

KSMS 제 3회 겨울 심포지엄 개최

한국질량분석학회 제3회 겨울 심포지엄이 지난 2월 9일 연세대학교에서 개최되었다. 이번 심포지엄은 “Trace Element and Isotopic Application of Mass Spectrometry”를 주제로 진행되었다. 심포지엄에서는 환경과 식품분야에서는 연세대학교 이동호교수의 “Stable isotope techniques applied for climate change studies”를 시작으로 목포대학교 남상호 교수의 “A research on arsenic species in food and dietary supplements by HPLC – ICPMS”제목의 HPLC – ICPMS를 이용한 식품에서의 비소 중분화에 대한 분석법 소개가 있었다.

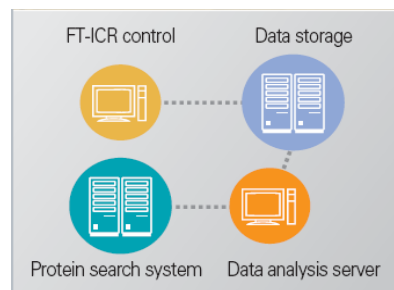
Forensic 분야에서는 충남대 이계호 교수의 고체물질을 직접 분석할 수 있는 “Analytical Characterization of Laser Ablation ICP-MS for Direct Solid Analysis” 대한 강연과 국립과학수사연구소의 민지숙 박사의 “Natural Isotopes and Trace Elements in Criminalistics “등 법의학에서 질량분석기 응용에 관한 연구를 소개하는 좋은 자리가 되었다. 마지막으로 방사능 물질부분에 대해서는 한국원자력연구원의 송규석 박사의 “Application of mass spectrometry in isotopic analysis of ultra trace nuclear materials”과 이번 겨울심포지엄을 조직해주신 충남대 최만식 교수의 Analysis of long-lived radionuclides in environmental samples using SF ICP/MS”에 대한 강연이 있었다.

이번 심포지엄은 동일시마츠, 브루커달토닉스, 신코, 엘에스케이, 워터스코리아, 유로사이언스, 인성크로마텍, 한국애질런트, (주)성진아이앤드티 등 9개사가 후원하였으며 85명의 관련자들이 참석하여 정보교환 및 인적 교류의 기회를 가졌다.

목 차

1. 제3회 겨울 심포지엄 개최	1	
2. 2007 여름학술대회 안내	3	
3. 2008 겨울 심포지엄 계획	6	
4. 실험실소개: LG생명과학		7
5. 관련학회 소식	8	

한국기초과학지원연구원에 세계 최초로 제작된 고감도 초고분해능 15 Tesla Fourier Transform Ion Cyclotron Resonance 질량분석기 (FTMS) 설치



High throughput FT-ICR MS data analysis system with bio-, and nano- molecular information & database

한국기초과학지원연구원(이하 기초연)에서는 지난 4월 세계 최초로 제작된 고감도 초고분해능 15 Tesla Fourier Transform Ion Cyclotron Resonance 질량분석기 (FTMS)를 오창센터에 설치하였다. 이번에 개발된 15 테슬라급 FT-ICR 질량분석기는 미 국립 고자기장연구소(NHMFL : National High Magnetic Field Laboratory, 미 플로리다주 탈라하시 소재)와 기초연 공동으로 개발하였으며, 기초과학 모든 분야에 사용될 수 있는 장비이다. 최근 생명공학(BT) 분야 특히 유전체 및 단백질체 분석 분야에 필수적인 장비이며, 세계 각국이 포스트게놈 시대의 유전체 및 단백질체 연구를 선도하기 위해 국립연구소를 중심으로 FT-ICR 질량분석기를 자체 제작하거나, 상업용 질량분석기를 개조하여 창의적 연구를 주도하고 있다. 초전도, 초고진공 및 고자기장 기술분야 등 다중극한 환경기술의 결집체인 첨단(FT-ICR) 질량분석기는 국가적 대형 연구 장치의 하나이나 현재 국내 개발이 전무한 실정이었는데, 이번 장비개발을 통해 원천 기술 확보와 다양한 분야에서 사용할 수 있는 FT-ICR 질량분석기를 제작할 수 있는 능력을 보유함으로써 “국가의 자주적 연구장비 개발” 기반을 구축하여 국가 과학기술 발전에 기여할 수 있을 것으로 기대하고 있다.

