



Spektrometria mas – standard analityczny

Rafał Szewczyk*

Spektrometria mas jako uniwersalna technika analityczna znajduje zastosowanie w licznych gałęziach nauki, badaniach rutynowych, kontroli jakości i wielu innych dziedzinach.

Wysoka czułość i specyficzność analiz poszerzona o techniki chromatograficzne oraz zaawansowane oprogramowanie pozwala zarówno na prowadzenie badań jakościowych jak i ilościowych zdecydowanej większości substancji organicznych występujących w różnorodnych i złożonych matrycach (rys. 1).

Urządzenia wykorzystywane obecnie charakteryzują się zróżnicowaną konstrukcją, ale fundamentalne zasady pozostają niezmiennie – badana substancja jest jonizowana w źródle jonów, następnie jony są rozdzielane w analizatorach masowych na podstawie stosunku masy do ładunku (m/z) i finalnie

zliczane w detektorze a wynik przedstawiany w postaci widma masowego. Wybór trybu jonizacji oraz analizatora masowego jest związany z jednej strony z rodzajem substancji poddawanych analizie, z drugiej, z głównym zastosowaniem wykorzystywanego spektrometru (tab. 1).

Najpopularniejsze rozwiązania wykorzystują źródła jonów typu electron impact (EI), jonizacja chemiczna (CI), electrospray (ESI), jonizacja chemiczna pod ciśnieniem atmosferycznym (APCI), photo-spray lub MALDI oraz analizatory masowe typu kwadrupol (Q), pułapka jonowa (IT, TRAP) oraz analizator czas przelotu

