SINTEF

"ENKLE" OG AVANSERTE MASSESPEKTROMETRISKE ANALYSER I MARINE INGREDIENSER

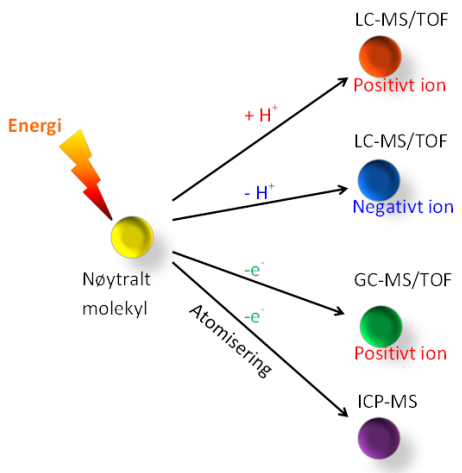
Trude S. Guldberg

SINTEF Industri, Avd. for Bioteknologi og Nanomedisin

Forskningsgruppe for Massespektrometri

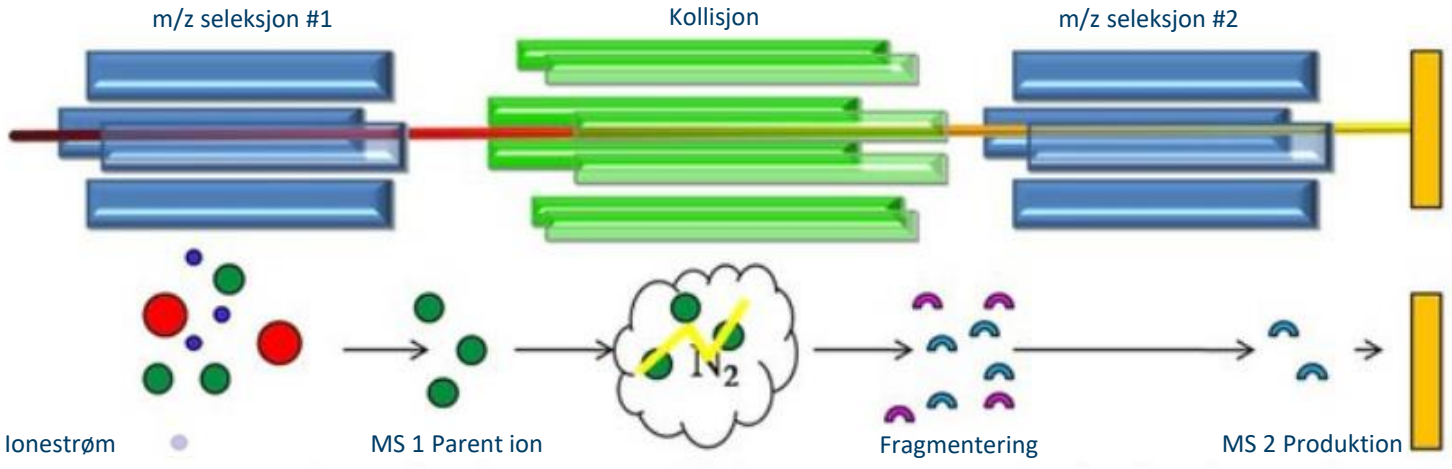
Hva er massespektrometriske analyser?

Ionisering:

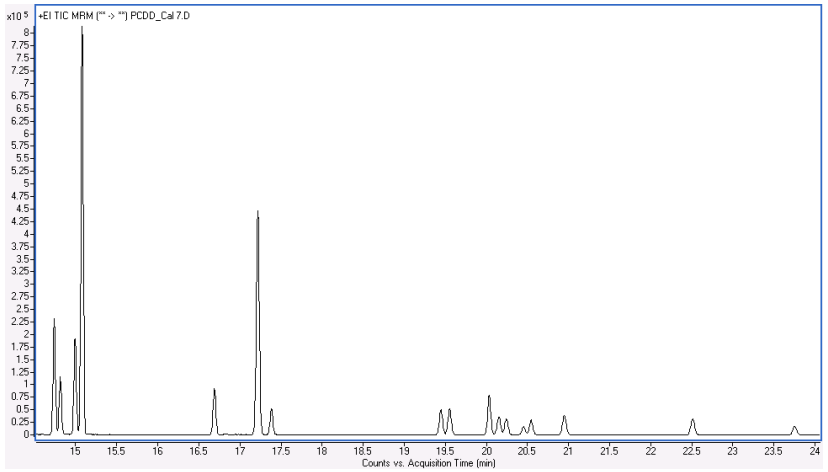


➡ ***m/z***

Seleksjon og fragmentering:



Deteksjon:



SINTEF

MS-plattformen ved SINTEF

- 3 x GC-MS
- 2 x GC-MS/MS
- 4 x LC-MS
- 9 x LC-MS/MS
- 2 x LC-QTOF-MS/MS
- FT-ICR-MS (med MALDI-kilde)
- 2 x MALDI TOF/TOF-MS
- ICP-MS/MS
- Field Flow Fractionation (FFF)
- RapidFire
- SEC/GPC
- Laser Ablation (LA)
- GC-NCD
- GC-FID

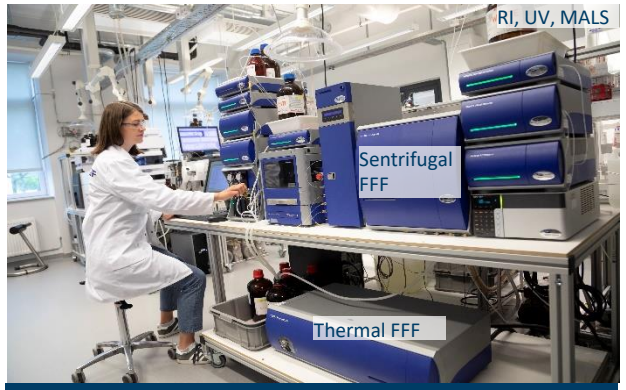
ICP-MS/MS – høysensitiv element-analyse. LA- og FFF-kompatibel.

