



ultraflextreme

Новый уровень MALDI TOF/TOF систем

think forward

MALDI-TOF/TOF

## Ускорьте Ваши исследования

В новом ultrafleXtreme<sup>TM</sup> преодолены прежние ограничения в MALDI масс-спектрометрии и достигнут новый уровень получаемых данных. Качество исследований, включая LC-MALDI протеомику, определение биомаркеров с помощью MALDI Imaging тканей высокого разрешения и Top-Down секвенирование белков, значительно улучшены множеством технологических инноваций и полностью интегрированным патентованным программным обеспечением.

MALDI-Top Down секвенирование

**MALDI** Imaging

2D-гели

LC-MALDI



TLC-MALDI

РТМ анализ

Анализ полимеров

# С помощью передовых технологий...

Частота лазера 1000 Гц в MS и MS/MS режимах

## Широкополосное Разрешение PAN

Лазер smartbeam-II

Flash-детектор<sup>тм</sup>

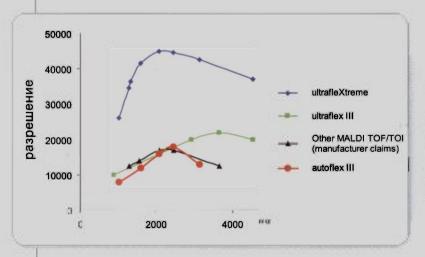
Высокочастотная электроника (кГц)



РАС мишен

Источник ионизации MALDI Perpetual™

Полностью интегрированное программное обеспечение фирмы Bruker



### Высокая разрешающая способность

Высокая разрешающая способность в широком диапазоне масс обеспечивает наиточнейшую идентификацию белков и наиболее полное перекрывание последовательности при bottom-up и top-down анализе.

# Проникая в протеом...

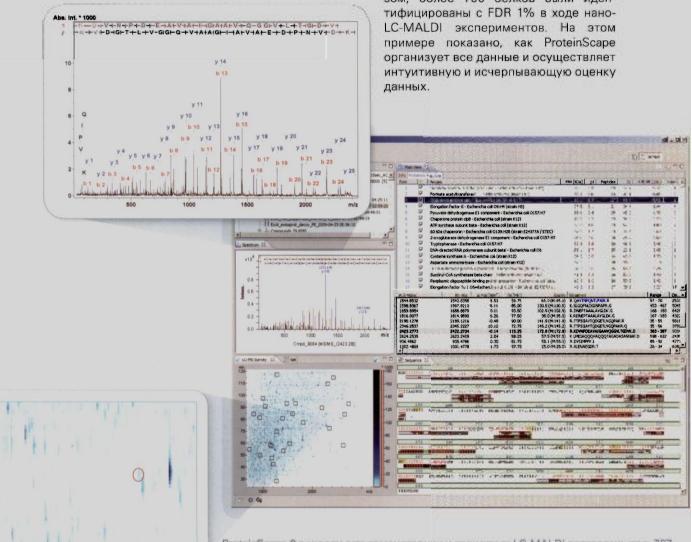
### Высокая достоверность идентификации и количественного анализа белков

Детальный протеомный анализ осуществляется методом LC-MALDI при помощи ultrafleXtreme. Высокая достоверность идентификации белков и их надежный количественный анализ достигаются при введении любой химической метки (ICPL-4plex, SILAC или iTRAQ-8plex). Программный пакет ProteinScape 2 дает возможность обра-

батывать самые сложные протеомные данные, обеспечивая прекрасное представление и предоставляя непревзойденную по объему базу данных.

# Протеомика на кончиках Ваших пальцев

ultrafleXtreme вместе с ProteinScape способен проанализировать 7000 пептидов методом тандемной масс-спектрометрии менее чем за 8 часов. Это означает, что 4,1 сек затрачивается на один MS/MS спектр. Таким образом, более 700 белков были идентифицированы с FDR 1% в ходе нано-LC-MALDI экспериментов. На этом примере показано, как ProteinScape организует все данные и осуществляет интуитивную и исчерпывающую оценку данных.



ProteinScape 2 идеален для демонстрации и валидации LC-MALDI экспериментов: 707 белков идентифицировано за один цикл анализа 500 нг лизата E. coli методом нано-LC-MALDI.

