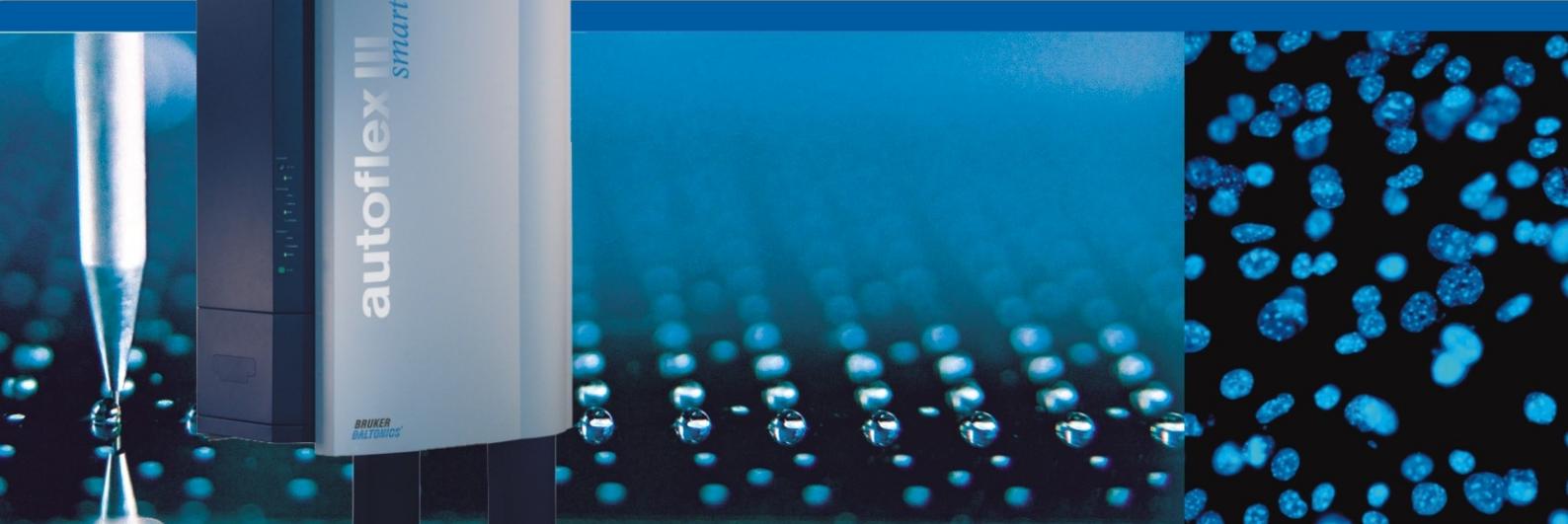




布鲁克·道尔顿
Bruker Daltonics



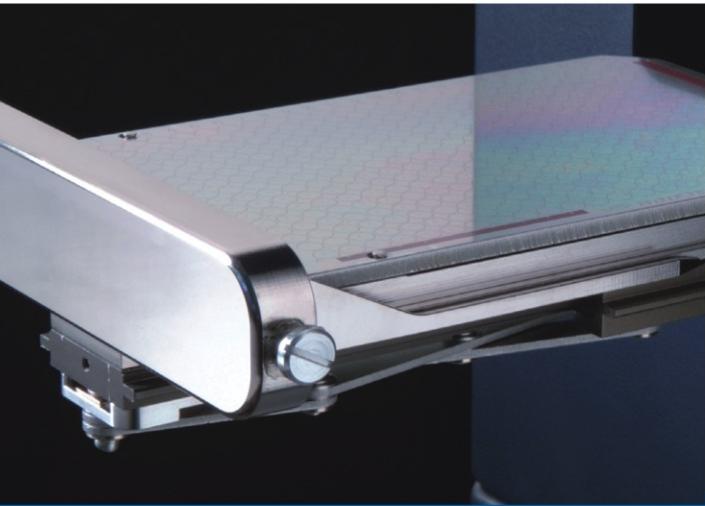
autoflex III smartbeam

- 全新的智能化MALDI-TOF & MALDI-TOF/TOF质谱仪

think forward

MALDI-TOF/TOF MS

无与伦比的设计



autoflex IIITM是行业领先的MALDI-TOF/TOF质谱仪，其高水准的性能超乎您的预期，让您在 LC-MALDI、MALDI分子成像、自上而下(Top-Down)测序蛋白质组学、定量蛋白质组学或者其他基于 MALDI-TOF 技术的科研应用上如虎添翼。