FT-ICR-MS ultra-høyoppløsning MS-identifisering. ESI/APCI/APPI ionisering, MALDI-kilde, GC- og LC-kompatibel.

MALDI TOF/TOF: Polymer og protein analyser, screening, imaging

LC-MS/MS analyser (ppq sensitivitet)

RapidFire – ultrarapid MS analyse, screening av >10000 prøver/dag <10 s per prøve



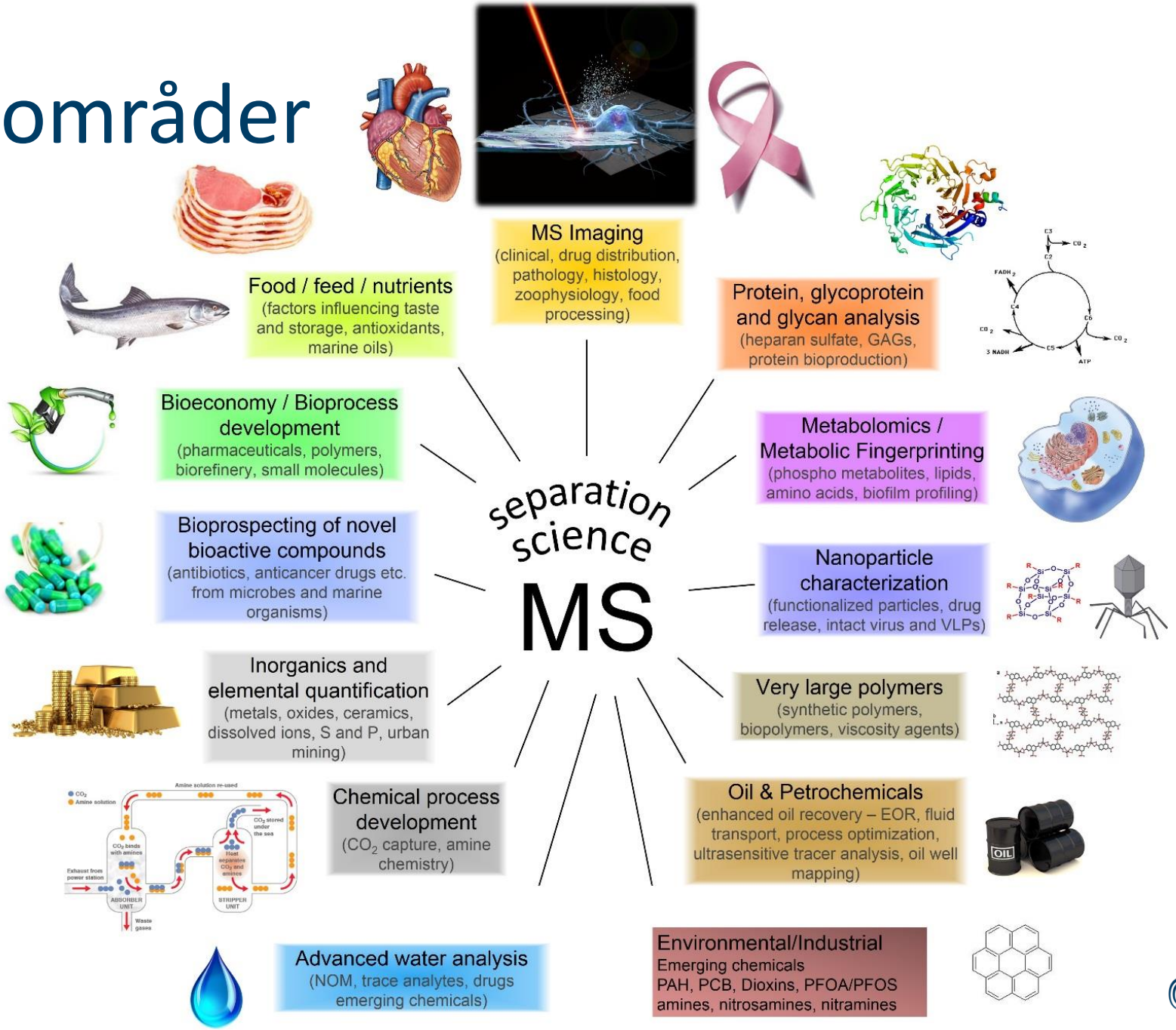
FFF - Field Flow Fractionation
Karakterisering av nanopartikler, polymerer, virus og aggregater. ICP-MS/MS-kompatibel.

