



# MẠNG LƯỚI PHÒNG THÍ NGHIỆM KHỐI PHỔ VIỆT NAM

Vietnam Mass Spectrometry Labs Network (VMSLN)

THÁNG 4/2026

BẢN TIN SỐ 7

## BAN CỐ VẤN

**GS.TSKH. ĐẶNG VŨ MINH,**  
Cố vấn Cao Cấp

Chủ tịch Danh dự, Liên hiệp các Hội  
Khoa học & Kỹ thuật VN; CT Danh dự  
Hội Phân tích hóa, lý, sinh học

**GS.TS. PHẠM HÙNG VIỆT,**  
Trưởng Ban

Giám đốc PTN trọng điểm Công nghệ  
phân tích phục vụ kiểm định Môi  
trường & An toàn TP, ĐHQG HN

**GS.TS. NGUYỄN ĐỨC TUẤN,**  
Phó Trưởng ban

Phó Trưởng khoa Dược, Đại học Y  
Dược Tp.HCM

**PGS.TS. PHAN VĂN KIỆM**

Nguyên Phó Chủ tịch, Viện HL KHCN  
VN; Nguyên Thư ký KH, HĐKH Ngành  
Hóa học, Quỹ Phát triển KH & CN QG

**GS.TS. TRẦN ĐẠI LÂM**

Viện trưởng Viện Kỹ thuật Nhiệt đới,  
Viện Hàn lâm KHCN Việt Nam  
Tổng biên tập Tạp chí Hóa học

**GS.TS. NGÔ QUỐC ANH**

Viện trưởng Viện Hóa học, Viện Hàn  
lâm KHCN Việt Nam

**PGS.TS. PHẠM VĂN CƯỜNG**

Viện trưởng Viện Hóa sinh biển, Viện  
Hàn lâm KHCN Việt Nam

**GS.TS. TRẦN VIỆT HÙNG**

Viện trưởng Viện Kiểm nghiệm thuốc  
Tp.HCM

**PGS. TRẦN CAO SƠN**

Phó Viện trưởng, Viện Kiểm nghiệm An  
toàn Vệ sinh Thực phẩm Quốc gia

**TS. LÝ TUẤN KIỆT**

Phó Giám đốc, Trung tâm Dịch vụ  
Phân tích Thí nghiệm Tp.HCM (CASE)

**ÔNG HENRY BÙI**

Giám đốc, Công ty TNHH MTV Khoa  
học Công nghệ Hoàn Vũ

**ÔNG NGUYỄN THÀNH LÊ**

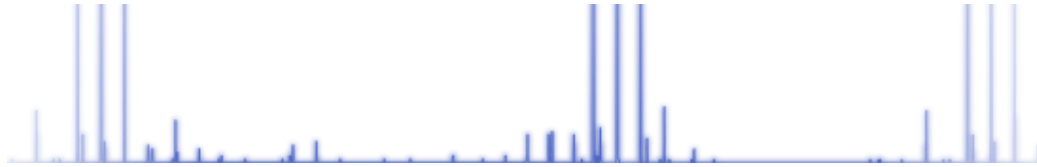
Giám đốc, Công ty TNHH Thiết bị và  
Dịch vụ Kỹ thuật Quốc tế

**ÔNG NGUYỄN QUÝ GIANG**

Giám đốc, Công ty Cổ phần Dịch vụ  
Công nghệ Nam Việt

**TS. LÊ CẨM TÚ,** Thư ký

Viện Kiểm nghiệm thuốc Tp.HCM



## LỜI NGỎ

Mạng lưới Khối phổ Việt Nam (VMSLN) đang từng bước khẳng định vai trò là cầu nối tin cậy trong cộng đồng phân tích, nơi hội tụ các chuyên gia, nhà khoa học và các đơn vị hoạt động trong lĩnh vực kiểm nghiệm, nghiên cứu và ứng dụng công nghệ cao. Trên nền tảng kết nối và chia sẻ tri thức, VMSLN không ngừng thúc đẩy sự gắn kết giữa các phòng thí nghiệm, đồng thời lan tỏa các thực hành tốt và xu hướng kỹ thuật tiên tiến trong lĩnh vực khối phổ. Bước vào năm 2026, VMSLN hướng tới một giai đoạn phát triển mới với trọng tâm là đổi mới công nghệ và mở rộng hợp tác quốc tế. Việc tiếp cận các nền tảng phân tích hiện đại, cập nhật phương pháp tiên tiến và tăng cường trao đổi chuyên môn với các đối tác trong khu vực và trên thế giới sẽ là những động lực quan trọng giúp nâng cao năng lực của cộng đồng khối phổ Việt Nam.

Bản tin Newsletter số 7 được xây dựng với mong muốn tiếp tục đồng hành cùng Quý thành viên trong hành trình phát triển đó sẽ cập nhật thông tin chuyên môn, chia sẻ kinh nghiệm thực tiễn và kết nối các cơ hội hợp tác. VMSLN tin tưởng rằng, với sự chung tay của cộng đồng, năm 2026 sẽ mở ra nhiều bước tiến đột phá, góp phần nâng cao chất lượng và vị thế của lĩnh vực phân tích tại Việt Nam.

