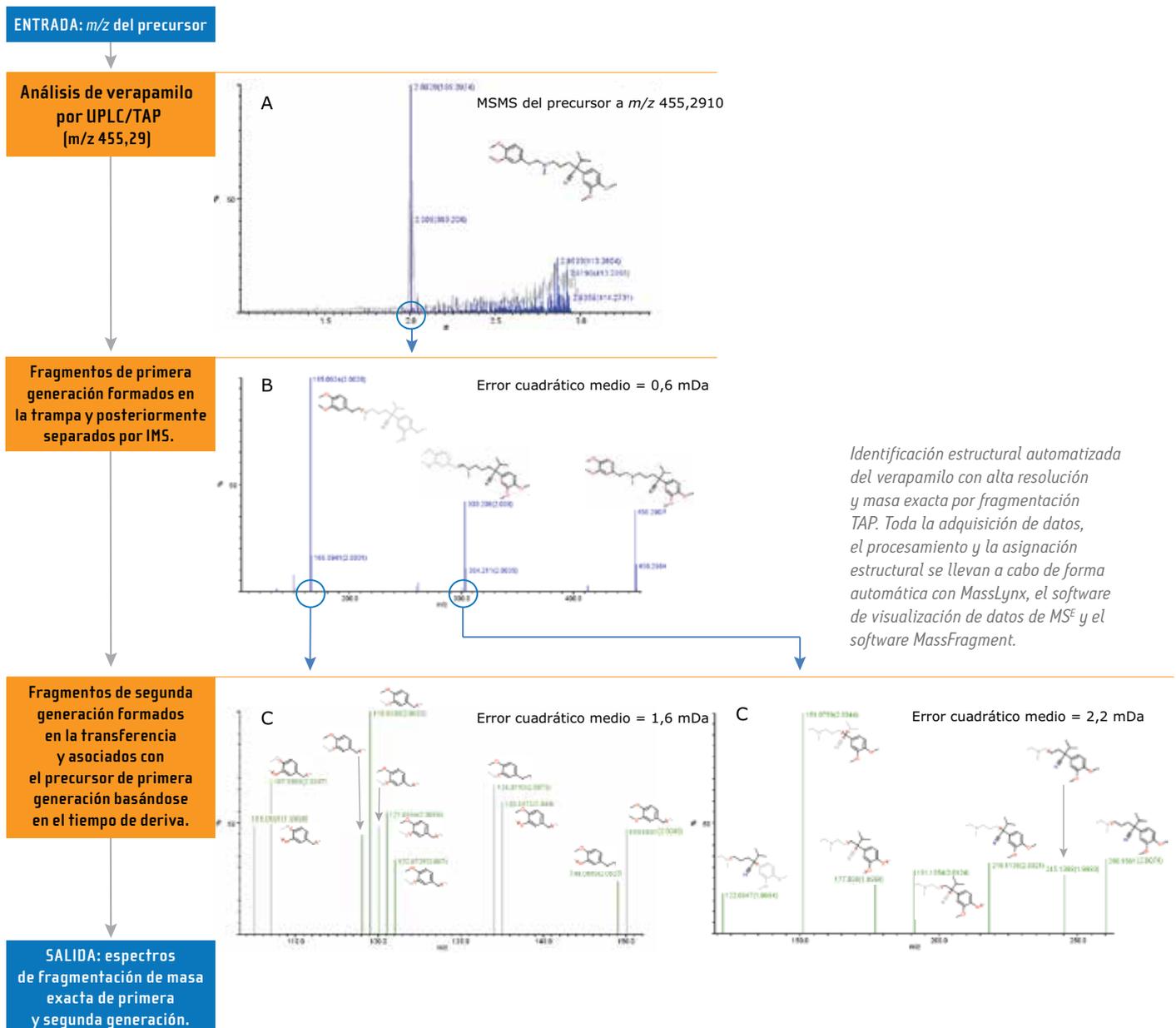
- Separación de isómeros individuales y conformacionales, y compuestos isobáricos.
- Determinación de los sitios de biotransformación.
- Investigación de la estructura a concentraciones fisiológicas.
- Análisis de muestras heterogéneas.
- Amplia capacidad de intervalo de masas.
- Punto de identificación adicional, "tolerante a la matriz".
- Reducción al mínimo de los resultados positivos y negativos falsos.

