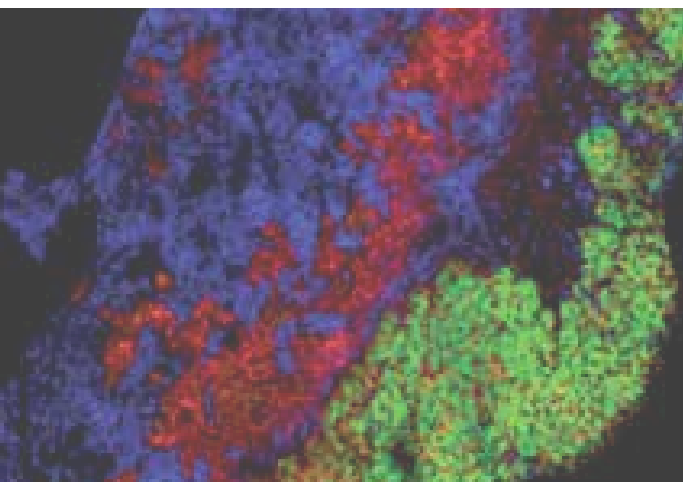




ultraflex^{treme}

● 超越想象

开拓 MALDI-TOF 应用新领域



ultrafleXtreme™ 是布鲁克经典的 MALDI-TOF 质谱仪，具有卓越的性能和全面的功能，被广泛用于科研学术和工业分析领域。

一系列新技术和专业软件的应用，使 ultrafleXtreme™ 的应用范围不仅超越了常规蛋白质组学研究，而且拓展到生物药品的深入解析、基于快速组织成像技术的生物标志物发现和糖蛋白质组学等多种研究领域。

MALDI 分子成像 —— 来自技术引领者的完整分子组织学解决方案

- Top-Down 生物标志物发现
- 全新的 Bottom-Up ImageID™ 工作流程，既能对蛋白定位，又能鉴定蛋白，并且扩展到 FFPE 组织和大蛋白分析
- 增强的数据采集速率和仪器稳定性，适合于大规模高通量研究分析

蛋白质组学和糖蛋白质组学 —— 扩展研究领域的超强能力

- 一体化的液质联用和二维凝胶电泳工作流程
- 标记和非标记的 Top-Down^[1] 和 Bottom-Up 定量技术
- 糖蛋白质组：GlycoQuest™ 高通量自动分析蛋白糖链结构

生物医药 —— 前所未有的 MALDI-TOF 技术直接确定完整蛋白分子量和蛋白序列

- 全新的多价态分析，准确测定完整蛋白分子量
- 信息量丰富的快速蛋白测序
- 副产物及末端多样性分析
- 聚乙二醇化蛋白的分析

糖蛋白分析 —— 新一代生命科学前沿尽在掌握

- 完全糖链分析解决方案
- 确定混合样品中的 N-糖肽
- 通过糖肽在 MALDI-TOF/TOF 谱图中呈现的独具特征的 MS/MS 二级碎片离子谱峰，结合 GlycoQuest 自动化糖链数据库搜索，完美实现糖肽结构解析。

MALDI Biotyper —— 微生物快速鉴定方法

- 细菌鉴定
- 酵母和真菌鉴定
- MALDI Sepsityper 试剂盒，30 分钟之内即可快速鉴定血液培养阳性样品中的细菌和真菌

● 前所未有的灵活性

完整蛋白准确分子量分析 —— 让生物药鉴定技术更加完善

- 利用多电荷峰，使所测定的蛋白分子量的质量准确度提高近 100 倍，误差在亚 ppm 级范围
- 布鲁克采用 DHAP 基质，使蛋白产生多价态离子，有利于 Top-Down 分析
- 高性能快速检测器 FlashDetector™ 大大提高完整蛋白的分辨率

Top-Down 蛋白序列分析的金标准

- BioPharma Compass 软件快速自动生成蛋白 QC 报告
- 专利的 T³ 序列分析技术可以直接确定 N- 端或者 C- 端序列^[2]
- 根据碎片离子的单同位素峰的质量，从 N- 端或 C- 端起始可以测出多达 90 个氨基酸的单同位素质量序列^[3]

高清晰度的 MALDI 成像技术

- 从样品制备到分子组织学整个流程的各个步骤，从数据的深度处理到自动化组织分类，布鲁克在 MALDI 成像技术方面始终保持创新领先。
- 适用于 FFPE 组织和大蛋白分析：全新的专利 ImageID 工作流程能够实现组织样品中多达 80% 的可检测多肽的鉴定和定位分析
- 2 kHz FlatTop smartbeam-II™ 激光器用于非破坏性的组织分析，能够实现相同组织切片间高分辨病理组织学分析的完美关联
- 业界领先的 10μm 激光聚焦直径和真正的高清技术确保 MALDI 成像的超高清晰度
- 专利的 smartbeam 激光技术确保蛋白成像图谱的空间高分辨和最佳对比亮度

目标蛋白定量技术

(变异系数 CV 值 1-2%)^[4]

- 无需 HPLC 分离，MALDI-TOF 可以实现最快的分析速度和最高的质量准确度

LC-MALDI —— 蛋白质组和糖生物学研究的主力军

- smartbeam-II 激光能够对每个液相馏分采集最大数目的 MS/MS 谱图
- AnchorChip™ 技术提供高灵敏度。目前可以提供 1536 个点样孔的靶板
- 市场领先的质量分辨率和质量准确度
- ProteinScape™ 软件功能满足所有蛋白质组学及糖蛋白质组学研究工作的需要
- GlycoQuest 软件实现糖链和糖肽的直接分析

详情请参考文献 

- [1] Maltmann DJ *et al.* Proteomics. 2011;11(20):3992-4006.
- [2] Suckau D, Resemann A. Anal Chem. 2003;75(21):5817-24.
- [3] Resemann a *et al.* Anal Chem. 2010;82(8):3283-92.
- [4] Anderson NL *et al.* J Proteome res. 2012;11(3):1868-78.