간사회 소식

1. 여름 학술회외 정기 총회 안건 선정

- 회장, 감사 선출 건 보고
- 2006 세무 수입 및 지출내역 보고(감사완료 보고서), 2008 사업계획 및 예산 위임

3. 2007년 ASMS 한국인의 밤 행사 후원 계획

4. HUPO 6th Annual World Congress, Seoul 2007 (Oct. 6-10 2007 COEX, Seoul, Korea) 지원

5. 2008년 회장 및 감사 추천

- 차기 질량분석학회 회장 추천 : 정봉철
- 차기 질량분석학회 감사 추천 : 신승구, 김병주

2007 여름학술대회 안내

안녕하십니까?



한국질량분석학회에서는 올해 8월 22일부터 24일 까지 2박3일간 강원도 평창 휘닉스 파크에서 2007년 여름 정기학술대회와 워크숍을 개최합니다. 현대 질량분석학이 나날이 광범위하게 응용되는 추세에 맞추어 이번 학술대회의 주제는 Current Trend of Mass Spectrometry로 정하였습니다. 질량분석학은 최근 이용이 확산되고 있는 생물학 분야뿐 만 아니라 화학, 약학, 의학, 식품학, 지질학, 물리학, 환경학 분야에 이르기까지 응용 범위가 급증하고 있습니다. 요즘에는 메타볼로믹스분야의 대두와 더불어 Pharmaceutical bioanalysis에도 폭넓게 응용되어지고 있습니다. 이에 한국질량분석학회에서는 다양한 관련분야 연구자의 교류를 촉진하고 빠르게 발전하는 새로운 질량분석학과 기기에 관한 정보를 제공하고자 합니다.

작년부터 보다 많은 분야의 회원들에게 유익한 정보를 제공하기 위하여 short course 강좌를 개설하였고 많은 성원들을 해주셨습니다. 올해도 기존에 진행했던 질량분석학의 기초이론에서부터 질량스펙트럼 해석, Proteomics 뿐 아니라 요즘 많은 관심을 끌고 있는 Pharmaceutical bioanalysis에서 정성 및 정량 분석 등 다양한 분야의 응용에 관한 정보를 드리고자 8월 22일 첫째 날에 short course 강좌를 개설하였습니다. 질량분석학의 기초에 관심이 많으신 학생 및 연구원에서부터 응용 범위를 확대하시기를 원하시는 산업계, 연구계 및 학계 연구자 분들의 많은 참석을 요청 드립니다.

둘째 날에는 미국 Washington대학의 Michael Gross 교수와 일본질량분석학회 회장인 Hiraoka Kenzo 교수 등 세계적인 석학 두 분을 모시고 Plenary Lecture가 준비되어있으며 국내외 전문가를 연사로 초청하여 Pharmaceutical & Forensic, Large biomolecule, food, Fundamental, Metabolomics 그리고 Environmental Mass Spectrometry 관련 분야의 심포지엄 발표를 준비하였습니다. 화학, 약학, 의학, 식품학, 지질학, 물리학, 환경학 등 다양한 분야의 소개와 더불어 관심 있는 분야에 대한 심층적인 토론의 장으로 활용될 것입니다. 또한 관련 발표 저자들과 연구의 노하우를 나눌 수 있는 포스터 세션을 마련하였고, 질량분석연구 관련 연구자들이 함께 나눌 수 있는 즐거운 오락시간도 준비되어 여러분의 더운 머리를 식혀드리고 뜨거운 마음으로 상호교류하실 수 있는 마당을 준비하였습니다.

마지막 날은 최근 관심이 고조되고 있는 질량분석을 이용한 바이오마커 연구에 관한 워크숍을 준비하였습니다. 연세대 병리학과 김호근교수를 모시고 인간 암에서 발굴되는 바이오마커의 효용성에 관한 Special Lecture와 더불어 세계 각국에서 모신 연사들의 바이오마커 발굴 연구에 대한 심도있는 토론의 장이 되기를 기원합니다.