迎接您的挑战

无论是现在还是未来，业界领先的 autoflex IIITM具有足够的自信征服不同的质谱应用领域。

通用的分析平台

无论是现代生物标志物分析、深入的蛋白质组学研究还是采用同位素标记或非同位素标记的定量蛋白质组学都广泛涉及各种技术和应用方法，因而都需要一台能为各种需求提供可靠结果的仪器：autoflex III MALDI-TOF 和 TOF/TOF 质谱仪。

MALDI质谱技术的最新进展

唯一整合众多非凡技术从而具有超高性能的MALDI-TOF/TOF质谱仪

smartbeam™激光提供无可匹敌的 MALDI性能

smartbeam™激光最大限度地扩展了常规固态激光的应用范围。

- 与专利的预置基质AnchorChip™样品靶的完美结合
- 使薄层点样法获得最高的灵敏度
- 优化线性模式性能，有利于大分子蛋白质的检测
- 适用于各种基质(如DHB, SA)
- 反射模式下源内裂解(reISD)测序技术的应用
- 200 Hz的激光频率为高性能的MALDI分子成像和分类成像提供保障

PAN技术实现了宽质量范围的全景聚焦

由于采用了布鲁克公司专利的PAN™全景式宽质量范围聚焦技术，使得该仪器在非常宽的质量范围内都可获得极高的分辨率，且无需调整和改变仪器参数即可获得最佳的结果。因此，PAN技术的应用既可以提高蛋白质鉴定的分数，又可以提高蛋白质的序列覆盖率。

无网格离子光学系统打开自上而下(Top-Down)蛋白质组学之门

利用独特的源内裂解(reISD)测序技术，不需要酶解，就可很容易地进行蛋白质的部分序列分析。

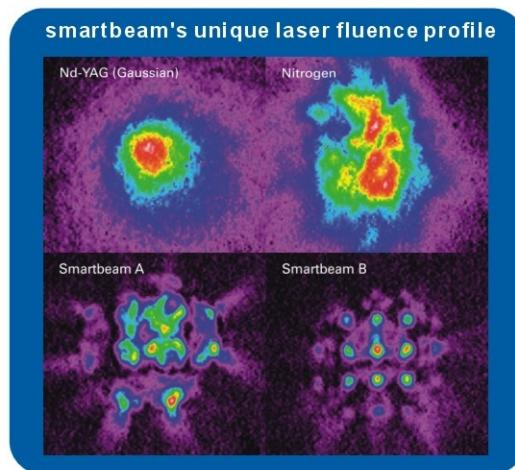
巧妙地将各种技术特点有机的结合起来是关键。将smartbeam™激光、PAN和无网格离子光学的精妙整合是autoflex III在ISD sequencing方面高性能的坚实基础。

smartbeam 激光技术

拓展了 autoflex III 的应用范围——从机器手自动薄层点样、测定大蛋白质和高分子化合物以及临床蛋白质组学等应用领域。与传统的200 Hz Nd:YAG激光相比，smartbeam激光技术显著地提高了仪器的灵敏度和分辨率。smartbeam激光技术将众所周知的氮气激光的优越性能和固体激光极高的稳定性进行完美整合。



smartbeam是完美的激光技术



激光束二维能量分布图。smartbeam技术通过调谐 Nd:YAG 激光束能量，从而超越氮激光。利用这一技术得到的离子信号对成像和表达谱应用方面尤其有益，同时极大地方便了自动化测样设置和日常工作。

