

SEQUENCIAMENTO DE PEPTÍDEOS USANDO ESPECTROMETRIA DE MASSAS: UM GUIA PRÁTICO

Marcelo Delmar Cantú e Emanuel Carrilho*

Instituto de Química de São Carlos, Universidade de São Paulo, CP 780, 13560-970 São Carlos – SP, Brasil

Nelson Arno Wulff

Fundo de Defesa da Citricultura, Av. Adhemar Pereira de Barros, 201, 14807-040 Araraquara - SP, Brasil

Mario Sérgio Palma

Departamento de Biologia, Instituto de Biociências de Rio Claro, Universidade Estadual Paulista, Av. 24 A, 1515, 13506-900 Rio Claro - SP, Brasil

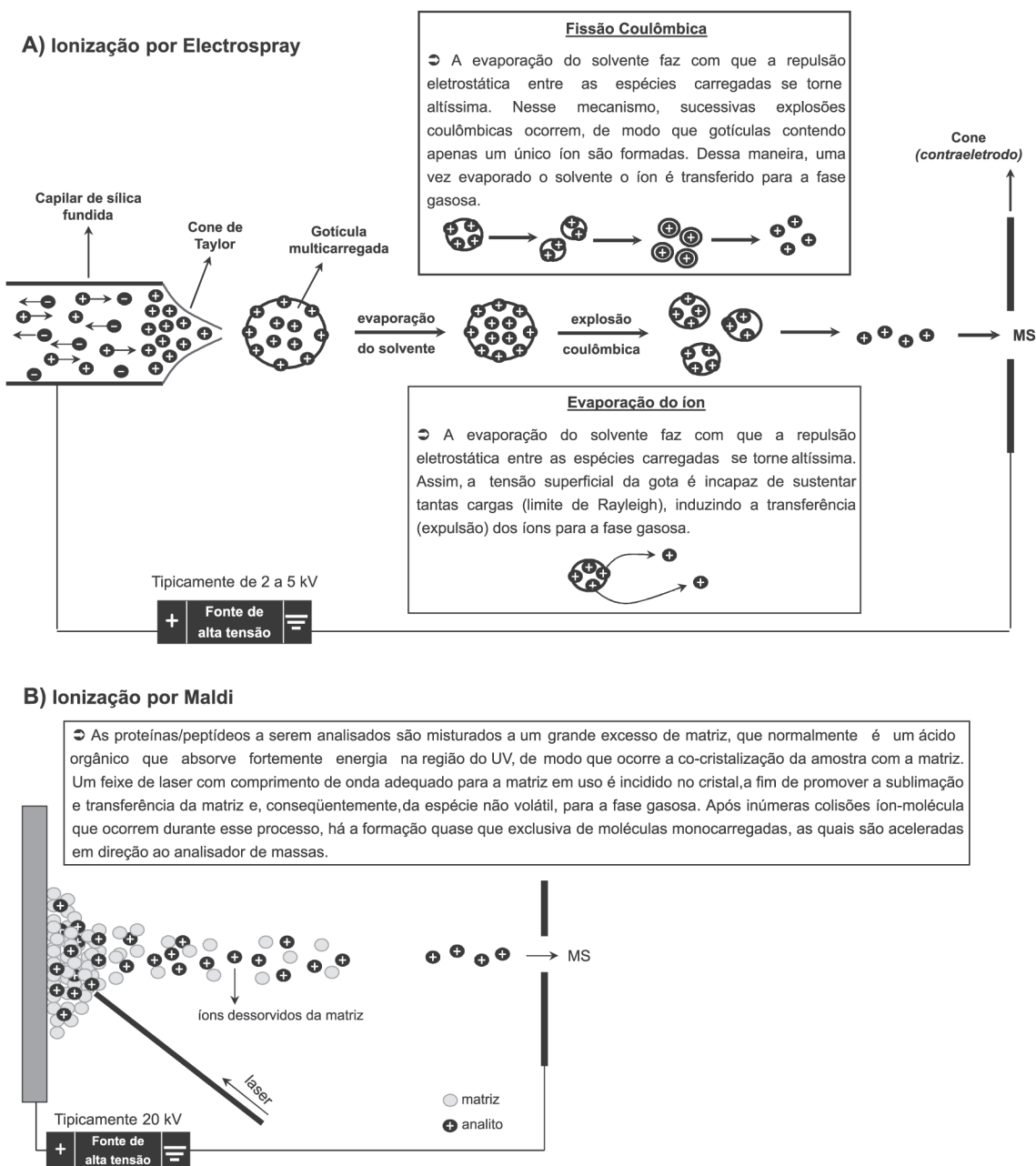


Figura 1S. Esquema detalhado dos modos de ionização largamente empregados em MS aplicada à análise proteômica. A) Electrospray; B) MALDI