## Скорость и чувствительность для определения биомаркеров

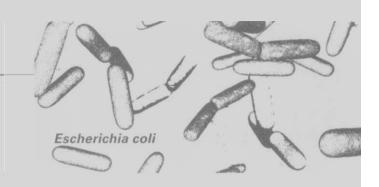
### LC-MALDI всегда с максимальной скоростью

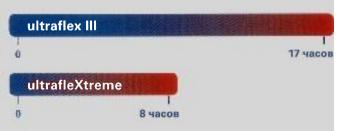
ultrafleXtreme обеспечивает выдающуюся производительность даже при самых малых временных промежутках для сбора данных. Чтобы обеспечить максимальную чувствительность при каждом цикле LC-MALDI используется запатентованный источник ионизации Perpetual<sup>TM</sup>, который самоочищается с помощью IR-лазерного луча всего за несколько минут.

# Полная интеграция систем компании Bruker

ВЭЖХ система без деления потоков EASY-nLC $^{\text{ТМ}}$  с минимальным расходом растворителей и коллектор фракций PROTEINEER fc  $II^{\text{ТМ}}$  оптимально составляют LC-MALDI. Они полностью интегрированы с программным обеспечением Compass и обеспечивают надежную и достоверную пробоподготовку.

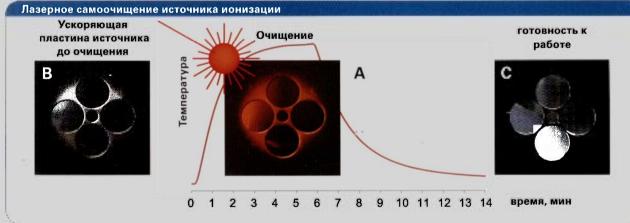
Патентованная система Anchor Chip™ (PAC) увеличивает чувствительность еще в 10 раз и делает ненужным добавление матрицы или калибровочных стандартов. Одноразовые РАС-мишени не подвержены эффекту памяти, что делает достоверность при идентификации белков и их количественном анализе максимальной.





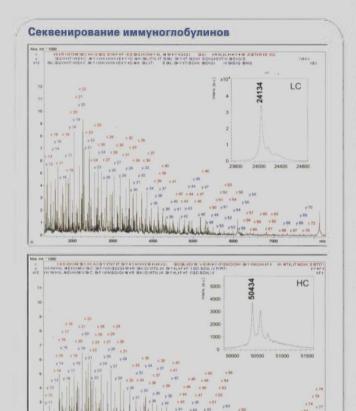
Более 700 белков из лизата *E. Coli* идентифицировано (FDR 1%) на ultrafleXtreme, причем время сбора данных в ходе LC-MALDI анализа уменьшилось.





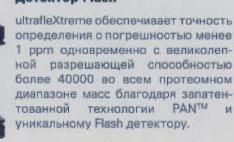
Источник ионизации MALDI Perpetual™: запатентованный источник ионизации MALDI автоматически очищается лазером в течение нескольких минут. Уникальный процесс очистки лазером без остатка удаляет все MALDI матрицы. Температурный профиль экстракционной пластины в ходе процесса очищения (рис A). Ускоряющая пластина до (рис B) и после (рис C) процесса очищения лазером.

# Высочайшее разрешение и непревзойденное качество



MALDI Top-Down секвенирование восстановленных легкой (LC) и тяжелой (HC) цепей IgG. N-Концевой остаток Calling N- and C-terminal Protein Sequences пироглутаминовой кислоты найден в тяжелой цепи IgG и with High Confidence and Speed: MALDI-TDS определена гетерогенность в результате гликозилирования, applied to the ABRF-ESRG 2009 Research Более чем 130 аминокислотных остатков можно определить в концевых последовательностях, сохраняя при этом изотопное разрешение.