最完美的结合

Nd: YAG激光产生的稳定的高斯分布激光光束波形会迅速耗尽样品，从而限制了信号强度。氮分子激光光束的波形则是波动的，然而因为其发射频率低和激光寿命比较短，只适合于低通量方面的应用。smartbeam激光技术完美的将氮分子激光的优异性能和 Nd:YAG 的高频率、长寿命等优点完美结合，因此，其性能远远超过其中任意一个。

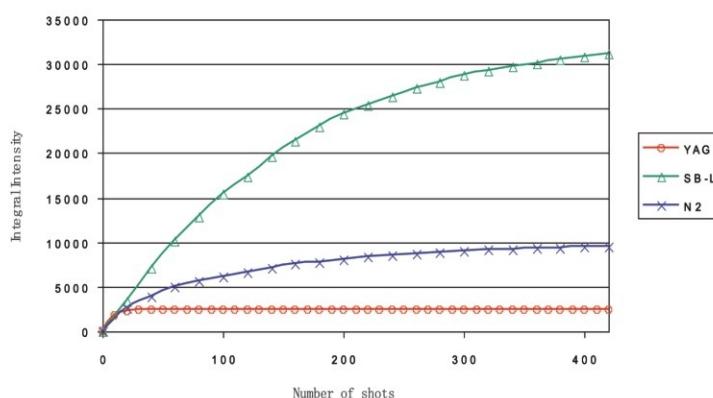
可调激光聚焦

smartbeam激光聚焦直径可通过计算机在10~80微米之间调整。这样，autoflex III 利用这一极小的激光束，在MALDI分子成像研究方面，可以得到最高像数分辨的组织分子成像。

可调激光频率

在1~200赫兹之间可调的激光频率确保对任何实验方法都能找到合适的样品采集速度和最大灵敏度的平衡点。

smartbeam delivers highest peak intensities



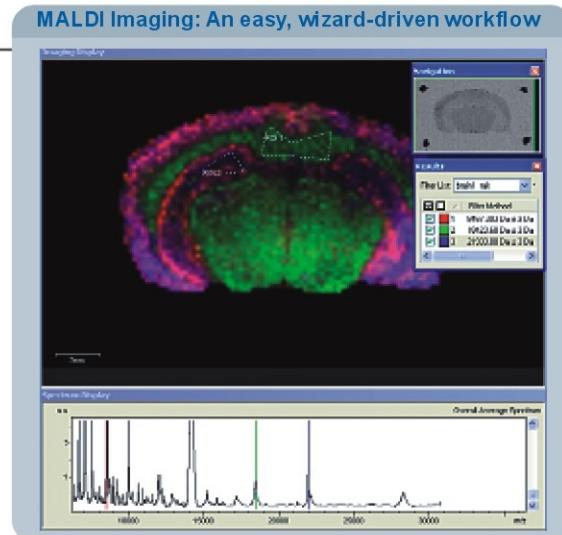
smartbeam激光技术的优势以激光照射次数为函数，对从一个激光照射点得到的单一分子量的峰强度积分作图。在经过数次激光照射后，由 smartbeam激光(绿色)得到的信号强度明显优于常规的氮气激光(蓝色)和Nd:YAG激光(红色)。

MALDI分子成像的最佳选择

分类成像: 从分子质量图像中发现生物标志物

分类成像利用多元统计分析，通过对 MALDI 分子成像中具有统计学意义的相关生物标志物可视化，从而提高 MALDI 分子成像的功能。

ClinProt 统计分析解决方案与 MALDI 分子成像分析软件整合为一体，能快速可靠地跟踪组织切片中多肽和蛋白质的分布。



聚焦直径可调 (10 ~ 80 微米) 的 smartbeam 激光，对组织切片样品表面得到的完美的细节和横向分辨的扫描图。FlexImaging 软件包用一个简单的工作流程引导用户一步步地进行数据采集和分析。

组织成像

MALDI 分子成像技术揭示了蛋白质、多肽和代谢产物在组织切片上的空间分布。一个组织切片的二维视图由各种各样的不同的色彩标记不同的质量信号构成，而每个点则代表了组织切片特定区域的质谱图。