MS-plattformen ved SINTEF

SINTEF

Applikasjonsområder

- Prøvepreparering
- Metodeutvikling
- Metodevalidering
- Kvantitativ analyse
- Kvalitativ analyse
- Screening / scanning
- High-throughput analyse
- Høyoppløsning analyse
- Ultra-høyoppløsning analyse
- Dataanalyse

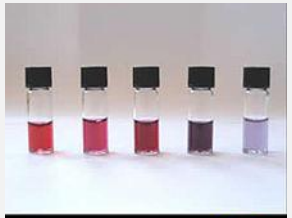


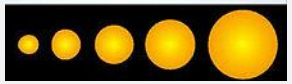
SINTEF

Miljøgift- og matvare/fôrvare-analyser

Uorganiske stoffer

- ICP-MS/MS
- Prøve-dekomponering og analyse

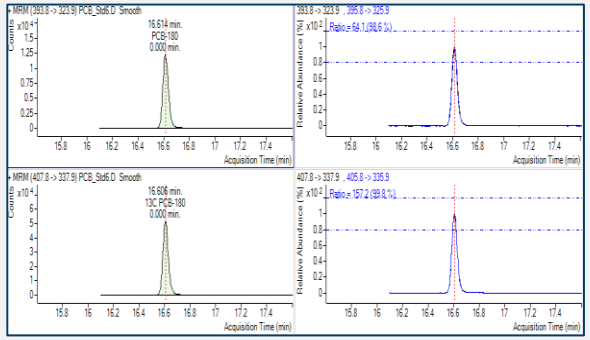


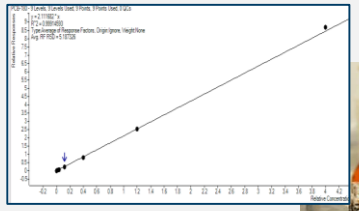


Validert i henhold til Commission Regulations (EU) 836/2011 og (EU) 582/2016

PCB/Dioksiner/Furaner

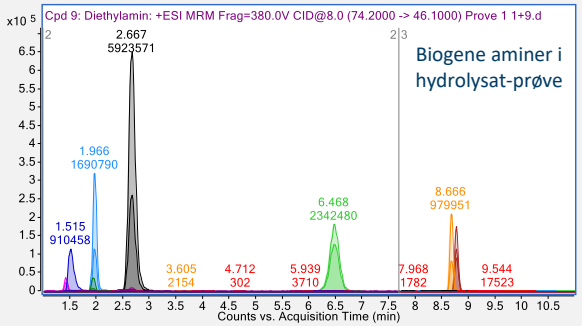
- GC-MS/MS
- Prøve-opprensking og analyse
- ^{13}C-Internstandarder

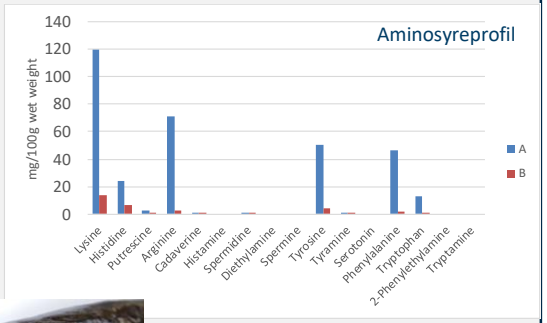




Validert i henhold til Commission Regulations (EU) 589/2014 og (EU) 709/2014

Pesticider, mikroplast, PAH, toksiner, fettsyrer, vitaminer, biogene aminer



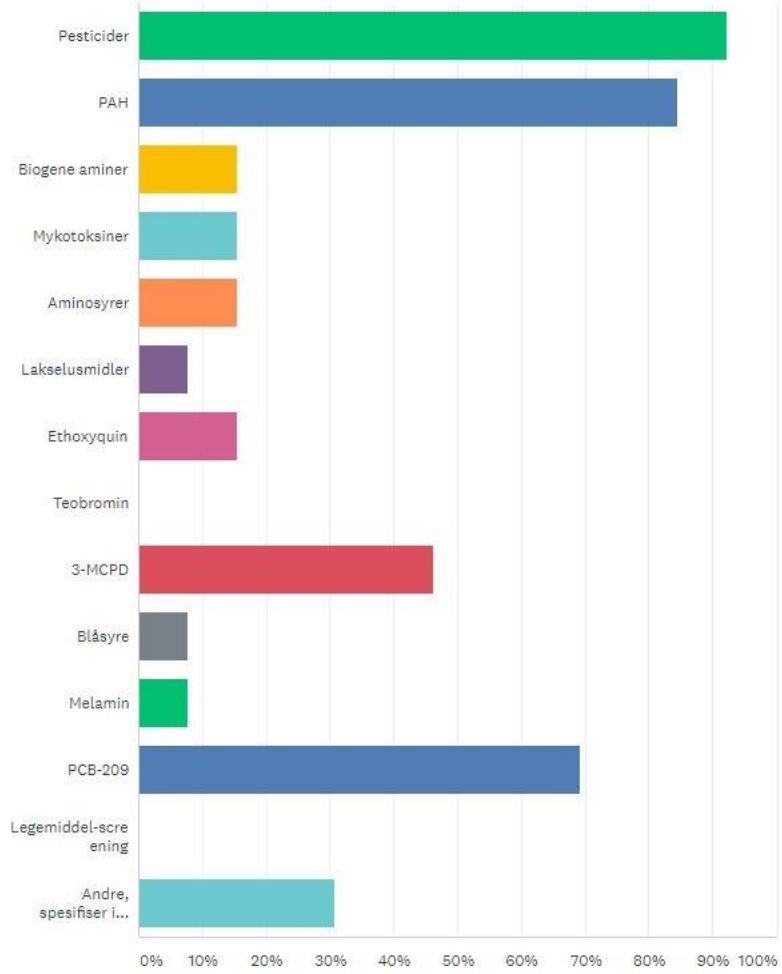


Søknad om akkreditering ISO 17025:2017 er under behandling hos Norsk Akkreditering

SINTEF

Q3 – Spørreundersøkelse, mai/juni -18

Utover analyse av PCB, dioksiner og tungmetaller; hvilke andre analyser er det ønskelig at SINTEF skal kunne tilby?