한국질량분석학회에서는 이번 학술대회 마당을 통하여 국내 질량분석 분야의 발전, 최신 정보 습득, 인적 교류의 활성화 등에 기여하려고 노력하겠습니다. 이에 2007년 8월 22일부터 강원도 평창에서 질량분석분야의 연구 및 업무에 종사하시는 연구자들이 많은 참여하시길 부탁드립니다.

2007. 8. 1.

한국질량분석학회

회장 유종신 드림



- 주제 : Current Trend of Mass Spectrometry
- 일시 : 2006년 8월 22일(수) - 24일(금)
- 장소 : 강원도 보광 휘닉스 파크 호텔(<http://www.phoenixpark.co.kr>)

학술대회 주요일정

2007. 7.15~8.10	Short course 사전등록 (홈페이지를 통한 온라인 등록) 여름정기 학술대회 사전등록 및 초록접수 (홈페이지를 통한 온라인 등록)
2007. 8. 22(수)	Short course(질량분석교육)
2007. 8. 23(목)	심포지움 (6개분야)
2007. 8. 24(금)	Workshop: Biomarker discovery

Short course

분야	질량분석이론 및 기초	질량분석법의 응용	Pharmaceutical bioanalysis
2hr	Introduction of MS/MS: 오한빈 교수(서강대)	단백질에 대한 질량분석 데이터 처리방법: 권경훈 박사(KBSI)	LC-MS/MS를 이용한 정량/정성분석: 이재익 박사 (LG생명과학)
2hr	질량분석기 구성 및 원리: 김광표 교수(건국대)	Quantitation of protein by MS: 김영환 박사(KBSI)	LC-MS/MS를 이용한 약물평가 기법 : 나숙희 박사 (바이오코아)
등록비(모든회원, 교재포함)	70,000	70,000	70,000
교재비(교재 별도 구입가능)	30,000	30,000	30,000

날짜	분야	좌장	제목 및 연사
8. 23 (목)	Plenary Lecture I	유종신	Modern Mass Spectrometry Enables Protein Footprinting:H/D Amide Exchange, Acetylation, Iodination, and OH Radical Reactions: Prof. Michael L. Gross (Washington University)
	Plenary Lecture II	신승구	Recent development of ionization methods for gas, liquid, and solid samples: Prof. Kenzo Hiraoka (Univ. Yamanashi)
	심포지엄 1 Metabolomic Mass Spectrometry	최만호	The Emerging Field of Metabolomics: Investigating Biology from Cells to Humans : Dr. Bill Wikoff (Scripps Research Institute)
			A stable isotope-mass spectrometric method for measuring metabolic kinetics in vivo: 김유경 교수 (경북대)
	심포지엄 2 Large biomolecule Mass Spectrometry	김광표	Targeted endogenous metabolite profiling: A step toward metabolomic study : 유광현 교수 (인제대)
			On-Line LC-MS Approach Combining CID, ETD, and CID of an Isolated Charge-Reduced Species for the Trace-Level Characterization of Proteins with PTM: Shiaw-Lin Wu, Ph.D (Barnett Institute, Northeastern University)
			Comparative proteome analysis of human breast cancer using 2D liquid separation coupled with mass spectrometry: 박규환박사(KBSI)
	심포지엄 3 Mass Spectrometry in Food	김병주	Proteomic analysis of cell line secretome as a detour in discovery of serological cancer biomarkers: 이철주 박사(KIST)
			Structure Elucidation of Designer Drug Analogues of Anti-Impotence Drugs in Food: 박상애 박사 (식품의약품안전청)
8. 24 (금)	심포지엄 4 Fundamental Mass Spectrometry	김현식	Determination of Acaricides in Honey by Solid-Phase Extraction and GC/ MS : 홍종기 교수 (경희대)
			Application of Isotope Dilution Mass Spectrometry (IDMS) for Food Analysis: 안성희 박사 (KRISS)
			Kinetics of Ion Dissociation:이상원 교수 (고려대)
	심포지엄 5 Pharmaceutical & Forensic Mass Spectrometry	이재익	Infrared Photodissociation Spectroscopy of Biological Molecules in the Fourier-transform Mass Spectrometry: 오한빈 교수 (서강대)
			High Performance 15T FT-ICR MS: 김현식 박사 (KBSI)
			Confirmation method development for anti-estrogenic agents and steroid using tsq and Itq-orbitrap:강민정 박사 (KIST)
	심포지엄 6 Environmental Mass Spectrometry	표희수	Absorption, distribution, metabolism and excretion of 14C-KR31378 in rats; LC/MS applications in ADME study:유혜연 박사 (KIST)
			The application of GC/MS in forensic toxicology : 양원경 박사 (국립과학수사연구소)
			인체시료에서 POPs, PAHs 노출평가 기법:신호상 교수 (공주대)
8. 24 (금)	워크샵 Biomarker discovery	정봉철	Current Research Trend about Micropollutants in Korea;With a Focus on Water: 오정은 교수 (부산대)
			A metabolomic approach to evaluating the toxicological effects of nonylphenol in rat urine: 이정애 박사 (KIST)
			심사
			Special Lecture
8. 24 (금)	워크샵 Biomarker discovery	정봉철	Biomarker Discovery using Clinical Samples: 김호근 교수 (연세대)
			Mass spectrometry-based metabolomics: pathway for discovery of disease-related biomarker : 최만호 박사 (KIST)
			Finding Biomarkers for Translational Research: 박병철 박사 (KRIBB)
			Metabolomic study on the relation between toxicity/toxicokinetics and metabolic change in the oral administration of valproic acid: 정병화 박사 (KIST)

