



Plateforme de Spectrométrie de Masse et Protéomique



Rapport d'analyses

Prénom+Nom du demandeur : Monsieur Arnaud MENUET

Laboratoire : INEM-UMR7355

Nom de l'échantillon : PO 180-199

Date de réception des échantillons : 27/09/2021

*Date de réception du bon de
commande :* 21/09/2021

Date d'envoi du rapport d'analyse : 29/09/2021

Objectif

Confirmer la séquence du peptide PO 180-199.

Echantillons à analyser

PO 180-199

Matériel instrumental :

Analyse MS/MS

- Spectromètres de masse : ultrafleXtreme MALDI-TOF/TOF (Bruker)

Méthode

Séquençage de peptide par MALDI-TOF/TOF :

Le peptide a été dilué au 1/20000 dans une solution d'acide 4-hydroxy- α -cyano-cinnamique (4-HCCA) saturée dans un mélange acétonitrile:eau:acide trifluoroacétique 33.3:66.6:0.1 (TWA)

Le mélange échantillon-matrice a ensuite été déposé sur une cible plaquée or en utilisant la méthode en couche ultramince (Cadene and Chait, 2000; Gabant and Cadene, 2008).

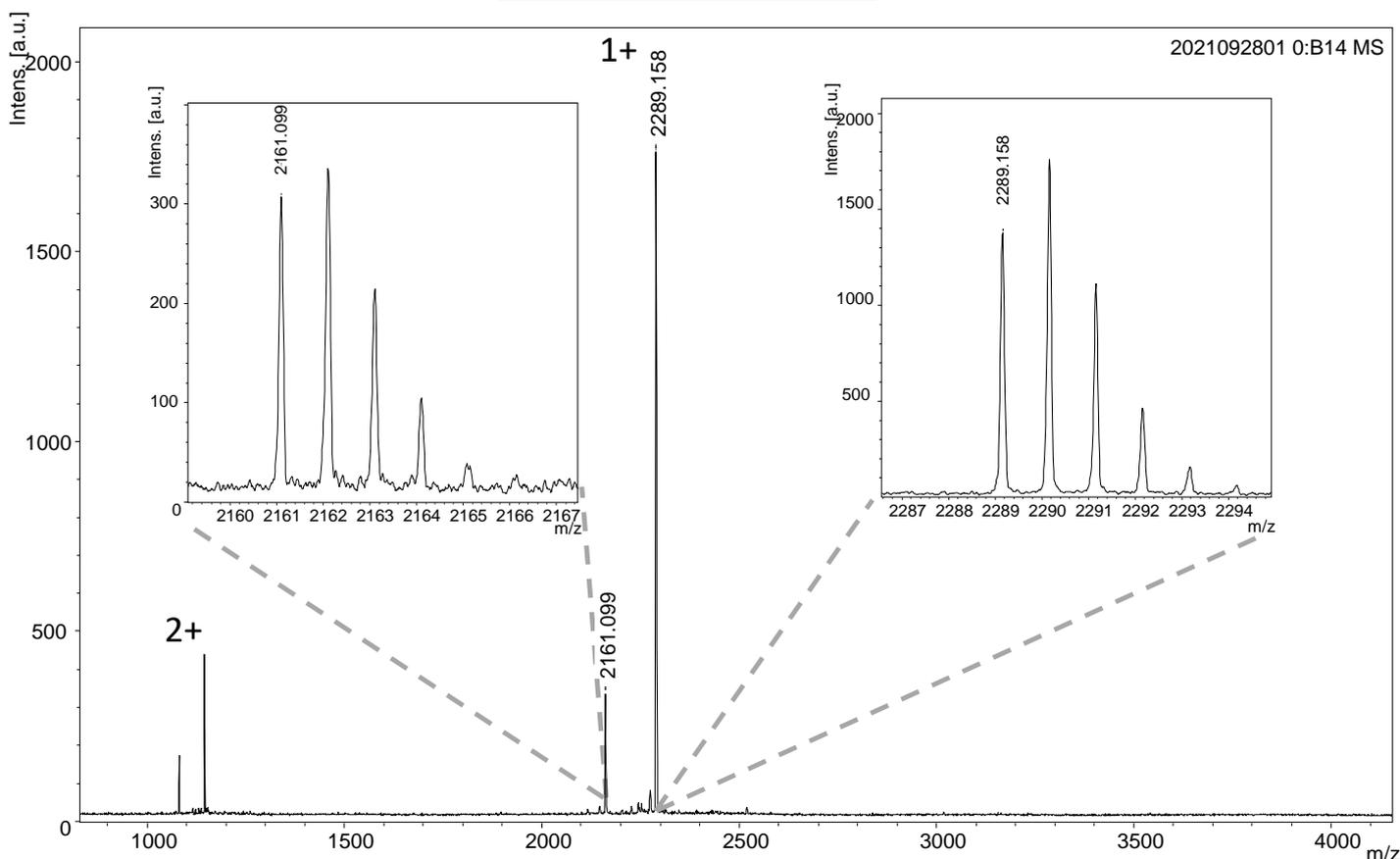
Les spectres ont été acquis avec la méthode RP 500-45000 pour la MS et la méthode LIFT pour la MS/MS.