Mọi thông tin chi tiết xin vui lòng liên hệ:

- TS. Lê Cẩm Tú - 0862.072.784;
- Ds. Vũ Như Trang - 0984.681.968;
- Điện thoại: (028) 38374802 - Trung tâm Đào tạo và Dịch vụ Kiểm nghiệm;
- Email: info\_vmsln@niqc.gov.vn và khdt@vienkiemngkiem.gov.vn

## SỰ KIỆN NỔI BẬT

Hội thảo khối phổ toàn cầu và khu vực giai đoạn cuối 2025 - đầu 2026

## TIÊU ĐIỂM NGHIÊN CỨU

Những bước tiến mới của ứng dụng LC-HRMS và Ion Mobility trong năm 2025.

## BAN CỐ VẤN



**GS.TSKH. ĐẶNG VŨ MINH**  
**Cố vấn Cao Cấp**  
CT Danh dự, Liên hiệp các Hội  
KHKT VN; CT Danh dự, Hội  
Phân tích hóa, lý, sinh học



**GS.TS. PHẠM HÙNG VIỆT**  
**Trưởng Ban Cố vấn**  
GD, PTN trọng điểm Công nghệ  
phân tích phục vụ kiểm định  
Môi trường và ATTP, ĐHQG HN



**GS.TS. NGUYỄN ĐỨC TUẤN**  
**Phó Trưởng Ban Cố vấn**  
Phó Trưởng khoa Dược,  
Đại học Y Dược TP.HCM



**PGS.TS. PHAN VĂN KIÊM**  
Nguyên Phó CT, Viện HL KHCN VN;  
Nguyên Thư ký KH, HĐKH Ngành  
Hóa học, Quỹ PT KHCN QG



**GS.TS. TRẦN ĐẠI LÂM**  
Viện trưởng, Viện Kỹ thuật  
Nhiệt đới, Viện HL KHCN VN  
Tổng biên tập TC Hóa học



**GS.TS. NGÔ QUỐC ANH**  
Viện trưởng, Viện Hóa học,  
Viện Hàn lâm Khoa học &  
Công nghệ Việt Nam



**PGS.TS. PHẠM VĂN CƯỜNG**  
Viện trưởng, Viện Hóa sinh  
biển, Viện Hàn lâm Khoa học &  
Công nghệ VN



**GS.TS. TRẦN VIỆT HÙNG**  
Viện trưởng, Viện Kiểm  
nghiệm thuốc TP.HCM



**TS. TRẦN CAO SƠN**  
Phó Viện trưởng, Viện Kiểm  
nghiệm An toàn Vệ sinh Thực  
phẩm Quốc gia



**TS. LÝ TUẤN KIỆT**  
Phó Giám đốc, TT Dịch vụ  
Phân tích Thí nghiệm  
TP.HCM



**ÔNG HENRY BÙI**  
Giám đốc, Công ty TNHH  
MTV Khoa học Công nghệ  
Hoàn Vũ



**ÔNG NGUYỄN THÀNH LÊ**  
Giám đốc, Cty TNHH Thiết  
bị và Dịch vụ Kỹ thuật  
Quốc tế



**ÔNG NGUYỄN QUÝ GIANG**  
Giám đốc, Công ty Cổ phần  
Dịch vụ Công nghệ  
Nam Việt



**TS. Lê Cẩm Tú**  
**Thư ký Ban Cố vấn**  
Viện Kiểm nghiệm thuốc  
TP.HCM

## PHÒNG THÍ NGHIỆM THÀNH VIÊN



## ĐƠN VỊ ĐỒNG HÀNH



Thông tin liên hệ: TS. Lê Cẩm Tú, [info\\_vmsln@niqc.gov.vn](mailto:info_vmsln@niqc.gov.vn), +84 862 072 784