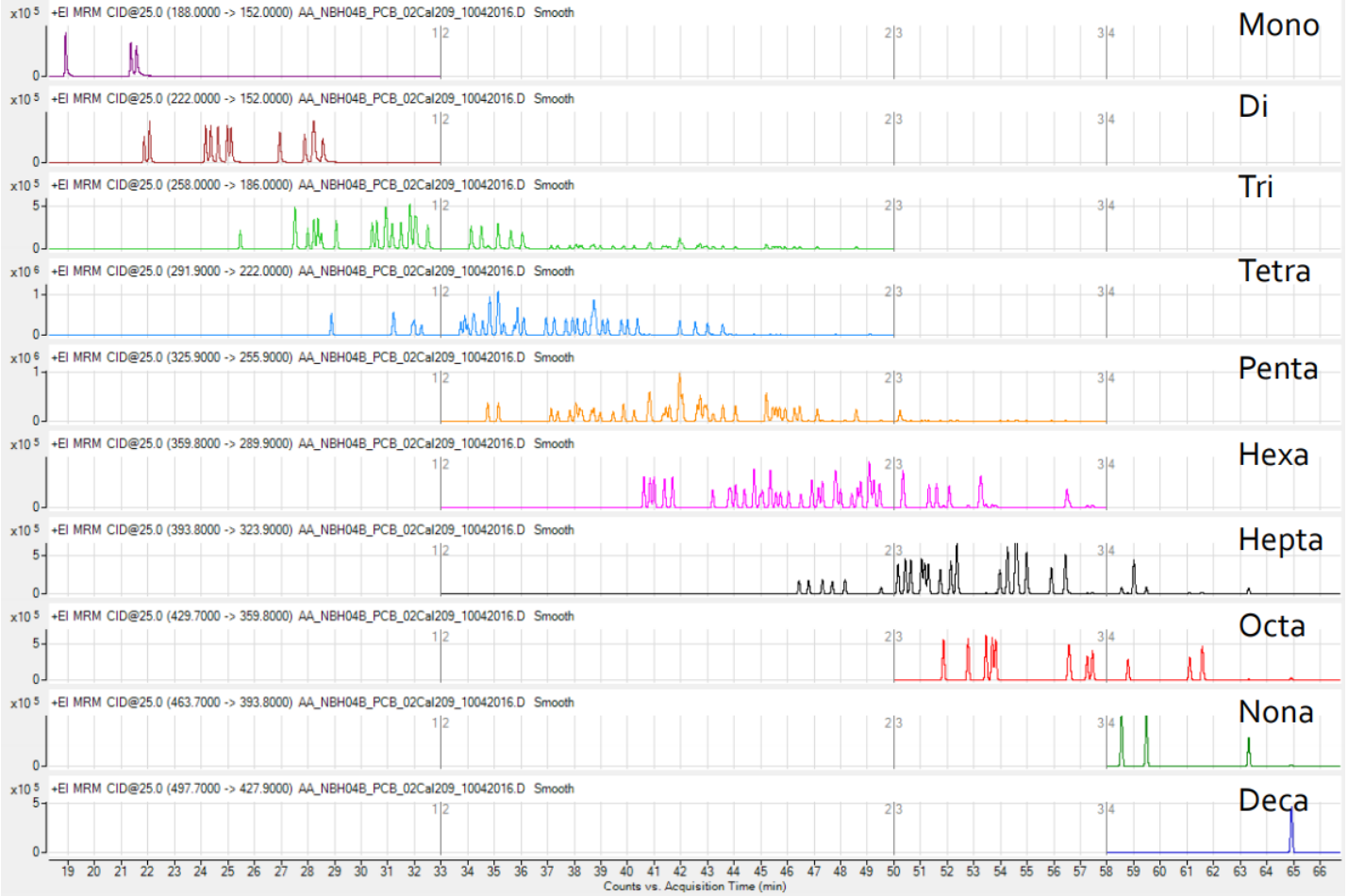


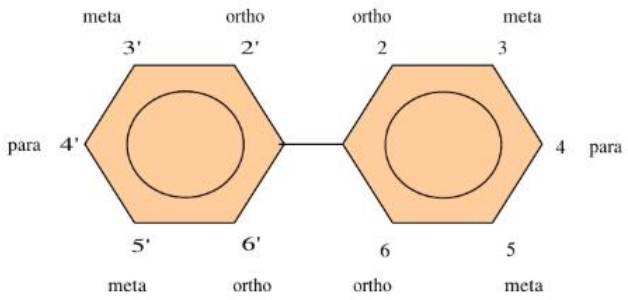
SINTEF

209 PCB – GC-MS/MS

Omfang EPA Method 1668A (HRGC/HRMS): Identifisere alle 209 PCB hvor minst 137 av disse skal separeres

Ekstraksjon og clean-up: DexTech pure – alle PCB'er i samme fraksjon





Structure of Polychlorinated Biphenyl (PCB) Molecule

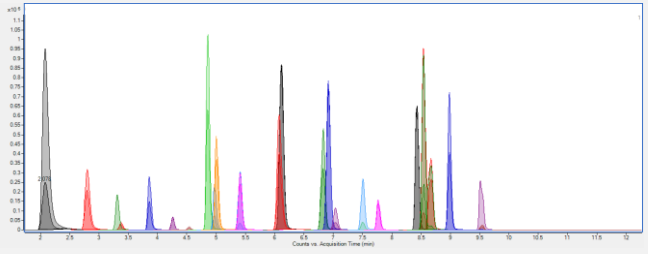
SINTEF

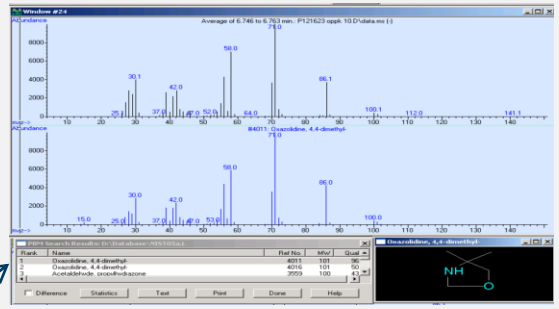
Fra K. Hornbuckle, University of Iowa, USA