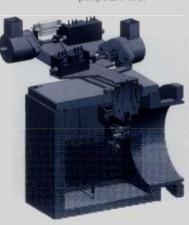
Top-down стратегия секвенирования для наиболее качественного и полного определения последовательности

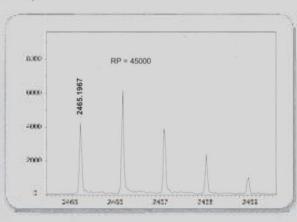
ultrafleXtreme имеет несравненные возможности для Top-Down секвенирования (TDS): прямое секвенирование и идентификация интактных негидролизованных белков. Определение N- и C-концевых последовательностей и таких модификаций, как гликозилирование и присоединение PEG (полиэтиленгликоль), также возможно с помощью ultrafleXtreme.

MALDI-TDS - это новейшая прогрессивная технология секвенирования белков, которую можно использовать в биотерапии, биологии и других родственных отраслях науки. Среди других сфер применения массспектрометра можно упомянуть дифференцирование изоформ белков, картирование доменов и мониторинг протеолитического процессинга in vivo и in vitro.

Специальные решения для Top-Down секвенирования (TDS) вместе с соответствующим программным обеспечением Biotools 3.2 позволяют легко считывать информацию TDS автоматической записи спектров.

Более подробно: Application note MT-96: Study.





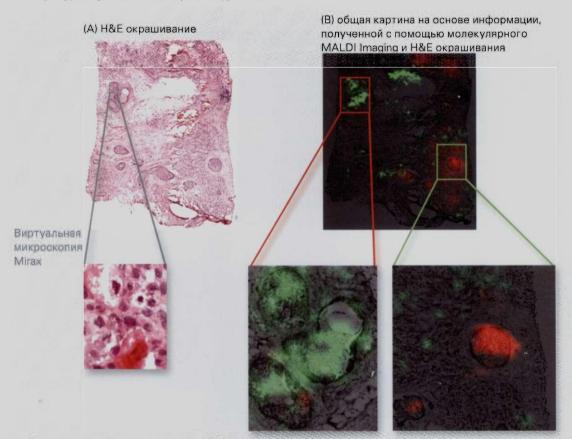
### Молекулярная гистология

### Молекулярная гистология, объединенная с виртуальной микроскопией

Новое интегральное решение предоставляет полную молекулярную информацию для гистологии. Система позволяет получить прямое перекрывание микроскопической картины с полной молекулярной и спектральной информацией в одной подходящей программе визуализации, обеспечивая точную молекулярную гистологию. Запатентованные технологии smartbeam- $II^{TM}$  для наилучшего качества спектров при высочайшей скорости и прекрасном пространственном разрешении, Image-Prep<sup>TM</sup> для простой и воспроизводимой

пробоподготовки и полностью интегрированное программное обеспечение flexImaging превратили MALDI Imaging в надежный, воспроизводимый и простой в использовании метод исследования.

В настоящее время полная интеграция виртуальных слайдов Mirax Scan (Zeiss) позволяет специалистам оценивать полученные результаты непосредственно в гистологическом контексте с учетом данных оптической микроскопии при полном пространственном разрешении и молекулярной информации, полученной с помощью MALDI Imaging.



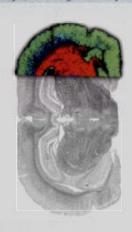
Два варианта визуализации тканей: оптический (A) и с помощью MALDI (B) после биопсии опухоли груди человека. Несколько ответвлений карциномы in situ (CIS) присутствует в ткани. Два молекулярных сигнала (показаны красным и зеленым цветом) позволяют детектировать подгруппы CIS и сделать точную локализацию CIS в двух визуальных вариантах (верхнее, центральное и нижнее изображение). Интегрированная виртуальная микроскопия Mirax (Zeiss) позволяет получить эти результаты непосредственно на морфологическом уровне. Образцы были любезно предоставлены доктором А. Walch из Центра Гельмгольца (г. Мюнхен, Германия).

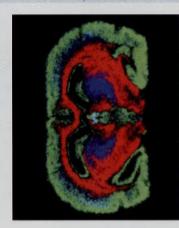
## MALDI Imaging с высоким разрешением и скоростью

Необходимое условие для визуализации высокого разрешения - надежная долговременная работа лазера. Компания Bruker решила эту проблему, создав лазер smartbeam II. Кроме того, надежная производительность системы  $(1 \ \kappa \Gamma \mu)$  в течение всего времени получения и обработки данных требуется для того, чтобы наиболее эффективно использовать мощный лазер для получения качественного молекулярного изображения с высокой производительностью.