Bottom-Up 蛋白质组分析的绝佳性能

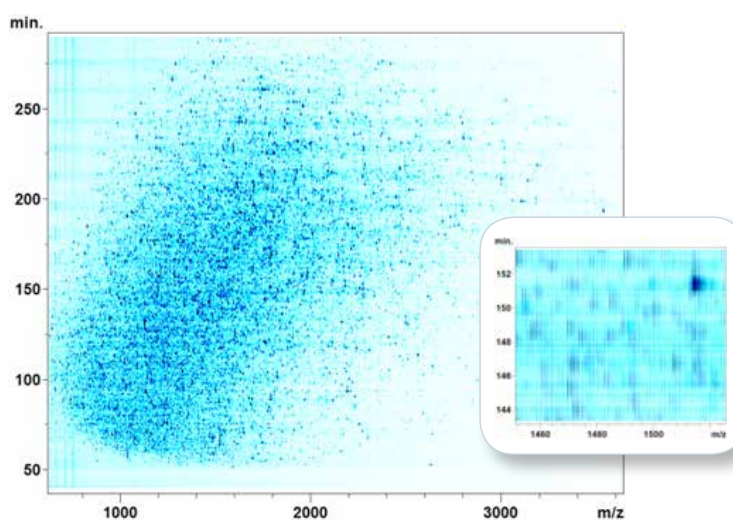
ultrafleXtreme 完善功能前所未有地涵盖蛋白质组研究的各个领域，卓越的尖端性能使得 Bottom-Up 蛋白质组学的研究尽在掌握中。

布鲁克拥有二十五年的生命科学研究经验以及与 HUPO/PSI 标准兼容的卓越生物信息学分析技术，能够帮助您轻松将 MALDI-TOF/TOF 数据变成科学文章。

转瞬之间，完成蛋白质的定性、定量和表征

无论是通过高通量的二维电泳分离，还是通过标记或者非标记液质分析技术的 Bottom-Up 蛋白质组分析，ProteinScape 软件都能够帮助您完成海量数据采集、分析、合并以及深度挖掘，并输出完美的分析报告。

一流的 LC-MALDI 结果



5 μg HeLa 细胞酶解产物即可鉴定出 2890 个蛋白

即便是最复杂的 Bottom-Up 蛋白质组分析，也能获得一流的 LC-MALDI 结果

5 μg HeLa 细胞酶解产物

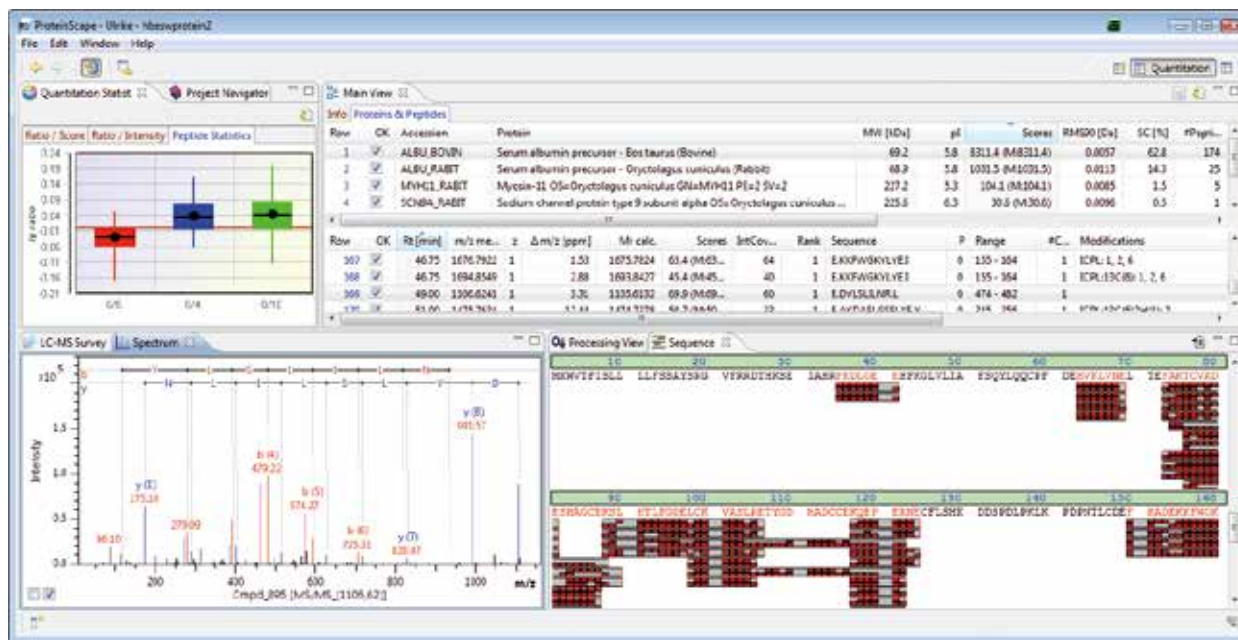


- 可鉴定出 2890 个蛋白 (肽段假阳性率小于 1%)
- 11960 个图谱匹配
- 38% 的图谱鉴定率



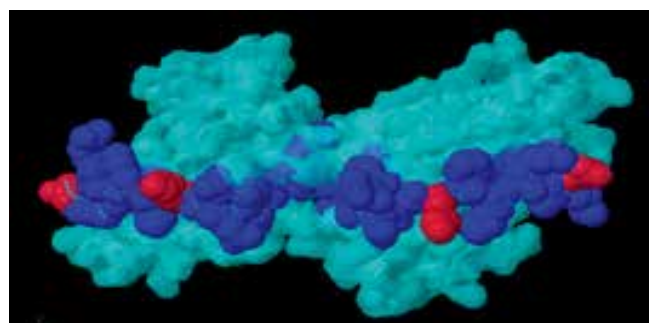
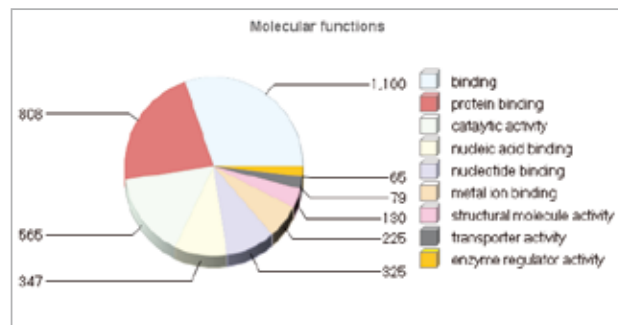
蛋白 ESI 鉴定流程的
绝佳互补手段

瞬间实现蛋白鉴定，结构解析以及蛋白定量



ProteinScape 软件包 —— 从数据到信息

- 不同来源的数据如多种酶解处理、标记或者非标记定量、ESI 或者 MALDI 等，都能整合为可信的非冗余蛋白信息
- 仅需几次轻点鼠标，就能轻松将不同研究项目的结果进行比较
- 直接获取网络信息，例如 Gene Ontology (GO) 信息资源和蛋白质三维结构 PTM 分布

