

## Kecenderungan Penelitian Spektrometer Massa Sebagai Alat Karakterisasi Pada Periode 2016 – 2024

Josafat Sijabat<sup>1</sup>, Alfian Yosafat<sup>2</sup>, Andreas Bintang<sup>3</sup>, Jubaidah<sup>4</sup>, Rugaya<sup>5</sup>

<sup>1,2,3,4,5</sup>Universitas Negeri Medan

E-mail: josafatsijabat@mhs.unimed.ac.id<sup>1</sup>, alfianyosafat7@gmail.com<sup>2</sup>, andreasbintang002@gmail.com<sup>3</sup>

---

### Article History:

Received: 30 Maret 2025

Revised: 07 April 2025

Accepted: 12 April 2025

**Keywords:** *Spektrometer Massa, Karakterisasi, Analisis Bibliometrik*

**Abstract:** *Spektrometer massa merupakan alat karakterisasi yang memainkan peran penting dalam berbagai bidang ilmu, termasuk kimia, biologi, dan material. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis kecenderungan penggunaan spektrometer massa sebagai alat karakterisasi dalam periode 2016 – 2024. Metode yang digunakan Systematic Literature Review (SLR) terkait dengan spektrometer massa dalam rentang waktu 2016 - 2024. Penelitian dimulai dengan menentukan topik yang akan diteliti kemudian melakukan pencarian studi literature dalam database google scholar dengan menggunakan aplikasi Publish or Perish. Kata kunci yang digunakan adalah “Mass Spektrometry” dengan membatasi artikel dari tahun 2016 sampai 2024. Kemudian dianalisis menggunakan aplikasi VOSviewer dan analisis 31 artikel yang berdata primer untuk menentukan kecenderungan spektrometer massa dalam berbagai penelitian dalam periode 2016 - 2024. Diagram alur penelitian menunjukkan tahapan sistematis dalam pengumpulan dan analisis data untuk memperoleh tren yang jelas. Temuan ini menegaskan bahwa spektrometer massa terus berkembang sebagai teknik karakterisasi yang esensial di berbagai disiplin ilmu dan memiliki kecenderungan yang positif atau sangat penting dalam berbagai bidang ilmu atau penelitian.*

---

## PENDAHULUAN

Perkembangan teknologi analitik dalam bidang sains dan rekayasa telah mengalami kemajuan yang signifikan dalam beberapa dekade terakhir, dengan instrumen karakterisasi memainkan peran krusial dalam memahami struktur, komposisi, dan sifat material. Kemajuan ini tidak hanya memperluas cakrawala eksplorasi saintifik tetapi juga memungkinkan investigasi yang lebih mendalam dan presisi dibandingkan dengan metodologi sebelumnya (Smith et al., 2018). Di antara berbagai instrumen analitik, spektrometer massa (mass spectrometry, MS) menonjol sebagai salah satu alat paling berpengaruh, menjadi tulang punggung penelitian di berbagai disiplin ilmu, mulai dari kimia, fisika, biologi, hingga ilmu

---

material dan fisika inti (Johnson & White, 2020).

Spektrometer massa telah berkembang menjadi instrumen yang sangat powerful dalam lanskap penelitian interdisipliner, memberikan kontribusi fundamental dalam berbagai bidang sains seperti kimia, biologi, kedokteran, lingkungan, dan ilmu material. Teknik ini memungkinkan identifikasi dan kuantifikasi molekul berdasarkan rasio massa terhadap muatan ( $m/z$ ) dengan presisi yang tinggi, bahkan hingga level sub-parts per million (Zhang et al., 2021). Kemampuannya untuk menganalisis sampel dalam skala molekuler dan atomik menjadikannya instrumen kunci dalam penelitian mutakhir, termasuk studi isotop, analisis unsur berat, dan karakterisasi material kompleks (Lee et al., 2019). Sejak awal abad ke-21, spektrometer massa telah mengalami transformasi luar biasa, didorong oleh kemajuan teknologi sumber ion, sistem deteksi, dan metode analisis data (Thompson & Clark, 2022).

Periode 2016 – 2024 merupakan rentang waktu yang menarik untuk dikaji karena ditandai dengan akselerasi inovasi dalam spektrometer massa. Berbagai penelitian menunjukkan peningkatan signifikan dalam resolusi, sensitivitas, dan kemampuan interpretasi data, yang dipicu oleh perkembangan teknologi pemrosesan sinyal, sumber ion yang lebih canggih, dan integrasi algoritma komputasi canggih seperti machine learning (Marshall & Alwood, 2023). Beberapa kemajuan kunci selama periode ini meliputi: Peningkatan resolusi dan sensitivitas pengukuran, memungkinkan deteksi senyawa pada konsentrasi ultra-rendah dan resolusi massa yang belum pernah dicapai sebelumnya (Brown et al., 2020), Pengembangan teknik ionisasi baru, seperti *laser ablation electrospray ionization (LAESI)* dan *ambient ionization methods*, yang mengurangi kerusakan sampel dan memperluas aplikasi pada material sensitif (Wang et al., 2021), Integrasi kecerdasan buatan dan *machine learning* untuk analisis data spektrometri yang kompleks, meningkatkan akurasi dan kecepatan interpretasi (Chen et al., 2022), Miniaturisasi dan portabilitas instrumen, membuka peluang aplikasi *on-site* dalam bidang forensik, lingkungan, dan eksplorasi ruang angkasa (Garcia et al., 2023).

Perkembangan ini didorong oleh kemajuan teknologi pemrosesan sinyal, sumber ion yang lebih canggih, dan algoritma analisis data yang semakin kompleks (Noor et al. 2021). Studi komprehensif oleh Marshall & Alwood mengungkapkan bahwa inovasi teknologi spektrometer massa tidak hanya terbatas pada peningkatan teknis, tetapi juga meliputi ekspansi aplikasi di berbagai domain penelitian. Misalnya, dalam bidang proteomik, teknologi ini telah merevolusi pemahaman kita tentang struktur dan fungsi protein kompleks (Letourneau and Volmer 2023).

Konteks global penelitian spektrometer massa semakin diperkaya dengan pendekatan interdisipliner. Misalnya, dalam bidang fisika inti, spektrometer massa digunakan untuk analisis isotop radioaktif dan studi reaksi nuklir (Adams et al., 2021). Sementara itu, di bidang nanoteknologi, teknik ini membantu karakterisasi material nano dengan presisi atomik (Kim & Park, 2022). Tren publikasi ilmiah juga menunjukkan ekspansi aplikasi spektrometer massa ke bidang baru, seperti analisis sampel ekstraterestrial dalam misi luar angkasa dan deteksi biomarker penyakit langka (Robinson et al., 2023).

Namun, meskipun perkembangan ini sangat menjanjikan, belum ada studi komprehensif yang memetakan kecenderungan (trend) penelitian spektrometer massa sebagai alat karakterisasi secara holistik pada periode 2017–2024. Analisis sistematis terhadap tren ini penting untuk mengidentifikasi area penelitian yang paling aktif, tantangan teknis yang tersisa, serta peluang inovasi di masa depan (Zhou, Zhang, and Ouyang 2020).

Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk melakukan analisis bibliometrik dan tinjauan sistematis terhadap publikasi ilmiah terkait spektrometer massa dalam rentang waktu tersebut. Fokus kajian meliputi Pemetaan tren perkembangan teknologi spektrometer massa,

Identifikasi bidang aplikasi dominan (e.g., fisika inti, kimia material, biomedis), Evaluasi dampak integrasi komputasi canggih dan *machine learning*, Proyeksi arah penelitian masa depan berdasarkan gap pengetahuan yang teridentifikasi. Hasil studi ini diharapkan dapat menjadi referensi bagi peneliti, praktisi, dan pengembang teknologi dalam mengoptimalkan penggunaan spektrometer massa serta merumuskan strategi riset ke depan. (Yuliani, Useng, and Achmad 2017).

## **LANDASAN TEORI**

### **1. Prinsip Dasar Spektrometri Massa**

Spektrometri massa (MS) adalah teknik analitis yang mengukur rasio massa terhadap muatan ( $m/z$ ) dari ion yang dihasilkan dari sampel. Proses ini dimulai dengan ionisasi senyawa netral menjadi ion gas, diikuti oleh pemisahan ion berdasarkan  $m/z$  dalam medan elektromagnetik, dan akhirnya deteksi menggunakan penguat sinyal. Teknik ini tidak hanya memberikan informasi berat molekul dengan akurasi hingga bagian per juta (ppm), tetapi juga dapat mengungkap struktur kimia melalui fragmentasi ion. Keunggulan utamanya terletak pada kemampuannya menganalisis campuran kompleks tanpa memerlukan pemurnian awal, asalkan dipasangkan dengan kromatografi. (Gross, J. H., & Pfenninger, A. 2021)

### **2. Komponen Utama Spektrometer Massa dan Fungsinya**

Sistem spektrometer massa modern terdiri dari tiga subsistem kritis:

- Sumber ion: Teknik seperti Electrospray Ionization (ESI) untuk biomolekul atau Laser Desorption/Ionization (LDI) untuk material padat.
  - Analisis massa: Quadrupole untuk seleksi massa sederhana, Time-of-Flight (TOF) untuk resolusi tinggi, atau Orbitrap untuk akurasi sub-ppm.
  - Detektor: Multiplier elektron atau detektor array untuk mengubah ion menjadi sinyal listrik.
- Integrasi ketiga komponen ini memungkinkan analisis dari senyawa volatil kecil (misalnya, hidrokarbon) hingga makromolekul seperti protein dengan berat >100 kDa. (de Hoffmann, E., et al. 2022)

### **3. Teknik Ionisasi dan Pemilihan Metode yang Tepat**

Pemilihan teknik ionisasi bergantung pada sifat sampel:

- EI (Electron Ionization): Cocok untuk senyawa stabil termal dengan berat molekul rendah (misalnya, pestisida).
- ESI (Electrospray Ionization): Ideal untuk biomolekul polar seperti peptida, menghasilkan ion multimuatan ( $[M+nH]^n$ ).
- MALDI (Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization): Digunakan untuk polimer dan protein, dengan bantuan matriks seperti asam sinapinat.

Contoh aplikasi: ESI-MS digunakan dalam karakterisasi obat-obatan, sementara MALDI-TOF menjadi standar emas dalam proteomic. (Kaltashov, I. A., & Bobst, C. E. 2023)

### **4. Aplikasi MS dalam Karakterisasi Material**

Spektrometri massa telah merevolusi karakterisasi material dengan kemampuan:

- Analisis unsur: ICP-MS (Inductively Coupled Plasma-MS) untuk logam berat dalam lingkungan.
- Polimer: Menentukan distribusi berat molekul (misalnya, polistirena dengan SEC-MS).
- Nanomaterial: Mengidentifikasi lapisan permukaan nanopartikel emas menggunakan SIMS (Secondary Ion MS).

Studi terbaru menunjukkan penggunaan LA-ICP-MS (Laser Ablation-ICP-MS) untuk pemetaan

.....

---

unsur dalam jaringan biologis dengan resolusi spasial 10  $\mu\text{m}$ . (Becker, J. S. (2020).

