

Prüfung
**529-0041-00S Moderne Massenspektroskopie,
gekoppelte Analysenmethoden, Chemometrie
Sommer 2012**

Vorname: *Name:*

- *Es sind alle Aufgaben zu lösen. Jede Aufgabe wird separat benotet.*
- *Zeit: 60 Min.*
- *Es sind alle Hilfsmittel mit Ausnahme von Computern und Telekommunikation erlaubt.*
- *Unleserliche Texte, unklare Formulierungen oder unsaubere Skizzen können nicht bewertet werden. Bitte bemühen Sie sich um eine saubere Darstellung.*
- *Beginnen Sie jede Aufgabe auf einem neuen Blatt und schreiben Sie jedes abzugebende Blatt einzeln mit Ihrem Namen und Vornamen an.*
- *Dieses Deckblatt ist ausgefüllt abzugeben. Die Aufgabenstellung ist ebenfalls einzureichen.*
- *Wir bitten Sie um Fairness und wünschen Ihnen viel Erfolg!*

Moderne MS – Prüfungsaufgabe H 2012

Ein sehr aktives Gebiet der modernen Massenspektrometrie ist MS-Imaging von Gewebeschnitten, sogenannte “MS Histologie”: üblicherweise wird ein Dünnschnitt mittels eines fokussierten Strahls abgerastert, und an jeder Position des Strahls ein Massenspektrum aufgenommen. Der Trend im Bereich MS Imaging geht in Richtung (i) höhere räumliche Auflösung, (ii) höhere Massenauflösung, und (iii) Atmosphärendruck-Betrieb, d.h. gewisse Ionisationsmethoden erlauben, darauf zu verzichten, die Proben für die MS-Imaging Untersuchung ins Hochvakuum einzuschleusen. Das untenstehende Bild zeigt die Analyse von Lipiden in einem Gewebeschnitt, wobei die Probe *bei Atmosphärendruck* untersucht wurde.

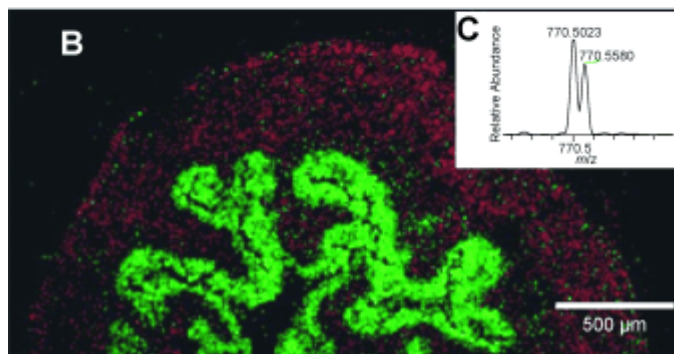


Abbildung: MS-Imaging Analyse eines Dünnschnitts durch die Blase einer Maus. Das Bild (B) zeigt eine farb-codierte “MS histologische” Überlappung der Signale zweier Phospholipide, Phosphocholin (32:1) bei $m/z = 770.5097$ (rot) und Sphingomyelin (36:1) bei $m/z = 770.5580$ (grün); beide Peaks sind K-Addukte der entsprechenden Lipide. C) Zoom des Massenspektrums. (Quelle: A. Römpf et al., *Angew. Chem. Int. Ed.* 2010, 49, 3834–3838).

Beantworten Sie folgende Fragen:

- Schätzen Sie aufgrund des obigen Bildes die erreichte räumliche Auflösung ab.
- Welche Ionisationsmethode, die es erlaubt, die Probe mit dieser räumlichen Auflösung abzurastern, kommt in Frage? Beachten Sie insbesondere, dass bei Atmosphärendruck gearbeitet wurde.
- Welche Massenauflösung ist nötig, um die in (B / C) abgebildeten Lipidsignale voneinander unterscheiden zu können? Welcher Massenanalysator kam Ihrer Meinung nach zum Einsatz?
- Skizzieren Sie ein Interface mit den wichtigsten Komponenten (aufgrund Ihrer Antwort auf Frage b) für die Ionenbildung und den Einlass der gebildeten Ionen ins Massenspektrometer, mit welchem MS Imaging bei Atmosphärendruck realisiert werden könnte.
- Was könnten Ihrer Meinung nach die limitierenden Faktoren sein, die es momentan verhindern, dass eine extreme hohe räumliche Auflösung (z.B. im Nanometer-Bereich) erreicht werden kann? Begründen Sie Ihre Antwort.