2008 겨울 심포지움 계획

- 학회장소: 장소미정
- 주제: Food & Drug Analysis에 사용되는 질량 분석법의 최신 동향
- 학회일정: 2008년 2월

54th ASMS Conference on Mass Spectrometry 소식

- 학회장소: Indiana Convention Center Indianapolis, Indiana
- 학회일정: Jun2 - 7, 2007
- 참석자: 약 8,000여명참가
- ASMS 한국인 과학자 모임 :
 - 약 100여명의 국내외 질량분석전문가들이 모여 정보교환 및 인적교류
 - 후원: 신코, 유로사이언스, 워터스코리아, LSK(ABI)



실험실 소개 : LG 생명과학 Bioanalysis & Mass Spectrometry 연구실



LG 생명과학 Bioanalysis & Mass Spectrometry 연구실은 질량분석기를 이용한 정량분석, 정성분석을 통해 신약 개발 모든 분야의 연구개발을 지원하고 있습니다.



LG 생명과학 Bioanalysis & Mass Spectrometry (BAMS) 연구실은 이재익 박사를 중심으로 6명의 연구원들이 질량분석기를 이용한 정량분석과 정성분석 및 신기술 개발을 통해 신약개발 모든 분야의 연구개발을 지원하고 있다.

연구 동향

Analytical Chemistry에 total solution 제공이라는 슬로건을 내걸고 있는 이재익 박사 팀은 신약개발의 초기 단계 스크리닝에서 worldwide bottleneck인 high-throughput bioanalysis 이슈를 해결하기 위한 Ultra-fast generic LC-MS/MS instrument 시스템을 개발 및 구축하고 ballistic gradient를 이용한 Ultra-fast generic LC-MS/MS 기술을 이용하여 discovery 단계의 PK, TK 및 PD 시험으로부터 만들어진 다양한 시료들을 화합물들의 구조에 관계없이 시간당 35개씩 분석하는 초고속 generic 정량분석 시스템을 운영하고 있다. 이와 더불어 2006년 GLP인증을 받고 개발 단계에서의 정량분석을 위한 GLP-compliant bioanalysis 시스템도 운영하고 있다.

정량분석 연구 이외에도 신약 개발의 각 단계에서 LC-MS/MS를 이용한 metabolic profiling과 대사체 구조결정 및 공정 불순물 ID등과 같은 정성분석을 수행하고 있으며 특히 LC-MS/MS를 이용한 대사체 구조 결정을 위하여 mechanism-based mass spectrum 해석과 low-energy CID에서 발생하는 fragmentation/rearrangement mechanism에 관한 연구가 진행되고 있다. 대사체 구조 결정과 같은 정성 분야의 연구를 통하여 discovery 단계에서 신약 후보물질 발굴을 위한 structural design에 유용한 정보를 제공하고 있으며 전 임상 및 임상 단계에서 active/toxic metabolite ID 및 각종 대사체 regulation에 관한 정보를 제공하고 있다.