*e-mail: emanuel@iqsc.usp.br

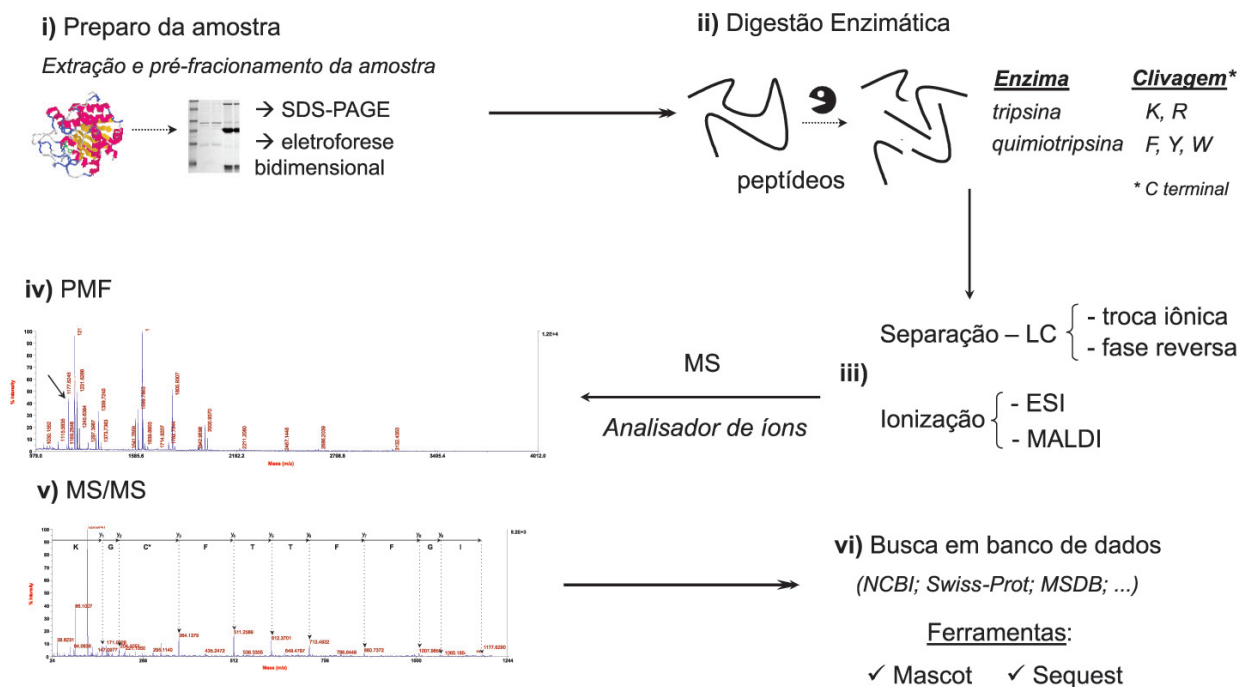


Figura 2S. Esquema ilustrado das seis etapas que comumente integram um estudo proteômico que emprega espectrometria de massas

