

Methodes d'analyse utilisées en spectrométrie de masse (contrôle qualité)

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 elution 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 MS après simple dilution ou dessalage selon la méthode PMF (*Peptide Mass Fingerprinting*) pour l'identification et/ou la caractérisation des protéines.

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

Type d'échantillon : mélange des peptides en solution issus d'une digestion enzymatique en solution ou dans le gel.