	Sin CCS	Con CCS
Error de m/z (+/-)	5 ppm	10 ppm
Error de rt (+/-)	2,5%	2,5%
Error de CCS (+/-)	-	2%
ID correctas	7/8	8/8
Falsos negativos	1	0
Falsos positivos	3	0

Cribado de pesticidas conocidos con CCS en una prueba de aptitud a pequeña escala.

Utilizando los valores de CCS como un filtro adicional para la identificación molecular se pueden minimizar las identificaciones positivas y falsos negativos, lo que mejora la confianza y la eficacia del análisis. La especificidad adicional que se logra con las mediciones de CCS puede minimizar los Falsos negativos al permitir la relajación de las tolerancias de m/z y/o rt.

estructura



Fragmentación en paralelo con alineación temporal (TAP), para una caracterización estructural más completa

La caracterización estructural fiable de componentes, desde pequeñas moléculas orgánicas hasta especies peptídicas modificadas, exige la mejor cobertura estructural y calidad de los datos. La fragmentación TAP ofrece una clara ventaja para crear una estructura completa, mediante una mayor cobertura de los iones producto, sensibilidad y exactitud en comparación con las técnicas tradicionales de MSⁿ o MS/MS.

Se pueden seleccionar varios componentes de interés individualmente para la fragmentación TAP en un gradiente de UPLC, y después someterse a dos fases de CID, lo que permite una extensa fragmentación con alta resolución y masa exacta para facilitar la caracterización estructural sin ambigüedades.

La separación por movilidad iónica desempeña una importante función activadora, separando los fragmentos de primera generación y los de segunda generación y después, por medio de los valores del “tiempo de deriva”, facilitando la asociación automatizada de fragmentos dentro del software de visualización de datos de MS^E.

tura

VERSATILIDAD INIGUALABLE PARA LOS ANÁLISIS DIRIGIDOS

Disociación por transferencia de electrones, para cuando la CID no es suficiente

Cuando se analizan las modificaciones postraduccionales y la secuenciación jerárquica es de capital importancia, la disociación por transferencia de electrones (ETD) complementa a la disociación inducida por colisión (CID). Creada específicamente para aumentar al máximo la confianza, la flexibilidad y la facilidad de uso, la capacidad de ETD opcional del SYNAPT G2-Si es una función singularmente potente para la secuenciación de biomoléculas.

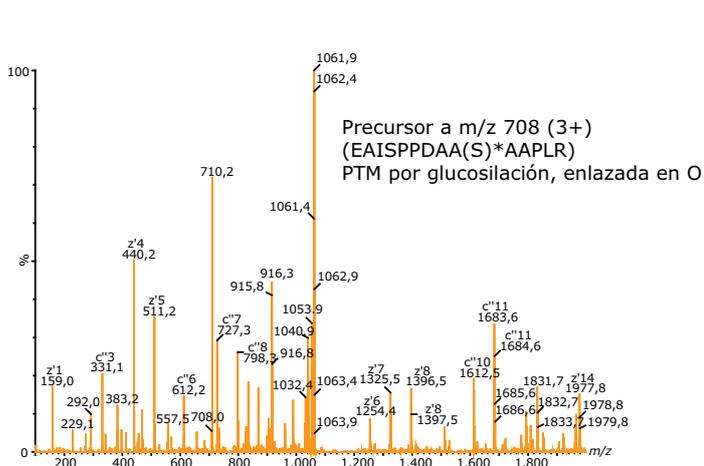
TRAP T-WAVE	IMS T-WAVE	TRANSFER T-WAVE
ETD	Sin IMS IMS	Activación complementaria de la CID

Triwave ofrece una plataforma analítica muy flexible para los estudios de ETD.