Proteomics, Metabolomics & Lipidomics

Metabolomics

- Target analyse av aminosyrer og andre metabolitter: LC-MS/MS
- Screening: High Throughput target analyse
- Non-target high resolution eller ultra-high resolution analyse: GC-MS, LC-QTOF, FT-ICR-MS

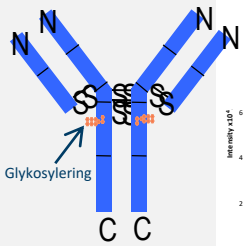


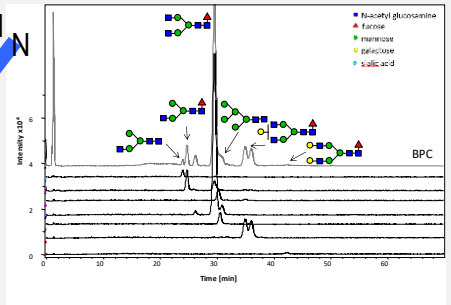


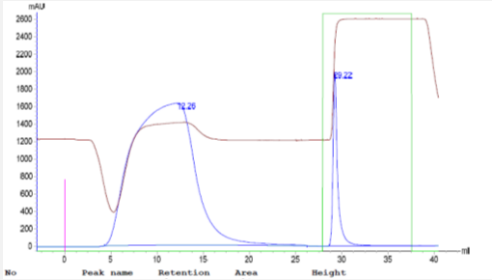
Navn på identifisert forbindelse med score (%)

Proteomics

- Proteinisolering
- Proteinkarakterisering – post translasjonelle modifikasjoner etc.
- Targeted analyse av proteiner, peptider og aminosyrer: LC-MS/MS

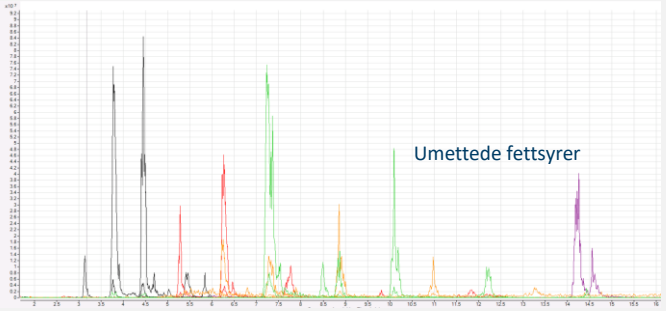






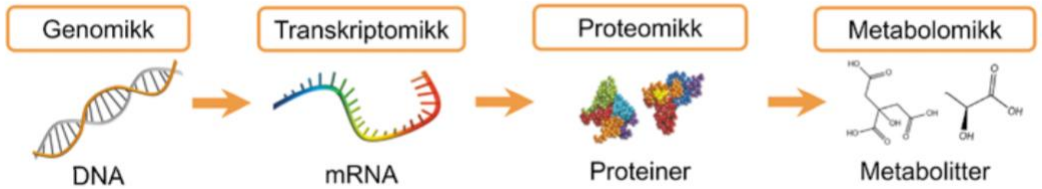
Lipidomics

- Target analyse: LC-MS/MS og GC-MS
- Non-target high resolution eller ultra-high resolution analyse: LC-QTOF, FT-ICR-MS
- MALDI



FT-ICR-MS; ultra-høyoppløsning MS

MALDI-FT-ICR-MS



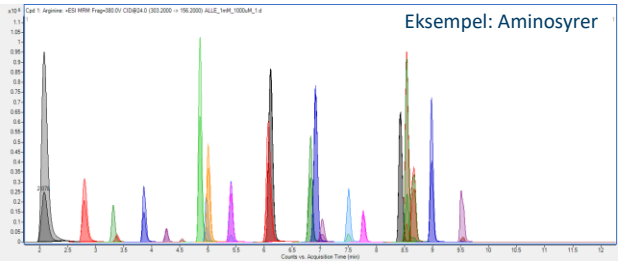
SINTEF

Produkt- /prosess-analyse og karakterisering

Produktisolering: fra fermentering, naturen eller fra kjemisk syntese eller modifikasjon

Produktkarakterisering:
Hva? Hvor mye? Bi-produkt identifikasjon? Stabilitet og nedbrytingsprodukter? Omdanning?

Target analyse:



Analyttdistribusjon og identifikasjon:

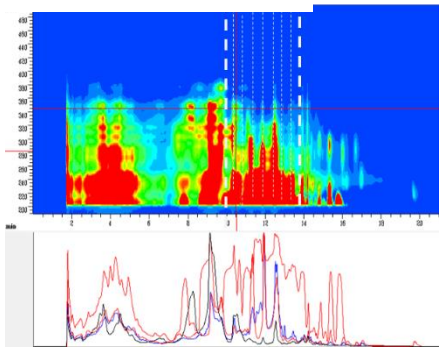
FT-ICR-MS ultra-høyoppløselig MS-identifisering ESI/APCI/APPI ionisering MALDI source, GC og LC-kompatibel.