### 5. Inovasi Teknologi MS dan Integrasi dengan Teknik Lain

Perkembangan terkini mencakup:

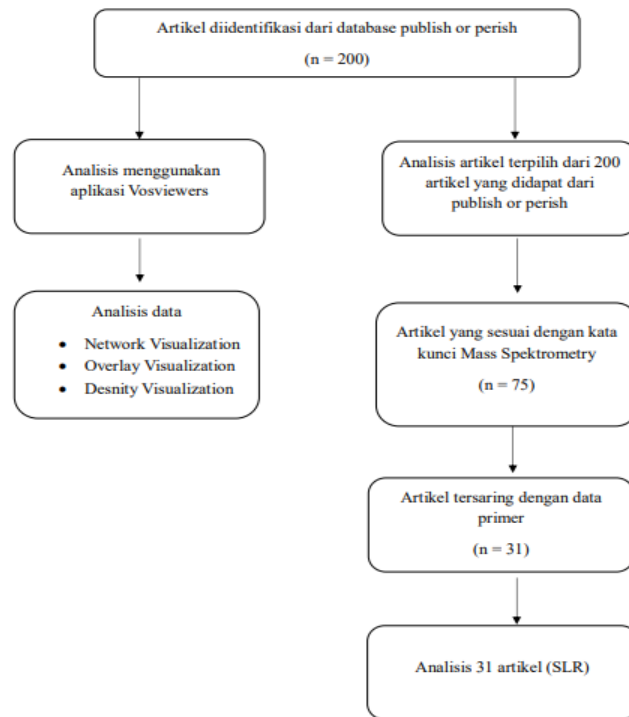
- Spektrometer massa portabel: Untuk analisis *in situ* di lapangan (misalnya, pengujian obat ilegal).
- Kombinasi dengan kromatografi: LC-MS/MS untuk metabolomik dengan sensitivitas femtomolar.
- Kecerdasan buatan: Algoritma *machine learning* untuk interpretasi spektrum kompleks (contoh: identifikasi senyawa alam tidak dikenal).

Contoh terobosan: DESI-MS (Desorption Electrospray Ionization) memungkinkan analisis jaringan kanker tanpa preparasi sampel. Eberlin, L. S., et al. 2021).

### METODE PENELITIAN

Penelitian ini merupakan studi literatur dengan metode yang dipakai yaitu Systematic Review (SR) atau yang biasa disebut dengan Systematic Literature Review (SLR). SLR merupakan teknik sistematis untuk mengelompokkan, di uji dengan kritis, di integrasikan serta mengumpulkan bermacam-macam kajian penelitian yang sesuai dengan topik penelitian (Nasution et al., 2022). Systematic Literature Review juga bertujuan untuk identifikasi, ditinjau serta evaluasi semua artikel yang sesuai dengan topik penelitian (Triandi dkk). Penelitian dimulai dengan menentukan topik yang akan diteliti kemudian melakukan pencarian studi literatur dalam database google scholar dengan menggunakan aplikasi Publish or Perish. Kata kunci yang digunakan adalah “*Mass Spektrometry*” dengan membatasi artikel dari tahun 2016 sampai 2024. Selanjutnya peneliti melakukan analisis data dengan dua cara yaitu pertama, melakukan analisis data menggunakan aplikasi VOSiwer untuk mengetahui Network Visualization, Overlay Visualization, Desnity Visualization dari 200 artikel yang telah didapatkan dari aplikasi Publish or Perish. Kedua, peneliti melakukan penyaringan 200 artikel yang cocok dengan kata kunci “*Mass Spektrometry*”, selanjutnya menyaring Kembali artikel yang cocok dengan kata kunci menjadi 31 artikel dengan data primer, Kemudian 31 artikel dengan data primer dianalisis untuk menentukan kecenderungan karakterisasi spektrometer massa pada berbagai disiplin ilmu atau peletian periode 2016 – 2024.

---



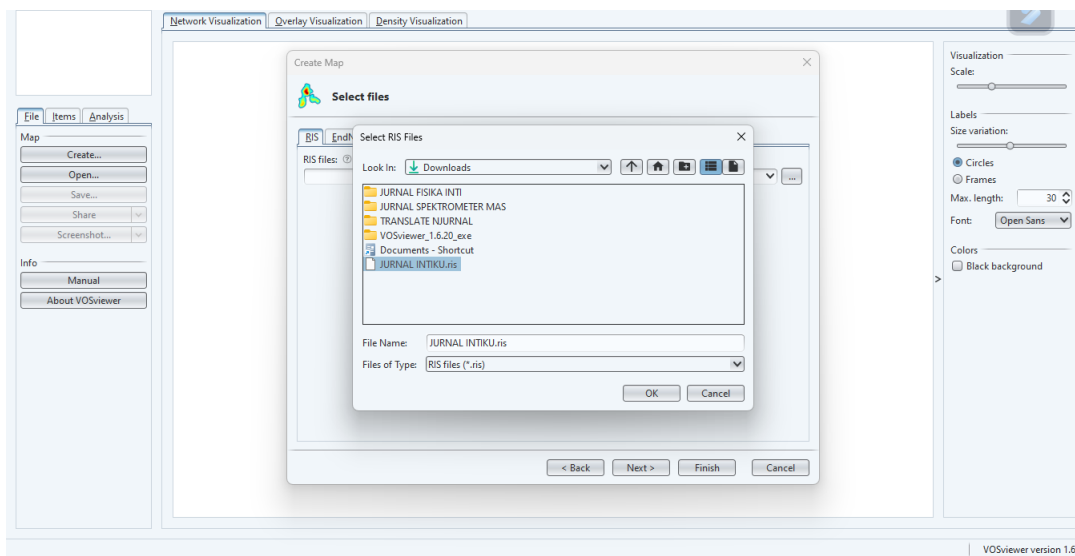
Gambar 1. Diagram Alur

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### 1. Analisis data 200 artikel dari publish or perish menggunakan aplikasi VOSviewer

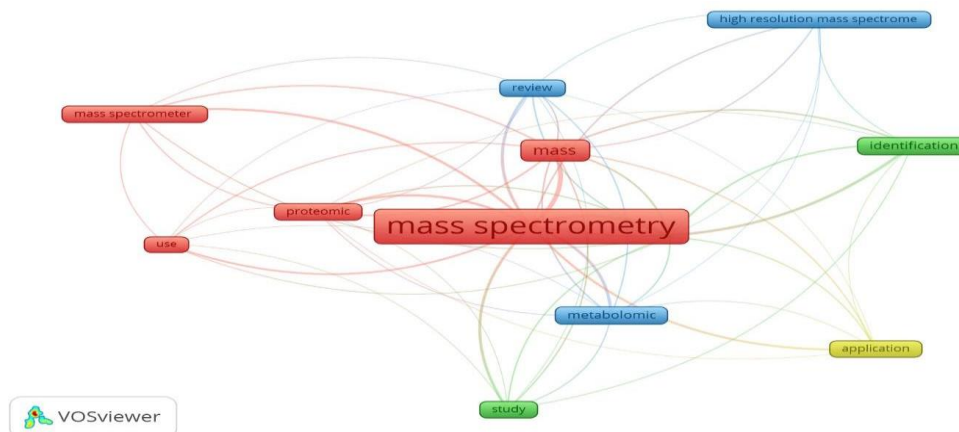
| Cites  | Per year | Rank | Authors                 | Title                                 | Year | Publication                   | Publisher            | Type |
|--------|----------|------|-------------------------|---------------------------------------|------|-------------------------------|----------------------|------|
| h 407  | 58.14    | 1    | LR Ruhaak, G Xu, ...    | Mass spectrometry approaches t...     | 2018 | Chemical ...                  | ACS Publications     |      |
| h 374  | 93.50    | 2    | S Tamara, MA den...     | High-resolution native mass spec...   | 2021 | Chemical reviews              | ACS Publications     |      |
| h 672  | 74.67    | 3    | AC Loney, AJR Heck      | Native mass spectrometry: what i...   | 2016 | ... American Society for M... | ACS Publications     |      |
| h 2261 | 251.22   | 4    | R Aebersold, M M...     | Mass-spectrometric exploration ...    | 2016 | Nature                        | nature.com           |      |
| h 1527 | 218.14   | 5    | AG Harrison             | Chemical ionization mass spectro...   | 2018 |                               | taylorfrancis.com    | BOOK |
| h 524  | 262.00   | 6    | R Schmid, S Heuc...     | Integrative analysis of multimoda...  | 2023 | Nature ...                    | nature.com           |      |
| h 708  | 78.67    | 7    | HL Röst, T Sachse...    | OpenMS: a flexible open-source s...   | 2016 | Nature ...                    | nature.com           |      |
| h 928  | 116.00   | 8    | AR Buchberger, K ...    | Mass spectrometry imaging: a re...    | 2017 | Analytical ...                | pmc.ncbi.nlm.nih.gov | HTML |
| h 320  | 64.00    | 9    | W Timp, G Timp          | Beyond mass spectrometry, the n...    | 2020 | Science Advances              | science.org          |      |
| h 438  | 48.67    | 10   | DT Snyder, CJ Pulli...  | Miniature and fieldable mass spe...   | 2016 | Analytical chemistry          | ACS Publications     |      |
| h 296  | 42.29    | 11   | JL Ren, AH Zhang...     | Advances in mass spectrometry...      | 2018 | RSC advances                  | pubs.rsc.org         | HTML |
| h 708  | 78.67    | 12   | HL Röst, T Sachse...    | OpenMS: a flexible open-source s...   | 2016 | Nature ...                    | nature.com           |      |
| h 265  | 37.86    | 13   | T De Vrijder, D Valk... | A tutorial in small molecule ident... | 2018 | Mass spectrometry ...         | Wiley Online Library |      |
| h 249  | 27.67    | 14   | Q Kou, L Xun, X Liu     | TopPIC: a software tool for top-d...  | 2016 | Bioinformatics                | academic.oup.com     |      |
| h 594  | 74.25    | 15   | BC Collins, CL Hu...    | Multi-laboratory assessment of re...  | 2017 | Nature ...                    | nature.com           | HTML |
| h 354  | 118.00   | 16   | A Bauermeister, H...    | Mass spectrometry-based metab...      | 2022 | Nature Reviews ...            | nature.com           |      |
| h 476  | 79.33    | 17   | CL Feider, A Krieg...   | Ambient ionization mass spectro...    | 2019 | Analytical chemistry          | ACS Publications     |      |

Gambar 2. 200 Artikel dari Publish or Perish



**Gambar 3. Aplikasi VOSviewer (Menginput 200 Artikel dari Publish or Perish)**

### 1.1 Analisis data Network Visualization VOSviewer



**Gambar 4. Analisis Data Network Visualization VOSviewer**

Hasil analisis data menggunakan VOSviewer pada menu Network Visualization menunjukkan visualisasi jejaring yang terbentuk. Setiap warna mewakili cluster masing masing dan setiap cluster beda warnanya. Pada gambar visualisasi yang didapat terdapat warna merah, biru, kuning dan hijau. Pada data analisis visualisasi jejaring tersebut terdapat 4 cluster dan 12 item.

| 12 items (4 clusters):     |                            |
|----------------------------|----------------------------|
| <b>Cluster 1 (5 items)</b> | mass                       |
|                            | mass spectrometer          |
|                            | mass spectrometry          |
|                            | proteomic                  |
|                            | use                        |
| <b>Cluster 2 (3 items)</b> | analysis                   |
|                            | identification             |
|                            | study                      |
| <b>Cluster 3 (3 items)</b> | high resolution mass spect |
|                            | metabolomic                |
|                            | review                     |
| <b>Cluster 4 (1 item)</b>  | application                |

