



RISE

Infrastruttura Strategica della Ricerca
UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI BARI ALDO MORO

Piattaforma di Spettrometria di Massa per la Proteomica (nanoLC-ESI-HRMS/MS)



Per informazioni:

Responsabile scientifico

Prof. Matteo Spagnuolo

matteo.spagnuolo@uniba.it

Referente scientifico

Prof. Giuseppe Celano

giuseppe.celano@uniba.it

Polo Agraria Veterinaria

Dipartimento di Scienze del Suolo
della Pianta e degli Alimenti
(DiSSPA)

Via Orabona 4, 70125 (BA)

ENG: The Orbitrap Exploris 480 is a high-resolution mass spectrometer designed for advanced proteomic and peptidomic applications, providing high mass accuracy, resolving power, sensitivity, and analytical robustness. In our configuration, the mass spectrometer is coupled to a Vanquish Neo UHPLC system and equipped with a nano-electrospray ionization (nano-ESI) source, enabling highly sensitive nanoLC-ESI-HRMS/MS analysis of complex peptide mixtures. In bottom-up proteomics workflows, proteins are enzymatically digested, typically using trypsin, and the resulting peptides are separated by reversed-phase nano-liquid chromatography prior to high-resolution tandem mass spectrometry analysis. Data-Dependent Acquisition (DDA) workflows can be applied, in which a high-resolution full MS scan is followed by the automatic selection of the most abundant precursor ions for fragmentation, typically by Higher-energy Collisional Dissociation (HCD), and subsequent MS/MS

analysis. This approach enables accurate peptide identification and comprehensive protein characterization. The system offers broad applications across food, microbiological, and environmental sciences. In food safety, proteomic approaches can support the characterization of foodborne pathogens, microbial stress responses, virulence-associated proteins, antimicrobial resistance mechanisms, allergens, and microbial interactions, contributing to the identification of potential molecular biomarkers of biological hazards. In environmental microbiology, differential proteomics can provide insights into microbial responses to environmental stressors, contaminants, and changing physicochemical conditions, supporting the assessment of microbial adaptation and ecosystem functionality. Peptidomic applications further enable the identification of bioactive peptides, (e.g., antimicrobial, antioxidant, and enzyme-inhibitory molecules) generated during fermentation, food processing, or gastrointestinal digestion.

ITA: L'Orbitrap Exploris 480 è uno spettrometro di massa ad alta risoluzione progettato per applicazioni avanzate di proteomica e peptidomica, caratterizzato da elevata accuratezza di massa, potere risolutivo, sensibilità e robustezza analitica. Nella nostra configurazione, lo spettrometro di massa è accoppiato a un sistema Vanquish Neo UHPLC ed è dotato di una sorgente di ionizzazione nano-elettrospray (nano-ESI), consentendo analisi nanoLC-ESI-HRMS/MS ad elevata sensibilità di miscele peptidiche complesse. Nei workflow di proteomica bottom-up, le proteine vengono sottoposte a digestione enzimatica, generalmente mediante tripsina, e i peptidi risultanti vengono separati mediante nanocromatografia liquida in fase inversa prima dell'analisi mediante spettrometria di massa tandem ad alta risoluzione. Possono essere applicati workflow di Data-Dependent Acquisition (DDA), nei quali una scansione MS full-scan ad alta risoluzione è seguita dalla selezione automatica degli ioni precursori più abbondanti per la frammentazione, generalmente mediante Higher-energy Collisional Dissociation (HCD), e dalla successiva analisi MS/MS. Questo approccio consente un'accurata identificazione dei peptidi e una caratterizzazione completa delle proteine. Il sistema trova ampie applicazioni nelle scienze alimentari, microbiologiche e ambientali. Nell'ambito della sicurezza alimentare, gli approcci proteomici possono supportare la caratterizzazione di patogeni di origine alimentare, risposte microbiche allo stress, proteine associate alla virulenza, meccanismi di resistenza agli antimicrobici, allergeni e interazioni microbiche, contribuendo all'identificazione di potenziali biomarcatori molecolari di pericoli biologici. Nella microbiologia ambientale, la proteomica differenziale può fornire informazioni sulle risposte dei microrganismi a stress ambientali, contaminanti e variazioni delle condizioni fisico-chimiche, supportando lo studio dei meccanismi di adattamento microbico e della funzionalità degli ecosistemi. Le applicazioni peptidomiche

consentono inoltre l'identificazione di peptidi bioattivi, quali molecole con attività antimicrobica, antiossidante e inibitoria nei confronti di specifici enzimi, generati durante la fermentazione, i processi di trasformazione degli alimenti o la digestione gastrointestinale.