## HỘI THẢO KHỐI PHỔ KHU VỰC VÀ TOÀN CẦU



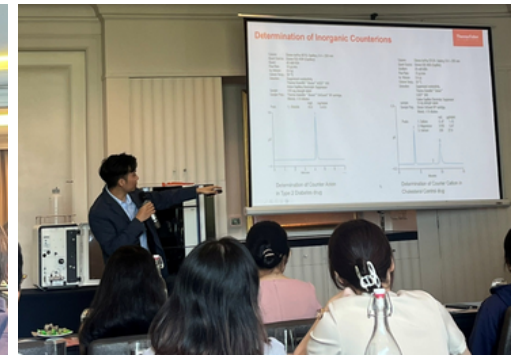
Chương trình hội thảo cho thấy khối phổ tiếp tục giữ vai trò công nghệ trung tâm, không thể thay thế trong lĩnh vực proteomics hiện đại. Các xu hướng nổi bật đang định hình tương lai bao gồm việc gia tăng mạnh mẽ độ nhạy, tốc độ và quy mô phân tích (đặc biệt trong các hướng tiếp cận high-throughput và single-cell), cùng với sự tích hợp sâu rộng của trí tuệ nhân tạo trong xử lý và khai thác dữ liệu lớn. Đồng thời, khối phổ ngày càng khẳng định giá trị ứng dụng thực tiễn trong y học chính xác, phát hiện biomarker và hỗ trợ ra quyết định lâm sàng. Đáng chú ý, lĩnh vực này đang chuyển dịch rõ rệt từ nghiên cứu cơ bản sang triển khai ứng dụng, với trọng tâm là chuẩn hóa quy trình, tự động hóa hệ thống và tăng cường khả năng liên thông dữ liệu trên phạm vi toàn cầu. Những định hướng này không chỉ nâng cao hiệu quả khai thác dữ liệu proteomics mà còn mở ra cơ hội phát triển bền vững và hội nhập quốc tế cho cộng đồng phân tích.



Hội thảo thường niên của Human Proteome Organization (HUP0) là một trong những sự kiện khoa học quốc tế hàng đầu trong lĩnh vực proteomics, quy tụ các nhà khoa học, chuyên gia và tổ chức nghiên cứu trên toàn thế giới nhằm thúc đẩy hiểu biết toàn diện về proteome người. HUP0 được thành lập từ năm 2001 với mục tiêu phát triển nghiên cứu proteomics, tăng cường hợp tác khoa học và kết nối cộng đồng toàn cầu trong lĩnh vực phân tích protein. Trong khuôn khổ hội thảo, khối phổ (mass spectrometry – MS) đóng vai trò là công nghệ nền tảng, được sử dụng rộng rãi trong định danh, định lượng và đặc trưng hóa protein cũng như các biến đổi hậu dịch mã.

Các kỳ hội nghị HUP0 World Congress tập trung vào những tiến bộ mới nhất của công nghệ MS như tăng độ nhạy, độ phân giải và khả năng phân tích thông lượng cao, đồng thời kết hợp với các phương pháp tin sinh học và trí tuệ nhân tạo để xử lý dữ liệu proteomics quy mô lớn. Bên cạnh đó, hội thảo cũng nhấn mạnh các hướng nghiên cứu liên ngành như multi-omics, proteogenomics và y học chính xác, trong đó khối phổ là công cụ then chốt giúp kết nối dữ liệu từ cấp độ phân tử đến ứng dụng lâm sàng. Thông qua các phiên toàn thể, workshop chuyên sâu và các chương trình hợp tác quốc tế như Human Proteome Project, HUP0 không chỉ cập nhật các xu hướng công nghệ mới mà còn định hình chiến lược phát triển dài hạn cho lĩnh vực khối phổ và proteomics trên phạm vi toàn cầu.

## HỘI THẢO PHARMA COMPLIANCE SEMINAR - IETS 2026



Trong khuôn khổ Hội thảo Pharma Compliance Seminar IETS 2026 tập hợp các bài trình bày mang tính định hướng, phản ánh rõ xu thế chuyển dịch của lĩnh vực kiểm nghiệm dược phẩm từ cách tiếp cận tuân thủ đơn thuần sang mô hình dựa trên khoa học, rủi ro và tính toàn vẹn dữ liệu. Trọng tâm chương trình là việc áp dụng quản lý vòng đời phương pháp phân tích (Method Lifecycle Management – MLCM) theo hướng dẫn ICH Q14, trong đó nhấn mạnh vai trò của Analytical Target Profile (ATP), đánh giá rủi ro và thiết lập vùng hoạt động (design space) nhằm đảm bảo phương pháp luôn phù hợp mục đích sử dụng trong suốt vòng đời.