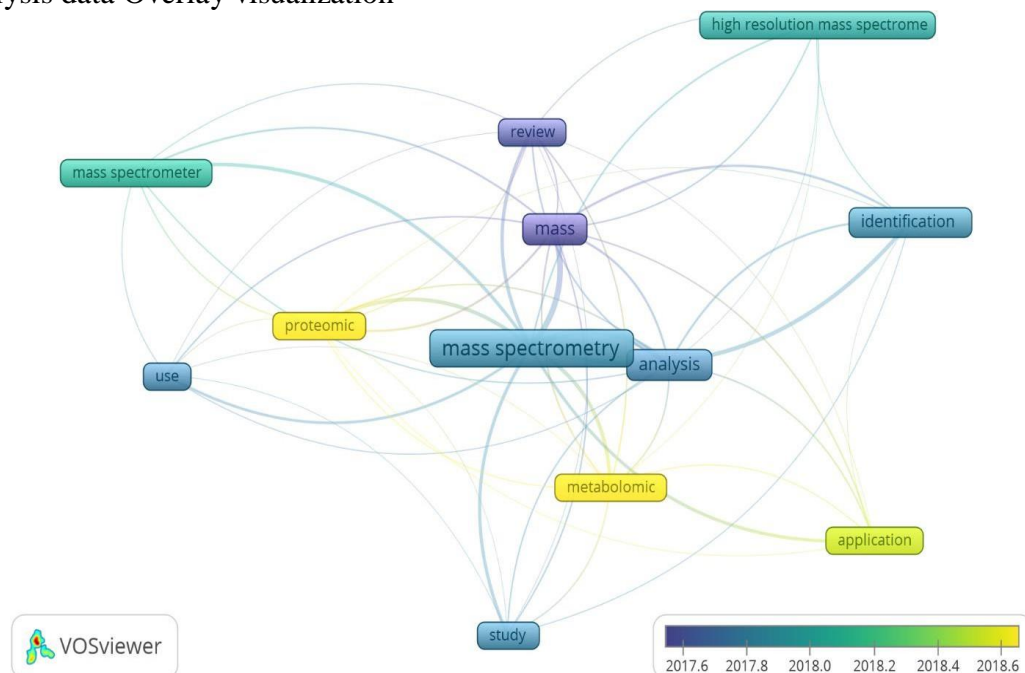
**Gambar 5. cluster dan 12 item**

Setiap item pada gambar 1 memiliki hubungan pada item – item lainnya yaitu:

1. Item inti yaitu Mass Spectrometry memiliki jaringan kesuluh item yang artinya di setiap item memerlukan item Mass Spektrometry didalamnya.
2. Mass Spectrometer memiliki hubungan dengan item inti mass spectrometry, mass, proteomic, use, dan review.
3. Mass memiliki hubungan dengan item seluruh item
4. Proteomic memiliki hubungan dengan item inti mass spectrometry, mass, mass spectrometer, use, review, study, application, dan identification.
5. Use memiliki hubungan dengan item inti mass spectrometry, mass, mass spectrometer, study, review, dan metabolomic.
6. Analysis memiliki hubungan keseluruhan item.
7. Identification memiliki hubungan dengan item inti mass spectrometry, high resolution mass spectrome, application, mass, study dan proteomic.
8. Study memiliki hubungan dengan item inti mass spectrometry, metabolomic, use, proteomic, mass, identification, dan review.
9. High resolution mass spectrome memiliki hubungan dengan item inti mass spectrometry, review, identification, mass, analysis dan metabolomic.
10. Metabolomic memiliki hubungan dengan item inti, analysis, study, application, mass, proteomic, review, high resolution mass spectrome.
11. Identification memiliki hubungan pada seluruh item.
12. Application memiliki hubungan dengan item inti mass spectrometry, analysis, metabolomic, identification, mass, review, dan proteomic.

Hubungan antara item item tersebut pada analisis sata Network visualization pada gambar 1 di hubungkan dari item (topik penelitian) dengan jaringan terdekat hingga jaringan terjauh.

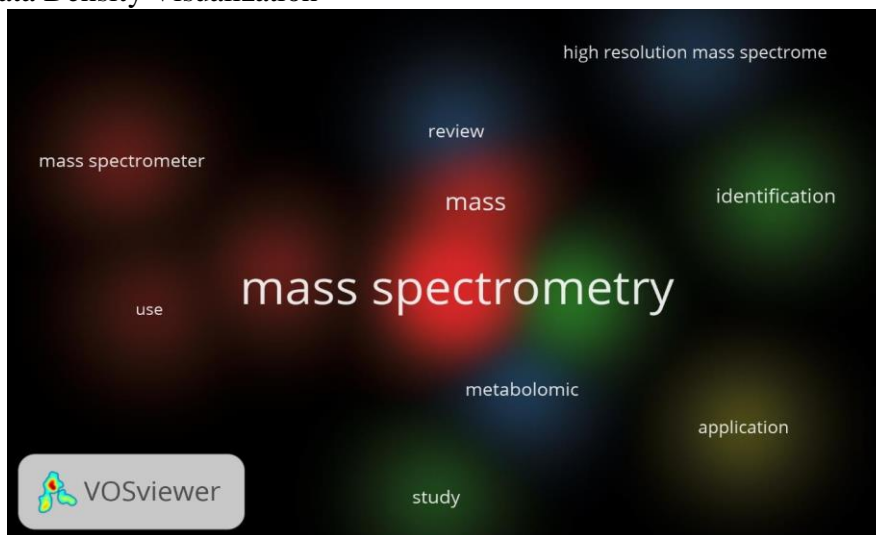
### 1.2 Analysis data Overlay visualization



**Gambar 6. Analysis data Overlay visualization VOSviewer**

Analisis overlay visualization menunjukkan kecenderungan penelitian apa yang sering muncul seiring tahun semakin cerah warnanya artinya semakin banyak penelitian tentang topik tersebut. Pada hasil data pada gambar 2 penelitian yang sering terbit adalah penelitian dengan warna paling cerah yaitu kuning yaitu penelitian spectrometer massa tentang, metabolomic, dan proteomic. Sedangkan penelitian yang sedikit adalah warna ungu yaitu penelitian spectrometer massa tentang review dan mass.

### 1.3 Analisis data Density Visualization



**Gambar 7. Analisis Data Density Visualization VOSviewer**

Analisis data Density Visualization adalah analisis untuk mengetahui kepadatan topik penelitian. Dapat dilihat pada gambar 3 tingkat kepadatan yang paling tinggi adalah mass spectrometry dan mass dan yang paling rendah adalah topik penelitian tentang use, dan review.

## 2. Analisis data 31 artikel berdata primer dari publish or perish

|    |   |      |  |                      |   |
|----|---|------|--|----------------------|---|
| 1  | A compact quadrupole-orbitrap mass spectrometer with FAIMS interface improves proteome coverage in short LC gradients                               | 2020 | Molecular & Cellular ...                           | ASBMB                | <a href="https://www.mcponline.org">https://www.mcponline.org</a>     |
| 2  | A critical review of single particle inductively coupled plasma mass spectrometry—A step towards an ideal method for nanomaterial characterization  | 2020 | Journal of Analytical Atomic Spectrometry          | pubs.rsc.org         | <a href="https://pubs.rsc.org/en/co">https://pubs.rsc.org/en/co</a>   |
| 3  | A cyclic ion mobility-mass spectrometry system  | 2019 | Analytical ...                                     | ACS Publications     | <a href="https://pubs.acs.org/doi/a">https://pubs.acs.org/doi/a</a>   |
| 4  | A high-throughput ion mobility spectrometry-mass spectrometry screening method for opioid profiling   | 2022 | ... the American Society for Mass Spectrometry     | ACS Publications     | <a href="https://pubs.acs.org/doi/a">https://pubs.acs.org/doi/a</a>   |
| 5  | A mass spectrometry-based proteome map of drug action in lung cancer cell lines   | 2020 | Nature Chemical ...                                | nature.com           | <a href="https://www.nature.com/a">https://www.nature.com/a</a>       |
| 6  | A pragmatic guide to enrichment strategies for mass spectrometry-based glycoproteomics  | 2021 | Molecular & Cellular Proteomics                    | ASBMB                | <a href="https://www.mcponline.org">https://www.mcponline.org</a>     |
| 7  | Advanced MALDI mass spectrometry imaging in pharmaceutical research and drug development  | 2019 | Current opinion in ...                             | Elsevier             | <a href="https://www.sciencedirect">https://www.sciencedirect</a>     |
| 8  | Advances in mass spectrometry imaging enabling observation of localised lipid biochemistry within tissues   | 2019 | TrAC Trends in Analytical Chemistry                | Elsevier             | <a href="https://www.sciencedirect">https://www.sciencedirect</a>     |
| 9  | Applications of tandem mass spectrometry (MS/MS) in protein analysis for biomedical research  | 2022 | Molecules  | mdpi.com             | <a href="https://www.mdpi.com/14">https://www.mdpi.com/14</a>         |
| 10 | Assessing the mass concentration of microplastics and nanoplastics in wastewater treatment plants by pyrolysis gas chromatography-mass spectrometry | 2023 | Environmental ...                                  | ACS Publications     | <a href="https://pubs.acs.org/doi/a">https://pubs.acs.org/doi/a</a>   |
| 11 | Bioactive compounds in waste by-products from olive oil production: Applications and structural characterization by mass spectrometry techniques    | 2021 | Foods  | mdpi.com             | <a href="https://www.mdpi.com/23">https://www.mdpi.com/23</a>         |
| 12 | Bioinformatics methods for mass spectrometry-based proteomics data analysis   | 2020 | International Journal of molecular ...             | mdpi.com             | <a href="https://www.mdpi.com/14">https://www.mdpi.com/14</a>         |
| 13 | Characterization of cell glycoalkaloids with mass spectrometry methods  | 2019 | Cells  | mdpi.com             | <a href="https://www.mdpi.com/20">https://www.mdpi.com/20</a>         |
| 14 | Chemical profiling of fingerprints using mass spectrometry  | 2019 | Forensic Chemistry                                 | Elsevier             | <a href="https://www.sciencedirect">https://www.sciencedirect</a>     |
| 15 | Computational methods for processing and interpreting mass spectrometry-based metabolomics  | 2024 | Essays in Biochemistry                             | portlandpress.com    | <a href="https://portlandpress.com">https://portlandpress.com</a>     |
| 16 | Computational methods for processing and interpreting mass spectrometry-based metabolomics  | 2024 | Essays in Biochemistry                             | portlandpress.com    | <a href="https://portlandpress.com">https://portlandpress.com</a>     |
| 17 | Current progress and critical challenges to overcome in the bioinformatics of mass spectrometry-based metaproteomics                                | 2023 | Computational and Structural Biotechnology Journal | Elsevier             | <a href="https://www.sciencedirect">https://www.sciencedirect</a>     |
| 18 | Current status of MALDI-TOF mass spectrometry in clinical microbiology  | 2019 | Journal of food and drug analysis                  | Elsevier             | <a href="https://www.sciencedirect">https://www.sciencedirect</a>     |
| 19 | Direct sampling mass spectrometry for clinical analysis   | 2019 | Analyst  | pubs.rsc.org         | <a href="https://pubs.rsc.org/en/co">https://pubs.rsc.org/en/co</a>   |
| 20 | Eight key rules for successful data-dependent acquisition in mass spectrometry-based metabolomics   | 2023 | Mass Spectrometry ...                              | Wiley Online Library | <a href="https://analyticalsciencej">https://analyticalsciencej</a>   |
| 21 | Expanding the mass range for UVPD-based native top-down mass spectrometry   | 2019 | Chemical ...                                       | pubs.rsc.org         | <a href="https://pubs.rsc.org/en/co">https://pubs.rsc.org/en/co</a>   |
| 22 | Gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) analysis of ethyl acetate root bark extract of Strychnos innocua (Delile)                              | 2021 | Beni-Suef University Journal of ...                | Springer             | <a href="https://link.springer.com/e">https://link.springer.com/e</a> |
| 23 | High-performance liquid chromatography combined with electron ionization mass spectrometry: A review  | 2019 | TrAC Trends in Analytical ...                      | Elsevier             | <a href="https://www.sciencedirect">https://www.sciencedirect</a>     |
| 24 | High-resolution mass spectrometry (HRMS) methods for nontarget discovery and characterization of poly-and per-fluoroalkyl substances (PFAS) in ...  | 2019 | TrAC Trends in Analytical ...                      | Elsevier             | <a href="https://www.sciencedirect">https://www.sciencedirect</a>     |
| 25 | High-throughput native mass spectrometry screening in drug discovery  | 2022 | Frontiers in Molecular ...                         | frontiersin.org      | <a href="https://www.frontiersin.org">https://www.frontiersin.org</a> |
| 26 | Identification of Double Bond Position Isomers in Unsaturated Lipids by m-CPBA Epoxidation and Mass Spectrometry Fragmentation                      | 2019 | Analytical chemistry                               | ACS Publications     | <a href="https://pubs.acs.org/doi/a">https://pubs.acs.org/doi/a</a>   |
| 27 | Identification of per- and polyfluoroalkyl substances in the Cape Fear River by high resolution mass spectrometry and nontargeted screening         | 2019 | Environmental science & technology                 | ACS Publications     | <a href="https://pubs.acs.org/doi/a">https://pubs.acs.org/doi/a</a>   |
| 28 | Imaging mass spectrometry: a new tool to assess molecular underpinnings of neurodegeneration  | 2019 | Metabolites  | mdpi.com             | <a href="https://www.mdpi.com/22">https://www.mdpi.com/22</a>         |
| 29 | Improved prediction of MHC II antigen presentation through integration and motif deconvolution of mass spectrometry MHC eluted ligand data          | 2020 | Journal of proteome ...                            | ACS Publications     | <a href="https://pubs.acs.org/doi/a">https://pubs.acs.org/doi/a</a>   |
| 30 | Individual ion mass spectrometry enhances the sensitivity and sequence coverage of top-down mass spectrometry                                       | 2020 | Journal of proteome ...                            | ACS Publications     | <a href="https://pubs.acs.org/doi/a">https://pubs.acs.org/doi/a</a>   |
| 31 | Innovation in drug toxicology: Application of mass spectrometry imaging technology  | 2021 | Toxicology   | Elsevier             | <a href="https://www.sciencedirect">https://www.sciencedirect</a>     |
| 32 | Machine learning applications for mass spectrometry-based metabolomics  | 2020 | Metabolites  | mdpi.com             | <a href="https://www.mdpi.com/22">https://www.mdpi.com/22</a>         |