또한 small to large molecule에 이르는 여러 분야들의 분석학적인 bottleneck을 해결하기 위한 chromatographic & mass spectrometric new technology들의 개발을 지속적으로 수행하고 있으며 기술이전에도 노력하고 있다.

보유 장비

LC/MS/MS systems (8 systems)

- API-4000 (2대), API-2000 (1대), Quattro micro (2대), Micromass ZQ (1대), Hybrid Q-TOF (1대), LTQ ion trap (1대)

MultiPROBE II liquid handling system

HPLC systems (13 systems)

- Agilent, Waters, Shimadzu, Shiseido, HTLC

연구 영역

Drug Discovery & development

- Higher-throughput bioanalysis by LC-MS/MS
- ADME study using ^{14}C -labeled compound
- Structural elucidation of metabolites by LC-MS/MS & NMR
- GLP-compliant bioanalysis

Mass spectrometry

- Elucidation of fragmentation/rearrangement mechanism under low-energy CID
- Mechanism-based interpretation of CID

Chromatography

- Enantiomeric separation and chiral discrimination
- Instrumentation for ultra-fast generic LC-MS/MS
- Chromatographic technology development for analysis of highly polar compounds

Proteomics

- Global phosphoproteomics by nanoLC-MS/MS
- Enrichment technology development

Molecular & Cellular Proteomics지에 논문 게재

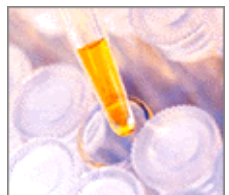
이재익 박사는 최근 "Mitochondrial phosphoproteome revealed by an improved IMAC method and MS/MS/MS"라는 제목으로 Molecular & Cellular Proteomics (impact factor 9.9) 2007년 4월호에 논문을 게재하였다.

Protein phosphorylation의 global proteomics는 phosphopeptide의 low stoichiometry와 poor backbone cleavage로 인하여 efficient isolation과 informative fragmentation이라는 두 가지 major challenge를 가진다. 이 연구에서 이재익 박사는 phosphopeptide들을 보다 효과적으로 enrichment하기 위한 batchwise IMAC enrichment 기술을 개발하고 회수율 약 77%로 최적화에 성공하였다. 이 기술과 neutral loss data dependent MS/MS/MS를 이용하여 mitochondria의 62 protein에서 84 phosphorylation site를 밝혀냈다. 특히 이번 연구는 기존의 on-line IMAC의 낮은 회수율과 재현성을 극복하는 새로운 방법이라는 것에 큰 의미를 갖는다.



LG Life Sciences

Leading Global Life Sciences Company



관련학회 소식

- **HUPO 6th Annual World Congress Seoul 2007**
 - 학회장소 : COEX, Seoul, Korea
 - 일시: Oct. 6-10 2007
 - www.hupo.org
- **The 9th Asian Conference on Analytical Sciences**
 - 학회장소 : Ramada Plaza Jeju, Jeju Island, Korea
 - 일시 : November 4-8, 2007
 - www.asianalysis2007.org
- **56th ASMS Conference on Mass Spectrometry**
 - 학회장소 : Denver, Colorado
 - 일시 ; June 1 - 5, 2008
 - www.asms.org

구 인

(주)서울의약연구소

1. 모집인원 : 00명 이내 (10명 이내, 수시모집)
2. 전공분야 : (신입, 경력) Tandem Mass Spectrometry 사용가능자 5명 이내, 생체시료중 약물분석 유경험자 5명 이내
3. 연봉 : 면접후 결정 (동종업계 최고대우)
4. 연락처 : 02-866-5533, E-mail : novakim@splab.co.kr
5. 복리후생 : 4대보험, 연봉외 인센티브제도

Waters Korea

Waters Korea 는 chromatography & Mass Spectrometry 분야에서 세계적인 선두기업인 미국 Waters Corporation 한국 법인입니다.

Chromatography 및 Mass Spectrometry 분야에서 과학 발전을 선도하며 전 세계를 이끌어 가는 Waters Korea와 함께 할 창의적이고 유능한 인재를 모시고자 합니다.