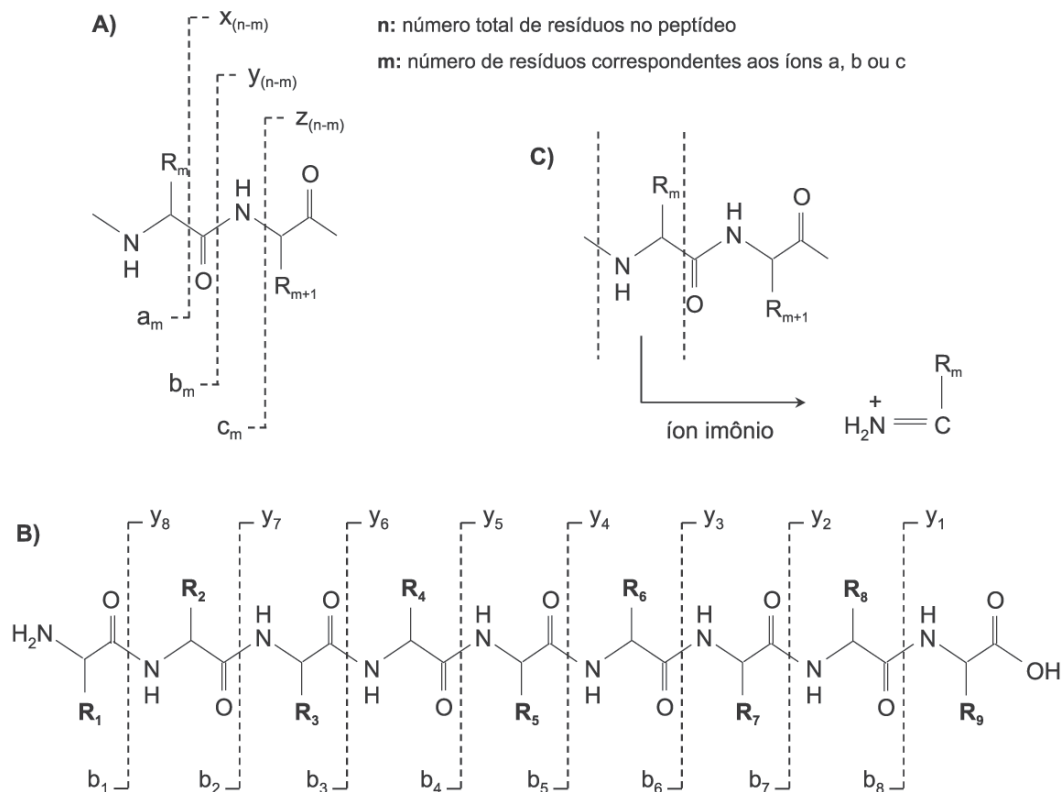


Figura 3S. A) Estrutura química geral de um peptídeo apresentando a nomenclatura proposta por Roepstorff–Fohlmann–Biemann dos fragmentos formados devido à transferência de energia para o peptídeo; B) os íons formados são enumerados a partir do aminoácido N-terminal; C) a fragmentação das porções amino e carboxi terminal de um mesmo aminoácido produz os íons imônio