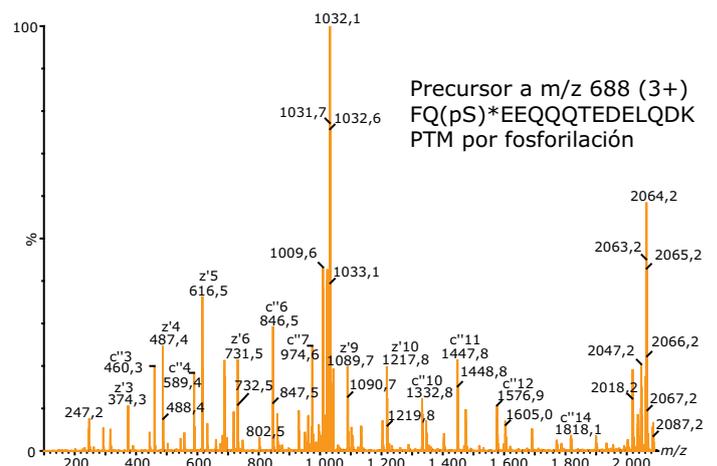
- **Alto rendimiento:** los datos de alta resolución y masa exacta, y la elevada eficiencia de reacción, generan datos de secuencia de la máxima calidad.
- **Flexible:** para utilizar diversos reactivos de alta eficacia así como separaciones por movilidad iónica con ETD para estudios fundamentales avanzados.
- **Fácil de utilizar y mantener:** introducción fácil y estable, y reposición rápida del reactivo de ETD al MS a través de la sencillez de la fuente de glow discharge de ETD.

www.waters.com/ETD

especificifique



Caracterización de un péptido glucosilado enlazado en o de eritropoyetina mediante LC/MS/MS con ETD. El espectro de ETD presentado aquí muestra iones producto del ión peptídico, lo que permite determinar la posición de la modificación.



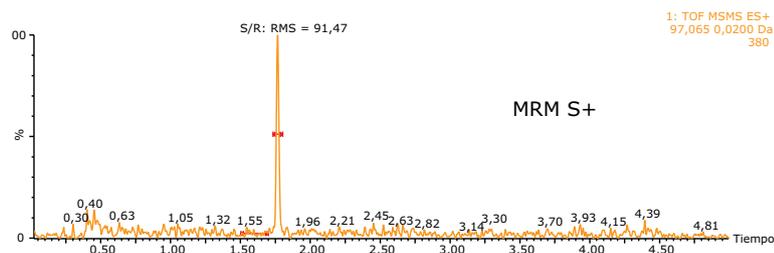
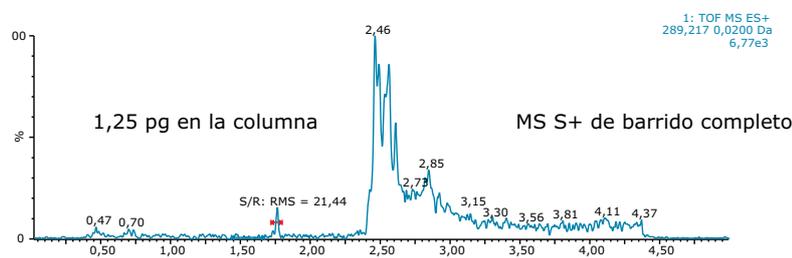
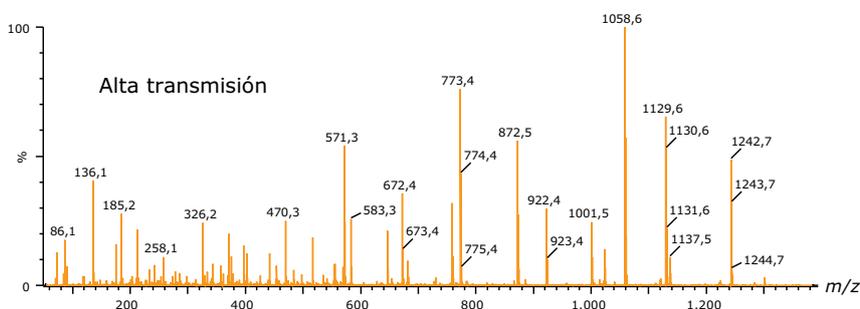
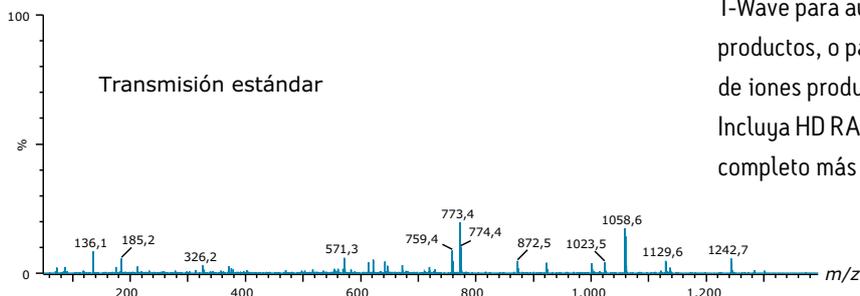
Se utiliza habitualmente una activación complementaria para obtener altos niveles de fragmentación por ETD a fin de mejorar la cobertura de la secuencia. Los datos mostrados corresponden al fosfopéptido de m/z 688 de una digestión de β -caseína bovina. El análisis de DDA en modo mixto CID/ETD ofrece información de alta calidad de la secuencia basándose en el estado de carga.