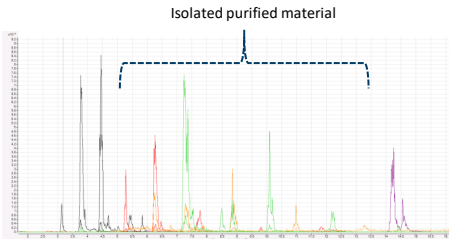
MALDI-TOF

MALDI-TOF/TOF

Komponentisolering/rensing:

ÄKTA LC-system for isolering og rensing





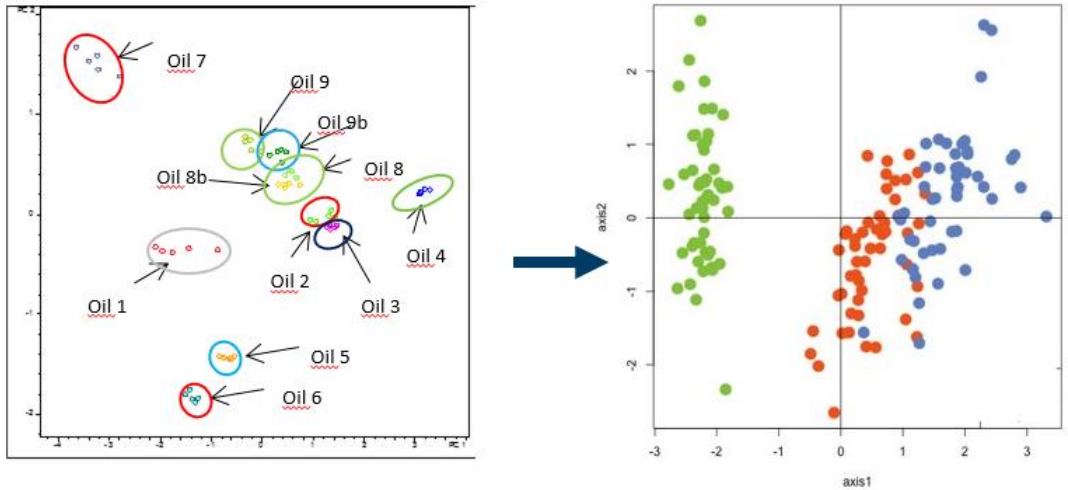
LC-TOF-MS/MS

Eksempel: LC-fraksjonering av fiskeolje og isolering av komponenter

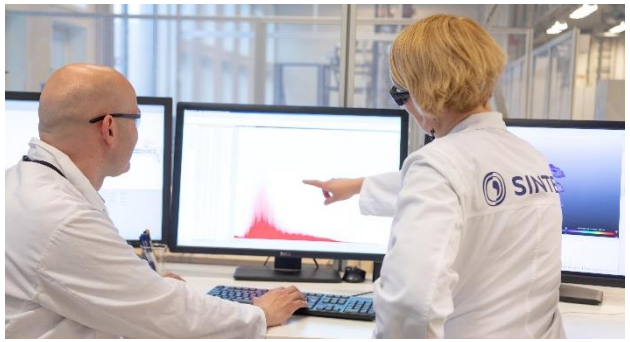
SINTEF

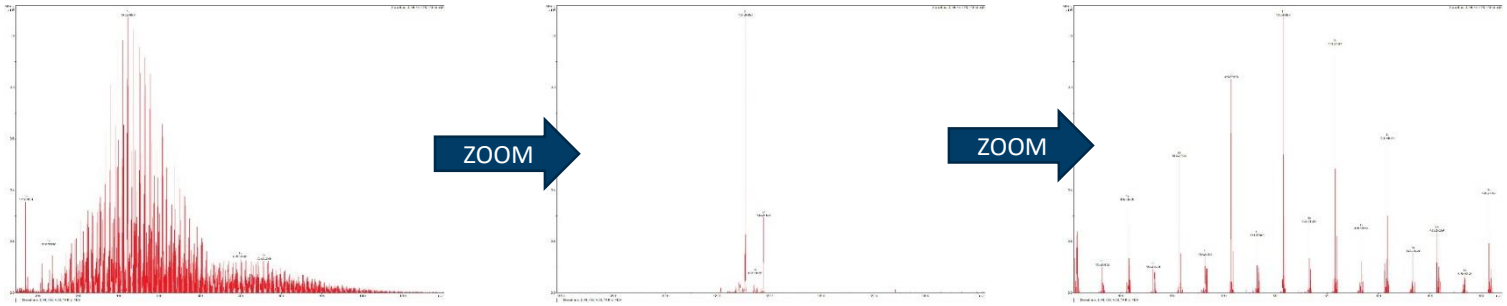
FT-ICR-MS

Fourier Transform Ion Cyclotron Resonance