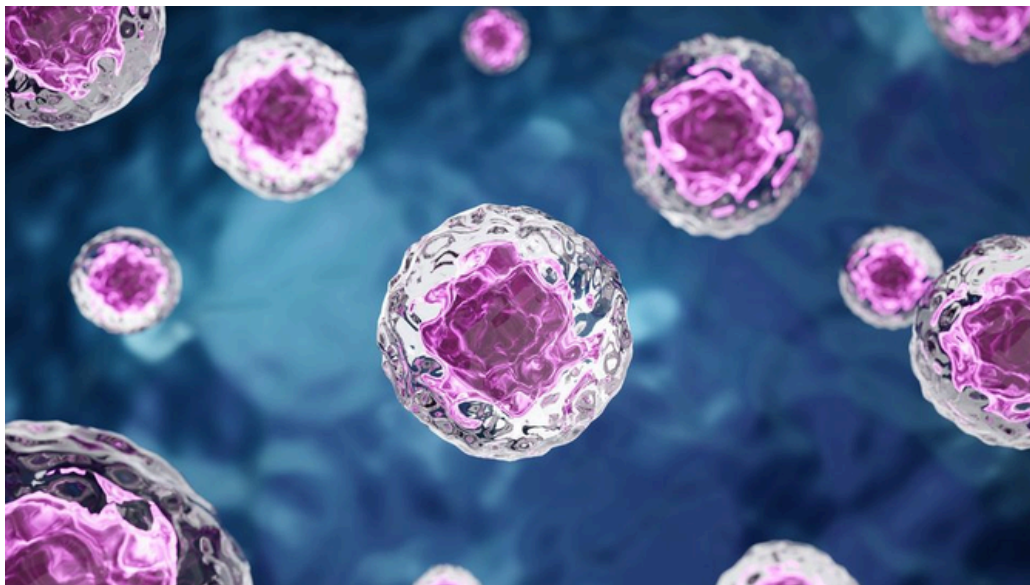
Song song, các nội dung về kiểm soát tạp chất dược phẩm, đặc biệt là tạp chất có nguy cơ gây độc gen như nitrosamine, đã được cập nhật với cách tiếp cận dựa trên đánh giá rủi ro, giới hạn phơi nhiễm (Acceptable Intake – AI) và yêu cầu phương pháp phân tích có độ nhạy cao. Những thách thức trong phát hiện, định lượng ở mức vết và kiểm soát nhiều nền được đặt trong bối cảnh yêu cầu ngày càng nghiêm ngặt của các cơ quan quản lý toàn cầu.

Bên cạnh đó, hội thảo cũng nhấn mạnh vai trò nền tảng của Data Integrity theo nguyên tắc ALCOA+ và tuân thủ 21 CFR Part 11 trong đảm bảo độ tin cậy của dữ liệu phân tích. Các giải pháp công nghệ như hệ thống CDS tích hợp, tự động hóa quy trình, audit trail và kiểm soát truy cập được giới thiệu như những công cụ thiết yếu nhằm nâng cao hiệu suất vận hành, giảm thiểu sai sót và sẵn sàng đáp ứng các yêu cầu thanh tra.

Hội thảo đã cung cấp một bức tranh toàn diện, kết nối giữa khung pháp lý, nền tảng khoa học và chuyển đổi số, hướng tới xây dựng hệ thống kiểm nghiệm hiện đại, bền vững và tuân thủ.

## TIÊU ĐIỂM NGHIÊN CỨU

**Bước chuyển từ Targeted sang Non-targeted: Orbitrap và sứ mệnh bảo vệ an toàn thực phẩm 2025.**



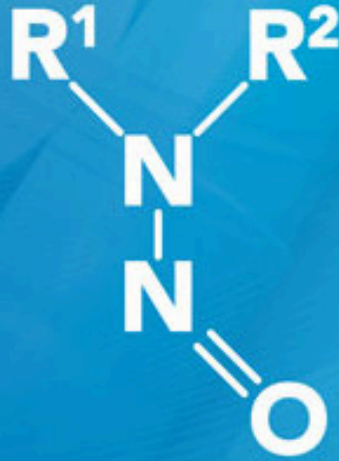
Trong bối cảnh chuỗi cung ứng thực phẩm ngày càng phức tạp, phương pháp phân tích truyền thống theo hướng targeted (chỉ định trước các chất cần tìm) đang bộc lộ nhiều hạn chế khi không thể bao quát hết các nguy cơ tiềm ẩn. Xu hướng chuyển dịch sang non-targeted screening (NTS) dựa trên khối phổ phân giải cao (HRMS), đặc biệt là công nghệ Orbitrap, đang trở thành một bước tiến mang tính chiến lược trong kiểm soát an toàn thực phẩm.

Các nghiên cứu gần đây cho thấy Orbitrap cho phép thu nhận phổ toàn phần với độ chính xác cao (< ppm), giúp nhận diện cả các hợp chất chưa biết và giảm đáng kể nguy cơ dương tính giả. Đặc biệt, NTS có khả năng “quét toàn diện” các chất ô nhiễm trong thực phẩm và vật liệu bao gói, hỗ trợ đánh giá rủi ro một cách hệ thống thay vì chỉ giới hạn ở danh mục chất mục tiêu. Trong thực tiễn, các ứng dụng GC/LC-Orbitrap đã phát hiện hàng chục hợp chất di cư từ bao bì thực phẩm, bao gồm cả các chất chưa từng được báo cáo trước đó.

Không chỉ dừng ở nghiên cứu, các hệ Orbitrap hiện đại còn cho phép sàng lọc đồng thời hàng chục đến hàng trăm chất ô nhiễm với độ nhạy  $\mu\text{g}/\text{kg}$ , đáp ứng yêu cầu kiểm nghiệm nhanh và chính xác trong thực phẩm thương mại. Điều này phù hợp với nhu cầu thực tế của ngành công nghiệp, nơi các tập đoàn lớn đã chuyển sang các phương pháp phân tích diện rộng để chủ động dự báo rủi ro thay vì chỉ kiểm soát tuân thủ.