**Gambar 8. 31 Artikel Berdata Primer dalam Bentuk Excel**

**Tabel 1. Analisis 31 Artikel Berdata Primer**

| Penulis dan Tahun  | Nama Jurnal  | Hasil Penelitian   |
|--|--|--|
| Abbattista, R., Ventura, G., Calvano, C. D., Cataldi, T. R., & Losito, I. (2021) | <i>Foods</i>                                       | Hasil penelitian menunjukkan bahwa ekstraksi cairan bertekanan menghasilkan jumlah total secoiridoids dan flavonoid yang lebih tinggi dibandingkan dengan metode konvensional. Selain itu, hidroksitirosol (HT) dari produk sampingan minyak zaitun memiliki potensi sebagai agen terapeutik dan bahan alami dalam industri makanan. Penelitian juga menyoroti manfaat kesehatan dari senyawa bioaktif dalam produk sampingan minyak zaitun untuk aplikasi dalam industri makanan dan farmasi.                           |
| Chen, C., Hou, J., Tanner, J. J., & Cheng, J. (2020)                             | <i>International journal of molecular sciences</i> | Hasil penelitian menunjukkan bahwa protein yang berhubungan dengan selenium dan zinc berperan penting dalam penyakit kardiomiopati dilatasi endemik Keshan. Selain itu, algoritma berbasis hutan acak, PIUMet, dirancang untuk mempelajari jalur sinyal abnormal dalam metabolisme sphingolipid, asam lemak, dan steroid dalam penyakit Huntington. Penelitian ini juga menekankan pentingnya analisis pengayaan untuk mengidentifikasi gen atau protein yang terwakili secara berlebihan dalam set gen yang diinginkan. |
| Li, Q., Xie, Y., Wong, M., & Lebrilla, C. B. (2019)                              | <i>Cells</i>                                       | Hasil penelitian menunjukkan kemajuan dalam karakterisasi HAI-glikans untuk penyakit dan penemuan biomarker melalui analisis senyawa yang dilepaskan secara kimia. Teknik seperti MALDI-FTICR dan nanoLC-TOF-MS/MS digunakan untuk membuat profil HAI-glikans pada glikoprotein manusia yang terlibat dalam interaksi dengan sel. Penelitian ini berkontribusi pada diagnosis dan terapi penyakit.   |
| Perez de Souza, L., & Fernie, A. R. (2024)                                       | <i>Essays in biochemistry</i>                      | Hasil penelitian menunjukkan peningkatan yang menjanjikan dalam akurasi prediksi dengan kesalahan yang lebih rendah dan waktu proses yang lebih cepat menggunakan jaringan saraf grafik. Selain itu, kemudahan penggunaan alat komputasi melalui antarmuka pengguna grafis dan integrasi lintas platform juga menjadi faktor penting dalam mempopulerkan teknik ini. Peneliti juga menekankan pentingnya pengalaman pengguna dalam menerapkan ide-ide dalam praktik metabolomik sehari-hari.                             |
| van Helmond, W., van   | <i>Forensic Chemistry</i>                          | Hasil penelitian menunjukkan:  |

|   |  |   |
|---|--|---|
| <p>Herwijnen, A. W., van Riemsdijk, J. J., van Bochove, M. A., de Poot, C. J., &amp; de Puit, M. (2019)</p> |  | <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Variabilitas yang besar dalam kandungan asam amino dan lipid pada semua jenis sidik jari yang dianalisis. Total kadar asam amino yang ditemukan berkisar antara di bawah 100 ng hingga 10<math>\mu</math>g. Variabilitas kandungan lipid total berkisar antara 100 ng hingga 100<math>\mu</math>g pada sidik jari alami, sedangkan lipid berkisar sekitar 1<math>\mu</math>g hingga lebih dari 100<math>\mu</math>g pada sidik jari sebasea.</li> <li>2. Dalam pendekatan metabolomik yang ditargetkan, ditemukan perbedaan signifikan pada L-fenilalanin, L-(iso)-leusin dan asam palmitoleat antara donor pria dan wanita. Selain itu, kadar L-alanin ditemukan berbeda pada donor yang menunjukkan penggunaan ganja, sementara kadar L-prolin berbeda pada donor yang mengonsumsi alkohol dalam jumlah besar (&gt;15 unit).</li> <li>3. Dalam pendekatan yang tidak tertarget, model klasifikasi dibangun untuk jenis sidik jari, jenis kelamin, dan kebiasaan merokok. Berdasarkan data pemindaian penuh, model dapat secara akurat membedakan antara jenis sidik jari (akurasi 95,3% dan 86,8% untuk LC- dan GC-MS, masing-masing). Jenis kelamin hanya dapat diprediksi dengan akurasi sedang berdasarkan sidik jari alami yang dianalisis oleh LC-MS (77,9%). Kebiasaan merokok sehari-hari diprediksi secara akurat pada sidik jari alami dan ekrin (masing-masing akurasi 90,4% dan 90,2%). Kebiasaan merokok dalam 24 jam terakhir dapat diprediksi dengan akurasi yang sedikit lebih rendah. Dalam model ini, nilai m/z yang sesuai dengan nikotin dan kotinin merupakan prediktor yang paling penting.</li> </ol> |
| <p>Miura, N., &amp; Okuda, S. (2023)</p>  | <p style="text-align: center;"><i>Computational and Structural Biotechnology Journal</i></p> | <p>Penelitian ini menemukan 24 protein yang bervariasi secara signifikan, dengan tujuh di antaranya menunjukkan signifikansi setelah penyesuaian pengujian. Galectin-3 dan fibrillin-1 meningkat pada pasien yang baru didiagnosis, sementara beberapa protein lainnya menurun pada pasien dengan autoantibodi islet. Hasil ini</p>   |

|   |  |  |
|---|--|--|
|   |  | memberikan bukti pertama bahwa kadar enzim eksokrin berkurang pada subjek yang terlibat  |
| Pu, F., Chiang, S., Zhang, W., & Ouyang, Z. (2019)  | <i>Analyst</i>                                       | Hasil penelitian menunjukkan bahwa teknologi seperti REIMS dan pena MasSpec telah berhasil diterapkan dalam analisis intra-bedah, meningkatkan otomatisasi dan komersialisasi untuk penelitian klinis. Penelitian juga menyoroti pentingnya analisis kelas molekul biologis, seperti protein, yang sering kali menjadi biomarker penting dalam analisis klinis. Selain itu, pengembangan kartrid untuk pengambilan sampel langsung diharapkan dapat meningkatkan implementasi metode dalam praktik klinis.         |
| Hou, T. Y., Chiang-Ni, C., & Teng, S. H. (2019)   | <i>Journal of food and drug analysis</i>             | Hasil penelitian menunjukkan bahwa spektrometri massa MALDI-TOF dapat mengidentifikasi mikroorganisme dengan akurasi tinggi, mencapai 99,1% pada tingkat genus dan 95,5% pada tingkat spesies. Selain itu, metode ini juga efektif dalam mendeteksi strain resisten antibiotik, termasuk strain MRSA dan B. fragilis yang resisten terhadap karbapenem. Penelitian ini menyoroti potensi MALDI-TOF MS dalam laboratorium diagnostik untuk identifikasi mikroorganisme dan deteksi biomarker resistensi antibiotik. |
| Defosse, E., Bourquin, J., von Reuss, S., Rasmann, S., & Glauser, G. (2023)   | <i>Mass Spectrometry Reviews</i>                     | Hasil penelitian mencakup pengembangan metode LC-MS yang tidak tertarget dan tertarget untuk aplikasi dalam ilmu biologi dan lingkungan. Penelitian ini juga membahas interaksi kimia antara tanaman dan lingkungannya serta dampak ekologis dan evolusioner dari interaksi tersebut. Peneliti telah menerbitkan lebih dari 140 artikel jurnal dan bab buku terkait topik ini.   |
| Greisch, J. F., Tamara, S., Scheltema, R. A., Maxwell, H. W., Fagerlund, R. D., Fineran, P. C., ... & Heck, A. J. (2019). | <i>Chemical science</i>                              | Hasil penelitian menunjukkan kemajuan dalam spektrometri massa resolusi tinggi yang memungkinkan analisis komposisi, heterogenitas, dan dinamika interaksi makromolekul. Penelitian ini berhasil menyelidiki berbagai sistem biologis seperti ribosom, virus, dan ATPase. Selain itu, teknik ini dapat menentukan stoikiometri pengikatan dan afinitas relatif, memberikan wawasan baru dalam studi interaksi biomolekul.  |
| (Bekker-Jensen, 2020)   | <i>Jurnal Technological Innovation and Resources</i> | Orbitrap Exploris 480 MS, dikombinasikan dengan Evosep One, mampu mengidentifikasi >1.000 peptida unik per menit gradien LC. Penggunaan FAIMS meningkatkan cakupan proteom hingga 50% dan efektif untuk sampel kecil dengan menghilangkan ion latar belakang. Dengan DIA-  |