- 1.업무; GC/MS/MS, GCT 및 magnetic sector 분야의 Marketing specialist
- 2.모집요건 ; GCMS (Single quad 포함) 2년이상 경력자
- 3.모집인원 ; 0 명
- 4.연봉 ; 면접 후 결정
- 5.제출 처 ; e-mail ; ki_joon_choi@waters.com
- 6.전화번호 ; 02-820-2701



한국질량분석학회

Korean Society for Mass Spectrometry

<http://www.ksms.org>

대전시 유성구 어은동 52번지
한국기초과학지원연구원 연구장비개발부 (우305-806)
전화: 042-865-3922
팩스: 042-865-3929

한국질량분석학회(KSMS)는 질량분석학 분야의 발전을 도모하고 질량분석과 관련된 학문과 기술의 보급에 기여함을 목적으로 2004년에 설립되었습니다. 질량분석법은 최근 이용이 급증하고 있는 생물학 분야 뿐 만 아니라 화학, 약학, 지질학, 물리학 분야에 이르기까지 나날이 응용 범위가 확장되어 가고 있습니다. 이에 한국질량분석학회에서는 다양한 관련분야 연구자의 교류를 촉진하고 빠르게 발전하는 새로운 질량분석법과 기기에 관한 정보를 제공함으로써 국내 질량분석분야의 발전에 기여하고자 합니다.

발행인 : 유종신

편집인 : 서정주

KSMS 소식지 발간 안내

KSMS에서는 2005년부터 소식지를 발간하게 되었습니다. 국내외 최근의 질량분석관련 소식들을 전하고자 합니다. 회원들께서는 좋은 소식과 정보를 보내주시면 소식지를 통해서 회원 여러분들이 공유하도록 하겠습니다.

원고는 기초과학지원연구원 서정주박사(전화 : 02-920-0791, e-mail : jjseo@kbsi.re.kr) 에게 보내주시면 됩니다.

All the performance. All the time.

Agilent의 혁신적인 1200 Series LC 및
6000 Series LC/MS 시스템을 소개합니다.

신제품

- Agilent 1200 Series LC 시스템 및 모듈
- Agilent 1200 Series Rapid Resolution LC 시스템
- Agilent 1200 Series HPLC-Chip/MS
- Agilent RRHT LC 컬럼
- Agilent 6100 Series Single Quadrupole Time-of-Flight LC/MS
- Agilent 6210 Time-of-Flight LC/MS
- Agilent 6300 Series Ion Trap LC/MS 시스템
- Agilent 6410 Triple Quadrupole LC/MS
- Agilent 6510 Quadrupole Time-of-Flight LC/MS
- Agilent Mass Profiler 소프트웨어
- Agilent ChemStation 및 EZChrom Elite 소프트웨어
- Agilent 인텔리전트 서비스

2007년 8월 23일(목) 심포지엄 1-1

제목 : The Emerging Field of Metabolomics :
Investigating Biology from Cells to Humans

발표자 : Bill Wikoff 박사, Scripps Research Institute

기타 문의처 : 전화 031-230-2653 / 팩스 031-230-2633

www.agilent.co.kr/chem/performanceA4

애질런트의 신제품 1200 LC 및 6000 시리즈 LC/MS 시스템을 이용하면, 귀하의 실험실에서 필요로 하는 응용 및 분석 요구사항을 만족하는 탁월한 감도, 속도 및 분리능을 얻을 수 있습니다. 1200 시리즈 LC 시스템과 ZORBAX 컬럼은 고속 분리용(Rapid Resolution) LC로부터 HPLCChip 감도에 이르기까지 확장 가능한 LC 솔루션을 제공합니다. 1200 시리즈 LC는 전 세계에 설치된 60,000여 시스템을 통해 입증된 1100 시리즈 LC 기술을 기반으로 제작되어 그 성능과 신뢰성을 보장합니다. 새로운 HPLCChip/MS는 기존의 HPLC에 비해 최고 3,500배 높은 감도를 제공합니다.

