

Este espectrómetro de masas 4800 Proteomics Analyzer (AB SCIEX) en *tándem* consta de una fuente de ionización tipo MALDI (Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization) y dos analizadores de tiempo de vuelo (TOF), lo que permite en un primer análisis medir la masa molecular de los diferentes analitos, en el caso de los péptidos de una proteína su huella peptídica (PMF) y en un segundo análisis de masas permite seleccionar, aislar y fragmentar en una cámara de colisión (CID) uno de estos péptidos para obtener la relación masa/carga de sus fragmentos proporcionando información de la secuencia aminoacídica del péptido precursor. Este espectrómetro altamente sensible (a nivel femtomolar) mide con alta precisión, exactitud y resolución la masa, lo que le hace idóneo para identificar proteínas previamente separadas en gel y también permite la medida en modo lineal de la masa molecular de proteínas intactas en solución.