Năm 2025 đánh dấu một bước ngoặt khi Orbitrap không chỉ là công cụ phân tích mà còn trở thành nền tảng chiến lược, góp phần xây dựng hệ sinh thái kiểm soát an toàn thực phẩm toàn diện, chủ động và hướng tới tương lai.

## TIÊU ĐIỂM NGHIÊN CỨU



### **Tạp chất Nitrosamine: Hoàn thiện quy trình phân tích các tạp chất NDSRIs phức tạp trong nền mẫu dược phẩm bằng hệ thống khối phổ phân giải cao (HRAM)**

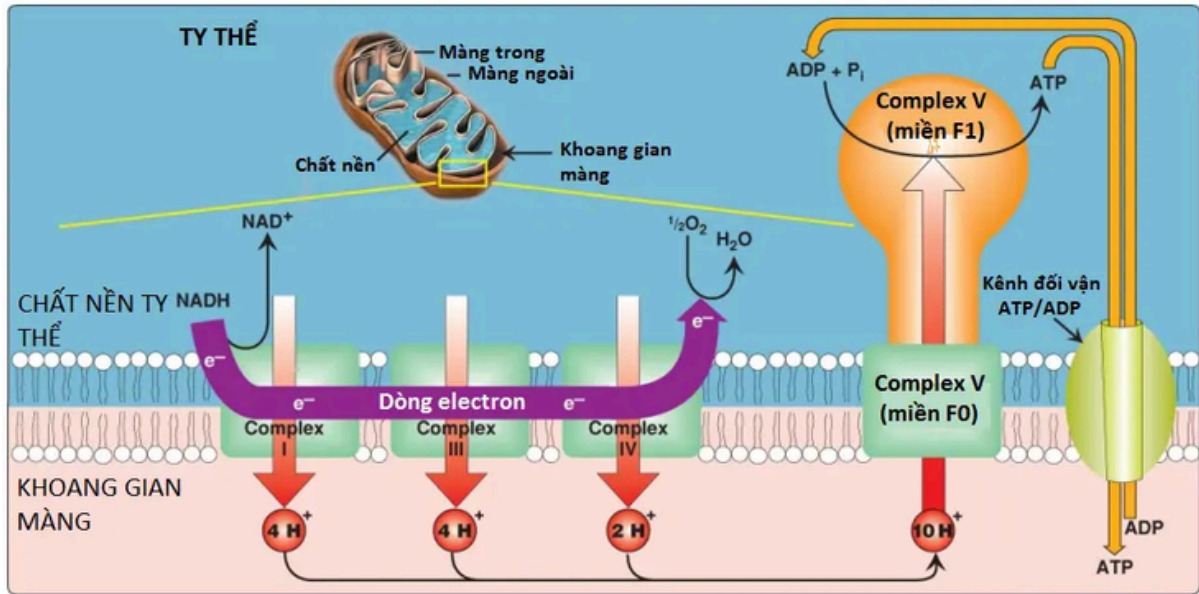
Sự xuất hiện của tạp chất nitrosamine, đặc biệt là nhóm N-nitrosamine drug substance-related impurities (NDSRIs), đã trở thành thách thức lớn trong kiểm soát chất lượng dược phẩm toàn cầu sau các sự kiện thu hồi thuốc từ năm 2018. Khác với các nitrosamine đơn giản, NDSRIs có cấu trúc phức tạp, đa dạng và thường tồn tại ở mức vết (ppb), đòi hỏi các phương pháp phân tích có độ chọn lọc và độ nhạy vượt trội.

Trong bối cảnh đó, hệ thống khối phổ phân giải cao chính xác (HRAM), điển hình là Orbitrap hoặc Q-TOF, đang được xem là giải pháp tối ưu. Theo hướng dẫn của U.S. Food and Drug Administration và European Medicines Agency, các phương pháp phân tích cần đảm bảo khả năng phát hiện nitrosamine ở mức rất thấp (thường < 30 ng/ngày), đồng thời có năng lực nhận diện các tạp chất chưa biết. HRAM cho phép thu nhận dữ liệu toàn phổ (full-scan) với độ chính xác khối cao (< 5 ppm), hỗ trợ xác định cấu trúc và phân biệt các đồng phân – điều mà các hệ MS thông thường khó đạt được.

Các nghiên cứu gần đây đã chứng minh rằng việc kết hợp LC-HRAM với chiến lược suspect screening và non-targeted analysis giúp phát hiện hiệu quả nhiều NDSRIs tiềm ẩn trong các nền mẫu phức tạp như viên nén hoặc API. Đồng thời, việc xây dựng thư viện phổ và tối ưu hóa quy trình tiền xử lý mẫu (chiết chọn lọc, giảm nhiễu nền) đóng vai trò then chốt để nâng cao độ tin cậy kết quả.

Việc hoàn thiện quy trình phân tích NDSRIs bằng HRAM không chỉ đáp ứng yêu cầu pháp lý ngày càng nghiêm ngặt, mà còn góp phần chủ động kiểm soát rủi ro, bảo đảm an toàn và chất lượng thuốc trong chuỗi cung ứng toàn cầu.

