



# Plateforme de Spectrométrie de Masse et Protéomique



## Rapport d'analyses

*Prénom+Nom du demandeur :* Monsieur Marc LE BERT

*Laboratoire :* INEM-UMR7355

*Nom de l'échantillon :* PO 180-199 MCE

*Date de réception des échantillons :* 07/12/2021

*Date de réception du bon de commande :* -

*Date d'envoi du rapport d'analyse :* 13/12/2021

## **Objectif**

Evaluer la pureté du peptide P0 180-199 de chez MCE et confirmer sa séquence.

## **Echantillons à analyser**

P0 180-199 de chez MCE

## **Matériel instrumental :**

### *Analyse MS/MS*

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

### *LC-UV-MS*

- LC ultra haute-performance: U3000 RSLC (Thermo)
- Colonne : Aeris WidePore XB-C18 (2.1 x 150 mm ; 3.6 µm) (Phenomenex)
- Phases mobiles : A = H<sub>2</sub>O + 0.1% FA ; B = ACN + 0.08% FA
- Gradient : 0.6-90% acétonitrile
- Température : 40°C
- Débit : 500 µL/min
- Source : ESI online
- Spectromètre de masse : MaXis HR haute-résolution QTOF (Bruker)

## **Méthode**

### *Séquençage de peptide par MALDI-TOF/TOF :*

Le peptide à 1 mg/mL dans PBS a été dilué au 1/4000 dans une solution d'acide 4-hydroxy- $\alpha$ -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*

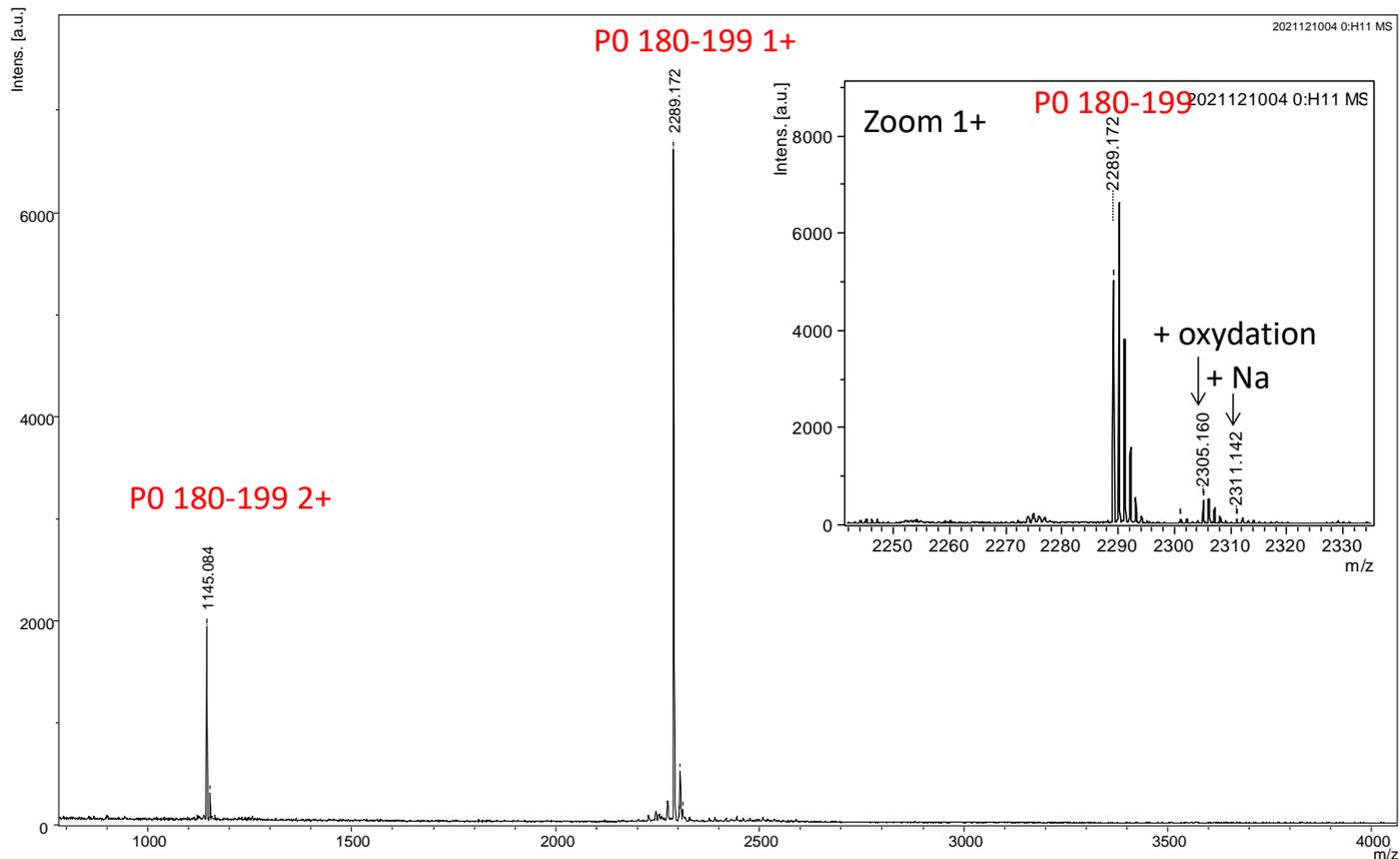
Les spectres MS/MS ont été annotés avec le logiciel Biotools (Bruker).