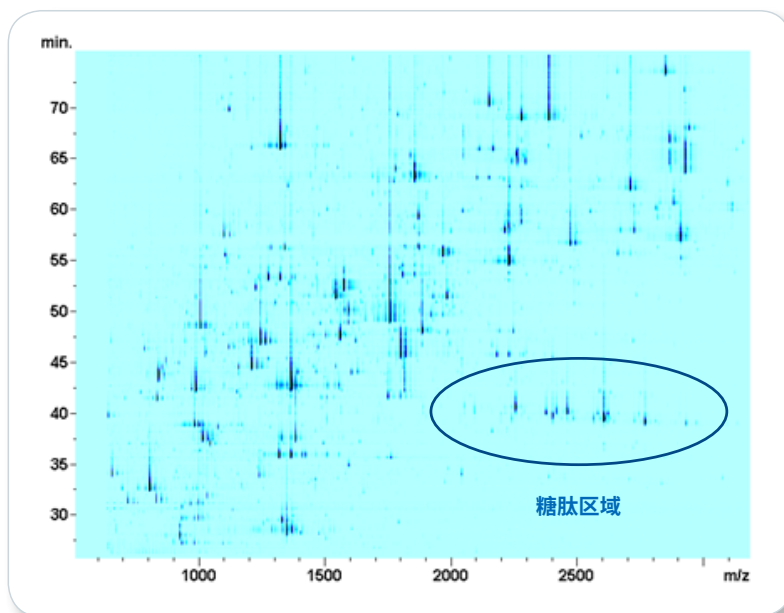


跨越下一个研究前沿 —— 糖蛋白质组学

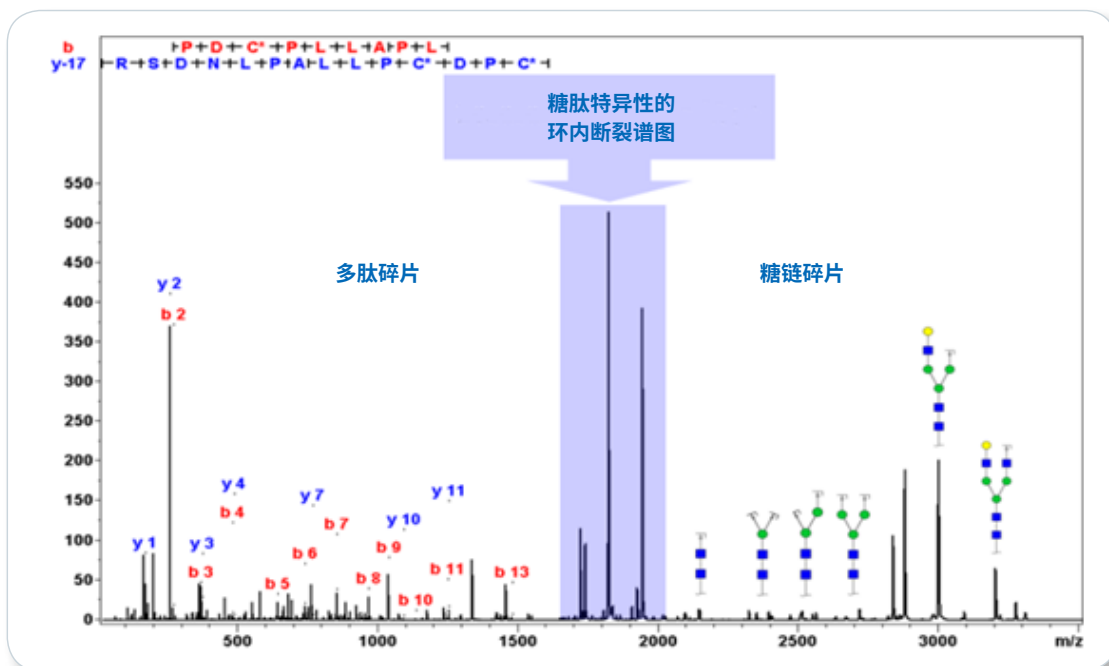
掌握全部信息

N-糖肽的 ultrafleXtreme TOF/TOF 质谱图中同时包含有寡肽和寡糖链信息。ProteinScape 软件包利用 N-糖肽的特异性环内断裂产生的特征峰，判断糖苷配体及糖链分子量，并结合数据库搜索最终同时确定肽链的序列和糖链的结构。

特异性的糖残基断裂信号，有助于从复杂的细胞裂解物样品中快速过滤掉非糖基化肽对糖肽的干扰。结合 GlycoQuest 搜索引擎，ProteinScape 软件包实现糖链结构数据库搜索。