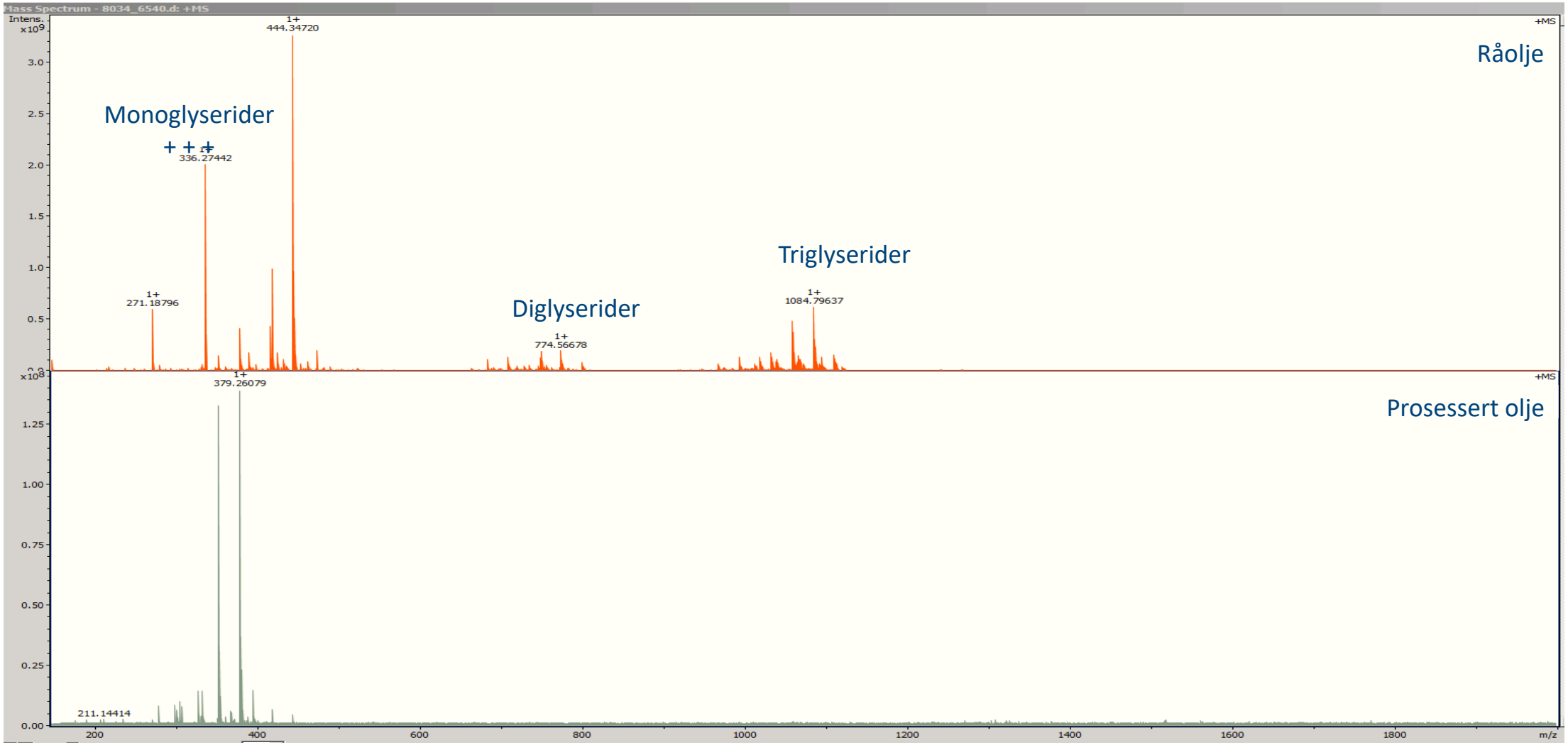
- Massespektrometrisk molekylært "fingerprint"
- Identifikasjon i ekstremt komplekse prøver
- Lokalisering av stoffgrupper som for eksempel lipider i vevsmateriale (MALDI Imaging), biomarkører, metabolitter etc.
- PCA (Principal Component Analysis)
  - Korrelerer egenskaper med kjemi
  - Korrelerer "fingerprint" med egenskaper