### *Analyse LC-UV-MS*

Le peptide a été dilué à 0.1 mg/mL dans une solution d'eau et d'acide formique 0.5%  
20 µg ont été injectés.

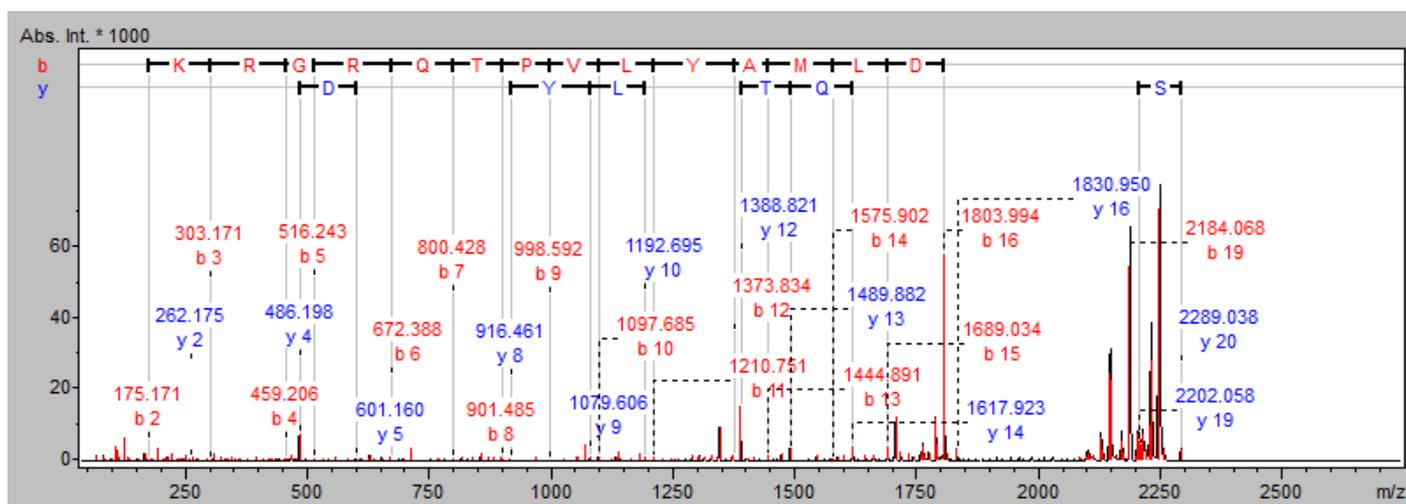
## Résultats

### Analyse MS de l'échantillon



L'analyse MS indique qu'il y a 1 peptides dans l'échantillon PO 180-199. Le pic de  $m/z$  2289.172 correspond au peptide d'intérêt ( $m/z$  théorique 2289.188, erreur de -7 ppm). Une légère oxydation est observée.