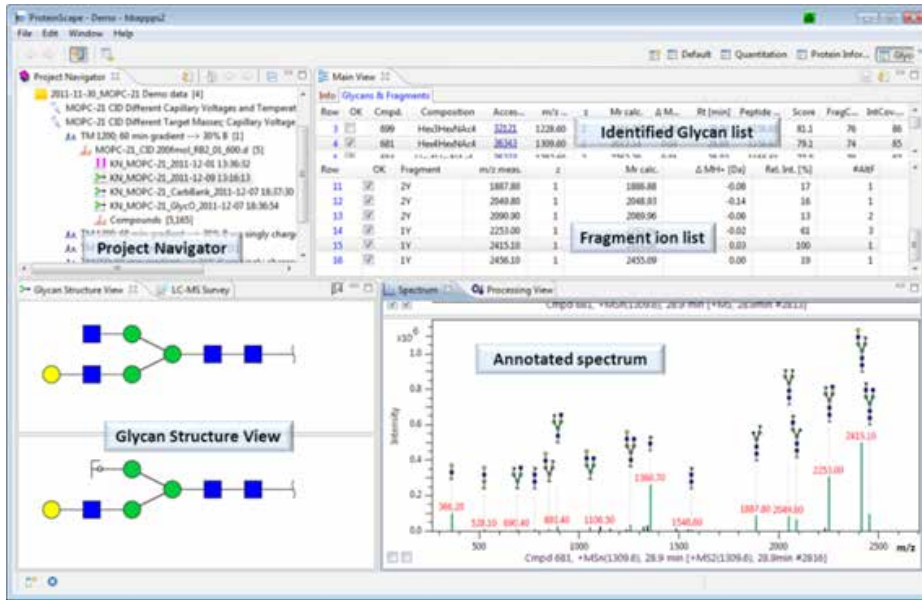


人抗体酶解产物的 LC-MALDI 分析结果。可以清晰地找到糖肽区域和相应的质谱信息。



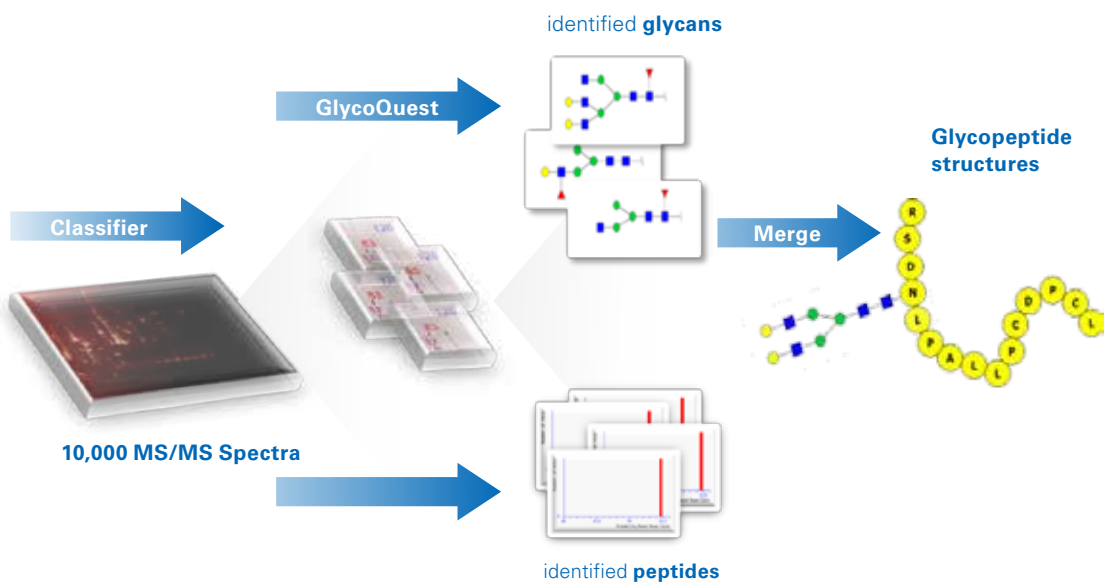
ProteinScape 软件包自动鉴定糖肽。仅一张糖肽 TOF/TOF 质谱图就能够确定其肽段的序列和糖链的分子量。谱图中已标注肽链的序列和糖链的结构组成。

利用串联质谱结果，简捷全面的鉴定蛋白，解析糖链结构



ProteinScape 软件包分析糖蛋白实例。LC-MS/MS 检测到所有糖肽，并通过 GlycoQuest 搜索糖链。图中显示的是某个可能的结构及其对应的 MALDI-TOF/TOF 谱图。必要时可进行进一步手动核实。

抗体 N-糖链结构解析



布鲁克 ProteinScape 软件包能够识别糖肽在 MALDI-TOF/TOF 谱图中的特异性碎片特征，从而用 GlycoQuest 和 Mascot 分别对糖链和多肽序列进行数据库搜索并鉴定。通过信息整合，ProteinScape 最终对整个糖肽进行结构注释。

从组织生物标志物的发现 ...

MALDI 成像正在逐渐成为分子组织学和病理组织学研究必不可少的手段，从高分辨成像，到大规模统计学分析，以及生物标志物的发现和鉴定。

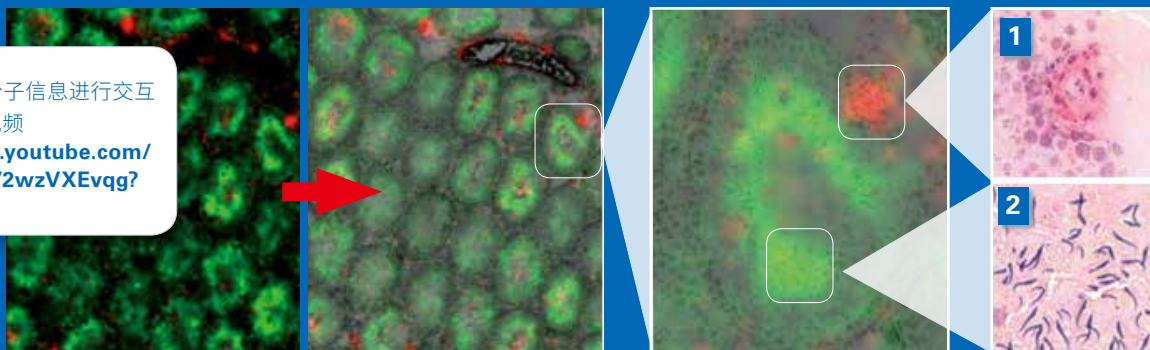
布鲁克 MALDI 分子成像解决方案不仅能够提供稳定且质量可控的组织制

备方法，而且能够将经典的病理组织学结果和分子成像结果完美结合。适合临床研究的独一无二的专利软件和技术是发现生物标志物的强有力工具。

ultrafleXtreme 是 MALDI 成像研究必不可少的重要工具。

空间分辨率为 20 μm 的大鼠睾丸成像

对组织学和分子信息进行交互探索，查看视频
<http://www.youtube.com/watch?v=YV2wzVXEvg?hd=1>



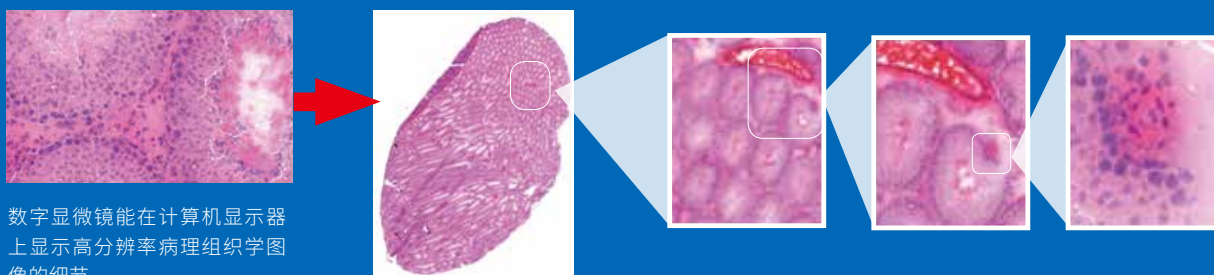
空间分辨率 20 μm 的大鼠睾丸 MALDI 成像。以突出不同特征的两个分子信号为例。