## TIÊU ĐIỂM NGHIÊN CỨU



### Bản đồ Phosphoryl hóa: Ứng dụng khối phổ siêu phân giải trong xác định biomarker *Glioblastoma*

Trong nghiên cứu ung thư não, đặc biệt là *glioblastoma* (GBM) – dạng u não ác tính có tiên lượng rất xấu – việc xác định biomarker đặc hiệu vẫn là thách thức lớn. Các nghiên cứu gần đây cho thấy phân tích *phosphoproteomics* bằng khối phổ là hướng tiếp cận đầy tiềm năng, khi các biến đổi phosphoryl hóa phản ánh trực tiếp hoạt động của các hướng tiếp cận tín hiệu liên quan đến tăng sinh và kháng trị của khối u.

Sự ra đời của các hệ khối phổ độ phân giải siêu cao như Xevo MRT đã mở ra khả năng lập “bản đồ phosphoryl hóa” với độ chính xác chưa từng có. Một nghiên cứu ứng dụng thực tế cho thấy hệ LC-MS kết hợp Xevo MRT có thể xác định và định vị chính xác các phosphopeptide với độ phân giải >70.000 FWHM và sai số khối cực thấp (< ppm), đồng thời phát hiện hơn 300 protein liên quan đến các hướng tiếp cận thần kinh và điều hòa tế bào trong dòng tế bào *glioblastoma*.

Đáng chú ý, các phân tích *phosphoproteomics* đã ghi nhận hàng trăm phosphopeptide biến đổi sau tác động điều trị (ví dụ xạ trị), liên quan đến các protein quan trọng như BRCA1, MDC1 hay TP53BP1 – những yếu tố trung tâm trong cơ chế sửa chữa DNA và sống sót của tế bào ung thư.

Những tiến bộ này cho thấy khối phổ HRAM không chỉ giúp nhận diện biomarker chính xác hơn mà còn hỗ trợ giải mã cơ chế bệnh sinh ở mức hệ thống. Trong tương lai, việc tích hợp bản đồ phosphoryl hóa với dữ liệu lâm sàng sẽ đóng vai trò then chốt trong phát triển liệu pháp cá thể hóa cho bệnh nhân *glioblastoma*.

## TIÊU ĐIỂM NGHIÊN CỨU



### Vân tay hóa học cho Dược liệu: Ion Mobility MS và UPLC trong kiểm soát chất lượng sâm và lá sen Việt Nam

Trong kiểm soát chất lượng dược liệu, việc xây dựng “chemical fingerprint” đang trở thành xu hướng tất yếu nhằm đảm bảo tính nhất quán, xác thực và truy xuất nguồn gốc. Các phương pháp hiện đại kết hợp UPLC với Ion Mobility Mass Spectrometry (IM-MS) đã mở ra khả năng phân tích đa chiều, cho phép phân tách hợp chất không chỉ theo khối lượng mà còn theo hình dạng và kích thước ion, từ đó nâng cao đáng kể độ chọn lọc và độ tin cậy của phép phân tích.

Đối với sâm (*Panax spp.*), các nghiên cứu sử dụng UHPLC/IM-QTOF-MS đã cho phép phân tích toàn diện hệ ginsenoside và phân biệt rõ ràng các loài cũng như nguồn gốc địa lý thông qua các marker đặc trưng và mô hình hóa chemometrics. Tương tự, tại Việt Nam, việc xây dựng fingerprint hóa học cho lá sen (*Folium Nelumbinis*) bằng UPLC-MS/MS đã xác định đồng thời nhiều alkaloid và flavonoid quan trọng như nuciferine và quercetin, đồng thời cho thấy sự khác biệt đáng kể theo vùng trồng và giai đoạn phát triển.

Việc tích hợp thêm công nghệ ion mobility giúp bổ sung chiều phân tách thứ ba (collision cross-section), tạo nên “bản đồ hóa học” có độ phân giải cao, hỗ trợ phân biệt các đồng phân và phát hiện tạp chất khó nhận diện. Đây là nền tảng quan trọng để xây dựng hệ thống truy xuất nguồn gốc và kiểm soát gian lận dược liệu.

Trong bối cảnh tiêu chuẩn hóa dược liệu ngày càng được siết chặt, việc ứng dụng IM-MS kết hợp UPLC không chỉ nâng cao năng lực kiểm nghiệm mà còn góp phần bảo tồn và phát triển giá trị dược liệu Việt Nam theo hướng khoa học và bền vững.

## GÓC ĐƠN VỊ ĐỒNG HÀNH & THÀNH VIÊN



Hội thảo SCIEX Summit 2025 do SCIEX tổ chức là sự kiện khoa học trực tuyến quy mô toàn cầu, quy tụ các chuyên gia, nhà nghiên cứu và nhà quản lý trong lĩnh vực khoa học phân tích. Diễn ra trong nhiều phiên chuyên đề, hội thảo tập trung cập nhật những tiến bộ mới nhất trong công nghệ phân tích hiện đại, đồng thời nhấn mạnh vai trò then chốt của các nền tảng như sắc ký lỏng ghép khối phổ (LC-MS) và điện di mao quản (CE) trong nghiên cứu và kiểm nghiệm.