|                   |   |   |
|-------------------|---|---|
|                   |   | FAIMS, lebih dari 1.000 protein dapat dikuantifikasi dari <50 sel HeLa, membuka peluang analisis proteom sel tunggal dan sampel klinis. Orbitrap Exploris 480 MS unggul dalam akuisisi data-independen berkat kecepatan, sensitivitas, dan ketahanannya.  |
| (Mozhayeva, 2020) | <i>Jurnal Of the royal societyof chemistery</i> | ICP-MS telah berkembang pesat dalam dua dekade terakhir, tetapi spICP-MS masih menghadapi tantangan dalam pengenalan dan persiapan sampel. Nebulizer mikroalir dan generator tetesan menawarkan efisiensi tinggi, tetapi mengalami masalah penyumbatan dan reproduibilitas. Optimasi kondisi plasma dan peningkatan efisiensi ion dapat meningkatkan deteksi nanopartikel. ICP-TOF-MS berpotensi menjadi alat utama di masa depan, namun tantangan kalibrasi tetap ada karena kurangnya material referensi. Kesimpulannya, spICP-MS adalah metode yang berguna untuk analisis nanopartikel, tetapi masih memerlukan perbaikan dalam instrumen, metode, dan material referensi untuk mencapai akurasi yang lebih baik.   |
| (Giles, 2019)     | <i>Jurnal analisis kimia</i>                    | Penelitian ini menjelaskan desain dan kinerja pemisah ion mobilitas siklik (cIM) berbasis TW dalam konfigurasi Q-cIM-TOF. cIM menawarkan resolusi mobilitas yang dapat disesuaikan dan kemampuan multifungsi, memberikan fleksibilitas tinggi dalam eksperimen berbasis IM. Resolusi cIM meningkat seiring jumlah lintasan, dari ~80 pada satu lintasan hingga ~750 pada 100 lintasan. Kemampuannya dalam memisahkan spesies isomerik menunjukkan potensinya untuk analisis struktur mendalam. Selain itu, cIM dapat menghasilkan nilai CCS melalui kalibrasi, meskipun akurasi masih dibatasi oleh standar CCS yang tersedia. Secara keseluruhan, cIM memberikan kemajuan signifikan dalam pemisahan IM, tetapi diperlukan diskusi lebih lanjut mengenai standar CCS untuk mendukung resolusi yang lebih tinggi. |
| (Butler, 2022)    | <i>Jurnal Kimia</i>                             | Penelitian ini menggunakan DTIMS-MS untuk mengevaluasi nilai CCS dari 33 opioid dan metabolitnya. HRdm DTIMS-MS berhasil  |

|                  |  |  |
|------------------|--|--|
|                  |  | <p>membedakan 8 dari 11 pasangan isomerik dengan tingkat spesifisitas lebih tinggi dibandingkan EIA. Dengan mengintegrasikan sistem SPE, platform SPE-IMS-MS memungkinkan pembersihan sampel cepat dan skrining dalam 10 detik, menunjukkan potensi untuk laboratorium forensik dan pemantauan kepatuhan manajemen nyeri. Selain itu, metode ini dapat digunakan untuk mendeteksi metabolit opioid baru dan zat toksik emergen. Meskipun tiga pasangan opioid tidak dapat dibedakan, sampel tetap dapat disaring, dan jika diperlukan, dianalisis lebih lanjut dengan GC-MS atau LC-MS/MS. Penggunaan IMS dalam LC-MS/MS juga dapat meningkatkan efisiensi analisis dengan memperpendek durasi gradien</p>   |
| (Riley, 2021)    | <i>Jurnal Glycosylation</i>              | <p>Saat ini, tidak ada metode pengayaan tunggal yang dapat menangkap seluruh keragaman glikoproteom, berbeda dengan PTM seperti fosforilasi atau asetilasi yang lebih sedikit mengalami bias. Berbagai strategi pengayaan diperlukan untuk memahami kompleksitas glikosilasi protein.</p> <p>Alih-alih mencoba mencakup semua aspek dalam satu eksperimen, peneliti harus menggunakan pendekatan spesifik sesuai dengan pertanyaan penelitian. Kombinasi metode pengayaan dapat digunakan secara kreatif dengan memahami kelebihan dan keterbatasannya.</p> <p>Dalam beberapa tahun ke depan, perkembangan teknologi glikoproteomik diharapkan semakin pesat, dengan peningkatan strategi pengayaan sejalan dengan kemajuan instrumen dan perangkat lunak. Inovasi ini akan terus memperdalam pemahaman tentang regulasi glikoproteom.</p> |
| (Ruprecht, 2020) | <i>Jurnal Of nature Chemical Biology</i> | <p>Analisis statistik dilakukan menggunakan Perseus, dengan visualisasi data menggunakan Tibco Spotfire. Reproducibilitas pengukuran proteome diuji dengan korelasi Pearson, dan data yang tidak memenuhi ambang batas (<math>&gt;0.95</math>) dieliminasi (1–6% per lini sel). Data yang hilang diimputasi menggunakan distribusi normal sesuai kriteria tertentu.</p> <p>Uji signifikansi statistik dilakukan dengan t-test dua arah menggunakan kontrol FDR berbasis permutasi (cutoff 5%). Analisis PCA dilakukan setelah menyaring protein dengan <math>&gt;80\%</math> nilai valid dan mengurangi efek batch. Jaringan interaksi</p>   |

|                |                                |  |
|----------------|--------------------------------|--|
|                |                                | <p>protein dihitung menggunakan String dan divisualisasikan di Cytoscape. Enrichment pathway dianalisis melalui Reactome dan GSVA untuk estimasi variasi aktivitas jalur dalam populasi sampel.</p> <p>Untuk analisis agregasi, protein yang tidak menunjukkan perubahan signifikan atau terlalu sering berubah di berbagai inhibitor dieliminasi. Hasil akhir memungkinkan filter yang dapat disesuaikan untuk analisis spesifik pengguna.</p>  |
| (Schulz, 2019) | <i>Jurnal Of Biotechnology</i> | <p>Kemajuan dalam instrumen dan metode telah meningkatkan penerimaan dan penggunaan MALDI (q)MSI dalam penelitian dan pengembangan farmasi. Teknologi MSI semakin banyak diterapkan dalam pemilihan kandidat obat. Diperlukan standarisasi industri dan validasi metode terkait persiapan sampel, akuisisi, serta pemrosesan data untuk menetapkan praktik terbaik. Di masa depan, inovasi seperti ionisasi pasca-laser, kombinasi dengan modalitas pencitraan lain, serta peningkatan resolusi spasial hingga 1 mm diperkirakan akan memperkaya aplikasi MALDI MSI dalam riset farmasi.</p>   |
| (Neagu, 2022)  | <i>Jurnal Of Biomedical</i>    | <p>Penelitian ini meninjau prinsip dasar spektrometri massa tandem (MS/MS), termasuk persiapan sampel, deteksi, dan aplikasi biomedis. Metode MS/MS dapat digunakan dalam berbagai penelitian biologis, baik fundamental maupun klinis, untuk analisis protein, peptida, PTM, dan interaksi protein.</p> <p>Otomasi instrumen LC-MS/MS dalam laboratorium klinis dapat mempercepat dan meningkatkan akurasi diagnosis medis. Kemajuan MS/MS memungkinkan peralihan dari pendekatan proteomik terarah ke yang tidak terarah, mendorong perkembangan bidang omik baru seperti PTM-omik dan PPI-omik.</p> <p>MS/MS juga dapat mendukung identifikasi virus, skrining bayi baru lahir, diagnostik janin, studi farmakokinetik, serta analisis penyakit terkait usia. Inovasi di bidang ini akan terus memperluas aplikasi dalam penelitian dan pengobatan.</p> |
| (Bowman, 2019) | <i>Jurnal Kimia analitik</i>   | <p>MSI telah berkembang pesat dalam dua dekade terakhir menjadi metode yang menjanjikan untuk mempelajari distribusi lipid dalam berbagai jenis sampel. Namun, pemahaman mengenai asal-usul biokimia distribusi lipid baru terungkap</p>   |

|            |                                   |  |
|------------|-----------------------------------|--|
|            |                                   | <p>belakangan ini. Studi lipidomics saja sering kali tidak cukup, karena distribusi lipid dipengaruhi oleh proses enzimatik lokal, ketersediaan bahan baku molekuler, serta faktor eksternal seperti diet dan obat-obatan.</p> <p>Kemajuan dalam metode ionisasi dan pelabelan isotop telah meningkatkan cakupan analisis lipid, memungkinkan korelasi spasial yang lebih baik antar jenis lipid. Ke depan, adaptasi metode lipidomik berbasis ekstraksi akan meningkatkan resolusi struktural dalam MSI lipid, mengatasi ambiguitas anotasi, dan memperdalam pemahaman tentang peran lipid dalam membran sel dan proses sinyal biologis.</p> <p>Tantangan utama MSI lipid ke depan meliputi pengembangan metode kuantitatif untuk menentukan konsentrasi absolut lipid di permukaan jaringan serta mengatasi efek supresi ion yang dapat memengaruhi distribusi ion relatif. Meski masih ada tantangan, MSI lipid tetap menjadi alat yang sangat menjanjikan untuk diagnosis berbasis profil lipid dan studi proses biokimia dalam jaringan biologis.</p> |
| (Xu, 2023) | <i>Jurnal sains dan teknologi</i> | <p>Studi ini mengukur konsentrasi massa mikroplastik (MPs) dan nanoplastik (NPs) di instalasi pengolahan air limbah (WWTPs) menggunakan Py-GC/MS. Hasilnya menunjukkan bahwa konsentrasi MPs menurun drastis dari air influen ke effluen, dengan efisiensi penghilangan sekitar 93%. Polimer dominan dalam air limbah adalah PP, PET, dan PE, sementara PMMA, PS, dan PA hanya berkontribusi sedikit. MPs dengan kepadatan rendah seperti PP dan PE memiliki efisiensi penghilangan lebih rendah dibanding PET. Selain itu, NPs lebih sulit dihilangkan dibanding MPs karena ukurannya yang lebih kecil memungkinkan mereka melewati filter lebih mudah.</p> <p>Penelitian ini memberikan wawasan baru tentang tingkat pencemaran dan karakteristik penghilangan MPs dan NPs dalam WWTPs. Namun, terdapat keterbatasan dalam pengambilan sampel dan deteksi MPs/NPs, seperti potensi kontaminasi dari peralatan plastik, kesulitan dalam mendeteksi polimer plastik yang tidak umum, serta kemungkinan kehilangan MPs/NPs selama proses</p>                |

