



Integrierte Probenvorbereitung, Trennung und MS-Detektion: Ein Weg zur Totalanalyse

G rard Hopfgartner,

Life Sciences Mass Spectrometry, Laboratory of Pharmaceutical Analytical Chemistry, Universit t Genf, 20 Bd d' Yvoy, 1211 Genf 4

Massenspektrometrie gekoppelt mit Fl ssigchromatographie spielt eine wesentliche Rolle bei der Bestimmung pharmazeutischer Verbindungen in biologischem Material (1).

Die hohe Selektivit t der Tripel MS erlaubt die Routineanalyse von hunderten von Proben pro Tag, wenn eine geeignete Probenvorbereitung angewendet wird. Das Hauptproblem ist die "matrix suppression" des Analyten w hrend der Ionisierung, die auch Analyt abh ngig ist. Aus diesem Grunde werden verschiedene Probenvorbereitungsstrategien, wie z.B. fl ssig-fl ssig Extraktion, teil- oder vollautomatisierte Festphasenextraktion, angewandt. Die zeitaufwendige Entwicklung derartiger Methoden stellt jedoch, bei einem immer vielf ltigerem Probenaufkommen und dem daraus resultierendem Zeitdruck, ein gro es Problem f r analytische Laboratorien dar. Aufgrund der Komplexit t moderner Pharmaka ist jedoch ein allumfassender Ansatz f r analytische Methodenentwicklungen nicht immer m glich.

Ein Ansatz, basierend auf S ulenschaltung (Prospekt II), der eine schnelle und flexible Methodenentwicklung f r pharmazeutische Substanzen mit unterschiedlichen chemischen Eigenschaften erm glicht, wurde erarbeitet und wird vorgestellt. Mittels on-line Festphasenextraktion kann Plasma direkt oder nach einer Proteinf llung, mit dem selben LC/LC-MS System, analysiert werden.

Mittels fl ssig-fl ssig Extraktion erh lt man sehr reine Extrakte f r Elektrospray Massenspektrometrie. In diesem Fall, dank der hohen Selektivit t des MS, ist es m glich die Probe ohne chromatographische Trennung mittels Infusion zu analysieren. Ein erster Schritt in diese Richtung ist die Anwendung von „CHIP-MS“ f r qualitative oder quantitative Analytik. Ausgew hlte Beispiele dieser Technik werden pr sentiert.

- 1) G. Hopfgartner and E. Bourgoigne, Quantitative high-throughput analysis of drugs in biological matrices by mass spectrometry, *Mass Spectrometry Reviews*, (2003), 22, 195