Unidad de Espectrometría de Masas

Introducción de la Unidad:

La unidad cuenta con diferentes espectrómetros de masas de baja (MS) y alta resolución (HRMS) acoplados a sistemas de introducción de muestras capaces de separar mezclas complejas: cromatografía de gases (GC), pirólisis (Py), cromatografía de líquidos de [ultra]alta resolución ([U]HPLC), nanocromatografía de líquidos (nLC) y electroforésis capilar (CE). Los espectrómetros de masas disponen de uno o varios sistemas de ionización compatibles con estas técnicas cromatográficas, como ionización electrónica (EI), química (CI), por electrospray (ESI) o química a presión atmosférica (APCI).

Servicios científico-técnicos potenciales:

- Análisis de compuestos volátiles mediante GC/HRMS. Inyección de muestras líquidas, HeadSpace y SPME arrow. Analizador híbrido cuadrupolo-Orbitrap. Fuente de iones EI y CI. Análisis alternativo mediante sonda de inserción directa. Software de deconvolución e identificación mediante librería (NIST) disponible.
- Análisis de compuestos volátiles procedentes de pirólisis (Py/GC/MS). Analizador de cuadrupolo. Fuente de iones EI.
- Análisis de compuestos solubles mediante [U]HPLC/MS/MS. Analizadores tipo triple cuadrupolo (QQQ) e híbrido triple cuadrupolo-trampa lineal de iones (QQLIT). Fuente de iones ESI o APCI. Análisis alternativos mediante inyección en flujo e inyección directa.
- Análisis de compuestos solubles mediante [U]HPLC/MS/HRMS. Analizadores híbridos cuadrupolo-Tiempo de Vuelo (QTOF), cuadrupolo-Orbitrap y cuadrupolo-Orbitrap-trampa lineal de iones (Trihíbrido). Fuente de iones ESI o APCI (no disponible para QTOF). Análisis alternativos mediante electroforesis capilar (CE, sólo en el QTOF), inyección en flujo e inyección directa.
- Análisis de compuestos solubles mediante nLC/MS/HRMS. Analizadores híbridos cuadrupoloOrbitrap y cuadrupolo-Orbitrap-trampa lineal de iones (Trihíbrido). Fuente de iones ESI.
- Disponible filtrado previo por movilidad iónica diferencial en el analizador QQLIT y por FAIMS (Field Assymetric Waveform Ion Mobility Spectrometry) en el analizador trihíbrido.
- Secuenciación de digestos proteicos mediante búsqueda en base de datos mediante software específico (Proteome Discoverer).
- Estudios metabolómicos y búsqueda en bases de datos LC/MS mediante software específico (Compound Discoverer).

Recursos Científicos de esta unidad