Уникальный лазер smartbeam II с фокусным расстоянием 10 мкм дает молекулярные изображения тканей с разрешением на уровне одной клетки.

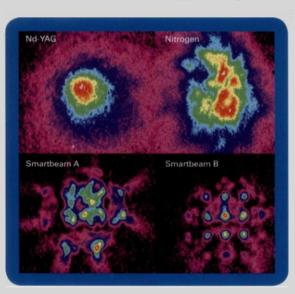
Преимущество при сканировании с частотой лазера 1 кГц



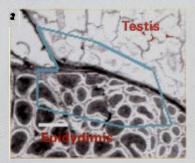


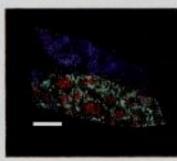
Результат полученный на ultrafleXtreme с частотой лазера в 1 кГц (справа) по сравнению с результатом, полученным при классической частоте 200 Гц (слева) с разрешением 2 пиксела/сек. Образец представляет собой 10 микронный срез мозга мыши. Изображение MALDI наложено на уже просканированное изображение ткани по прошествии такого же времени анализа.

Изображение липидов в яичках крысы. Латеральное разрешение 20 мкм, шкала 500 мкм. Видно, что выбранные липиды специфически распределяются в яичках (синий цвет, m/z 782,5), в стенках канальцев (зеленый цвет) и в сперматозоидах (красный цвет) в придатке яичка. Слева приведено оптическое изображение с отмеченным исследованным участком.



### Визуализация липидов





#### smartbeam-II

Дальнейшее совершенствование лазера smartbeam привело значительному увеличению производительности. В настояще время можно достичь частоты импульсов до 1000 Гц с помощь модулирования профиля луча (A, B). Лазер smartbeam совершає большое количество выстрелов в идентичные положения (точк для получения 30 и более MS/MS спектров.

Более подробно: Holle et al. (2006). Optimizing UV laser focus profiles for improved MALDI performance J. Mass Spectrom. 2006; 41: 705–716

## Технические характеристики

### Новый уровень MALDI TOF/TOF систем

- Лазер smartbeam-II™ с частотой 1 кГц обеспечивает ультравысокую скорость сбора данных как при MS, так и при MS/MS экспериментах.
- Диаметр фокуса лазера составляет около 10 мкм, что дает высокое разрешение изображений без пиксельного перекрывания.
- Запатентованная технология PAN<sup>™</sup> позволяет работать в широком диапазоне масс до 40000.
- Детектор Flash™ в сочетании с новым аналого-цифровым преобразователем со скоростью в 4 ГГц обеспечивает точность определения масс до 1 ppm с высочайшей достоверностью.
- Источник ионизации MALDI Perpetual™ оснащен лазером для самоочистки в течение нескольких минут. Концепция удаления образца и фрагментов матрицы одним нажатием кнопки незаменима при частоте в несколько кГц.

### Программное обеспечение Compass

- FlexControl для быстрого и простого управления прибором
- FlexAnalysis для автоматического интерактивного анализа данных

Дополнительные программные пакеты:

- ВіоТооІѕ™, современная программа для анализа белков
- WARP-LC™, программа для LC-MALDI и количественного анализа белков
- flexImaging™, программа для приложений MALDI Imaging
- PolyTools™, программа для интерпретации MALDI спектров полимеров
- ProteinScape<sup>™</sup> для управления проектами в протеомике
- Модуль Compass Security Pack, обеспечивает соответствие 21CFR часть 11

#### Возможности сервисной поддержки

- Расширенные возможности самодиагностики
- Возможность удаленного on-line сервиса
- Доступны дополнительные процедуры IQ/OQ/PV
- Индивидуальные контракты на сервисное обслуживание

For research use only.

Not for use in diagnostic procedures.





000 "Брукер"

г. Москва, Ленинский проспект, д. 47 Тел. +7 (495) 502-9006 Факс +7 (495) 502-9007 ms@bruker.ru



**Bruker Daltonik GmbH** 

Бремен · Германия Тел. +49 (421) 2205-0 Факс +49 (421) 2205-103 sales@bdal.de