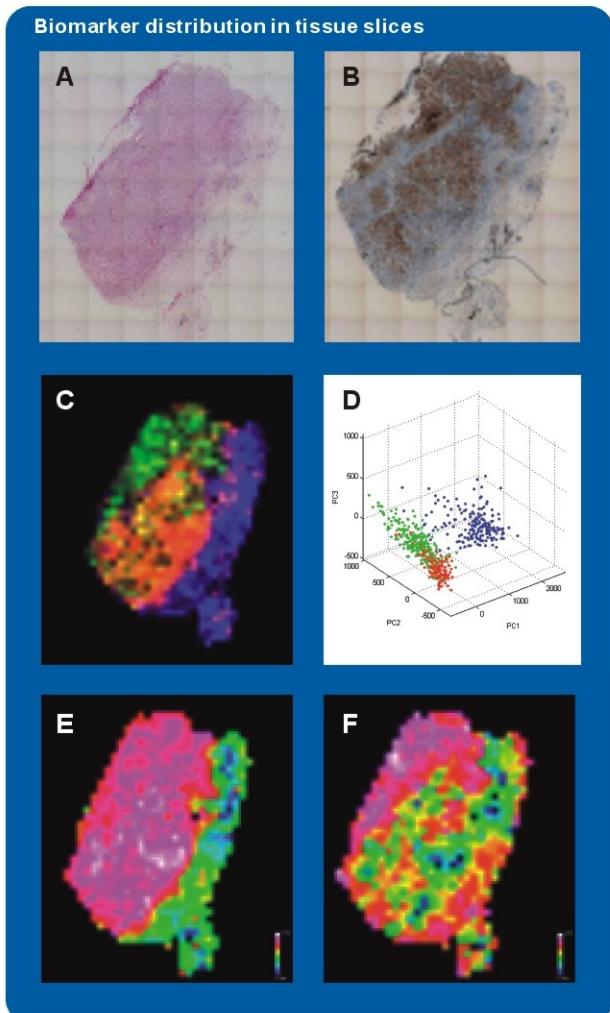
计算机控制的激光聚焦

autoflex III 的激光束直径最小可聚焦到 10 微米。采用这一聚焦直径极小并且频率在 1 ~ 200 赫兹范围内可调的激光束对组织样品进行区域扫描，可以获得极佳的灵敏度和分辨率。同时使用布鲁克独创的专利产品 ImagePrep™ 自动基质喷雾仪，可获得完美的组织样品分子成像的细节和横向分辨。

