

Hmotnostní spektrometrie

Hmotnostní spektrometrie je metoda analytické chemie, která dokáže měřit hmotnost nabitých iontů. Princip této metody je velmi jednoduchý. Hmotnostní spektrometr potřebuje ke své funkci tři části – iontový zdroj, analyzátor a detektor. V iontovém zdroji dochází k převodu nenabitě látky na iont, například dopadem elektronů, nebo ozáření laserem. V analyzátoru se ionty elektromagneticky rozdělí podle své hmotnosti a náboje. Nejjednodušším analyzátozem je analyzátor doby letu, který zaznamenává čas letu molekuly a na základě toho vypočítá její hmotnost. Detektor po dopadu iontu zaznamená signál, který přenese do počítače k vyhodnocení.

Tuto metodu objevil v roce 1897 J. J. Thomson při průletu iontů v katodovém poli. Při tomto pokusu poprvé změřil hmotnost iontu. Všiml si, že místo jednoho signálu neonu, který měl procházet trubicí, získal signály dva. Tímto způsobem byly objeveny izotopy. V tomto případě tedy ^{20}Ne a ^{22}Ne . Na základě tohoto poznatku byly jeho následovníky charakterizovány všechny izotopy všech prvků. Laika však z této části základního výzkumu nejvíce zaujme izotop uranu ^{235}U . Tento izotop byl použit při výrobě atomové bomby a hmotnostní spektrometrie v tomto případě nesloužila jen k analýze, ale také k obohacování uranu. Tento postup však není příliš účinný a dnes se již nepoužívá. Po druhé světové válce se věřilo, že všechny izotopy jsou již identifikovány a hmotnostní spektrometrie brzy zanikne. To se nepotvrdilo v okamžiku, kdy se tato metoda rozšířila i pro analýzu organických látek. V 80. letech minulého století se rozšířila také pro analýzu proteinů a peptidů, za což byla udělena Nobelova cena pánům Fennovi a Tanakovi, kteří poprvé analyzovali protein. Dnes je hmotnostní spektrometr běžným nástrojem pro identifikaci různých látek ve vědě, ve farmacii, kriminalistice či v klinické biochemii.

Samostatnou kapitolou je analýza proteinů, která je dnes základem proteomiky. Proteiny mají velký hmotnostní rozsah od malých peptidů, mezi které patří například inzulin, po obrovské cytoskeletární sestavy. Proto je nezbytné protein, nebo proteinovou směs před analýzou rozštěpit proteolytickými enzymy na menší peptidy. Tyto peptidy pak mají homogennější velikost, a proto jsou lépe a přesněji analyzovány. Pouze změřená hmotnost peptidů však protein neidentifikuje. Porovnání změřených hmotností peptidů s databází proteiny identifikuje tím jednoznačněji, čím více těchto peptidů ve směsi nalezneme.

Další zajímavou metodou, která vychází z hmotnostní spektrometrie, je monitorování vybraných reakcí. Ta využívá toho, že některé hmotnostní spektrometry jsou schopny iont fragmentovat – tedy, že vybraný iont rozbijí. Spojíme-li fragmentační celu se dvěma hmotnostními filtry, získáme možnost filtrovat nejprve rodičovský iont, poté jej rozbít a nakonec si vyfiltrovat jen specifické fragmenty. Tím získáme naprosto přesné potvrzení přítomnosti vybrané látky v libovolně složité matici. Tato metoda se prakticky používá zejména v klinické biochemii. V Olomouci se touto metodou provádí rutinní

novorozenecký screening vrozených metabolických poruch. Ty se tak daří odhalit mnohem dříve než běžnými metodami a předejde se tak mnoha komplikacím.

Obr. 1 Hmotnostní spektrometr Orbitrap



Obr. 2 Hmotnostní spektrometr MALDI: Pohled pod kapotáž hmotnostního spektrometru.