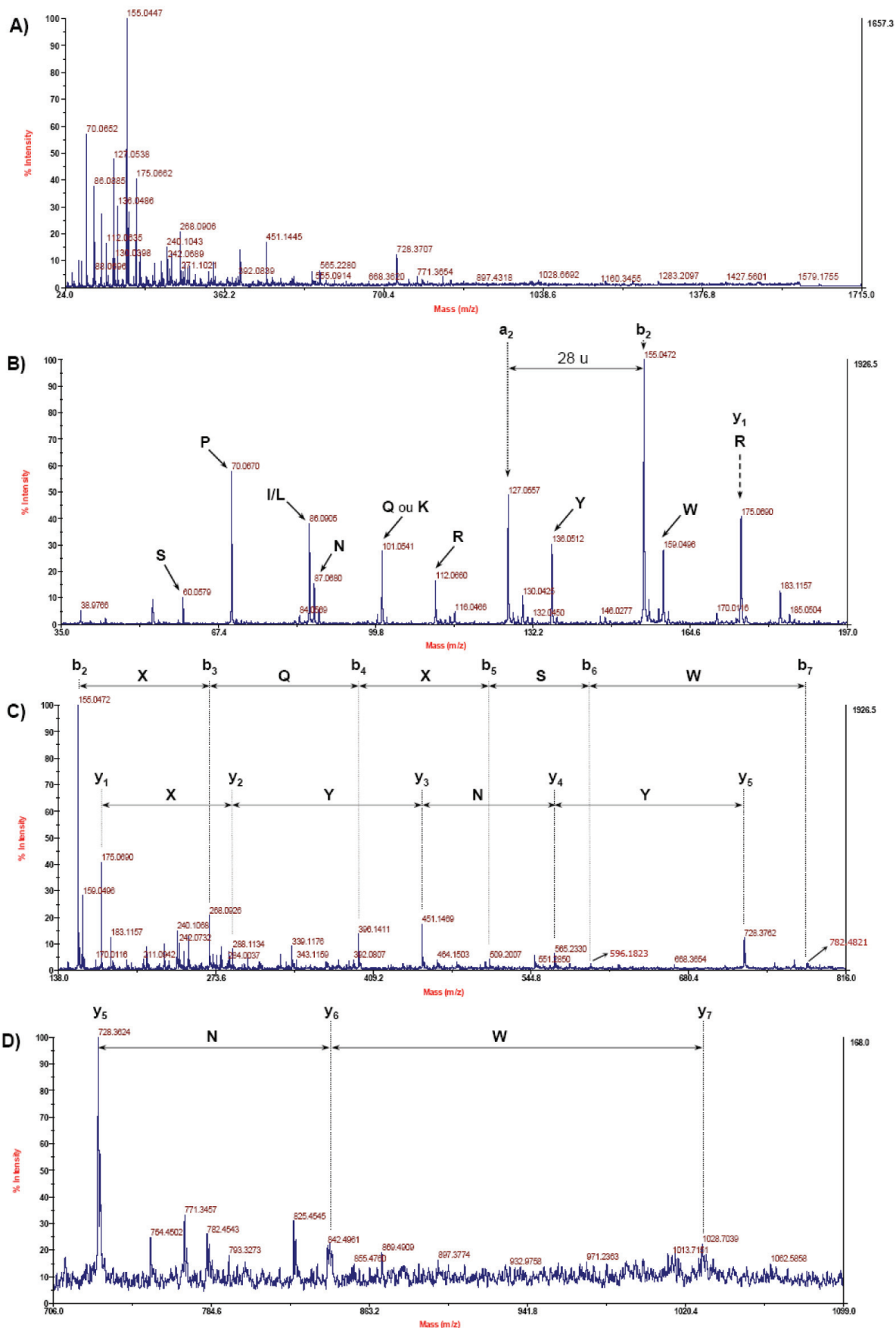


Figura 4S. Interpretação do espectro de massas referente ao peptídeo em estudo, obtido pelo instrumento TOF-TOF. A) Espectro original; B) zoom na região de baixa massa do espectro; C e D) sequenciamento do peptídeo (séries -y e -b)

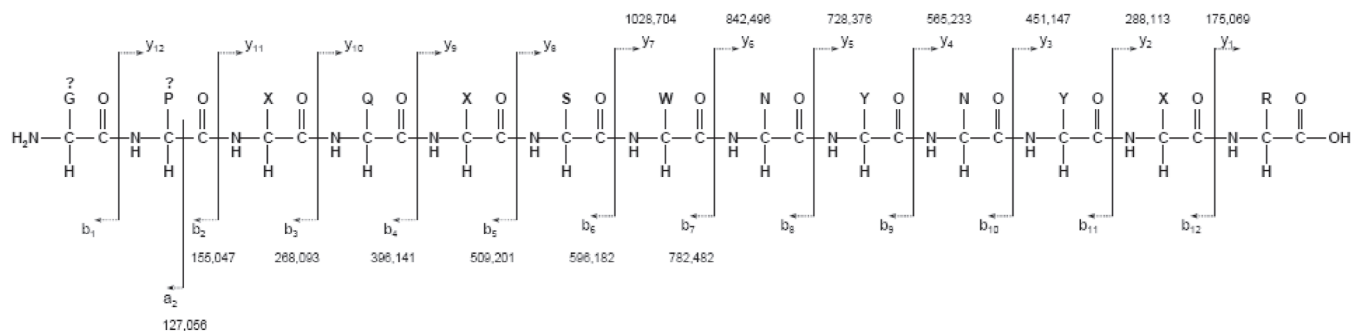


Figura 5S. Seqüência de aminoácidos determinada para o peptídeo em estudo bem como os íons *-b* e *-y* encontrados no espectro. As cadeias laterais dos resíduos estão representadas por meio dos códigos de uma letra dos respectivos aminoácidos. *X* representa *I* ou *L*