Annotation des spectres MS/MS

Les spectres MS/MS ont été annotés avec le logiciel Biotools (Bruker).

Résultats

Analyse MS de l'échantillon



L'analyse MS de l'échantillon indique qu'il y a 2 peptides dans l'échantillon PO 180-199.

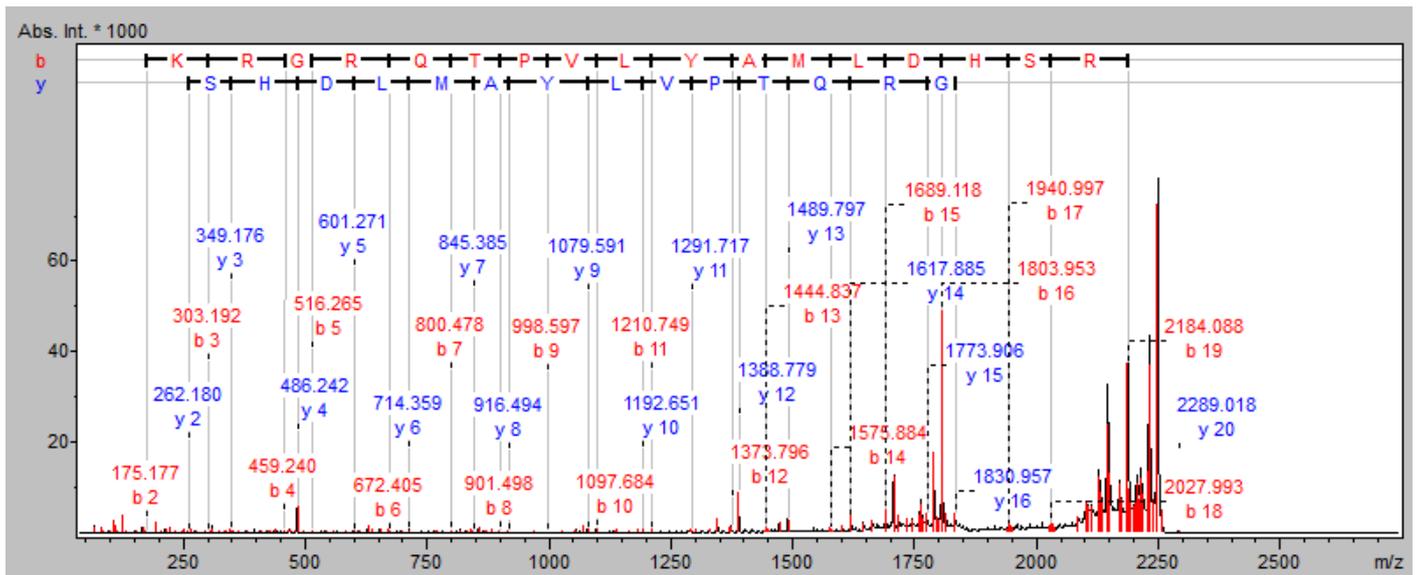
Le pic de m/z 2289.158 correspond au peptide d'intérêt (m/z théorique 2289.188, erreur de 13 ppm).