Flujos de trabajo de MS/MS de alta sensibilidad

Descubrimiento dirigido

El análisis dirigido de datos de alta definición (HD-DDA) aumenta considerablemente los límites de detección y el número de compuestos detectables en mezclas, con mejoras en:^{10,11}

- **Sensibilidad:** aumento de hasta 10x en la intensidad de la señal de MS/MS, utilizando un modo de alta transmisión habilitado para movilidad iónica.
- **Velocidad:** toma de decisiones más rápida y más inteligente para lograr un tiempo de adquisición de espectros optimizado y un mayor número de cambios de MS/MS.



Cuantificación dirigida

Los métodos de MRM del SYNAPT G2-Si permiten una cuantificación más sensible y selectiva, con las ventajas de la MS/MS de alta resolución y las separaciones por movilidad iónica.^{12,13}

- **Modo ToF-MRM:** modo de alta transmisión que proporciona hasta 10x más sensibilidad para alcanzar LLOD y LLOQ mejorados. Incluye la tecnología RADAR para los datos de barrido completo como una ayuda para el desarrollo de métodos.
- **Modo HD-MRM:** utiliza las separaciones por movilidad iónica T-Wave para aumentar la selectividad por los precursores o productos, o para adquirir simultáneamente todos los datos de iones productos con una sensibilidad de hasta 10x.¹³ Incluye HD RADAR para la obtención de datos de barrido completo más selectivos.

Aumente la calidad de los espectros comparando los modos de transmisión estándar y de alta transmisión. Datos de LC/MS/MS para el péptido VILAGEVTPVTVR de una digestión con tripsina de Escherichia coli adquirida en el mismo punto en el pico cromatográfico.

Se observan las mejoras en selectividad (de MS/MS) y sensibilidad (modo de alta transmisión) cuando se utiliza la MRM de alta resolución en comparación con el modo de MS de barrido completo convencional. El LLOD para MRM fue de 250 fg de testosterona en la columna.¹²

VERSATILIDAD: PORQUE SUS RETOS LO EXIGEN

SYNAPT G2-Si MS y MALDI SYNAPT G2-Si MS son sistemas de tiempo de vuelo con aceleración ortogonal y cuadrupolo de nueva generación, que pueden actualizarse in situ para incorporar la funcionalidad HDMS de la nueva generación.

Actualización del sistema: garantice la inversión de su laboratorio

Porque nunca se sabe qué nuevos desafíos nos esperan, más opciones de entrada pueden resultarle útiles:

- La familia de productos ACQUITY UltraPerformance LC[®] ha demostrado ser la entrada cromatográfica más potente y flexible para el análisis basado en espectrometría de masas que existe en la actualidad, con RP/RP 2D, intercambio hidrógeno-deuterio (HDX), cromatografía de convergencia (UPC²[®]), cromatografía avanzada para polímeros (APC) y tecnología nanoTile™ “plug and play”.
- La arquitectura con fuente de ionización universal de Waters, diseñada para aprovechar al máximo la UPLC[®], admite la más amplia gama de técnicas de ionización y las últimas innovaciones en tecnologías de ionización.

