



 **SHIMADZU**
Excellence in Science

MALDI ToF

Caractéristiques techniques

Spectromètre : Shimadzu

Modèle: AXIMA Assurance Linear MALDI-ToF Mass Spectrometer

Mode de réflexion: Positif – Linéaire

Colonne: Agilent J&W, DB-5MS UI / 60m / Diamètre 0.250 mm / film 0.25um

Gamme de masse (m/z): 1 à 500 000 Da

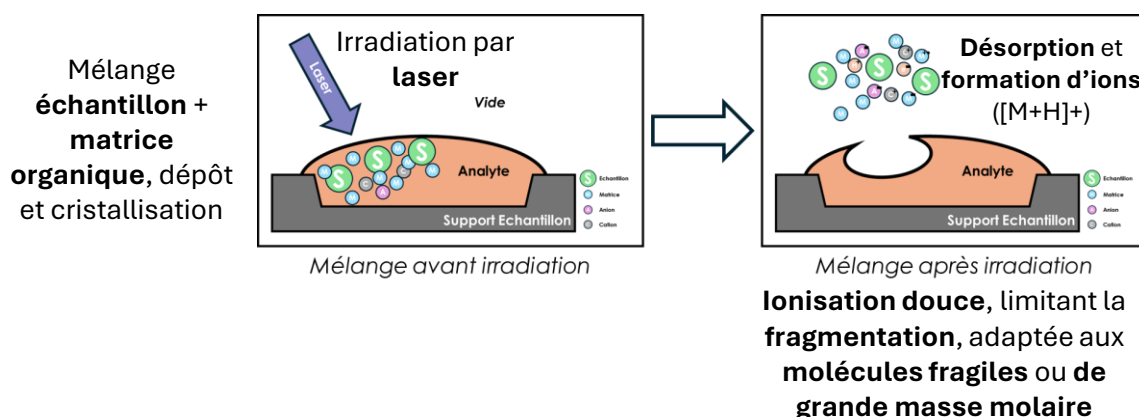
Résolution de masse en mode linéaire : > 5 000 (FWHM)

Précision de masse: < 30 ppm de précision de masse



La spectrométrie de masse **MALDI-ToF**, pour **Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization – Time of Flight**, est une méthode analytique puissante permettant de déterminer précisément la **masse moléculaire de macromolécules** telles que les **peptides, protéines, polymères synthétiques** ou encore des **structures biomoléculaires complexes**. Elle s'appuie sur une double innovation : une **méthode d'ionisation douce, la MALDI**, qui permet **d'analyser des espèces fragiles sans fragmentation**, et un **analyseur de masse à temps de vol, le ToF**, capable de séparer les ions selon leur **rapport masse/charge** avec une grande précision et dans des temps très courts.

MALDI (Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization)



ToF-MS (Time of Flight – Spectromètre de masse)