Le pic de m/z 2161.099, avec un écart de masse de -128 Da, semble correspondre au peptide d'intérêt moins K ou Q dans la séquence.

Plateforme de Spectrométrie de Masse et Protéomique, CBM CNRS, rue Charles Sadron 45071 Orléans France
Responsable technique de Plateforme Guillaume Gabant guillaume.gabant@cnrs-orleans.fr -- Tel: 02.38.25.51.04
Responsable scientifique de Plateforme Martine Cadène cadene@cnrs-orleans.fr -- Tel: 02.38.25.56.24

Séquençage des 2 peptides de m/z 2161 et 2289 et annotation des spectres avec le logiciel Biotools

Séquençage du peptide de m/z 2289



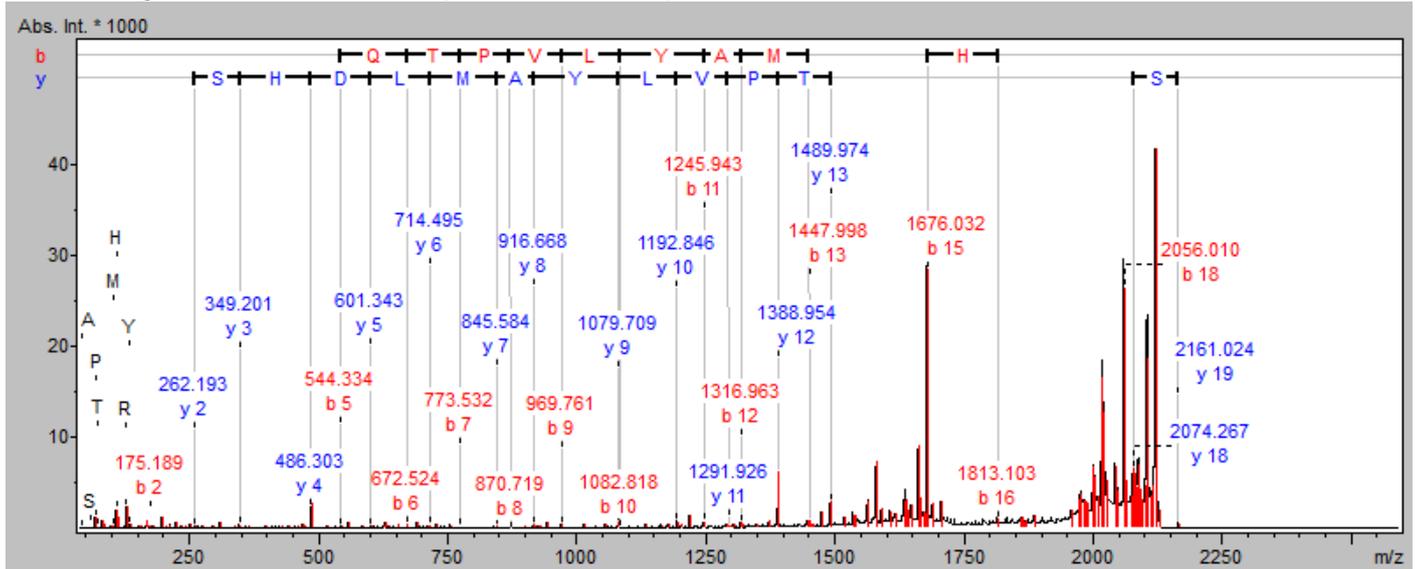
Score Biotools = 294924

La séquence SSKRGRQTPVLYAMLDHSRS est confirmée pour le m/z 2289.