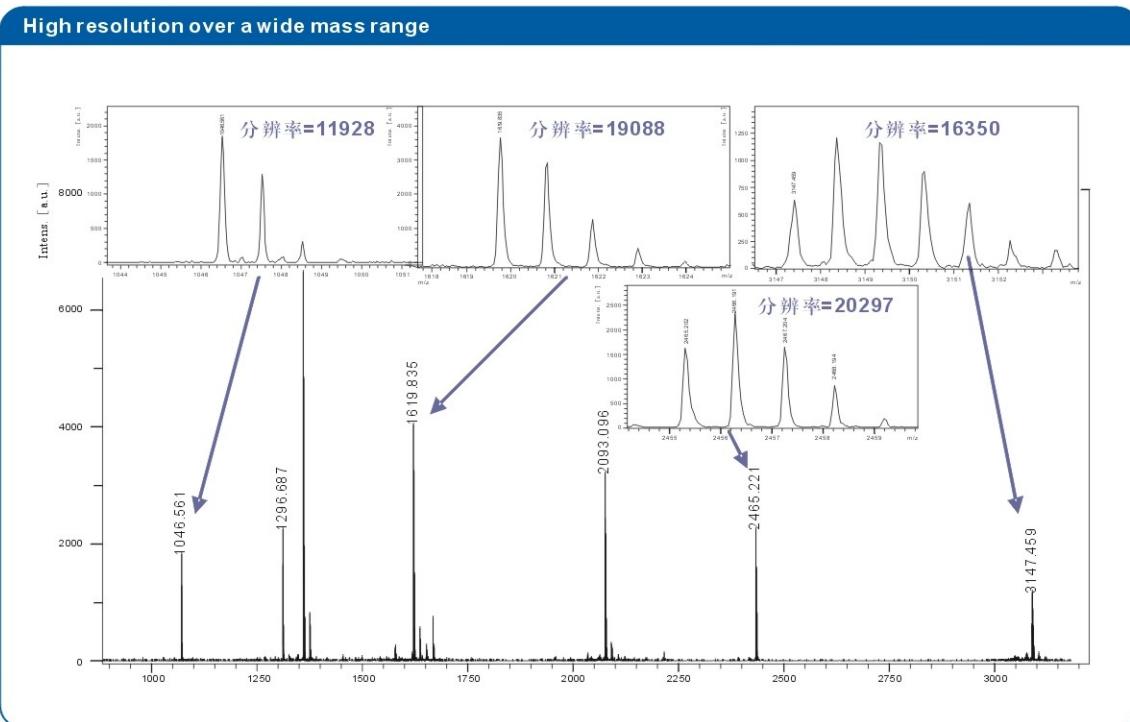
乳腺癌切片: MALDI 分子成像无监督主成分分析

- A 苏木素-伊红(HE)染色
- B HER2 免疫组化染色
- C MALDI 分子成像, 特定质量的分布
- D 主成分分析
- E 主成分1
- F 主成分2

样品由德国国家环境与健康研究中心病理研究所 A. Walch 博士提供。



PAN 全景式宽域聚焦技术



在较广的质量范围内都具有很高的分辨率，这是获得最佳质量精度所必需的。

只用一种仪器参数设置方法，可以在很广的范围内，得到分辨率很高的质谱图，实现多肽分子量的精确标定，从而得到极佳的蛋白质序列覆盖率。

同时在任何区域都获得最高的质量分辨率

在不改变仪器参数的情况下，利用专利的PAN全景式聚焦技术，能够迅速地在很宽的质量范围内获得高分辨的质谱图。在分子量 700 到 4000 Da 的质量范围内，PAN技术可提供的分辨率高达 10,000 到 20,000。

宽屏质量范围

PAN 全景式聚焦技术是在发展成熟的离子脉冲引出(PIE)技术的基础上开发出来的，可在更宽质量范围内获得高质量分辨的一种技术。PAN技术的关键在于能够很好地控制敏感的MALDI离子源区域内的电场瞬间的变化。

由于采用了先进的PAN全景式聚焦技术，操作人员仅用一个实验方法就可对所有的多肽都获得最高的分辨率和质量精度。Flex系列产品的这一独特的功能为肽指纹图谱(PMF)和LC-MALDI提供了无以匹敌的序列覆盖率。

