

Zeitschrift: Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles
Band: 73 (1976-1977)
Heft: 349

Titelseiten

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. [Siehe Rechtliche Hinweise.](#)

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. [Voir Informations légales.](#)

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. [See Legal notice.](#)

Download PDF: 23.10.2024

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>

La spectrométrie de masse en biologie et médecine

PAR

LAURENT RIVIER ¹ et PIERRE BAUMANN ²

1. INTRODUCTION

Les analyses par spectrométrie de masse ont débuté vers 1950 essentiellement pour les déterminations quantitatives des produits pétroliers. La première connexion d'un chromatographe en phase gazeuse avec un spectromètre de masse date de 1957, et depuis, des progrès considérables ont été accomplis, en particulier dans le domaine des sciences biologiques. Le but de cet article est de présenter l'état actuel des possibilités qu'offre cette combinaison dans le cadre de la biologie et de la médecine.

La chromatographie en phase gazeuse couplée à la spectrométrie de masse (GC-MS) est une technique extrêmement efficace lors de l'analyse qualitative et quantitative de mélanges complexes de substances, à condition qu'ils soient volatilisables. D'une part, la colonne du chromatographe permet la séparation des composés à analyser; d'autre part, le spectromètre de masse fournit des informations non équivoques sur la structure moléculaire et la quantité de chaque substance, au fur et à mesure qu'elles sortent du chromatographe. Une très grande quantité d'informations est facilement obtenue à chaque injection. Si, en plus, un ordinateur fait partie du système, le spectre obtenu est enregistré et comparé automatiquement à des spectres connus, préalablement mémorisés: l'identification est alors facilitée. De plus, en établissant une courbe étalon, l'ordinateur calcule également les quantités de substances recherchées.

Dans la première partie de cet article, la description schématique du fonctionnement d'un appareil de GC-MS moderne sera donnée. Puis,

¹ Institut de biologie et physiologie végétales, Université de Lausanne, place de la Riponne, 1005 Lausanne.

² Laboratoire de biochimie, Centre de recherches psychopathologiques, Clinique psychiatrique universitaire de Lausanne, 1008 Prilly.