Séquençage du peptide de m/z 2161

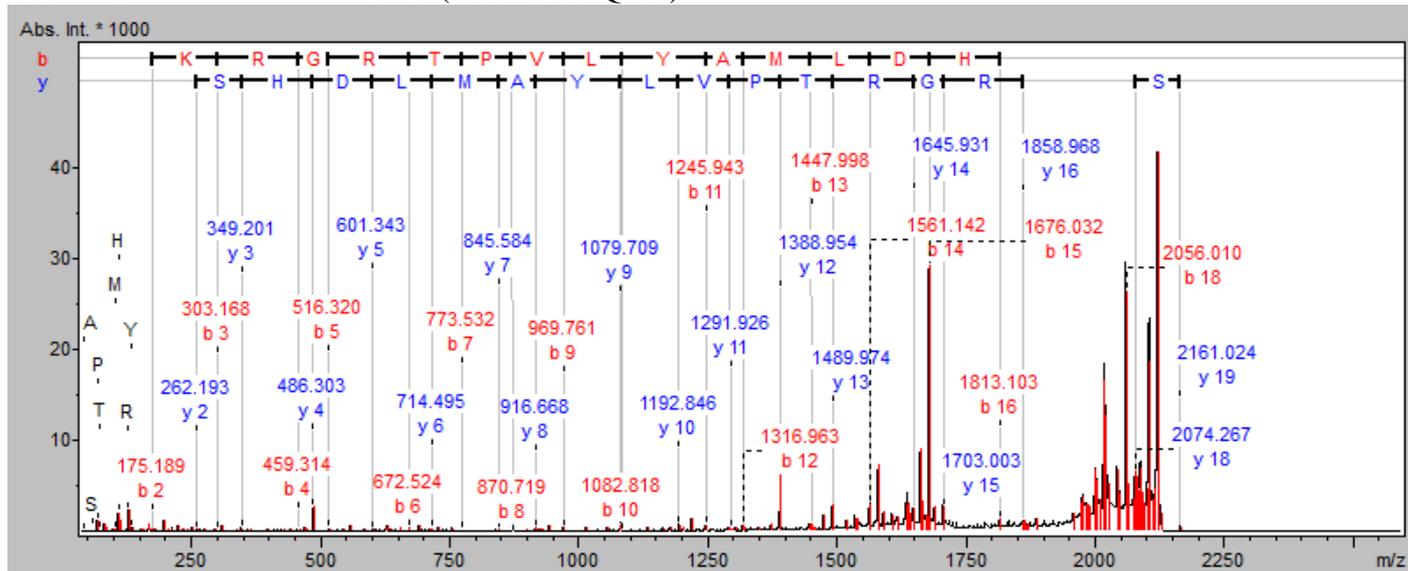
Les 2 séquences suivantes ont été considérées :

- SSRGRQTPVLYAMLDHSRS (absence de K182)



Score Biotools = 4620

- SSKRGRTPVLYAMLDHSRS (absence de Q186)



Score Biotoools = 65612

Le score Biotoools est de 4620 pour l'hypothèse « absence de K182 » et de 65612 pour l'hypothèse « absence de Q186 ». Cette nette différence de score est en faveur de l'hypothèse « absence de Q186 ». Le pic de m/z 2161 correspond au peptide d'intérêt sans Q186 : SSKRGRTPVLYAMLDHSRS.

Conclusions

L'échantillon PO 180-199 est constitué de 2 peptides :

- le peptide d'intérêt [180-199] de $m/z = 2289$ et de séquence SSKRGRQTPVLYAMLDHSRS et
- le peptide [180-199] Δ Q186 de $m/z = 2161$ et de séquence SSKRGRTPVLYAMLDHSRS.