Một nội dung nổi bật của chương trình là việc trình bày các công nghệ khối phổ thế hệ mới với độ nhạy, độ chọn lọc và thông lượng vượt trội. Những cải tiến này cho phép phát hiện và định lượng các hợp chất ở mức vết, đồng thời mở rộng khả năng phân tích trong các hệ sinh học phức tạp. Các ứng dụng trong lĩnh vực omics, bao gồm metabolomics, proteomics và lipidomics, đã được minh họa rõ nét thông qua các nghiên cứu thực tiễn, đặc biệt trong việc phân tích cơ chế bệnh sinh, phân loại bệnh và phát hiện biomarker.

Bên cạnh đó, hội thảo cũng đề cập đến xu hướng tự động hóa và số hóa phòng thí nghiệm, với các giải pháp tích hợp giúp nâng cao hiệu quả vận hành, giảm thiểu sai số và tối ưu hóa quy trình phân tích. Trong lĩnh vực dược phẩm và sinh dược, các công nghệ này góp phần rút ngắn thời gian phát triển thuốc, tăng độ tin cậy của dữ liệu và hỗ trợ tuân thủ các yêu cầu pháp lý ngày càng khắt khe. Đồng thời, các ứng dụng trong an toàn thực phẩm và môi trường cũng được nhấn mạnh, đặc biệt trong việc phát hiện các chất ô nhiễm mới nổi và kiểm soát chất lượng.

SCIEX Summit 2025 không chỉ là diễn đàn chia sẻ tri thức mà còn định hình xu hướng phát triển của khoa học phân tích trong tương lai. Sự hội tụ giữa công nghệ tiên tiến, dữ liệu lớn và chiến lược phân tích thông minh đang mở ra những cơ hội mới trong nghiên cứu y sinh, kiểm nghiệm và bảo vệ sức khỏe cộng đồng.

## NÂNG CAO HIỆU SUẤT ĐỊNH LƯỢNG ĐỘC TỐ VI NẤM, ĐỘC TỐ THỰC VẬT VÀ CHẤT CHUYỂN HÓA THỨ CẤP BẰNG HỆ THỐNG SCIEX LC-MS/MS TQ 7500+



### GIỚI THIỆU

Biến đổi khí hậu đang làm gia tăng nguy cơ ô nhiễm độc tố vi nấm trong thực phẩm, từ đó đặt ra yêu cầu cấp thiết đối với các phương pháp phân tích có độ nhạy và độ chính xác cao nhằm đảm bảo an toàn thực phẩm. Các kỹ thuật LC-MS/MS hiện đại đang được phát triển theo hướng nâng cao hiệu suất định lượng đồng thời nhiều hợp chất. Tuy nhiên, hiệu suất phân tích thường bị giới hạn bởi tốc độ quét của hệ thống. Sự ra đời của hệ thống SCIEX 7500+ với công nghệ Mass Guard cùng thiết kế đường dẫn ion Q0 tích hợp điện cực gia tốc đã giúp cải thiện đáng kể vấn đề này, cho phép đạt tốc độ quét MRM ở mức mili giây và nâng cao hiệu quả phân tích.

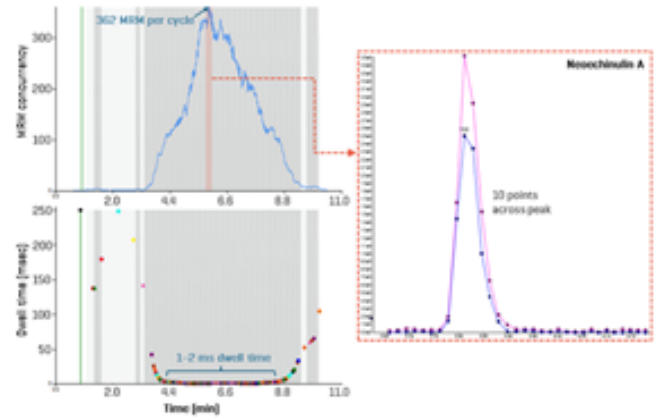
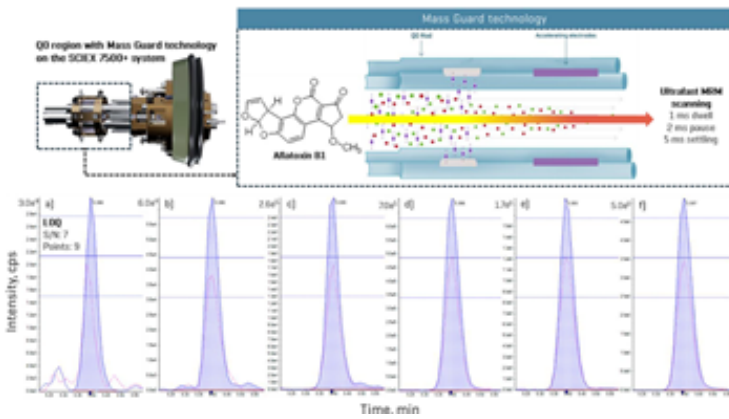
### MỤC TIÊU

