

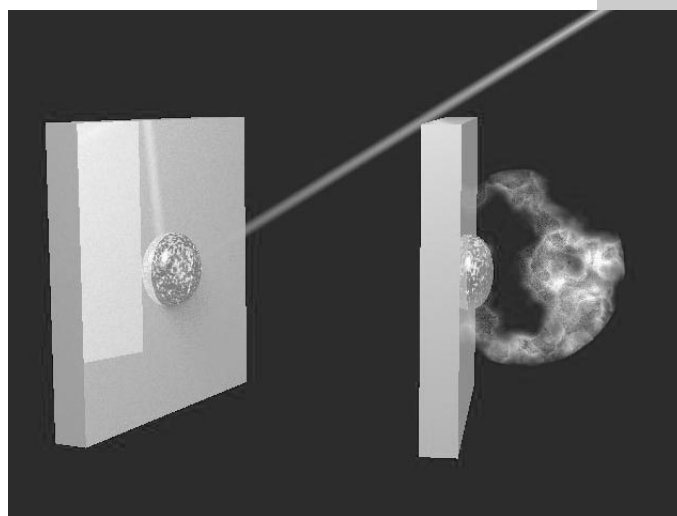
La spectrométrie de masse à désorption laser assistée par matrice (MALDI-TOF)

La spectrométrie de masse utilisant la désorption-ionisation laser assistée par matrice (Matrix Assisted Laser Desorption Ionisation, MALDI) a connu un essor extraordinaire au cours des 10 dernières années. Les avancées de l'instrumentation ont permis de concevoir des stratégies d'analyse nouvelles et très performantes en biologie, d'affiner la connaissance de la structure des macromolécules, que celles-ci soient d'origine biologique ou synthétique, et surtout d'initier des thèmes de recherche nouveaux.

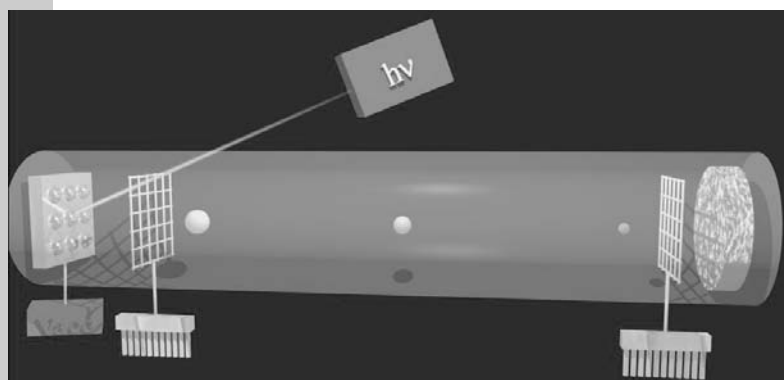
Parmi les grandes applications du MALDI, l'analyse des protéines est sans aucun doute le premier domaine à évoquer, avec les nombreuses possibilités offertes pour la vérification de séquences, l'analyse de modifications post-traductionnelles, l'application aux biotechnologies (critère de qualité), les analyses de type protéome (identification de protéines induites par un stress, caractérisation de protéines essentielles), l'étude de complexes non-covalents (assemblages multimériques, interactions protéine-protéine, protéine-acides nucléiques, protéine-substrat) et l'identification de résidus cruciaux au sein du centre actif d'enzymes.

De nombreuses autres applications existent, en particulier dans le domaine de la glycobiochimie et l'analyse d'oligosaccharides. Le séquençage d'oligonucléotides, l'analyse de bases modifiées, le séquençage du génome représentent d'autres objectifs importants. Enfin, l'analyse des polymères synthétiques est un domaine d'application qui connaît un essor important.

Une sélection de six contributions qui illustrent des aspects complémentaires de la technique MALDI est présentée dans ce dossier. La préparation des échantillons est une étape cruciale du processus d'analyse en MALDI, et fait en conséquence l'objet du premier article (F. Rusconi et J.M. Schmitter). L'extraction retardée des ions (delayed extraction ou time lag focusing)



représente une avancée déterminante de l'instrumentation dédiée au MALDI, illustrée dans quatre applications différentes du MALDI. Le séquençage de peptides en est une première, abordée dans l'article de D. Suckau et D. Shannon Cornett par l'analyse des fragmentations dans la source MALDI (In Source Decay, ISD) et après la source (Post Source Decay, PSD). Trois autres articles sont consacrés à l'analyse des modifications post-traductionnelles des protéines (V. Redeker et coll.), l'analyse des acides nucléiques (L. Haff et coll.) et celle des polymères synthétiques (A.T. Jackson et coll.). Dans tous les cas, l'apport de la désorption retardée des ions s'est révélée être un facteur déterminant pour la qualité des mesures. Enfin, un article dédié à l'automatisation des mesures (D. Suckau et coll.) vient compléter ce dossier en donnant un avant-goût de l'évolution de la technique pour les années à venir.



La spectrométrie de masse à désorption laser assistée par matrice (MALDI-TOF)

M 11 Avant-Propos

J.M. Schmitter (LPTC-UPRESA CNRS 5472, Université Bordeaux I, Talence, France)

M 13 Préparation des échantillons en vue d'une analyse par spectrométrie de masse MALDI-TOF

F. Rusconi et J.M. Schmitter (Institut Européen de Chimie Biologie, École Polytechnique, ENSCPB, Talence, France)

M 18 Protein sequencing by ISD and PSD MALFI-TOF MS

D. Suckau and D.S. Cornett (Bruker Daltonik GmbH, Bremen, Germany)

M 22 Characterization of posttranslational modifications of proteins by MALDI-TOF MS: Application to the study of tubulin

V. Redeker et al. (Laboratoire de Neurobiologie, École Supérieure de Physique et de Chimie Industrielles de la Ville de Paris, CNRS UMR 7637, Paris, France)

M 26 Oligonucleotide analysis by MALDI-MS

L. Haff et al. (Perseptive Biosystems, Inc., 500 Old Connecticut Path, Framingham, USA)

M 31 Utilising time-lag focusing ultraviolet-matrix-assisted laser desorption ionisation-mass spectrometry for the end group analysis of synthesis polymers

A.T. Jackson et al. (ICI Research and Technology Centre, Wilton, Middlesbrough, Cleveland, UK)

M 36 Automatic acquisition of MALDI-TOF mass spectra

D. Suckau et al. (Bruker Daltonik GmbH, Bremen, Germany)