애질런트 6000 시리즈는 새로운 Triple Quadrupole, Q-TOF, 한층 업그레이드 된 ion-trap, TOF로 구성된 완전히 새로운 LC/MS 시스템 포트폴리오로서 실험실의 생산성을 높이는 성능, 신뢰성 및 사용의 편리성까지 질량분석기의 새로운 표준을 확립합니다. 신제품 6100 시리즈 Single Quadrupole LC/MS 시스템은 보급형 모델에서 고속 스캐닝 모델에 이르기까지 탁월한 감도를 제공합니다.

Workflow-특유 소프트웨어와 함께 애질런트 LC 및 LC/MS 시스템을 이용하면 소규모 투자로 막대한 이점을 창출할 수 있습니다. 또한 모든 시스템이 언제나 최고의 성능으로 작업할 수 있도록 전문적이고 광범위한 서비스를 제공합니다.

한국질량분석학회에서 애질런트의 LC 및 LCMS 시스템 포트폴리오에 대해 알아 보십시오.





Proven solutions for proteomics

-

ThermoFisher
SCIENTIFIC

TEL : (02)545-7300 FAX : (02)546-1336 Web : www.scinco.com E-mail : sc02best@scinco.com

Thermo Fisher SCIENTIFIC

TSQ Quantum GC



Continuing over 25 years of triple quadrupole GC/MS technology leadership, Thermo Fisher Scientific introduces the TSQ Quantum GC, a high-performance GC-MS/MS system that offers class-leading features and specifications that match your most demanding quantitative needs.

Product Detail

The TSQ Quantum GC is the next evolution in GC triples, offering unique features including Highly Selective Reaction Monitoring (H-SRM). It is the most sensitive GC-triple mass spectrometer available today, which enables increased analyte selectivity in complex matrices, and Quantitation-Enhanced Data-Dependent MS/MS (QED-MS/MS), which provides simultaneous quantitation and structural confirmation.

In addition, the option to switch between GC and LC modes or to change from EI to CI provides an extremely flexible system to meet your mass spectrometry needs.

Signature Benefits

Multi-residue screening – quantitate hundreds of compounds in a single run with 1 ms dwell time

Higher selectivity and more confidence with H-SRM

Simultaneous quantitation and structural confirmation with QED-MS/MS

Eliminate false positives with Zero Cross-Talk Collision Cell

21 CFR Part 11 enabled software for regulatory compliance

The TSQ Quantum GC delivers:

Highest sensitivity

Highest selectivity (H-SRM)

Lowest limits of quantitation

Simultaneous quantitation and structural confirmation with QED-MS/MS

Greater than 300 SRM transitions per second

 **Euro Science Co., Ltd.**

*주소: 서울시 송파구 상전동 101-2 한림빌딩 5층(우:138-839)

*고객센터전화: 02-540-0651 팩스: 02-540-4145

*Copyright(c)2006 EuroScience Co.,Ltd., All rights reserved.



For every life science challenge **the perfect tool!**

Bruker Daltonics offers a complete range of mass spectrometry tools for success in pharmaceutical drug discovery and development, proteomics and biomarker discovery.

Turnkey system solutions such as CLINPROT™ and PROTEINEER™ mean seamless integration of sample preparation, mass spectrometry and bioinformatics to go effortlessly from raw sample to real information.

Please call for more information or a demonstration!



**HCT series/esquire series
ESI-LC/MSⁿ Ion Trap systems**

- Expression Proteomics – PROTEINEER-LC™
- Metabolite ID – MetaboliteTools™



**APEX series
FTMS and Qq-FTMS systems**

- Expression Proteomics – Top/Pro™
- Super Accurate Mass Determination



**flex series
MALDI-TOF & TOF/TOF systems**

- Expression Proteomics – PROTEINEER™
- Biomarker Discovery – CLINPROT™
- Genotyping and Oligo QC – GENOLINK™



**microTOF/BioTOF-Q
ESI-TOF & Qq-TOF systems**

- Metabonomics – Metabolic Profiler™
- Accurate Mass Determination – The Formula Machine

**BRUKER
DALTONICS®**

Enabling Life Science Tools Based on Mass Spectrometry™

think forward

BRUKER BIOSCIENCES KOREA CO., Ltd

브루커바이오사이언시스코리아 주식회사

서울특별시 서초구 반포4동 49-5 주호빌딩 401호

TEL: 02) 596-3232

FAX: 02) 596-8383

E-mail: info@bdal.co.kr

www.SHIMADZU.co.kr

Chemical Inkjet Printer

(ChIP) ChIP employs the state-of-art chemical inkjet printing technology, enabling microprinting to be carried out on just a fraction of a protein spot by MALDI mass spectrometry.



