

Méthodes d'analyse utilisées en spectrométrie de masse (Contrôle Qualité)

Pour l'analyse de contrôle de la qualité nous utilisons l'une des quatre méthodes analytiques développées en interne, en fonction de la nature de l'échantillon (nombre de protéines/peptides, la nature et le poids moléculaire des protéines/peptides) et de l'objectif de l'analyse (détermination de la masse moléculaire ou séquençage des protéines intactes par l'approche top-down).

Les méthodes analytiques ont été développées sur deux spectromètres de masse à temps de vol (TOF) équipés soit d'un électroébuliseur (ESI-TOF) soit d'une source d'ionisation par désorption laser assistée par matrice (MALDI-TOF), comme résumé ci-dessous :

ESI_m1

Analyse de l'échantillon par LC-ESI TOF MS (LC : liquid chromatography, ESI : electrospray ionisation, TOF : time of flight, MS : mass spectrometry) avec dessalage sur cartouche et élution en mode isocratique.

Temps d'analyse : 10 min/échantillon.

Type d'échantillon : protéines et peptides purifiés en solution.

ESI_m2

Analyse de l'échantillon par LC-ESI TOF MS avec dessalage sur cartouche et séparation par gradient sur colonne en phase inverse.

Temps d'analyse : 30-45 min/échantillon.

Type d'échantillon : mélanges de protéines ou peptides en solution; protéolyse ménagée de protéines en solution.

MALDI_m1

Analyse de l'échantillon par MALDI TOF MS (MALDI : Matrix Assisted Laser Desorption Ionisation, TOF : Time of Flight, MS : Mass Spectrometry) après simple dilution ou dessalage.

Temps d'analyse : 10-20 min/échantillon.

Type d'échantillon : protéines et peptides purifiés en solution.

MALDI_m2

Analyse de l'échantillon par MALDI TOF/TOF MS après simple dilution ou dessalage selon la méthode de séquençage par fragmentation dans la source d'ionisation.

Temps d'analyse : 10-20 min/échantillon.

Type d'échantillon : protéines et peptides purifiés en solution.