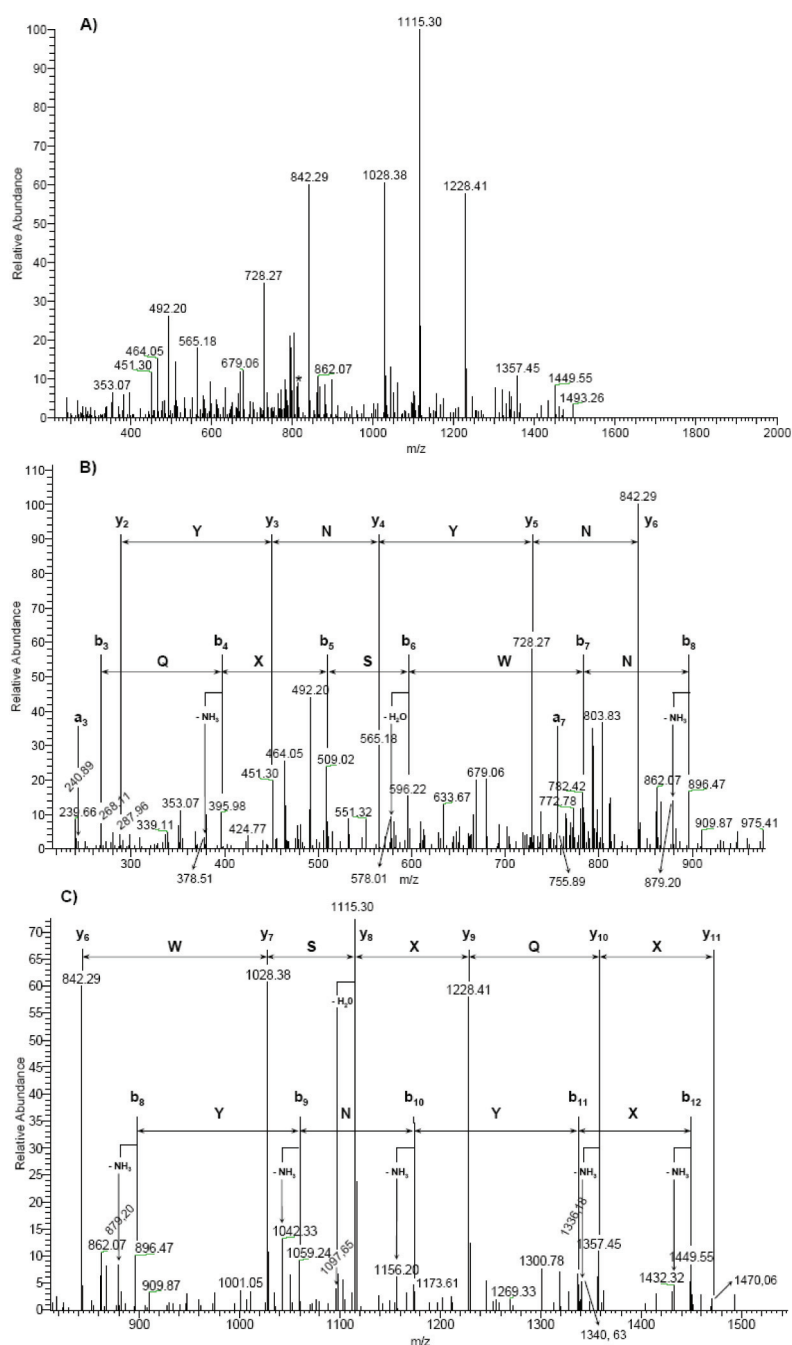


Figura 6S. Interpretação do espectro de massas referente ao peptídeo em estudo, obtido pelo instrumento íon trap. A) Espectro original; B) zoom na região de baixa massa do espectro; C) seqüenciamento do peptídeo (séries *-y* e *-b*). * corresponde ao íon precursor (duplamente carregado)

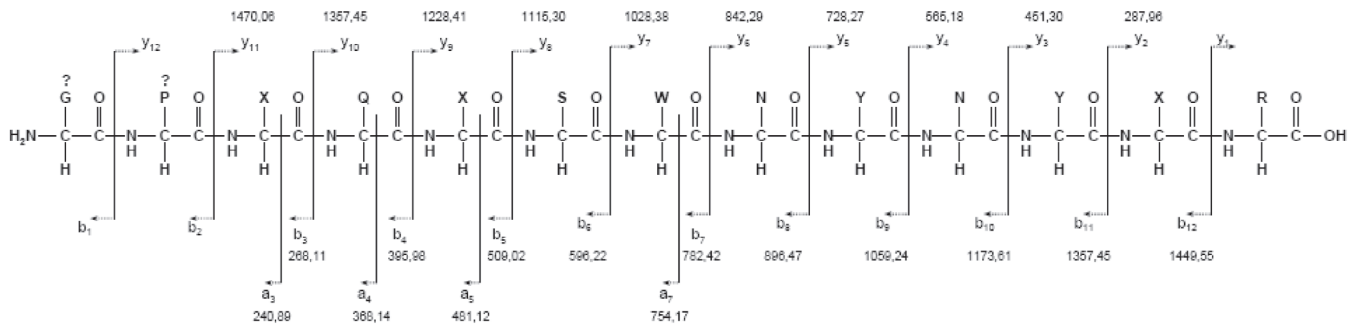


Figura 7S. Sequência de aminoácidos determinada para o peptídeo em estudo bem como os íons b e y encontrados no espectro. As cadeias laterais dos resíduos estão representadas por meio dos códigos de uma letra dos respectivos aminoácidos. X representa I ou L