



RISE

Infrastruttura Strategica della Ricerca
UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI BARI ALDO MORO

Piattaforma di gascromatografia combinata alla spettrometria di massa per lo studio di composti volatili (GC-MS)



Per informazioni:

Responsabile scientifico

Prof.ssa Maria De Angelis

maria.deangelis@uniba.it

Referente scientifico

Prof. Giuseppe Celano

giuseppe.celano@uniba.it

Polo Agraria Veterinaria

Dipartimento di Scienze del
Suolo della Pianta e degli
Alimenti (DiSSPA)

Via Orabona 4, 70125 (BA)

ENG: The Gas Chromatography–Mass Spectrometry (GC-MS) system is an advanced analytical platform designed for the separation, detection, and identification of volatile and semi-volatile organic compounds (e.g. short chain fatty acids, alcohols, esters, aldehydes, etc) in samples with different degrees of chemical and biological complexity. The system combines the high-resolution separation capability of gas chromatography with mass spectrometric detection, allowing compounds to be identified according to their retention characteristics and characteristic mass fragmentation patterns, also through comparison with reference spectral libraries. A key feature of the platform is its

integration with an automated Headspace Solid-Phase Microextraction (HS-SPME) system, operated through a CombiPAL autosampler. HS-SPME provides a rapid, solvent-free, and minimally invasive sample-preparation approach, enabling the extraction and pre-concentration of volatile metabolites directly from the sample headspace while reducing sample manipulation and preserving the original matrix. The platform can be applied to the characterization of the volatile metabolome of both simple and highly complex matrices, including foods, beverages, fermented products, microbial cultures, environmental samples, and biological specimens. Specific chemometric approaches could be applied to identify potential volatile biomarkers associated with distinct microbial, physiological, or metabolic conditions.

ITA: Il sistema di Gascromatografia–Spettrometria di Massa (GC-MS) è una piattaforma analitica avanzata progettata per la separazione, il rilevamento e l'identificazione di composti organici volatili e semivolatili (ad esempio acidi grassi a corta catena, alcoli, esteri, aldeidi, ecc.) in campioni caratterizzati da differenti livelli di complessità chimica e biologica. Il sistema combina l'elevata capacità di separazione della gascromatografia con la rivelazione mediante spettrometria di massa, consentendo l'identificazione dei composti sulla base delle loro caratteristiche di ritenzione e dei caratteristici pattern di frammentazione di massa, anche mediante confronto con librerie spettrali di riferimento. Una caratteristica fondamentale della piattaforma è l'integrazione con un sistema automatizzato di microestrazione in fase solida dello spazio di testa (Headspace Solid-Phase Microextraction, HS-SPME), gestito mediante autocampionatore CombiPAL. L'HS-SPME rappresenta una procedura di preparazione del campione rapida, priva di solventi e minimamente invasiva, che consente l'estrazione e la preconcentrazione dei metaboliti volatili direttamente dallo spazio di testa del campione, riducendone la manipolazione e preservando le caratteristiche originarie della matrice. La piattaforma può essere impiegata per la caratterizzazione del metaboloma volatile di matrici sia semplici sia altamente complesse, tra cui alimenti, bevande, prodotti fermentati, colture microbiche, campioni ambientali e campioni biologici. Specifici approcci chemiometrici possono inoltre essere applicati per identificare potenziali biomarcatori volatili associati a differenti condizioni microbiche, fisiologiche o metaboliche.