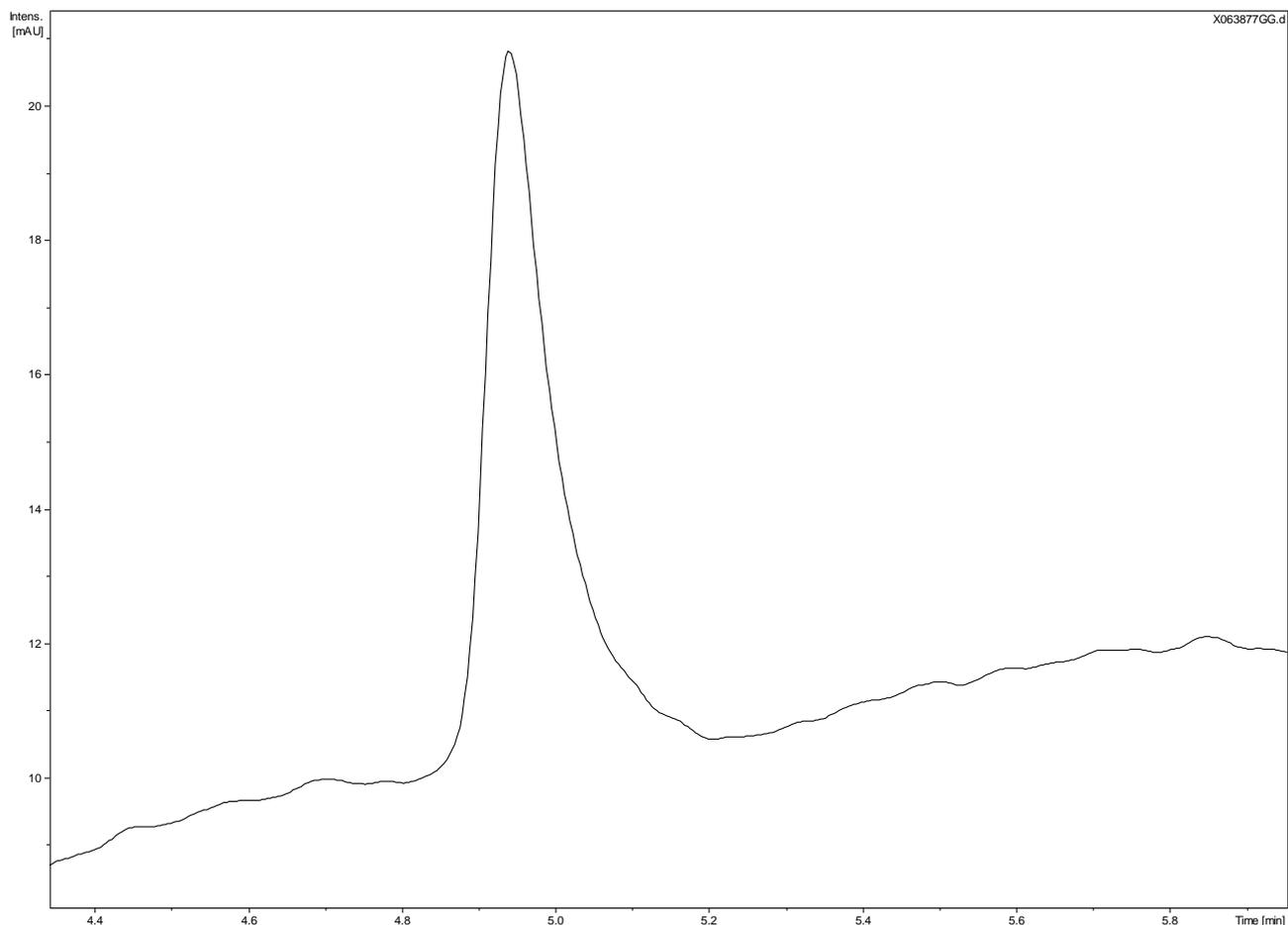
### Séquençage du peptide de $m/z$ 2289 et annotation du spectre avec le logiciel Biotoools



Score Biotoools = 32807

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

## Analyse LC-UV de l'échantillon



Aucun épaulement n'est observé, ce qui indique un niveau de pureté élevé (>95%).

### Conclusions

L'échantillon P0 180-199 est constitué du peptide d'intérêt [180-199] de  $m/z = 2289$  avec un niveau de pureté élevé (>95%). Sa séquence SSKRGRQTPVLYAMLDHSRS a été confirmée.