布鲁克 flexImaging 软件能够实现 MALDI 分子成像图与虚拟图像的交叉叠加和融合。

更高分辨率下，病理组织学特征可在虚拟切片图像中观察到。

在全分辨率的图像中可以观察到毛细血管 (1) 和成熟精子细胞核 (2)，由此可以证实病理组织学特征与分子成像的相关性。

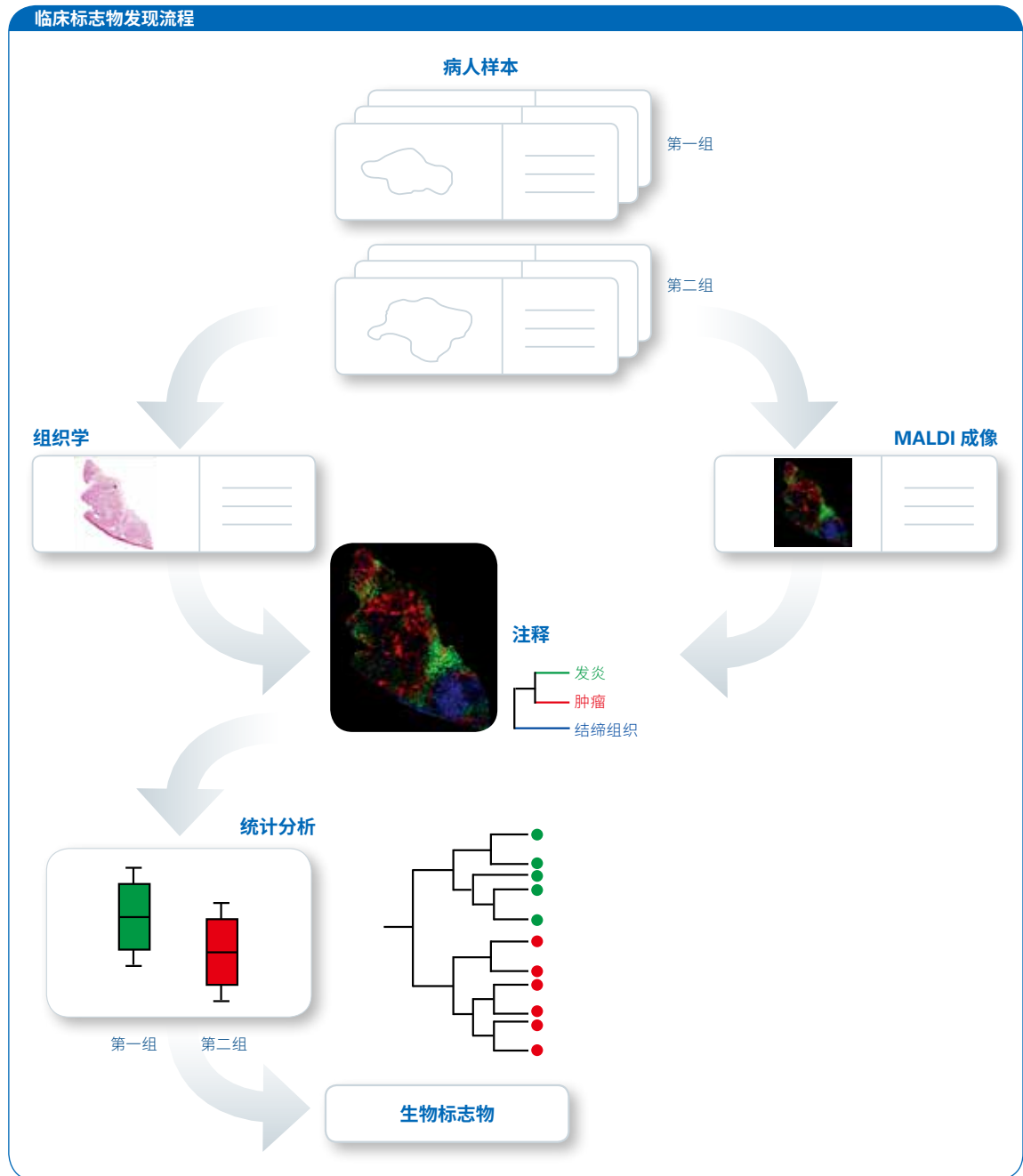
虚拟显微图像



数字显微镜能在计算机显示器上显示高分辨率病理组织学图像的细节

MALDI 成像数据与其它图像 (比如病理组织学染色) 的比对可作为结果解释的重要依据。布鲁克专利的可视化显微成像技术解决方案为不同模式图像的融合提供了极大的便利。

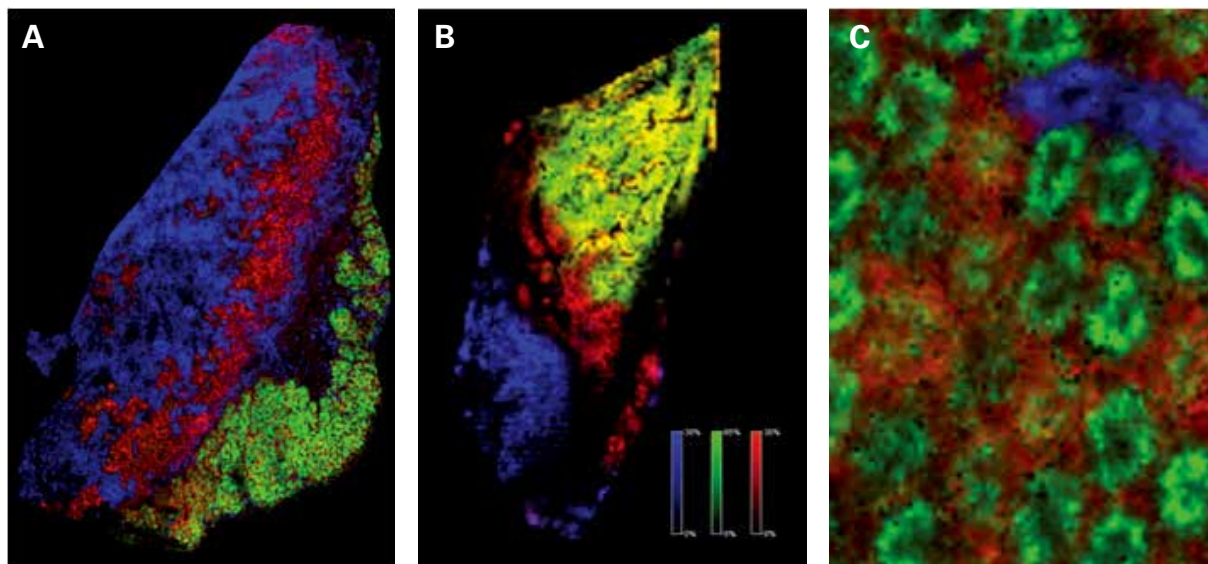
临床标志物发现流程



从优质的图像到发现真正的生物标志物 —— MALDI 成像非常适合组织样品生物标志物分析。布鲁克特有的软件包支持包括统计分析在内的整个实验流程。而且 MALDI 成像数据统计分析的综合性生物信息学工具，如分级群聚，主成分分析（PCA）和概率潜在语义分析（pLSA）等将进一步便利数据的挖掘。

