

EXPERIMENTO POR ESPECTROMETRIA DE MASAS

1) Digitalización del gel para ubicar la banda de interés

2) Corte de la banda de interés
Extracción de la proteína del gel a solución

3) Cortes de la proteína en péptidos mediante la enzima tripsina







Unidad de Proteómica
IVIC

4) Analisis de la proteína completa (Identificación)
ó
Análisis de los péptidos de la proteína (Huellas Peptídicas – (PMF))
Análisis de los aminoácidos de los péptidos (Secuenciación)

5) Identificación computarizada haciendo la comparación de las masas experimentales con las de las bases de datos internacionales mediante el sistema MASCOT

EQUIPOS DE LA UNIDAD DE PROTEOMICA – IVIC

Espectrometría de masas

Espectrometría de masas	<i>NanoHPLC</i>	EasyLC	Proxeon Bruker	
	Robot para placas MALDI para corridas por nanoHPLC	Proteineer fc II	Bruker	
	MALDI-ToF/ToF Huella Peptídica y Secuenciación MALDI iMAGING	AutoFlex Smart III	Bruker	
	Q-ToF Identificación de pequeñas moléculas, Metabolómica y Proteómica	MicrOTOF-Q-II	Bruker	
	Secuenciación de proteínas, estudio de modificaciones post-traduccionales TOP-DOWN DE NOVO	Orbitrap Velos Pro Con ETD	Thermo Finnigan	