	<p>Sistemas SYNAPT G2-Si HDMS (modos HDMS yToF)</p> <p>Descubra las ventajas exclusivas de la IMS de alta eficacia y de la MS en tándem mejorada para llevar a cabo estudios de conformación, reducir la complejidad de los espectros y las interferencias del fondo, y obtener más información en los estudios de fragmentación.</p>
--	--

	<p>Sistema SYNAPT G2-Si MS (modo ToF)</p> <p>Acceda a nuevos niveles de productividad y rendimiento de ToF con soluciones de sistema específicas para las aplicaciones.</p>
---	--

ESI: ionización por electrospray

APCI: ionización química a presión atmosférica

ESC[®]: ESI y APCi doble

nanoFlow™ ESI

MALDI: ionización por desorción con láser asistida por matriz

ASAP: sonda para análisis de sólidos atmosféricos



También compatible con las fuentes DESI (Prosalia), DART (IonSense), LDTD (Phytronix), LAESI (Protea Biosciences) y TriVersa NanoMate (Advion).

EFICIENCIA INSTANTÁNEA Y ÉXITO ACELERADO CON ENGINEERED SIMPLICITY

El alto rendimiento es clave para la productividad, pero ¿por qué hay que trabajar más para aprovecharlo? La simplicidad integrada (Engineered Simplicity) es la base del diseño del SYNAPT G2-Si. Esto significa que aunque el diseño técnico del SYNAPT G2-Si le permite abordar las aplicaciones más complejas, también está diseñado para simplificar y automatizar todo el flujo de trabajo.

PREPARAR

IntelliStart™ garantiza que el sistema está preparado para ser usado por expertos y principiantes por igual, tanto si se utiliza MS como UPLC/MS o nanoUPLC/MS.

ANALIZAR

La arquitectura con fuente de ionización universal y las tecnologías QuanTof, StepWave, Triwave, UPLC/HOMS, HD-DDA, HD-MRM y ETD de Waters le dotarán de todo un nuevo nivel de posibilidades cuantitativas y cualitativas.

INTERPRETAR

Procese, visualice, compare e interprete los datos más complejos de forma automática. Después conviértalos rápidamente en información significativa con el software Informático, que admite flujos de trabajo de MS y High Definition MS™ entre aplicaciones.

DECIDIR

Genere informes, comparta resultados y archive información fácilmente con la informática aplicada al laboratorio de Waters. Tome decisiones más rápido y mejor que nunca.

Por su tranquilidad. Elija Waters Global Services.

Waters Global Services permite a los clientes optimizar las operaciones del laboratorio ofreciendo asistencia técnica, actualizaciones, formación, un servicio de la más alta calidad y Waters Quality Parts.®

Si desea obtener más información, visite www.waters.com/services.

La simplicidad empieza por IntelliStart

¡Póngase en marcha con rapidez y los descubrimientos llegarán aún más deprisa! El sistema SYNAPT G2-Si posee la tecnología IntelliStart, una interfaz intuitiva que automatiza las tareas de rutina. Esta tecnología permite a los investigadores de cualquier nivel utilizar el instrumento de forma rápida y fiable para generar datos de UPLC/MS reproducibles de la más alta calidad.

INTELLI^{START}™



COMPROBACIONES AUTOMATIZADAS DE LA RESOLUCIÓN Y LA CALIBRACIÓN DE LA MS



CONFIGURACIÓN SENCILLA DE EXPERIMENTOS DIVERSOS



COMPROBACIÓN AUTOMATIZADA DEL SISTEMA DE LC/MS



MONITORIZACIÓN AUTOMATIZADA DEL SISTEMA

POR QUÉ LOS PRINCIPALES INVESTIGADORES VAN POR DELANTE ALTA DEFINICIÓN SYNAPT

Para ir más allá de los límites de la espectrometría de masas convencional, puede optar por la dimensión adicional de la separación por movilidad iónica de alta eficacia que le ofrece SYNAPT G2-Si HDMS, en una amplia gama de aplicaciones.

Cuando los principales investigadores afirman que los beneficios de los sistemas de espectrometría de masas SYNAPT son tan buenos, ¿puede usted arriesgarse a quedar fuera de juego?

Mejora los análisis cualitativos y cuantitativos de proteómica

“El sistema SYNAPT G2 de Waters con movilidad iónica ha mejorado mucho la selectividad para los análisis de proteómica. La movilidad iónica, una medida ortogonal, mejora de forma espectacular la metodología MS^E sin marcadores utilizada en nuestra investigación. Con respecto a la tecnología anterior, la nueva plataforma G2 HDMS^E permite una determinación detallada de iones producto con medidas cromatográficas bien caracterizadas, que dan lugar a una determinación de secuencias peptídicas más exacta con una cuantificación precisa y reproducible”.