- The ChIP, a unique tool for accession proteins separated by gel electrophoresis, was developed in partnership with Proteome Systems Ltd.(Australia).
- Pico-liter reagent delivery to specific protein micro-spots on PVDF membranes for faster and more effective enzyme digestion.
- A new research tool for the study of separated isoforms.
- Allows multiple chemistries on a stable, achievable support.
- ChIP opens new horizons for biomedical research and true micro-scale analysis supported by MALDI-MS and fluorescence detection.

SHIMADZU  BIOTECH
bringing analysis to life

 동일시마즈(주)

135-818 서울시 강남구 논현동 90-1 디아이 제2사옥 3층
대표전화 02-540-5541 팩스 02-541-2163

Varian, Inc.

Information Rich Detection

Varian's Information Rich Detection Suite



900-MS FT/MS



320-MS GC/MS, LC/MS



400-MR NMR

Our broad suite of IRD products includes FTMS, ion trap and quadrupole, a complete suite of NMR Spectrometer, including LC-NMR/MS is offered.

900-MS delivers outstanding resolution and mass accuracy to make data interpretation easy.

320-MS delivers femtogram sensitivity, as well as switchable LC/MS and GC/MS capabilities in a compact footprint.

400-MR makes highly informative NMR data available to the open-access user in a small unit.



Varian Technologies Korea, Ltd.
서울특별시 강남구 대치동 966-5 신사제2빌딩 2층 / Tel 02.3452.2452 / Fax 02.3452.2451 / www.varian.co.kr

KSMS LETTER

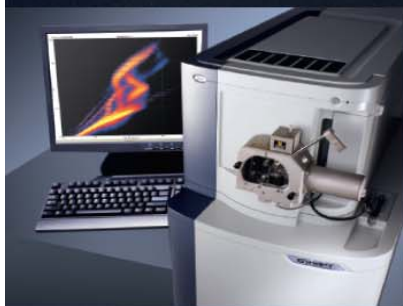
600 800 1000 1200 1400

[REVOLUTION]

DON'T JUST PUSH
THE BOUNDARIES OF
MASS SPECTROMETRY.
REDEFINE THEM.

Breakthrough discoveries begin with breakthrough technology. Introducing Waters® Synapt™: the first-ever High Definition MS™. Now you can analyze your samples based on size, shape and charge – as well as mass – and therefore characterize and define your samples like never before. Using Waters' patented Triwave™ technology, the Synapt HDMS™ combines high-efficiency, ion-mobility based measurements and separations with high-performance quadrupole, time-of-flight mass spectrometry. Consider your boundaries redefined. To learn more, visit www.waters.com/HDMS.

© 2007 Waters Corporation. Waters, The Science of What's Possible, Synapt, High Definition MS, Triwave, and HDMS are trademarks of Waters Corporation.



Waters

THE SCIENCE OF WHAT'S POSSIBLE.™

600 800 1000 1200 1400



The world's most sensitive LC/MS/MS system



- **The best quantitation tools for rapid results** - reduce your integration method development and data review time
- **Rapid acquisition method development** - automated compound optimization and tuning routines
- **Intelligent integration** - new, parameter-free algorithms reduce time spent revising and reviewing results
- **The most comprehensive suite of features available for 21 CFR Part 11 compliance** - complete, role-based security, auditing, and electronic records
- **Centralized security management** - power and flexibility in one easy-to-use console provides the finest security model for regulated labs
- **Powerful auditing features** - complete, easily managed auditing tools give you project-based auditing on your terms, for all levels of compliance
- **Direct network acquisition** - eliminate manual file management and enhance your data security by acquiring data directly over your network
- **Support for your workflow** - from LIMS to processing tools, Analyst software has the flexibility to be integrated quickly into your environment

API 5000TM
LC/MS/MS SYSTEM