... 到鉴定和验证

MALDI 成像适用于多种研究领域，如临床样本、植物材料和动物组织等。



A: 人膀胱癌样本; B: 大麦种子; C: 大鼠睾丸

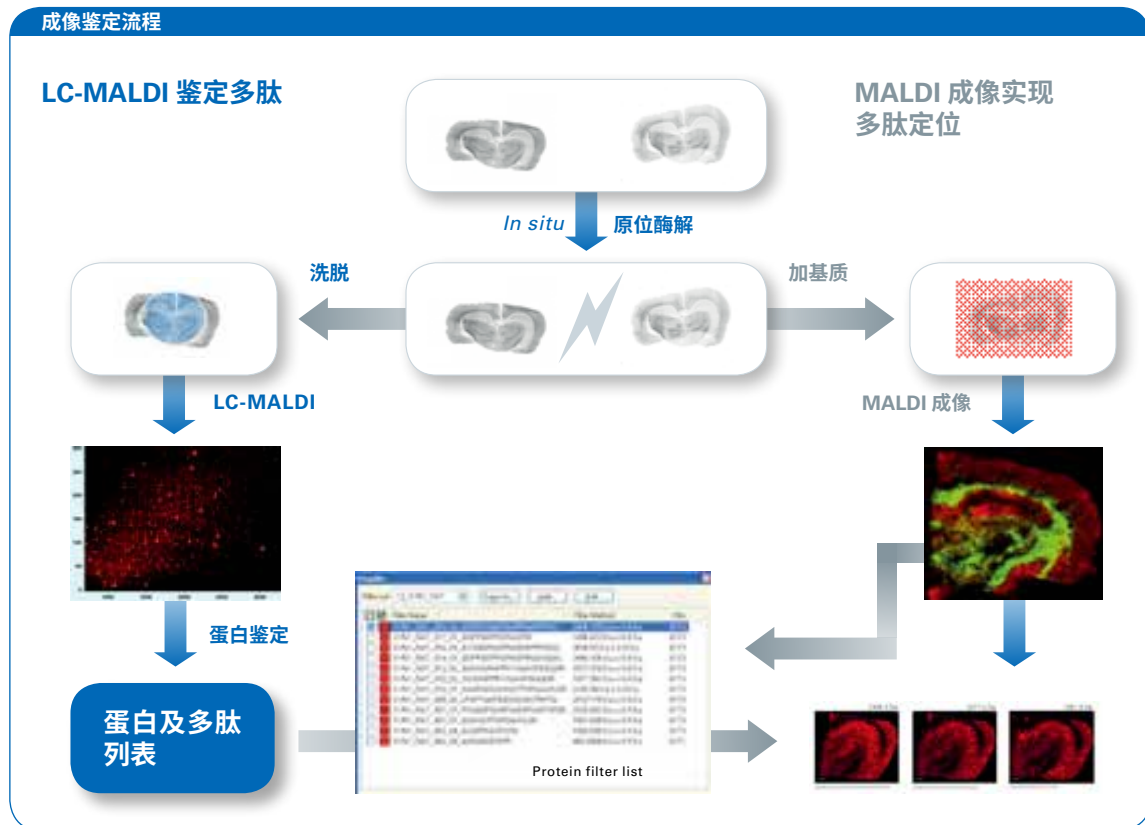
潜在生物标志物的鉴定十分重要，这有助于对结果的验证和将 MALDI 成像发现的生物标志物转变为后续的临床过程，如治疗预后或者生存期预测等。Top-Down 技术发现和鉴定生物标志物已有成功例证*。

除此之外，ImageID 流程也可以检测和分析福尔马林固定组织中的高分子量蛋白。这种 Bottom-Up 策略有机地整合了组织表面酶解产物的高分辨图像与经典的 LC-MS/MS 鉴定方法。

* 详情请参考：

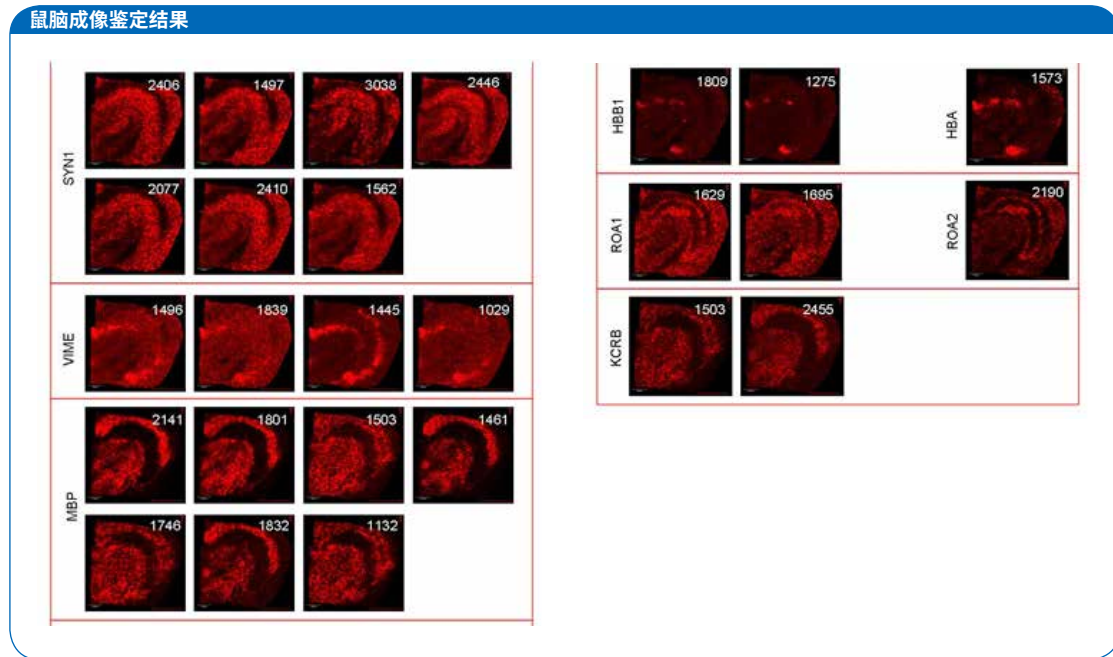
Lemaire 2007 Reg- α_2 , Hanrieder 2011 S100-A10, Hardesty 2011 S100-A6, Nipp 2011 S100-A6/10, Meistermann 2006 TrT, Rauser 2010 CRIP1, Lagarrigue 2011 Thym β , LCFA-CoA