ANDREW K. OTTENS, Ph.D.
Profesor adjunto de Anatomía,
neurobiología y bioquímica,
Universidad de la Commonwealth
de Virginia, VA, EE. UU.

Eficiencia creciente en investigación y descubrimiento farmacéutico

“No esperábamos que los resultados fueran tan buenos. Si hubiéramos tenido que sintetizar tan solo estos tres metabolitos, probablemente habríamos tardado varios meses, mientras que el experimento de LC-MS con movilidad iónica y los cálculos de modelado apenas nos llevan una semana”.

**DRUG METABOLITE
ID MADE EASY**
Chemistry World,
julio de 2010
www.chemistryworld.org

Mayor confianza en aplicaciones de cribado difíciles

“Las determinaciones de CCS pueden transformar la forma en que la gente busca compuestos conocidos ya que, a diferencia de otros parámetros como el tiempo de retención, los valores de CCS no se ven afectados por las diferentes matrices y métodos cromatográficos, y proporcionan un nivel de confianza mucho mayor de que se ha encontrado lo que se estaba buscando”.

SEVERINE GOSCINNY
*Investigador de
WIV-ISP, Bélgica*

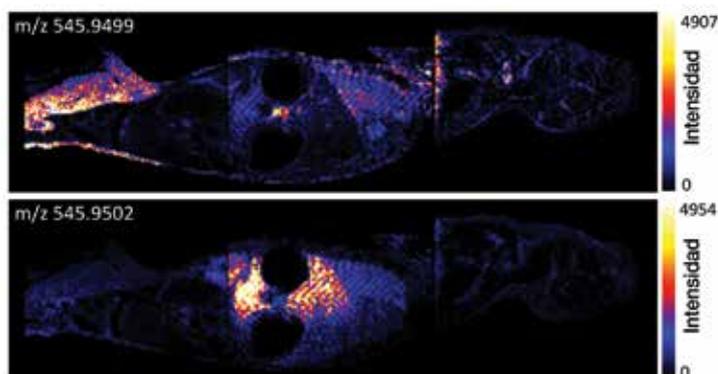
Ayuda a comprender la función de la estructura en la caracterización biofarmacéutica

“Se ha demostrado que la IMMS revela 2 o 3 poblaciones de conformaciones en fase gas para el IgG2s. En cambio, se revela un solo isómero conformacional en fase gaseosa cuando se utiliza IMMS tanto para un anticuerpo IgG1 como para un IgG2 mutante Cys-232 Ser, los cuales son ambos homogéneos con respecto a los puentes disulfuro. Esto ofrece pruebas evidentes de que los isómeros conformacionales de IgG2 en fase gaseosa observados están relacionados con la heterogeneidad de los puentes disulfuro. Además, el análisis por IMMS de isoformas de disulfuro enriquecidas por oxidación-reducción permite la asignación sin ambigüedades de los picos de movilidad a estructuras de disulfuro conocidas. Estos datos ilustran con claridad cómo se puede utilizar la IMMS para obtener rápidamente información sobre la estructura de orden superior de los productos terapéuticos de anticuerpos”.

BAGAL D., ET AL.
Rapid Commun. Mass Spectrom.
2008; 22: 2898-2904.

éxito

CON LA ESPECTROMETRÍA DE MASAS DE



Resolución efectiva >1,8 millones

Visualización de las distribuciones de dos iones (mostrados en rojo en el gráfico de m/z frente al tiempo de deriva) que difieren notablemente en el tiempo de deriva pero cuya diferencia de masa es tan pequeña que necesitarían un poder de resolución de m/z superior a 1,8 millones para poder diferenciar los iones sin la separación por IMS T-Wave.

Las distribuciones espaciales de los dos iones son claramente diferentes cuando se representan utilizando la m/z y el tiempo de deriva para generar las imágenes, como se muestra en los dos paneles para la m/z 545,9499 y la m/z 545,9502.

El MALDI SYNAPT G2-Si utiliza un láser de estado sólido de 2,5 KHz y permite adquirir imágenes con una resolución espacial de hasta 15 μm .