满足多角度蛋白质组学研究

精确的蛋白质鉴定

在扩展的宽质量范围内，所有离子都具有最高分辨率的质谱图极大地提高了蛋白质鉴定的成功率，不需要重新优化仪器参数。

- 更高的序列覆盖率
- 更高的搜库分数
- 更高的蛋白质鉴定成功率

加快 LC-MALDI 筛选

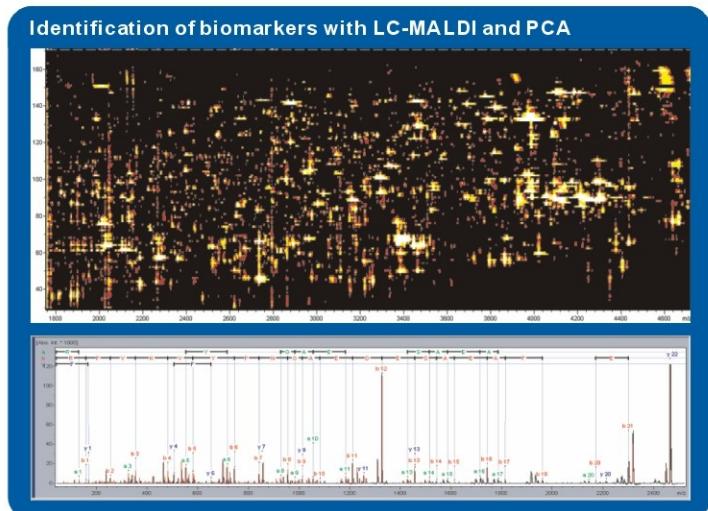
生物标志物的发现既要求适当的通量，又要求具有深入探索蛋白质组学能力的高端技术。

autoflex III提高了采样速度,因而在大规模表达谱分析方面既可为每个样品采集大量有价值的信息，同时又可大大节省时间。

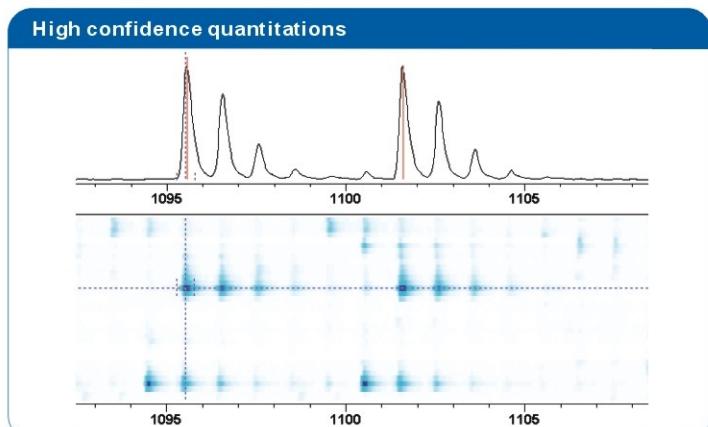
与各种定量蛋白质组学方法接轨

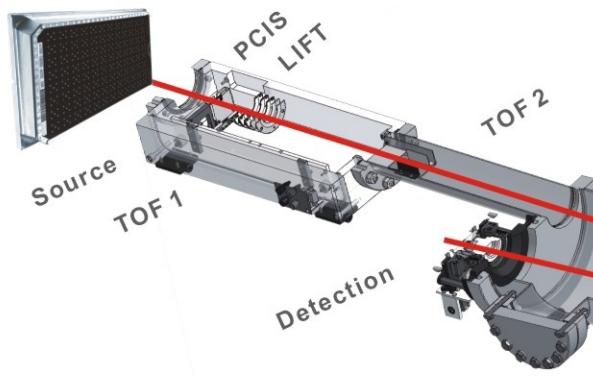
专门为定量蛋白质组学开发的WARP-LC软件适用于当前所有的标记技术，包括ICPL™, iTRAQ™, SILAC™等，为在autoflex III进行的定量蛋白质组学提供高度可靠的结果。

ICPL定量分析： ICPL同位素标记试剂标记的蛋白标准物等量混合后，用LC-MALDI 方法进行分析。结果显示，同位素标记的各对肽的保留时间和信号强度均相同，说明定量准确。

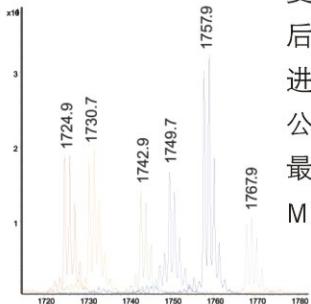


上图：在WARP-LC SurveyViewer上，将LC-MALDI实验结果以二维图展示(保留时间与质荷比)，得到大约1700个肽和蛋白质。从这些大量的物质中，用ProfileAnalysis™通过主成分分析(PCA)得到候选的生物标志物，最后用MS/MS鉴定确认。





LIFT: 灵敏度 源自精妙的设计



真实的样品需要对组分准确的分离

复杂样品需要对组分准确的分离，然后对分离后的组分在 MS/MS 模式下进行高成功率的鉴定和验证。布鲁克公司独特的前体离子选择技术确保了最高的分辨率，从而得到令人信服的 MS/SM 数据。