成像鉴定流程

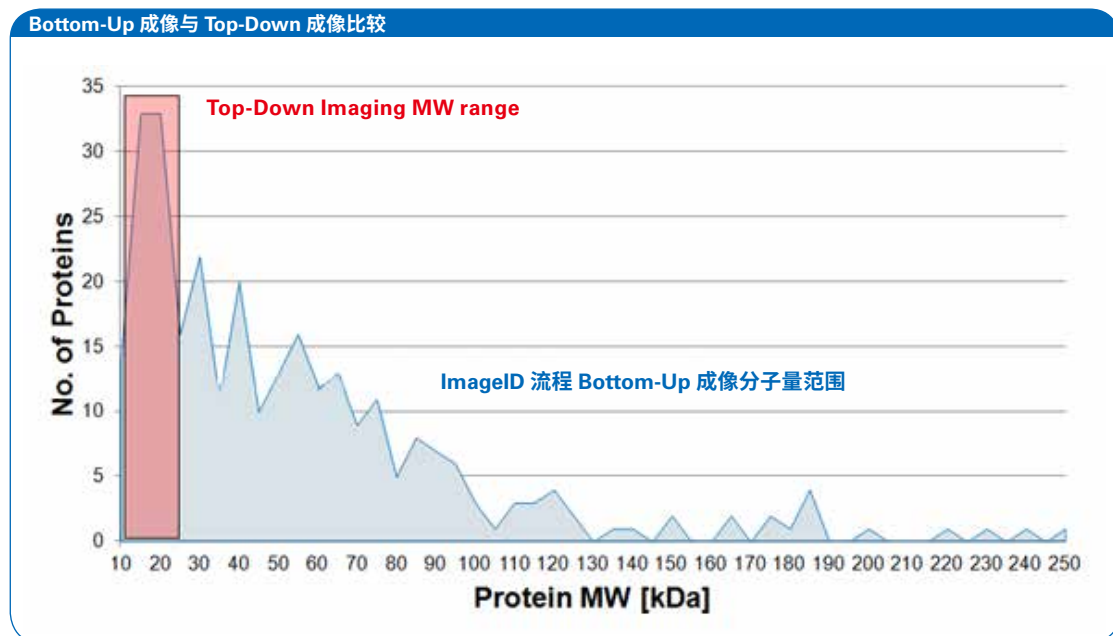


蛋白鉴定和蛋白分布信息可以通过平行处理同时获得。在组织表面实施胰酶酶解并不影响蛋白在组织上的分布。多肽成像(右图)与 LC-MALDI MS/MS(左图)鉴定的蛋白和多肽经过软件整合可获得蛋白分布图像。多肽成像中观察到的 80% 的多肽能被 LC-MALDI MS/MS 鉴定, 每张图像可获得 100 多个蛋白的定位信息。

ImageID 结果



高置信度多肽鉴定：同一蛋白的多肽显示出相同的空间分布



结合 ImageID 的 Bottom-Up 成像技术可将检测蛋白的分子量从 25 kDa 提高至 100 kDa，同时也适用于福尔马林固定交联组织的蛋白成像分析。

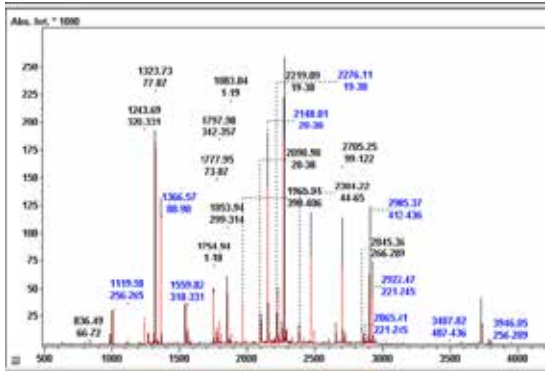
生物药品的表征

超快速确认 150 kDa 抗体产品 (MOPC21)

无需 LC 分离, 采用肽指纹图谱技术仅需 5 秒钟即可确定产物

质量准确度达 1 ppm, 分辨率高达 40,000 以上
即刻可见, 自动报告

5 秒钟分析



- MOPC21 IgG 胰酶酶解样品
- 超快速的产品确认

ProteinScape 能够快速整合多种数据, 实现序列的最大覆盖。BioPharma Compass 软件包全自动地实现数据采集、数据处理和报告生成。

自动化肽指纹图谱质量控制的批量报告结果

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
D	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
E	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
F	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	

用户可以根据需求调整序列覆盖度标准。

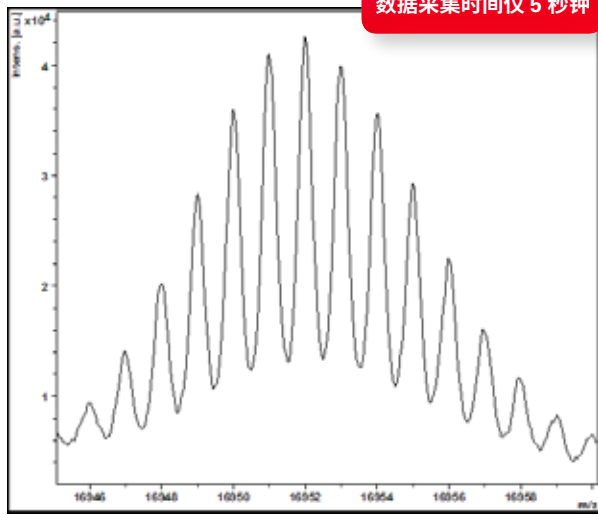
完整蛋白分子量分析

MALDI 完整分子量分析

完整肌红蛋白 (17 kDa)