Amplía la capacidad de los investigadores para caracterizar mejor las microestructuras de los polímeros

“La IMS/MS está empezando a atraer adeptos entre los investigadores analíticos que reconocen los decisivos beneficios que se obtienen al combinar el análisis de masas con la separación iónica dependiente de la forma. Como señaló el profesor [Jim] Scrivens [de la Universidad de Warwick, Reino Unido], “La capacidad de seguimiento de familias de iones es un aspecto extraordinariamente potente de esta técnica”. Luego añadió que, de forma más general, la IMS/MS ofrece una plataforma “para separar y visualizar todos estos tipos diferentes de compuestos en un solo experimento con alto contenido de información que es superior a otros enfoques”.

DOUBLING UP ON MASS ANALYSIS

Chemical & Engineering News. 29 de marzo de 2010, volumen 88, número 13, págs. 35-37.

Biología estructural: información única sobre los mecanismos biológicos

El sistema SYNAPT ofrece una dimensión totalmente nueva y es la plataforma de elección para el análisis estructural rápido de complejos proteicos heterogéneos de gran tamaño. Se han publicado decenas de artículos basados en las características únicas del SYNAPT MS de alta definición.¹

Mejora en la caracterización estructural de proteínas con HDX y movilidad iónica

“De manera importante, las separaciones por movilidad iónica ofrecen una dimensión ortogonal de separación además de la cromatografía líquida de alta resolución de fase reversa (RP-HPLC). La dimensión adicional de separación permitió la desconvolución de patrones de isótopos solapados para péptidos coeluyentes y la extracción de valiosos datos de incorporación de deuterio para estos péptidos. Tomados conjuntamente, estos resultados indican que la inclusión de la separación por movilidad iónica en los análisis por MS HX mejora todavía más la parte de espectrometría de masas de estos experimentos”.

IACOB R. E., ET AL.
Rapid Commun. Mass Spectrom.
2008; 22: 2898-2904.

Localización espacial mejorada en los tejidos: imágenes de alta definición (HDI) MALDI

Para determinar la eficacia de un fármaco, es fundamental comprender su distribución en el tejido vegetal o animal. Las imágenes adquiridas con MALDI MS proporcionan esta capacidad. No importa si desea determinar la ubicación de péptidos, lípidos, fármacos o metabolitos de fármacos; HDI™ MALDI, la combinación de las separaciones por movilidad iónica de alta eficiencia y de MALDI, le ofrece, de forma única, la capacidad para determinar la distribución de los compuestos diana sin interferencias de los iones de fondo ionizados simultáneamente.

“...las imágenes de IM-MS proporcionan varias ventajas únicas, como (1) la adquisición de imágenes selectivas de compuestos isobáricos (*lípidos frente a péptidos*) o de subpoblaciones estructurales o conformacionales del mismo compuesto en función de su IM, (2) la separación o el rechazo del ruido químico endógeno no deseado, (3) la reducción de los efectos de supresión de iones en la fuente del ToF-MS mediante la separación temporal por IM de los analitos y (4) la utilidad potencial de la IM-MS/MS casi simultánea de todos los analitos a coordenadas de píxeles específicas”.

M^cLEAN J. A., RIDENOUR W. B.,
CAPRIOLI R. M.
J Mass Spectrom.
agosto de 2007; 42(8):1099-105.

OFICINAS DE VENTAS:

Austria 43 1 877 18 07

Australia 61 2 9933 1777

Bélgica y Luxemburgo 32 2 726 1000

Brasil 55 11 4134 3788

Canadá 1 800 252 4752

China 86 21 6156 2666

República Checa 420 2 617 11384

Dinamarca 45 46 59 8080

Finlandia 358 9 5659 6288

Francia 33 1 30 48 72 00

Alemania 49 6196 400 600

Hong Kong 852 2964 1800

Hungría 36 1 350 5086

India 91 080 49292200 03

Irlanda 353 1 448 1500

Israel 9723 3731391

Italia 39 02 265 0983

Japón 81 3 3471 7191

Corea 82 2 6300 4800

México 52 55 52 00 1860

Países Bajos 31 76 508 7200

Noruega 47 6 384 6050

Polonia 48 22 101 5900

Portugal 351 21 893 61 77

Puerto Rico 1 787 747 8445

Rusia/Comunidad de Estados Independientes (CIS)