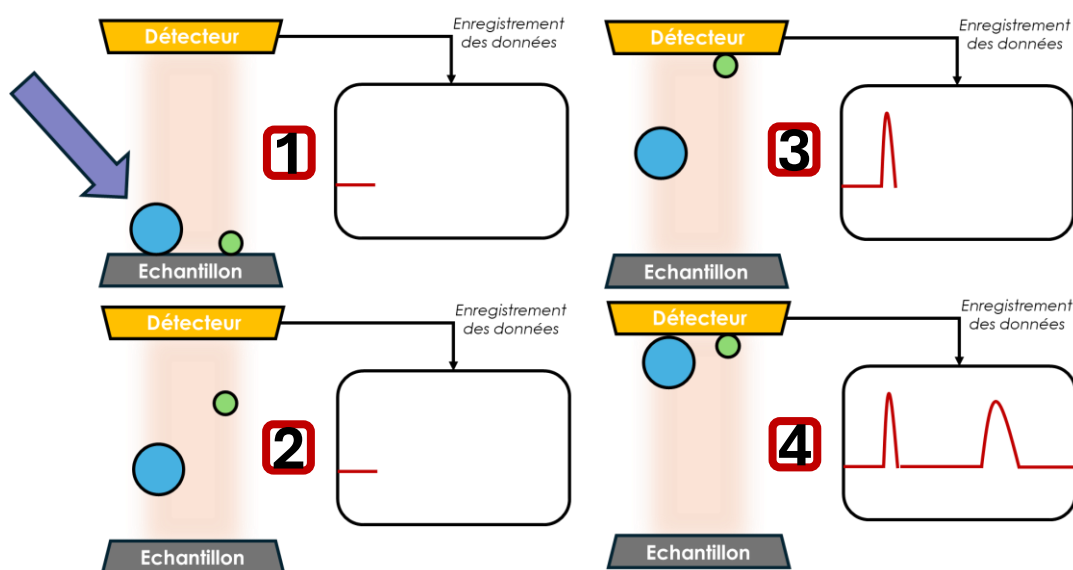
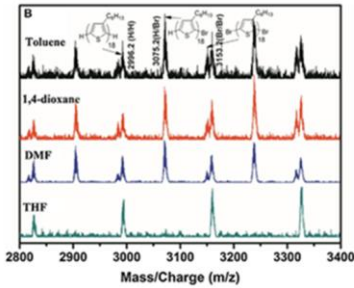
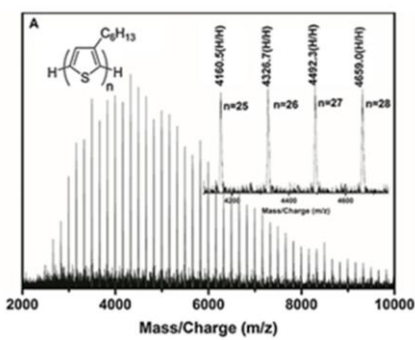


Schéma de fonctionnement du MALDI-ToF

Analyse de polymères synthétiques



Détermination de masse molaires

Fig. 10 MALDI-TOF mass spectra of poly(3-hexylthiophene) (P3HT) obtained in different solvents. (P3HT synthesized in THF (A) and other solvents (B)). Reprinted with permission from ref. 121.

A. 'Bin Sun, *Anal. Methods*, 2023, 15, 868–883

Analyse de protéines

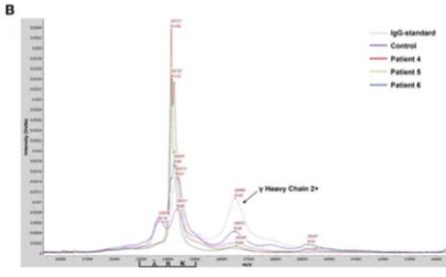
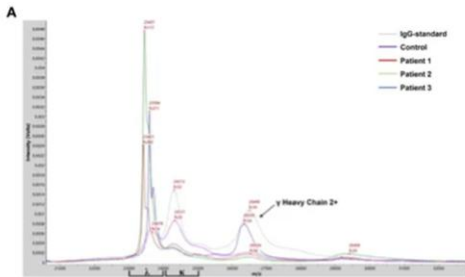
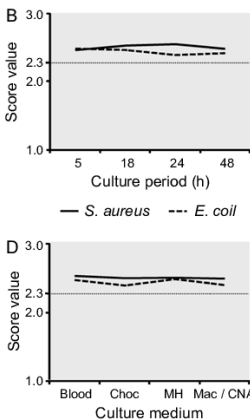
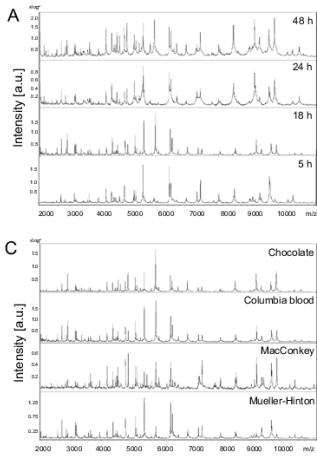


Figure 2 Mass spectra from patient serum samples revealed the clonal λ (A) or κ (B) light chain distribution of the M-proteins. Mass spectra from serum samples of IgG standard, health control and M-protein positive patients with λ - (patient 1-3) or κ - light chain (patient 4-6) were in different colors. Arrows indicated peaks correlated to the $[M+2H]^{2+}$ of λ heavy chain.

Identification rapide de protéines

Li J, *Front. Oncol* 2022

Analyse de microorganismes



Identification de bactéries

Reich et al. *J Bacteriol Parasitol* 2013