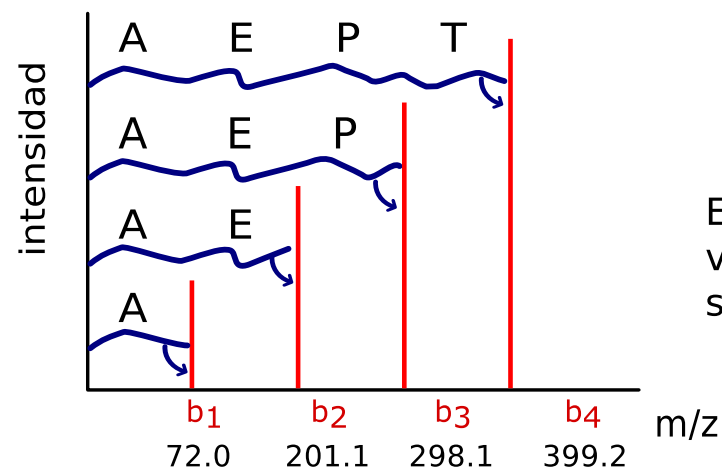
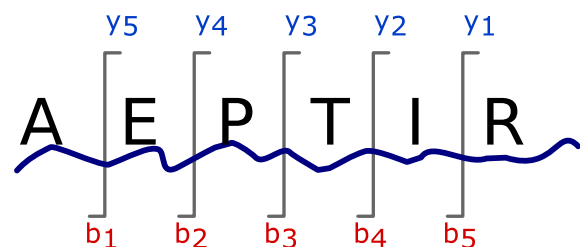


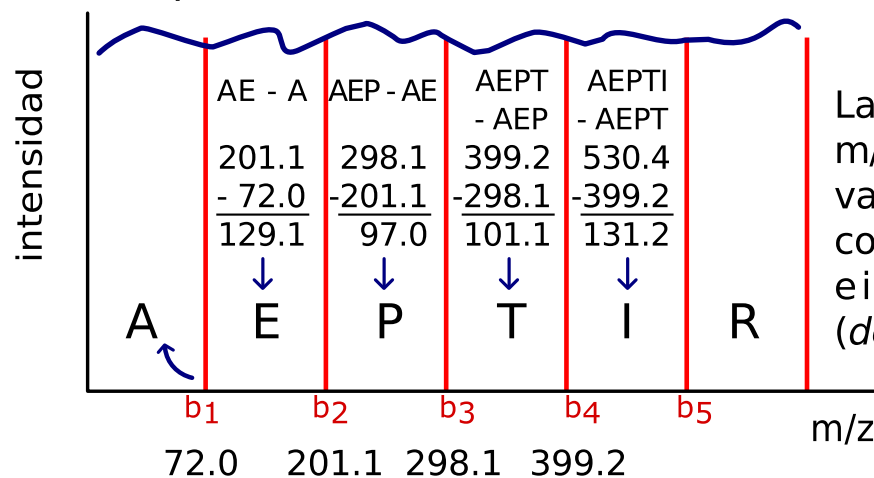
Los péptidos generados por acción de tripsina, llamados trípticos, son sometidos a una fragmentación adicional en MS/MS



Espectro MS/MS
valores m/z obtenidos en el
segundo analizador de masas



Interpretación manual. Secuenciación *de novo*



Las diferencias entre los valores m/z de los picos permiten obtener valores de masas (conocidas) correspondientes a cada aminoácido e inferir así la secuencia original (*de novo*)

Sin embargo, calcular estas diferencias de masas de forma automática es muy complejo. En un espectro real hay:

- Mas tipos de iones:
- Iones **b** - CO → Iones **a**
- Iones **y** : El otro fragmento del péptido
- Intensidades variables, picos inexistentes
- Ruido, Picos espurios, contaminación