7 495 727 4490 / 290 9737

Singapur 65 6593 7100

España 34 93 600 9300

Suecia 46 8 555 115 00

Suiza 41 56 676 7000

Taiwán 886 2 2501 9928

Reino Unido 44 208 238 6100

Estados Unidos 1 800 252 4752

Waters Corporation

34 Maple Street
Milford, MA 01757 EE.UU.
TEL 508 478 2000
Fax: 508 872 1990
www.waters.com

Referencias

1. Dramatically Enhanced Analytical Sensitivity with the Use of Novel StepWave Ion Transfer Technology in the SYNAPT G2-S System. Waters Technical Brief ([720003964EN](#)) at [www.waters.com](#)
2. A Step Change in High-Resolution Quantitative Performance Combining Novel StepWave, QuanTof, and MS^E Technology in the SYNAPT G2-S System. Waters Technical Brief ([720003963EN](#)) at [www.waters.com](#)
3. Giles K., *et al.* Enhancements in Travelling Wave Ion Mobility Resolution. *Rapid Commun. Mass Spectrom.* 2011, 25, 1559-1566.
4. Rodriguez-Suarez, E., *et al.* An Ion Mobility Assisted Data Independent LC-MS Strategy for the Analysis of Complex Biological Samples. *Current Anal. Chem.* 2013, 9, 199-211. DOI: <http://dx.doi.org/10.2174/157341113805218947>
5. Advantages of Size/Shape Ion Mobility Separation for Metabolite ID: Collecting Cleaner and More Specific Data than Using HRMS Alone. Waters Technical Brief ([720004741EN](#)) at [www.waters.com](#)
6. Pringle, S. D., *et al.* An Investigation of the Mobility Separation of Some Peptide and Protein Ions Using a New Hybrid Quadrupole/Traveling Wave IMS/oa-TOF Instrument. *Int. J. Mass Spectrom.* 261 (2007) 1-12.
7. Dear G. J., *et al.* Sites of Metabolic Substitution: Investigating Metabolite Structures Utilizing Ion Mobility and Molecular Modelling. *Rapid Commun. Mass Spectrom.* 2010; 24: 3157-3162.
8. The Benefits of Gas-Phase Collision Cross-Section (CCS) Measurements in High-Resolution, Accurate-Mass UPLC/MS Analyses. Waters White Paper ([720004749EN](#)) at [www.waters.com](#)
9. Triwave White Paper ([720004176EN](#)) at [www.waters.com](#)
10. High Definition Data Directed Analysis (HD-DDA). Waters Technical Brief ([720004734EN](#)) at [www.waters.com](#)
11. High Definition Data Directed Analysis: The Application of Quadrupole Ion Mobility Time-of-Flight Mass Spectrometry for Untargeted Proteomics Studies. Waters Application Note ([720004729EN](#)) at [www.waters.com](#)
12. Targeted High Resolution Quantification with ToF-MRM and HD-MRM. Waters Technical Brief ([720004728EN](#)) at [www.waters.com](#)
13. High Definition Multiple Reaction Monitoring: The Application of Quadrupole Ion Mobility Time-of-Flight Mass Spectrometry for Targeted Proteomics Studies. Waters Application Note ([720004730EN](#)) at [www.waters.com](#)

www.waters.com/SYNAPTGSi

www.waters.com/proof

Waters

THE SCIENCE OF WHAT'S POSSIBLE.®

Waters, The Science of What's Possible, SYNAPT, High Definition Mass Spectrometry, High Definition MS, UPLC, ACQUITY UltraPerformance LC, TRIZAIC UPLC, Waters Quality Parts, UPC² y Triwave son marcas registradas de Waters Corporation. HDMS, IntelliStart, StepWave, Engineered Simplicity, nanoTof, ProteinLynx, BiopharmaLynx, TransOmics, HDI, T-Wave, DynamX, ZSpray y DriftScope son marcas comerciales de Waters Corporation. Todas las demás marcas comerciales pertenecen a sus respectivos propietarios.

©2014 Waters Corporation. Impreso en EE. UU.
Marzo de 2014 720004681ES LB-PDF