|  |                               |  |
|--|-------------------------------|--|
|  |                               | <p>analisis. Studi lebih lanjut diperlukan untuk mengatasi tantangan ini.</p>  |
| <p>Juliana PL<br/>Gonçalves<br/>(2022)</p>                         | <p><i>Jurnal Tinjauan</i></p> | <p>Hasil penelitian yang dipaparkan dalam artikel tersebut menyoroti bagaimana pencitraan spektrometri massa (MSI) berpotensi menjadi alat penting dalam konteks pengobatan yang dipersonalisasi, terutama dalam diagnosis dan prognostik kanker.</p> <p>Penggunaan profil proteomik yang diukur dengan MALDI-TOF untuk membedakan antara dua jenis tumor, yaitu pancreas ductal adenocarcinoma (PDAC) dan cholangiocarcinoma (CC), menunjukkan akurasi sekitar 90% dalam klasifikasi, dengan identifikasi biomarker yang berhubungan dengan penyakit.</p> <p>Metode ini memungkinkan analisis yang lebih mendalam tentang respons sel terhadap pengobatan, serta pentingnya karakterisasi sel tunggal dalam memahami respon imun sebagai bagian dari prognosis penyakit. MSI dapat digabungkan dengan teknik lainnya seperti mikroskopi dan transkriptomik, memberikan informasi tambahan yang berguna dalam karakterisasi sampel secara lebih menyeluruh. Penggunaan algoritme pembelajaran mesin (ML) dalam analisis data proteomik menunjukkan potensi dalam membedakan antara jaringan normal dan tumor, serta meningkatkan prediksi prognosis penyakit. Meskipun hasil awal menjanjikan, masih ada tantangan yang harus diatasi sebelum teknologi ini dapat diterapkan secara luas dalam lingkungan klinis, termasuk variabilitas sampel dan kebutuhan untuk standar pengumpulan data yang lebih baik.</p> <p>Secara keseluruhan, penelitian ini menunjukkan bahwa MSI dapat menjadi alat yang mampu memberikan informasi molekuler yang berharga untuk memandu strategi pengobatan individual, serta meningkatkan pendekatan diagnostik dalam bidang patologi kanker.</p> |
| <p>Hamisu<br/>Ibrahim,<br/>Ahmad Jibrin<br/>Uttu,<br/>Muhammad</p> | <p><i>Jurnal Riset</i></p>    | <p>Hasil penelitian mengenai kulit akar <i>Strychnos innocua</i> menunjukkan bahwa analisis menggunakan kromatografi gas-spektrometri massa (GC-MS) berhasil mengidentifikasi tiga</p>   |

|   |                            |  |
|---|----------------------------|--|
| <p>Sani Sallau,<br/>dan Ogunkemi<br/>Risikat Agbeke<br/>Iyun (2021)</p> |                            | <p>puluh tujuh senyawa. Beberapa hasil utama dari penelitian ini adalah:<br/>Senyawa yang teridentifikasi termasuk dibutil benzena-1,2-dikarboksilat (31,03% - puncak tertinggi) dan monometil pimelat (0,39% - puncak terendah). Senyawa utama lainnya yang ditemukan meliputi: Siklooktana (metoksimetoksi), Ester dimetil asam 2,4-dimetilheptanadioat, Asam azelaat, Asam 1,2-benzenedikarboksilat, Etil ester asam linoleat, dan lain-lain. Fitokimia tersebut diperkirakan memiliki aktivitas terapeutik berharga seperti antibakteri, antioksidan, dan antiprotozoa, yang mungkin mendukung penggunaan tanaman ini dalam pengobatan tradisional untuk berbagai penyakit. Metode ekstraksi yang digunakan adalah maserasi untuk mendapatkan ekstrak etil asetat, yang memungkinkan identifikasi senyawa tersebut. Efektivitas metode ini dapat memengaruhi hasil analisis dan potensi terapeutik dari senyawa yang diidentifikasi.,<br/>Hasil ini mendukung bahwa akar <i>S. innocua</i> dapat menjadi sumber obat terapeutik yang bermanfaat. Penelitian lebih lanjut diperlukan untuk mengisolasi dan menguji efektivitas dari masing-masing komponen secara biologis.</p> |
| <p>(Rigano et al.<br/>2019)</p>   | <p><i>Jurnal Kimia</i></p> | <p>Hasil penelitian dalam kombinasi kromatografi cair (LC) dan spektrometri massa ionisasi elektron (EI MS) menunjukkan sejumlah penemuan penting meliputi Metode EI telah terbukti sangat cocok untuk analisis senyawa yang volatil dan stabil secara termal, meskipun terdapat keterbatasan dalam analisis senyawa yang lebih besar dan polar. Ini memungkinkan karakterisasi kimia untuk berbagai senyawa dengan rentang berat molekul yang luas. Penelitian menunjukkan bahwa penggabungan teknik ini memberikan pola fragmentasi yang kaya yang berguna untuk elucidasi struktur senyawa. Dengan teknik ini, analisis dapat mencakup beragam seni kromatografi dan ionisasi yang meningkatkan sensitivitas dan keandalan hasil. Penelitian mengidentifikasi masalah sensitivitas dan efek memori, serta cara untuk mengelola tantangan ini melalui modifikasi antarmuka dan desain alat. Ini termasuk penggunaan sistem yang lebih kuat yang meningkatkan kapasitas analisis kuantitatif dan mengurangi pengaruh efek memori. Penelitian</p>  |

|                           |                                     |   |
|---------------------------|-------------------------------------|---|
|                           |                                     | <p>menunjukkan aplikasi yang menjanjikan dalam bidang-bidang seperti farmasi, klinis, dan analisis bahan pangan, di mana LC-EI MS digunakan untuk skrining kontaminan dengan efektivitas yang tinggi. Inovasi dalam desain antarmuka LC-EI, termasuk modifikasi yang membuat proses ionisasi lebih efektif dan efisien, semakin memperluas jangkauan aplikasi dan meningkatkan kinerja analitis.</p> <p>Secara keseluruhan, kombinasi LC dan EI MS menunjukkan potensi besar dalam analisis kimia, dengan menekankan pentingnya modifikasi dan optimasi untuk mengatasi tantangan yang ada.</p>   |
| (Liu et al. 2019)         | <i>Jurnal kimia</i>                 | <p>Hasil penelitian yang dibahas dalam artikel tersebut menyoroti sejumlah poin penting terkait zat perdan poli-fluoroalkil (PFAS) dan penemuan serta karakterisasi mereka. Berikut adalah ringkasan hasil penelitian: Peneliti telah mengidentifikasi lebih dari 750 PFAS yang termasuk dalam lebih dari 130 kelas. Meskipun banyaknya informasi yang tersedia, jumlah PFAS yang terpantau dalam sampel lingkungan dan biologis masih sangat sedikit. PFAS, terutama yang berantai panjang, diketahui memiliki sifat hidrofobik dan lipofobik yang tinggi, menjadikannya kontaminan yang membandel di lingkungan. Terdapat kekhawatiran tentang potensi bioakumulasi dan toksisitas hubungan dengan sebagian besar PFAS yang ditemukan. Teknik HRMS (High-Resolution Mass Spectrometry) semakin penting dalam mendeteksi dan mengkarakterisasi PFAS yang tidak dikenal. Metode ini dapat menemukan senyawa PFAS pada tingkat jejak dalam matriks yang rumit seperti air, tanah, dan biota. Meskipun ada kemajuan dalam metode analisis, kesenjangan pengetahuan terkait dengan profil dan risiko toksik PFAS yang baru teridentifikasi masih ada. Penelitian lebih lanjut diperlukan untuk menentukan karakteristik dan dampak dari PFAS baru tersebut. Dengan adanya banyak PFAS yang terdeteksi, pengembangan sistem prioritas untuk penelitian lebih lanjut sangat penting. Ini termasuk sintesis, konfirmasi, pemantauan, dan pengujian aktivitas biologis dari PFAS baru teridentifikasi.</p> |
| (Gavriilidou et al. 2022) | <i>Jurnal Molecular boisciencis</i> | <p>Hasil penelitian yang dimaksud dalam dokumen ini berfokus pada penggunaan spektrometri massa asli (native mass spectrometry, MS) dalam penemuan</p>  |

|  |                                 |  |
|--|---------------------------------|--|
|  |                                 | <p>obat. Berikut adalah beberapa poin penting yang dihasilkan dari penelitian tersebut: Penelitian menunjukkan bahwa spektrometri massa asli dapat digunakan untuk mempelajari interaksi protein-ligan dalam keadaan terlipat, memberikan wawasan yang lebih dalam tentang dinamika dan afinitas pengikatan. MS asli menawarkan kecepatan, selektivitas, sensitivitas, dan kemampuan kuantitatif yang unggul, sehingga memungkinkan penyaringan lebih dari 50.000 senyawa dalam waktu kurang dari 8 jam. Melalui pendekatan MS asli, pengukuran konstanta disosiasi (<math>K_d</math>) ribuan senyawa terhadap protein target dapat dilakukan secara andal dan efisien, memberikan informasi penting untuk pemilihan kandidat obat. Penelitian ini juga menekankan bahwa MS asli dapat mengungkap perubahan konformasi protein saat mengikat molekul kecil, memberikan pemahaman lebih lanjut tentang mekanisme aksi obat. Diharapkan bahwa MS asli dapat terintegrasi dengan teknik biologi struktural lain, seperti kristalografi sinar-X dan cryo-electron microscopy (cryo-EM), yang akan memperluas aplikasi penemuan obat dan memberikan wawasan baru tentang pengikatan protein-ligan. Hasil-hasil ini menunjukkan bahwa spektrometri massa asli adalah alat yang sangat berharga dalam pengembangan dan penemuan obat baru, memberikan pendekatan yang lebih efisien dan informatif dibandingkan dengan metode konvensional lainnya.</p> |
| <p>Yu Feng, Bingming Chen, Qinying Yu, dan Lingjun Li (2019)</p> | <p><i>Jurnal Kimia Anal</i></p> | <p>Hasil penelitian dalam makalah ini menunjukkan beberapa temuan penting tentang metode baru untuk analisis lipid tak jenuh melalui epoksidasi menggunakan asam kloroperoksibenzoat (m-CPBA) dan spektrometri massa yang diinduksi tumbukan (CID-MS/MS). Berikut adalah poin-poin utama dari hasil penelitian: Reaksi epoksidasi dengan m-CPBA berhasil dilakukan dalam waktu kurang dari 30 menit dengan spesifisitas yang tinggi dan tanpa produk sampingan yang teroksidasi berlebihan. Hal ini menghasilkan konversi penuh dari lipid menjadi epoksida. Setelah derivatisasi, pasangan fragmen dengan perbedaan massa 16 Da dihasilkan, yang memungkinkan untuk mengetahui lokasi ikatan rangkap karbon-karbon dalam lipid. Ini</p>   |

