

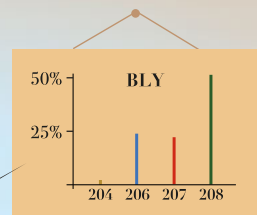
Så funkar masspektrometri

Masspektrometri är en mer än sekelgammal teknik för att räkna ut vikten på atomer och kemiska föreningar. På 2000-talet har den revolutionerat forskningen om proteiner.

Joner (atomer och molekyler med elektrisk laddning) påverkas av elektriska och magnetiska fält. Hur mycket de påverkas beror på massan dividerad med laddningen: m/z . Genom att sätta fart på joner och analysera deras rörelse kan forskare därför räkna ut vad de väger och består av. Detta är grunden för masspektrometri.

För 100 år sedan behövde jonerna vara enkla. Då användes masspektrometri bland annat för att kartlägga grundämnens isotoper. I dag kan masspektrometri analysera proteiner med tiotusentals atomer. Så här går det till.

Av Anders Nilsson och Johan Järnestad



1 KEMISKT FÖRARBETE
Proteiner är för komplexa för att analyseras i ett stycke. Därför klipps de först sönder i mindre bitar, ofta med enzym. Delarna sorteras i grupper.

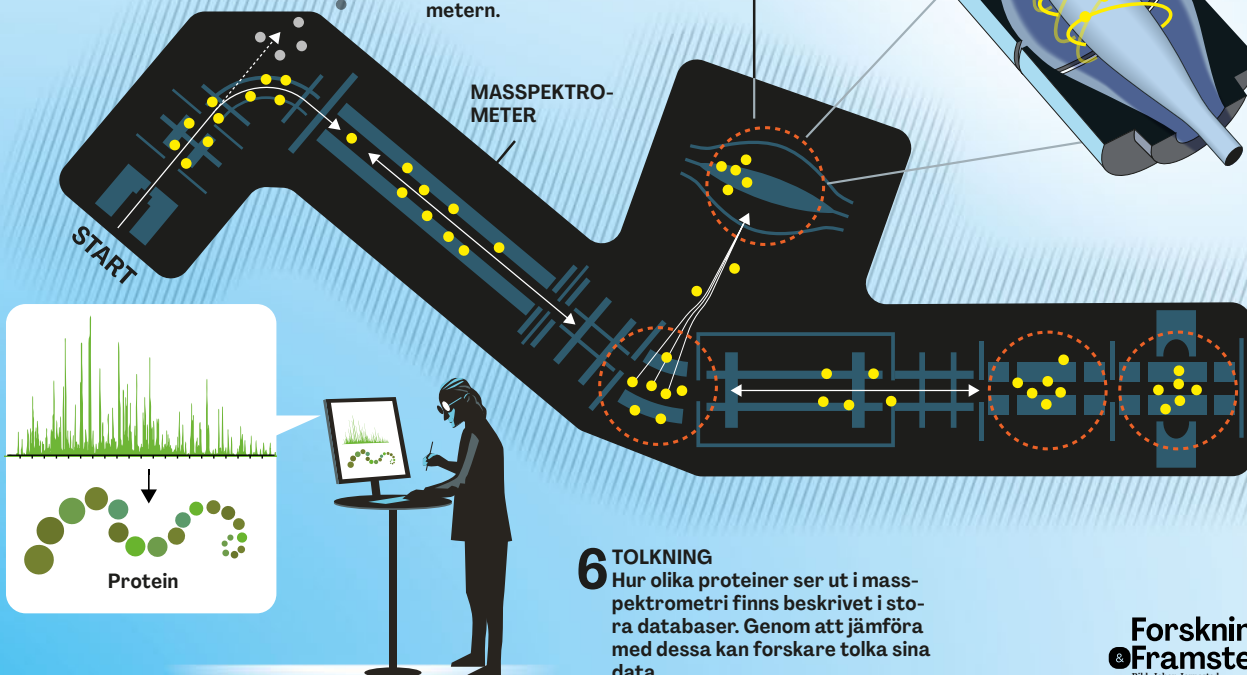
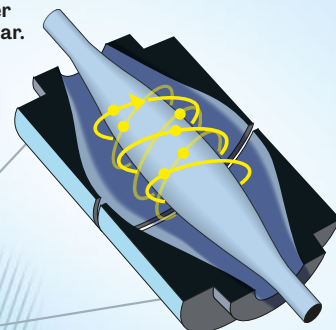


2 START
Proteindelarna blir gasformiga och får laddning när de sprejas in i apparaten genom ett elektriskt fält.

3 FILTERING
Oladdade partiklar filtreras bort med en krök i masspektrometern.

4 JONFÄLLOR
För att förvara och sortera joner under analysen, så att upprepade mätningar kan göras, används så kallade jonfällor med elektriska fält. Genom att variera fälten kan fällorna släppa en typ av joner i taget. I en fälla kan också stora joner slås sönder till mindre delar.

5 FREKVENS GER NYA SVAR
Ett nytt sätt att analysera massa har varit viktigt för 2000-talets revolution inom masspektrometri. Jonerna roterar i en spolförmad jonfälla, och m/z härleds ur frekvenser i denna rotation.



6 TOLKNING
Hur olika proteiner ser ut i masspektrometri finns beskrivet i stora databaser. Genom att jämföra med dessa kan forskare tolka sina data.