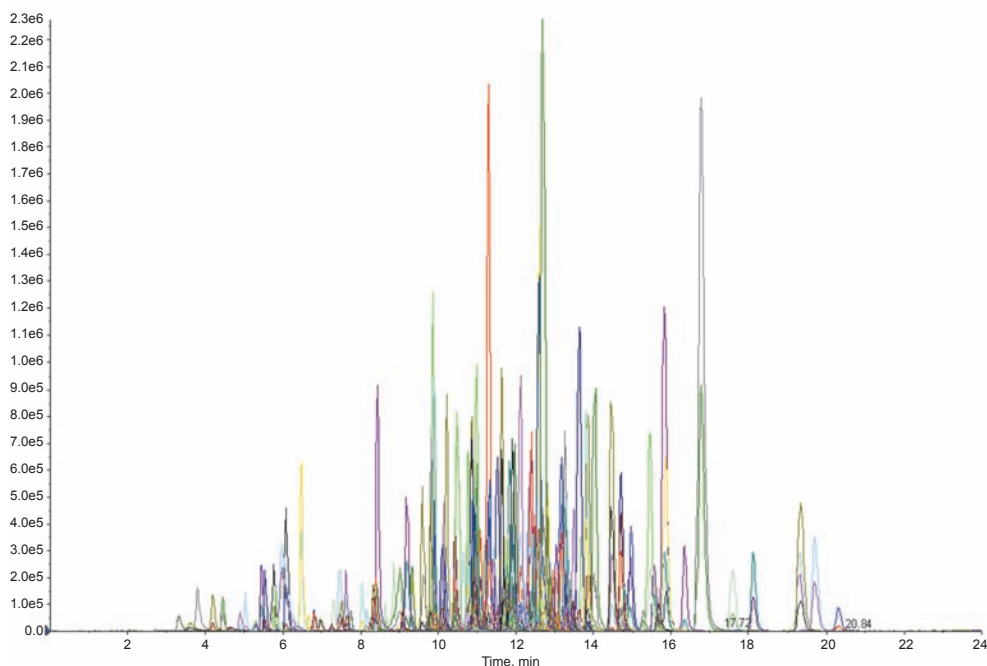


Rys. 1. Zastosowanie spektrometrii mas

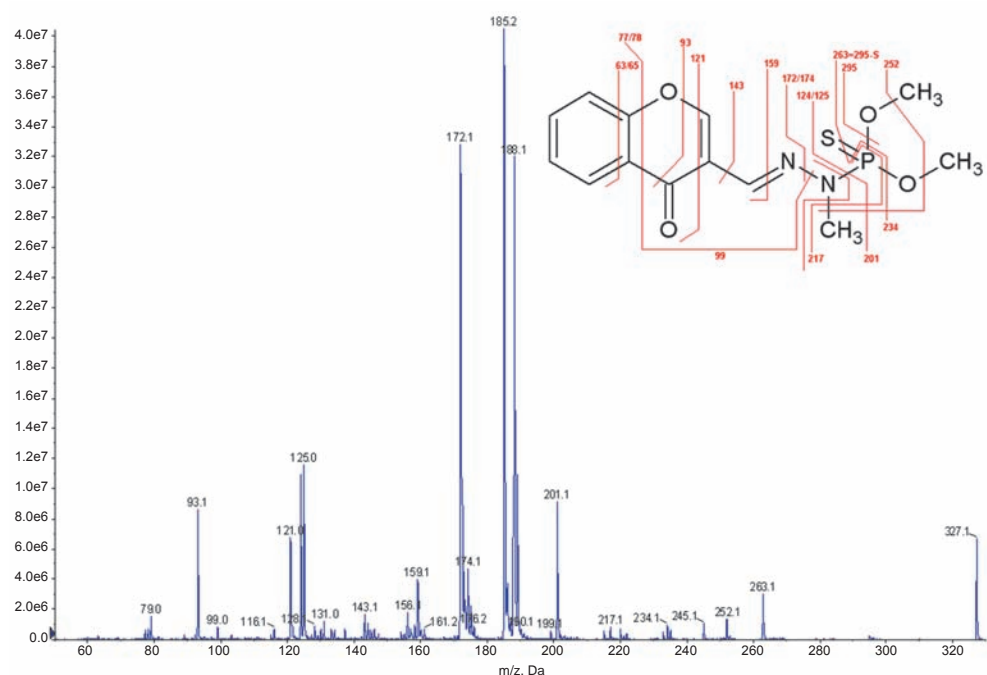
W ramach organizowanej we wrześniu konferencji **MIKROBIOT 2013** (17-20.09.2013, Łódź), w dniu 18 września odbędą się warsztaty praktyczne pod tytułem „Spektrometria mas i proteomika w badaniach mikrobiologicznych”, w trakcie których uczestnicy zapoznają się, na podstawie wybranych aplikacji z wykorzystaniem urządzeń typu ESI-QTRAP oraz MALDI-TOF/TOF w identyfikacji białek, z metodami poszukiwania metabolitów znanej substancji w matrycy biologicznej oraz zastosowaniu techniki MS/MS w diagnostyce klinicznej. Szczegółowe informacje dotyczące konferencji, warsztatów i warunków uczestnictwa znajdują się na stronach internetowych konferencji: www.microbiot.com.pl.

Tabela 1. Porównanie najpopularniejszych rozwiązań MS i MS/MS

| Analizator masowy | Źródło jonów | Zakres mas (Da) | Dokładność (Da) | Analiza ilościowa | Analiza jakościowa |
|-------------------|-------------------|------------------|-----------------|-------------------|--------------------|
| Q | EI/CI | 5-1000 | 0,1 | ++ | ++ |
| QqQ | EI/CI ESI/APCI | 5-1000 5-3000 | 0,1 0,1 | +++ +++ | ++ ++ |
| QTRAP | ESI/APCI | 5 – 3000 | 0,1 do 0,01 | +++ | +++ |
| QTOF | ESI/APCI | 5 – 40 000 | 0,0001 | +++ | +++ |
| TOF/TOF | MALDI | 5 – ? | 0,0001 | +/- | +++ |



Rys. 2. Przykładowy chromatogram z analizy ilościowej 230 substancji w trybie MRM (Multiple Reaction Monitoring)



Rys. 3. Przykład interpretacji widma masowego substancji w analizie jakościowej

(TOF). Wśród analizatorów masowych wiodą prym urządzenia hybrydowe (tzw. tandemowa spektrometria mas – MS/MS) np. QqQ, QTRAP, QTOF, TOF/TOF charakteryzujące się najwyższą selektywnością i czułością analiz. Nowoczesne urządzenia MS/MS umożliwiają zarówno analizę ilościową nawet kilkuset substancji w jednej próbce badanej (rys. 2) jak i wysoce selektywną analizę jakościową na podstawie zbieranych w trakcie analizy widm masowych (rys. 3). Wszelchność zastosowań spektrometrii mas przyczyniła się do bardzo szerokiego rozpowszechnienia tej techniki analitycznej, a jej ekspansja wydaje się systematycznie poszerzać. Aktualnie trudno wskazać dziedziny gdzie nie wykorzystuje się analiz MS/MS i powoli stają się one „złotym standardem” analitycznym co z kolei prowadzi do rosnącego zapotrzebowania na specjalistów z tej dziedziny.



* dr Rafał Szewczyk, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Uniwersytet Łódzki