|                    |                         |   |
|--------------------|-------------------------|---|
|                    |                         | <p>memberikan akses yang lebih luas dalam analisis identifikasi lipid. Seluruh proses analisis, termasuk persiapan sampel, epoksidasi, dan akuisisi data, dapat dilakukan dengan cepat, menjadikannya kandidat ideal untuk aplikasi berthroughput tinggi dalam studi lipidomik. Dalam penelitian ini, sejumlah 20 isomer lipid tak jenuh berhasil diidentifikasi dari ekstrak ragi, komplemen dari kemampuan metode untuk mengatasi analisis lipid yang kompleks dan beragam. Metode ini berhasil diterapkan pada ekstrak lipid kompleks, menunjukkan kemampuan metode untuk memberikan hasil yang signifikan dalam konteks yang lebih luas di bidang lipidomik. Keberhasilan metode ini juga terletak pada kemudahan dalam interpretasi data MS/MS yang dihasilkan, memungkinkan peneliti untuk dengan cepat memproses informasi dan mencapai hasil yang akurat dalam pengidentifikasian lipid. Secara keseluruhan, hasil penelitian ini menawarkan pendekatan inovatif dan efisien untuk analisis lipid tak jenuh, dengan potensi aplikasi luas dalam lipidomik dan studi biologi terkait.</p>  |
| (Chen et al. 2019) | <i>Jurnal Metabolit</i> | <p>Hasil penelitian yang dijelaskan dalam jurnal tersebut menyoroti beberapa temuan kunci terkait penggunaan spektrometri massa pencitraan (IMS) dalam studi penyakit neurodegeneratif. Visualisasi dan Pemetaan: IMS memungkinkan penggambaran dan pemetaan distribusi berbagai molekul kecil, seperti lipid dan neurotransmitter, dalam jaringan biologis dengan resolusi spasial yang tinggi. Ini penting untuk memahami bagaimana metabolit berperan dalam patogenesis penyakit neurodegeneratif. Penemuan Biomarker Teknologi ini berpotensi mempercepat penemuan biomarker yang berkaitan dengan penyakit, karena dapat mendeteksi perubahan dalam metabolit endogen dan interaksi dengan spesies eksogen. Ini memberikan wawasan baru tentang mekanisme molekuler yang mendasari neurodegenerasi. Peran Lipidom Penelitian menunjukkan bahwa gangguan lipidom terkait dengan neurodegenerasi, dan IMS bisa digunakan untuk menyelidiki pensinyalan lipid yang berfungsi dalam jalur seluler yang relevan untuk berbagai penyakit seperti Alzheimer dan Parkinson. Data Baru tentang Zat Besi dalam Alzheimer Penggunaan IMS memberikan data baru</p> |

|                         |                                   |   |
|-------------------------|-----------------------------------|---|
|                         |                                   | <p>mengenai regulasi kadar zat besi dalam otak pasien Alzheimer, yang berkontribusi pada pemahaman tentang stres oksidatif yang terkait dengan penyakit tersebut. Pendekatan Sistemik Dengan mengintegrasikan informasi spasial metabolit, IMS memungkinkan pendekatan yang lebih holistik dalam memahami interaksi kompleks antara genotip, metabolom, dan lingkungan, yang esensial dalam penelitian mengenai penyakit,. Melalui penerapan IMS, peneliti dapat mendapatkan pemahaman yang lebih baik mengenai dinamika metabolit dalam konteks penyakit neurodegeneratif, membantu dalam pengembangan terapi dan strategi deteksi dini.</p>   |
| (Reynisson et al. 2020) | <i>Jurnal Teknologi kesehatan</i> | <p>Hasil penelitian dalam jurnal ini menunjukkan bahwa model yang dikembangkan, yaitu NNAlign_MA dan NetMHCIIpan-4.0, mampu meningkatkan akurasi prediksi presentasi antigen MHC II dibandingkan dengan metode sebelumnya. Beberapa temuan kunci dari penelitian ini mencakup Peningkatan Akurasi Model baru menunjukkan kemampuan untuk melakukan prediksi yang lebih akurat untuk ligan dan epitop CD4+, berpotensi memperluas aplikasi dalam penelitian imunologi dan pengembangan vaksin. Integrasi Data NNAlign_MA dirancang untuk mengintegrasikan tipe data campuran, termasuk variasi alel dan konteks ligan, yang meningkatkan proses benchmarking dan analisis presentasi antigen. Analisis Dekonvolusi Penelitian ini juga menyajikan pendekatan baru untuk mendekonvolusi data interaksi peptida, memungkinkan identifikasi motif pengikatan yang lebih kompleks dan relevan dalam konteks biologis. Implementasi dalam Pengujian Neoepitop Model menunjukkan kinerja yang lebih baik dalam pengujian benchmark ligan neoepitop, menunjukkan sensitivitas dan spesifisitas yang lebih tinggi dibandingkan metode lain yang ada,. Secara keseluruhan, hasil penelitian ini memberikan wawasan baru yang berharga bagi pemahami kekebalan seluler dan potensi pengembangan vaksin berbasis antigen.</p> |
| Kafader. (2020)         | <i>Jurnal Proteom</i>             | <p>Hasil penelitian yang dilaporkan dalam jurnal tersebut menyajikan beberapa temuan signifikan</p>   |

|                  |  |   |
|------------------|--|---|
|                  |  | <p>terkait penggunaan metode spektrometri massa ion individu (I2MS) untuk analisis protein, sebagai berikut: Deteksi Fragmen Ion Berkelimpahan Rendah: Penelitian ini menunjukkan bahwa pendekatan I2MS memungkinkan identifikasi ion fragmen berkelimpahan rendah yang mengandung ratusan residu. Ini mengarah pada peningkatan cakupan urutan analisis proteoform, seperti yang ditunjukkan dalam studi terhadap triosephosphate isomerase. Peningkatan Cakupan Urutan: Dengan menggunakan metode MS/I2MS, cakupan urutan yang dapat diperoleh pada protein dengan berat sekitar 40 kDa meningkat sebanyak 48% dibandingkan dengan pembacaan tradisional dari populasi ion fragmen yang sama, menunjukkan efektivitas metode baru ini dalam analisis protein. Akurasi Penetapan Muatan: Penelitian ini berhasil menetapkan muatan ion dengan akurasi tinggi, yang merupakan kemajuan penting dalam spektrometri massa. Dengan menggunakan penganalisis Orbitrap, penetapan muatan dari fragmen ion dapat dilakukan dengan lebih baik dibandingkan teknik yang ada sebelumnya. Spektrum yang Lebih Bersih dan Akurat: Dengan memanfaatkan teknik ini, hasil menunjukkan perbaikan dalam garis dasar spektral, yang membantu dalam memperluas rentang dinamis untuk identifikasi massa fragmen. Hal ini juga berkaitan dengan penghilangan sinyal derau dari pengukuran sebelumnya. Peningkatan Identifikasi Fragmen Besar: Analisis MS/I2MS meningkatkan kemampuan untuk mendeteksi dan mencocokkan sinyal fragmen dengan kelimpahan yang relatif rendah untuk fragmen yang lebih besar dari 10 kDa, membantu karakterisasi yang lebih mendalam dari proteoform kompleks. Secara keseluruhan, penelitian ini menggarisbawahi dampak positif dari penerapan I2MS dalam meningkatkan deteksi dan analisis fragmen protein, serta menunjukkan potensi untuk menjelajahi kompleks protein besar dengan lebih baik.</p> |
| Hayakawa. (2020) | <i>Jurnal Nature Ecology Evolution</i> | Hasil penelitian yang didapatkan oleh peneliti dalam jurnal tersebut mencakup beberapa temuan penting terkait evolusi dan karakterisasi neuron serta neuropeptida pada metazoa basal, khususnya   |

|                                   |                         |   |
|-----------------------------------|-------------------------|---|
|                                   |                         | <p>Ctenophora, Cnidaria, dan Porifera. Identifikasi Neuropeptida: Penelitian berhasil mengidentifikasi sejumlah neuropeptida yang diekspresikan dalam neuron Ctenophora, yang terkait dengan sistem sensorik, otot, dan pencernaan. Ini menunjukkan bahwa neuron Ctenophora memiliki karakteristik penyimpanan dan transmisi peptida yang mirip dengan Cnidaria dan Bilateria. Konservasi Jalur Biosintesis Peptida: Ditemukan bahwa terdapat mesin yang sangat terkonservasi untuk biosintesis, pelepasan, dan degradasi peptida, yang penting untuk pensinyalan dalam sistem saraf. Fitur Genetik Sel Neuropeptida: Analisis menunjukkan bahwa sel-sel yang mengekspresikan neuropeptida di Ctenophora dan Cnidaria memiliki sebagian besar gen yang sama yang terlibat dalam fungsi neuron di Bilateria. Ini memberikan bukti bahwa mungkin ada asal-usul evolusi yang umum untuk sistem saraf peptidergik di antara metazoa. Regulasi Transkripsi yang Serupa: Penelitian juga menemukan bahwa kelompok faktor transkripsi yang berperan dalam neurogenesis dan spesifikasi jenis sel saraf diekspresikan dalam sel peptida Ctenophora, yang menunjukkan bahwa program regulasi transkripsi yang serupa dapat menentukan perkembangan saraf di berbagai takson. Kesimpulan Mengenai Asal Usul Neuron: Hasil menunjukkan bahwa meskipun terdapat kesamaan genetik, sifat fisiologis lima neuron pada fase evolusi awal masih perlu dijelaskan lebih lanjut. Penelitian ini menggali lebih dalam asal usul neuron dan menyatakan bahwa pengetahuan saat ini masih menghadapi berbagai tantangan dalam mengidentifikasi asal-usul neuron fungsional di garis keturunan hewan.</p> <p>Secara keseluruhan, penelitian ini memberikan wawasan baru mengenai kompleksitas dan evolusi sistem saraf pada hewan metazoa, serta hubungan antara neuropeptida dan fungsi neuron dalam takson yang berbeda.</p> |
| James McCord, Mark Strynar (2019) | <i>Jurnal Tegnologi</i> | <p>Hasil penelitian yang diperoleh oleh peneliti dalam jurnal tersebut mencakup beberapa temuan penting mengenai keberadaan dan karakterisasi senyawa fluorokimia di Sungai Cape Fear: Deteksi Senyawa Fluorokimia: Penelitian ini mengidentifikasi total 37 rumus kimia unik yang terdiri dari 58 isomer senyawa fluorokimia, termasuk senyawa baru yang</p>   |

|  |  |  |
|--|--|--|
|  |  | <p>sebelumnya tidak dilaporkan. Pervasiveness di Sampel Hilir: Sampel yang diambil dari hilir terhadap pembuangan air limbah pabrik menunjukkan bahwa lebih dari 90% dari total intensitas ion terdiri dari spesies dengan cacat massa negatif, menandakan keberadaan senyawa fluorokimia baru yang ditransmisikan dari pabrik. Sumber Kontaminasi: Hasil menunjukkan bahwa pembuangan air limbah dari pabrik fluorokimia memperkenalkan jumlah yang signifikan dari senyawa tambahan ke sungai, yang melampaui asam perfluorinasi yang lebih dikenal. Pendekatan Pengambilan Sampel: Peneliti menggunakan pengambilan sampel longitudinal untuk memantau pengurangan jangka panjang dalam beban PFAS, yang memperlihatkan bahwa beberapa spesies senyawa meningkat secara signifikan selama periode pengambilan sampel, menunjukkan bahwa metode tidak target dapat memberikan informasi yang lebih komprehensif tentang kontaminasi. Identifikasi Berbagai Subtipe Senyawa: Melalui teknik analisis seperti spektrometri massa tandem, peneliti mampu mengidentifikasi beberapa spesies baru, termasuk asam eter perfluorinasi dan asam eter polifluorinasi, yang meliputi senyawa dengan karakteristik kimia unik. Penemuan-penemuan ini penting bagi pemantauan dan pemeliharaan kualitas air, terutama dalam konteks regulasi senyawa perfluorinasi yang mengalami banyak perubahan saat ini.</p> |
|--|--|--|

Dari 31 artikel berdata primer yang telah dianalisis diantara seluruh artikel menunjukkan hasil kecenderungan spektrometer massa dalam penelitian yang dilakukan sangat bermanfaat dan menunjukkan hasil yang positif dalam setiap topik penelitian yang telah dianalisis. Dengan kata lain bahwa dalam periode 2016 – 2024 kecenderungan spektrometer massa dalam topik – topik penelitian tertentu sangat dibutuhkan dan memberikan hasil yang memuaskan peneliti.