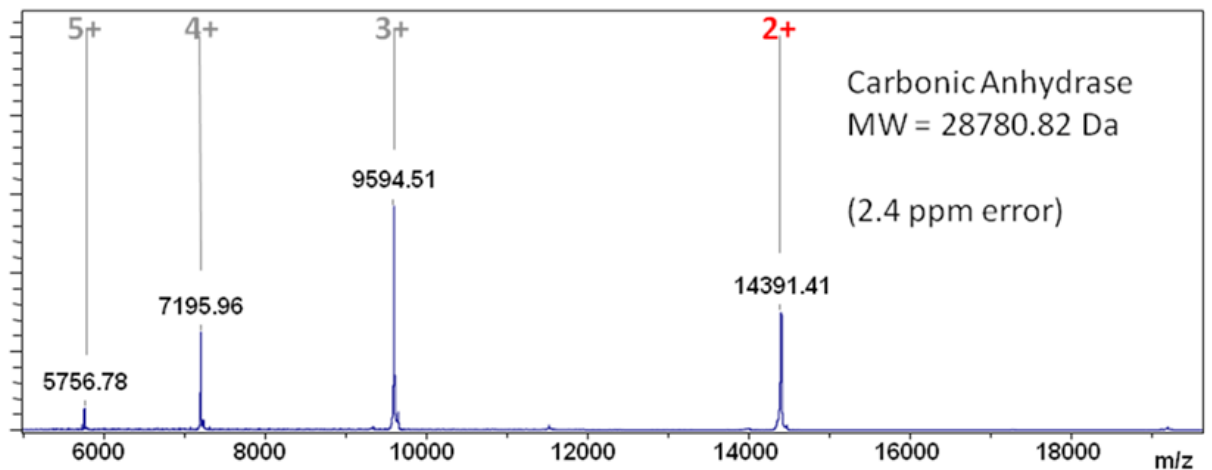
- 同位素分辨率高达 30 kDa

数据采集时间仅 5 秒钟



仅需 5 秒钟，即可确认产物或污染物是否存在。

双电荷离子超高准确度确定碳酸酐酶分子量



- 完整蛋白分子量测定，质量准确度误差小于 15 ppm
- 使用 DHAP 基质，产生多价态离子

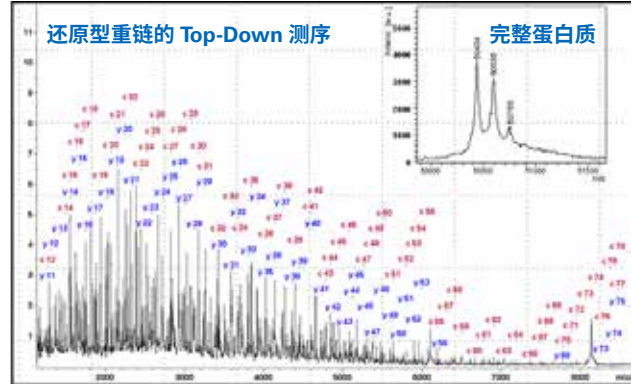
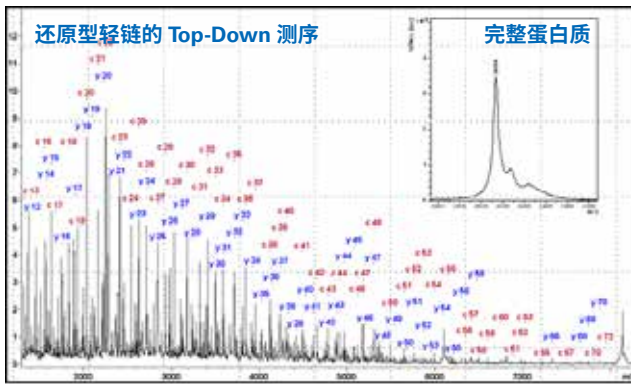
布鲁克 MALDI-TOF 的独特性能：全范围的高灵敏度、高准确度和高分辨率。

蛋白质的 N- 端和 C- 端测序

MALDI Top-Down N- 和 C- 末端测序

1 分钟的采集

仅需 0.10 美元的耗资



无需蛋白酶解，仅需 1 分钟，Top-Down 测序功能即可提供蛋白质的 N- 端或 C- 端的序列信息。布鲁克专利 T³- 测序技术能够进一步确定末端修饰。

IgG Top-Down 测序获得的鉴定信息



- 无需酶解，即可揭示糖链的不均一性
- 轻链和重链可确定 140 个以上氨基酸序列
- 确定 N- 端和 C- 端序列
- N- 端焦谷氨酰化
- C- 端赖氨酸丢失
- 可分辨同位素峰的 Top-Down 测序数据提高鉴定结果的可信度
- 自动采集数据并生成报告

技术指标

重新定义 MALDI TOF/TOF 质谱的性能

- 2 kHz 的 smartbeam-II™ 激光器，保证了超高的谱图采集速度
- 10 μm 的激光束直径，很容易实现高分辨率的图像采集
- 专利的 PAN™ 宽域离子聚集技术，可以在宽质量范围内达到高分辨率
 - 蛋白分子量测量的准确度达亚 ppm 级
 - 单同位素分辨率条件下，Top-Down 技术可稳定读取较长的序列信息
- 专利的 FlashDetector™ 检测器使质量准确度高达 1ppm，大大提高了鉴定的可信度
- 配有专利的红外激光的 Perpetual™ 离子源，可在 15 分钟之内完成离子源全自动清洗
- 布鲁克专供的 DHAP 基质，用于蛋白质 Top-Down 分析

可选的生物信息学软件包

- Biopharma Compass，用于生物医药分子的表征和质量控制
- flexImaging™，MALDI 分子成像的领先平台，配备增强的数据压缩功能
- ProteinScape™，用于蛋白质组项目的全面管理，具有业界唯一的糖蛋白质组学的搜索引擎 GlycoQuest™
- 蛋白分析和 Top-Down 测序技术的前沿工具
- PolyTools™，用于聚合物谱图的解析
- 支持多种数据输出格式，方便第三方软件数据处理

Support features 技术支持

- 全面的仪器自我诊断和软件升级检测
- 远程技术支持服务
- Compass Security Pack™：用于法规遵从
- 性能认证和质量保证
- 各种水平的维修合同

本产品仅用于研究，不能用于诊断过程

● 布鲁克（北京）科技有限公司

布鲁克官网：www.bruker.com

服务热线：800-819-0181

400-619-8961

咨询邮箱：marketing.bdal.cn@bruker.com



布鲁克质谱
官方微信