

Celem przedstawionego projektu jest opracowanie nowej metody pozwalającej na precyzyjną analizę stosunków izotopowych pierwiastków w próbkach naturalnych bez ich wcześniejszego wydzielenia. Zamierzenie to będzie realizowane poprzez zastosowanie metody zoptymalizowanej regresji do korekcji efektów matrycowych wywołanych odmiennym składem chemicznym próbek i wzorców.

Warunkiem koniecznym do uzyskania dokładnych wyników oznaczeń stosunków izotopowych przy zastosowaniu wielodetektorowej spektrometrii mas jest poprawna korekcja zjawiska frakcjonowania izotopów. Efekty matrycowe są dobrze udokumentowaną specyfiką pomiarów stosunków izotopowych z zastosowaniem MC-ICP-MS. W celu ich redukcji analizowane pierwiastki są wydzielane spośród pierwiastków matrycy poprzez zastosowanie żywic jonowymiennych w etapie poprzedzającym właściwe oznaczenie (*off-line*). Wprowadzenie powyższego kroku do procedury badawczej powoduje wydłużenie czasu analizy oraz może być powodem kontaminacji próbki, lub zmiany stosunku izotopowego badanego pierwiastka już na etapie przygotowania. Uproszczenie, lub wyeliminowanie przygotowania próbki pozwoli uniknąć tych niebezpieczeństw i zasadniczo skrócić cały proces pomiarowy.

Badania przeprowadzone w ciągu ostatnich lat wskazują, że analiza zmienności stosunków izotopowych pierwiastków znajduje zastosowanie w badaniu cykli biogeochemicznych metali w środowisku, określeniu wieku geologicznego, biodostępności metali, badaniach archeologicznych, określaniu historycznych miejsc migracji ludzi i zwierząt oraz wielu innych. Metodą często stosowaną w określaniu stosunków izotopowych pierwiastków jest spektrometria mas z jonizacją termiczną (TIMS). Umożliwia ona uzyskanie wyników oznaczeń stosunków izotopowych charakteryzujących się wysoką dokładnością i precyzją. Rozwój wielodetektorowej spektrometrii mas z jonizacją w plazmie indukcyjnie sprzężonej pozwala na osiągnięcie precyzji i dokładności oznaczeń bardzo zbliżonych do wartości uzyskiwanych za pomocą TIMS. Jednocześnie zachowane są zalety metody ICP-MS, czyli prosty i powtarzalny sposób dozowania próbki, możliwość analizy dużej liczby próbek w krótkim czasie i możliwość jonizacji większości pierwiastków chemicznych. Wszystkie te zalety powodują, że wzrasta zainteresowanie użyciem MC-ICP-MS w analizie próbek charakteryzujących się dużą różnorodnością matrycy.