Nghiên cứu nhằm phát triển một phương pháp MRM siêu nhanh trên thiết bị SCIEX 7500+, cho phép phân tích đồng thời khoảng 1.000 chất, bao gồm độc tố vi nấm, độc tố thực vật và các chất chuyển hóa khác, trong thời gian chỉ 11 phút.

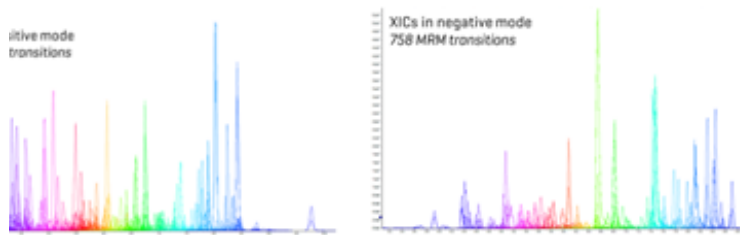
### BÀN LUẬN & KẾT QUẢ

Kết quả nghiên cứu cho thấy những cải tiến đáng kể về công nghệ trên hệ thống SCIEX 7500+, bao gồm nguồn ion OptiFlow Pro, điện cực gia tốc và đầu dò năng lượng cao, đã giúp tăng cường hiệu quả chuyển các phân tử tích điện, tối ưu hóa quá trình ion hóa và nâng cao khả năng truyền dẫn cũng như phát hiện tín hiệu. Nhờ đó, hiệu suất phân tích được cải thiện rõ rệt về cả độ nhạy lẫn độ chính xác. Với chu kỳ mục tiêu 600 ms, phương pháp MRM siêu nhanh vẫn đảm bảo thu thập được khoảng 10 điểm dữ liệu trên mỗi peak ngay cả trong điều kiện có số lượng chuyển tiếp MRM lớn. Ngoài ra, hệ thống cho thấy khả năng định lượng đáng tin cậy ở nồng độ vết với cường độ tín hiệu cao. Độ chính xác của phương pháp được chứng minh với giá trị RSD  $\leq 20\%$  trên dải tuyến tính rộng từ 0,004 đến 725 ng/mL. Tuy nhiên, hiệu ứng nền vẫn được ghi nhận trong khoảng 20–30% khi phân tích các nền mẫu phức tạp, cho thấy cần có các chiến lược hiệu chỉnh phù hợp trong thực tiễn phân tích.

## NÂNG CAO HIỆU SUẤT ĐỊNH LƯỢNG ĐỘC TỐ VI NẤM, ĐỘC TỐ THỰC VẬT VÀ CHẤT CHUYỂN HÓA THỨ CẤP BẰNG HỆ THỐNG SCIEX LC-MS/MS TQ 7500+



Đánh giá độ nhạy của hệ thống SCIEX 7500+ với chuẩn Aflatoxin B1 (AFB1) ở nhiều nồng độ khác nhau. Đường dẫn ion Q0 của hệ thống SCIEX 7500+ được thiết kế với điện cực gia tốc giúp truyền ion nhanh hơn, cho phép đạt được chu kỳ MRM siêu nhanh



Tận dụng khả năng thu thập MRM siêu nhanh trên hệ thống 7500+, tốc độ quét tối ưu của thời gian dừng tối thiểu 1ms, thời gian tạm dừng 2ms và thời gian ổn định 5ms cho phép theo dõi đồng thời 1099 lần chuyển tiếp trong mode dương và 758 lần chuyển tiếp trong mode âm.

Phân tích mức độ đồng thời của các chuyển tiếp MRM theo thời gian cho thấy phần lớn các chất phân tích (>1,456 chuyển tiếp MRM) được đo với thời gian dừng tối thiểu từ 1 – 2ms. Số lượng chuyển tiếp đồng thời vượt quá 150 và đạt cực đại tại 362 chuyển tiếp MRM mỗi chu kỳ. Với thời gian chu kỳ mục tiêu là 600ms, tốc độ quét MRM siêu nhanh vẫn đạt được 10 điểm trên mỗi peak, ngay cả trong vùng có mật độ MRM cao. Ở điểm chuẩn thấp nhất của Aflatoxin B1 (~0.04 ng/mL) với thời gian dừng tối thiểu 1ms, vẫn đạt được 9 điểm trên mỗi peak. Thời gian dừng tối thiểu thấp trong nghiên cứu này không ảnh hưởng đến chất lượng tín hiệu tổng thể, thể hiện qua độ chính xác tốt đạt được.