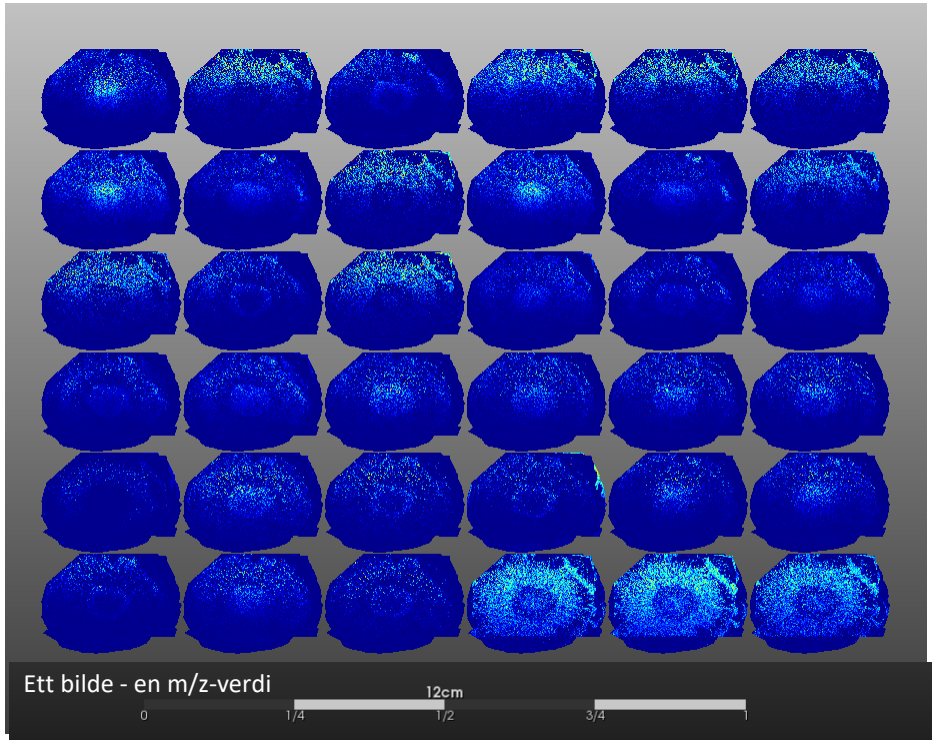
SINTEF

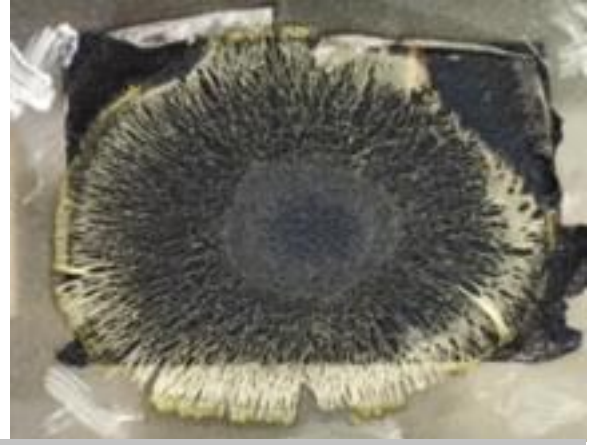
FT-ICR-MS – analyse av fiskeolje



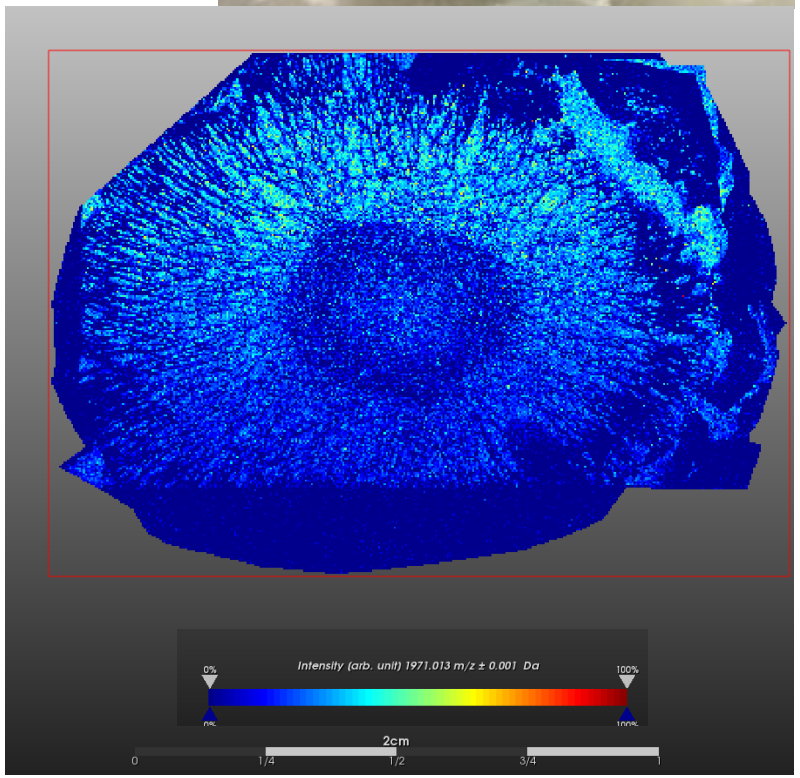
SINTEF

MALDI imaging av tang





Tverrsnittet av tangbiten på sliden før spraying med matrix



Matrix: HCCA

- Dataanalyse og visualisering viser at prøven ikke er kjemisk enhetlig
- Ulike komponenter med høyere respons i de forskjellige delene
- Distinkte forskjeller mellom kjerne og ytre deler av tang

SINTEF

MALDI imaging av tang

Tverrsnittet av tangbiten på sliden før spraying med matrix

- Dataanalyse
  enhetlig
- Ulike kompo
- Distinkte fo

SINTEF

Klinisk forskning i samarbeid med…

HUNT
HELSEUNDERSØKELSEN I NORD-TRØNDELAG

GEMINISENTER FOR SEPSISFORSKNING

Sepsis rammer over 30 millioner og tar livet av 6-8 millioner i året. Det er altså en svært farlig sykdom som skyldes at kroppens immunsystem «skyter over mål» og angriper sine egne organ som en reaksjon på infeksjon, spesielt farlig fordi symptomene er diffuse og vanskelige å fange opp tidsnok. Den eneste effektive behandlingen i dag er tidlig oppstart med antibiotika. For å redusere dødeligheten av sepsis må man detektere tilstanden tidligere, finne riktig antibiotika til riktig pasient, og etablere nye behandlingsmetoder. Alt i alt et veldig komplisert sykdomsbilde som krever en tverrfaglig tilnærming - et Geminisenter med medisinere, datateknikk, epidemiologi, bioteknologi, medisinsk teknologi, mm

NTNU

ST. OLAVS HOSPITAL
UNIVERSITETSSYKEHUSET I TRONDHEIM

SINTEF

Hva vi kan tilby

- Analyse av PCB, dioksiner og furaner, tungmetaller - Validerte metoder i samsvar med gjeldende EU-forskrifter, snart ISO 17025-2017 godkjent
- Valg og optimalisering av eksperimentelle parametere (matriks, prøvepreparering, analyse)
- GC-MS / GC-MS/MS som et verktøy for å bestemme lipidoksidasjon og oljekvalitet
- MALDI FT-ICR-MS / QTOF – Bildebehandling - proteiner, peptidrester
- FT-ICR-MS - Prosesskontroller, fettsyreprofilering, oksidasjonsprofilering
- MALDI / SEC - Karakterisering av innkapslingsmaterialer
- Dataanalyse, multivariat dataanalyse og bildebehandling
- MS/MS for aminosyrer, fettsyrer, antioksidanter, metabolitter og lavmolekylære organiske syrer
- Bioanalytisk metodeutvikling og validering av LC-MS/MS, GC-MS/MS og ICP-MS/MS kvantitativ analyse
- For mer informasjon, ta gjerne kontakt med oss!

www.sintef/industri/massespektrometri

SINTEF

SINTEF

Teknologi for et bedre samfunn