## **KESIMPULAN**

Dapat disimpulkan bahwa penelitian ini merupakan studi literatur dengan metode Systematic Literature Review (SLR) dengan kata kunci yang digunakan ialah “*Mass Spectrometri*” dengan membatasi artikel dari tahun 2016 sampai 2024 yang mana dari 200 artikel dari publish or perish dan menganalisis 31 artikel yang sesuai dengan kata kunci dan berdata primer. dan melakukan analisis menggunakan aplikasi VOSviewer. Pada hasil penelitian yang ditunjukkan oleh aplikasi Vosviewer pada analisis data pertama, Network Visualization yaitu hubungan atau jaringan dari spektrometri massa terhadap berbagai topik penelitian yang diwakili dengan warna yang berbeda seperti merah, biru, kuning, dan hijau. Kedua, Analysis data Overlay visualization menunjukkan

kecenderungan topik penelitian yang sering muncul pada rentang tahun tersebut ditemukan bahwa topik penelitian yang sering muncul adalah penelitian spectrometer massa, metabolomic, dan proteomic. Sedangkan yang paling sedikit muncul adalah penelitian tentang topik penelitian review dan mass. Ketiga, yaitu Analisis data Density Visualization adalah analisis untuk mengetahui kepadatan topik penelitian. Hasil penelitian yang ditemukan adalah tingkat kepadatan yang paling tinggi adalah topik penelitian mass spectrometry dan mass dan yang paling rendah adalah topik penelitian tentang use, dan review. Dan pada analisis 31 artikel berdata primer dapat disimpulkan bahwa spektrometer massa memiliki kecenderungan yang sangat positif untuk membantu peneliti dalam melakukan penelitian dan menghasilkan sebuah karya tulis yang bermanfaat dalam berbagai disiplin ilmu. Dengan kata lain kecenderungan penelitian spektrometri massa sebagai alat karakterisasi pada periode tahun 2016 – 2018 sangat positif dan membantu dalam berbagai bidang penelitian.

#### DAFTAR REFERENSI

- Abbattista, R., Ventura, G., Calvano, C. D., Cataldi, T. R., & Losito, I. (2021). Bioactive compounds in waste by-products from olive oil production: Applications and structural characterization by mass spectrometry techniques. *Foods*, 10(6), 1236.
- Adams, R., et al. (2021). "Nuclear Isotope Analysis Using High-Resolution MS." *Journal of Nuclear Physics*, 15(2), 112-125.
- Becker, J. S. (2020). *Inorganic Mass Spectrometry: Principles and Applications*. John Wiley & Sons.
- Bekker-Jensen, D. B. (2020). A Compact Quadrupole-Orbitrap Mass Spectrometer With FAIMS Interface Improves Proteome Coverage in Short LC Gradients. *Technologi Innovation And Resource*, 15.
- Bowman, A. P. (2019). Advances in mass spectrometry imaging enabling observation of localised lipid biochemistry within Tissue. *Trends In Analytical chemistry*, 11.
- Butler, K. E. (2022). A High-Throughput Ion Mobility Spectrometry–Mass Spectrometry Screening Method for Opioid Profiling. *Jurnal Kimia*, 21.
- Chen, C., Hou, J., Tanner, J. J., & Cheng, J. (2020). Bioinformatics methods for mass spectrometry-based proteomics data analysis. *International journal of molecular sciences*, 21(8), 2873.
- Chen, K., Baluya, D., Tosun, M., Li, F., & Maletic-Savatic, M. (2019). Imaging mass spectrometry: A new tool to assess molecular underpinnings of neurodegeneration. *Metabolites*, 9(7), 135.
- Chen, Kevin et al. 2019. "Imaging Mass Spectrometry: A New Tool to Assess Molecular Underpinnings of Neurodegeneration." *Metabolites* 9(7).
- Chen, L., et al. (2022). "AI-Driven Data Analysis in Mass Spectrometry." *Analytical Chemistry*, 94(8), 3456-3467.
- de Hoffmann, E., et al. (2022). *Modern Mass Spectrometry: Instrumentation and Applications in Life Sciences*. Royal Society of Chemistry.
- Defossez, E., Bourquin, J., von Reuss, S., Rasmann, S., & Glauser, G. (2023). Eight key rules for successful data-dependent acquisition in mass spectrometry-based metabolomics. *Mass Spectrometry Reviews*, 42(1), 131-143.
- Eberlin, L. S., et al. (2021). "Ambient Mass Spectrometry in Cancer Research: Advances and Challenges." *Nature Reviews Chemistry*, 5(12), 887–900.
- Garcia, M., et al. (2023). "Portable MS for Space Exploration." *Space Science Reviews*, 29(4), 501-520.
- Gavriilidou, Agni F.M., Kleitos Sokratous, Hsin Yung Yen, and Luigi De Colibus. 2022. "High-Throughput Native Mass Spectrometry Screening in Drug Discovery." *Frontiers in*
- .....

- Molecular Biosciences* 9(April): 1–15.
- Giles, K. (2019). A Cyclic Ion Mobility-Mass Spectrometry System. *Analytical Chemistry* , 10.
- Gonçalves, Juliana P.L., Christine Bollwein, and Kristina Schwamborn. 2022. “Mass Spectrometry Imaging Spatial Tissue Analysis toward Personalized Medicine.” *Life* 12(7): 1–15.
- Greisch, J. F., Tamara, S., Scheltema, R. A., Maxwell, H. W., Fagerlund, R. D., Fineran, P. C., ... & Heck, A. J. (2019). Expanding the mass range for UVPD-based native top-down mass spectrometry. *Chemical science*, 10(30), 7163-7171
- Gross, J. H., & Pfenninger, A. (2021). *Mass Spectrometry: Advanced Principles and Applications*.
- Hou, T. Y., Chiang-Ni, C., & Teng, S. H. (2019). Current status of MALDI-TOF mass spectrometry in clinical microbiology. *Journal of food and drug analysis*, 27(2), 404-414.
- Kafader, J. O., Durbin, K. R., Melani, R. D., Des Soye, B. J., Schachner, L. F., Senko, M. W., ... & Kelleher, N. L. (2020). Individual ion mass spectrometry enhances the sensitivity and sequence coverage of top-down mass spectrometry. *Journal of proteome research*, 19(3), 1346-1350.
- Kaltashov, I. A., & Bobst, C. E. (2023). *Mass Spectrometry in Biopharmaceutical Analysis*. Elsevier.
- Letourneau, Dane R., and Dietrich A. Volmer. 2023. “Mass Spectrometry-Based Methods for the Advanced Characterization and Structural Analysis of Lignin: A Review.” *Mass Spectrometry Reviews* 42(1): 144–88.
- Li, Q., Xie, Y., Wong, M., & Lebrilla, C. B. (2019). Characterization of cell glycocalyx with mass spectrometry methods. *Cells*, 8(8), 882.
- Liu, Yanna et al. 2019. “High-Resolution Mass Spectrometry (HRMS) Methods for Nontarget Discovery and Characterization of Poly- and per-Fluoroalkyl Substances (PFASs) in Environmental and Human Samples.” *TrAC - Trends in Analytical Chemistry* 121: 115420.
- Marshall, T., & Alwood, J. (2023). "Innovations in Mass Spectrometry: 2017-2024." *Science Advances*, 9(12), eabq4567.
- McCord, J., & Strynar, M. (2019). Identification of per-and polyfluoroalkyl substances in the Cape Fear River by high resolution mass spectrometry and nontargeted screening. *Environmental science & technology*, 53(9), 4717-4727.
- Miura, N., & Okuda, S. (2023). Current progress and critical challenges to overcome in the bioinformatics of mass spectrometry-based metaproteomics. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 21, 1140-1150.
- Mozhayeva, D. (2020). A Critical Review of single particle inductively couple plasma mass spectrometry - A step toward an ideal method for nanomaterial characterization. *The Royal Society of chemistry*, 44.
- Nasution, M. R., Rodiyah, S., Hutabarat, H., Sabila, S., & Nasution, W. A. (2022). Systematic Literatur Review: Media Pembelajaran Berbasis Web Pada Mata Pelajaran Biologi. *BIOEDUKASI (Jurnal Pendidikan Biologi)*, 13(2), 237–243.
- Neagu, A.-N. (2022). Applications of Tandem Mass Spectrometry (MS/MS) in Protein Analysis for Biomedical Research. *Molecus* , 29.
- Noor, Zainab et al. 2021. “Mass Spectrometry-Based Protein Identification in Proteomics- A Review.” *Briefings in Bioinformatics* 22(2): 1620–38.
- Perez de Souza, L., & Fernie, A. R. (2024). Computational methods for processing and interpreting mass spectrometry-based metabolomics. *Essays in biochemistry*, 68(1), 5-13.
- Pratama, D. G. A. Y., Bawa, I. G. A. G., & Gunawan, I. W. G. (2016). Isolasi dan identifikasi senyawa minyak atsiri dari tumbuhan sembukun (*Paederia foetida* L.) dengan metode kromatografi gas-spektroskopi massa (GC-MS). *Jurnal Kimia*, 10(1), 149-154.
- .....

- Pu, F., Chiang, S., Zhang, W., & Ouyang, Z. (2019). Direct sampling mass spectrometry for clinical analysis. *Analyst*, *144*(4), 1034-1051.
- Reynisson, B., Barra, C., Kaabinejadian, S., Hildebrand, W. H., Peters, B., & Nielsen, M. (2020). Improved prediction of MHC II antigen presentation through integration and motif deconvolution of mass spectrometry MHC eluted ligand data. *Journal of proteome research*, *19*(6), 2304-2315.
- Reynisson, Birkir et al. 2020. "Improved Prediction of MHC II Antigen Presentation through Integration and Motif Deconvolution of Mass Spectrometry MHC Eluted Ligand Data." *Journal of Proteome Research* *19*(6): 2304–15.
- Rigano, Francesca, Peter Q Tranchida, Paola Dugo, and Luigi Mondello. 2019. "US."
- Riley, N. M. (2021). A Pragmatic Guide to Enrichment Strategies for Mass Spectrometry–Based Glycoproteomics. *Glycoproteomics*, *29*.
- Ruprecht, B. (2020). A mass spectrometry-based proteome map of A mass spectrometry-based proteome map of drug action in lung cancer cell lines. *Nature Chemical Biology* , *16*.
- Schulz, S. (2019). Advanced MALDI mass spectrometry imaging in pharmaceutical research and drug development. *Current Opinion In Biotechnology* , *9*.
- Triandini, E., Jayanatha, S., Indrawan, A., Werla Putra, G., & Iswara, B. (2019). Metode Systematic Literature Review untuk Identifikasi Platform dan Metode Pengembangan Sistem Informasi di Indonesia. *Indonesian Journal of Information Systems*, *1*(2), 63–77.
- van Helmond, W., van Herwijnen, A. W., van Riemsdijk, J. J., van Bochove, M. A., de Poot, C. J., & de Puit, M. (2019). Chemical profiling of fingerprints using mass spectrometry. *Forensic Chemistry*, *16*, 100183.
- Xu, Y. (2023). Assessing the Mass Concentration of Microplastics and Nanoplastics in Wastewater Treatment Plants by Pyrolysis Gas Chromatography–Mass Spectrometry. *Environmental Science & Tecnology* ,*10*.
- Yuliani, Sitti Safirah, Daniel Useng, and Mahmud Achmad. 2017. "Analisis Kandungan Nitrogen Tanah Sawah Menggunakan Spektrometer." *Jurnal Agritechno*: 188–202.
- Zhang, Y., et al. (2021). "Ultra - High Resolution MS for Molecular Characterization." *Nature Methods*, *18*(5), 432-440.
-