β -半乳糖苷酶的胰蛋白酶酶解样品的分析结果充分显示了前体离子选择技术的分辨率。每一个酶解肽段都能隔离出来，而不和相邻的组分产生干扰。

LIFT技术引导超众的MS/MS分析性能

高效和高灵敏度的 LID-LIFT技术产生单质量分辨率的MS/MS图谱。LID-LIFT过程主要形成 a-、b-、y-和i-离子，这些离子可以很清晰、容易地得到解释，碎片离子的单同位素分子量用于数据库搜索。因此，可以很明确地鉴定蛋白质。通常，低fmol的酶解物的 MS/MS 数据可以在5-25秒内获得。用布鲁克公司的 Biotools 软件能轻而易举的实现原始数据的分析，并显示原始数据和有注解的多肽/蛋白质之间的相关性。

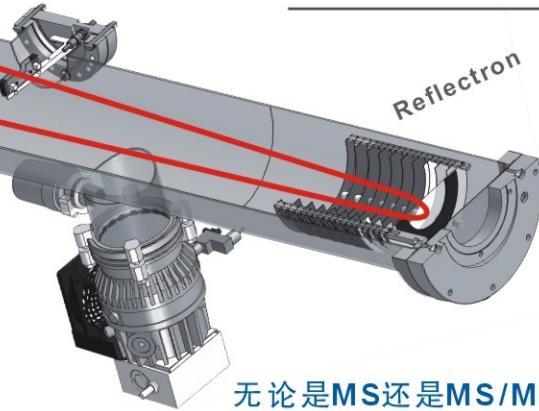
将独创的设计理念转化为成功的分析应用

autoflex III集多项专利为一体，为科学的研究工作提供了可靠的数据。以下仅列出几项与autoflex III 杰出性能紧密相关的专利。

专利	功能
smartbeam激光	适用于各种基质和点样方法；应用范围广泛
AnchorChip	样品靶上浓缩，适用于所有基质
预置基质 AnchorChip	提高定量分析重复性和样品制备的均匀性，避免记忆污染。
LIFT	高性能的 MS/MS；可选 LID 和 CID 碎裂方式
无栅格离子源	充分满足蛋白质组学所需的灵敏度

与autoflex III相关的全球范围内的专利号：

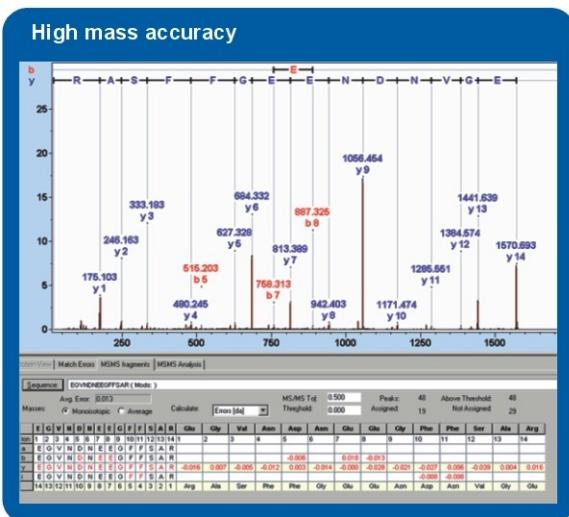
DE 197 54 978 C1, GB 2 332 273 B, US 6,287,872 B1, GB 2 305 539 B, US 5 654 545 A, US 5 641 959 A, DE 195 47 949 C2, GB 2 308 491 B, US 5,742,049 A, EP 0 208 894, US 4,731,532, DE 101 58 860 B4, GB 2 387 653 B, US 7,070,949 B2, DE 196 35 643 C2, GB 2 371 048 B, US 5,905,259 A, DE 196 38 577 C1, GB 2 317 495 B, US 5,969,348 A, DE 196 28 178 C1, GB 2 315 329 B, US 5,770,860 A, DE 198 03 309 C1, GB 2 333 893 B, US 6,188,064 B1, GB 2 398 923 B, DE 198 56 014 C2, GB 2 344 454 B, US 6,300,627 B1, DE 101 09 917 B4, GB 2 375 654 B, US 6,723,983 B2, GB 2 386 750 B, GB 2 399 218 B, GB 2 366 910 B, US 6,703,608 B2, DE 198 27 841 C1, GB 2 338 824 B, US 6,465,777 B1



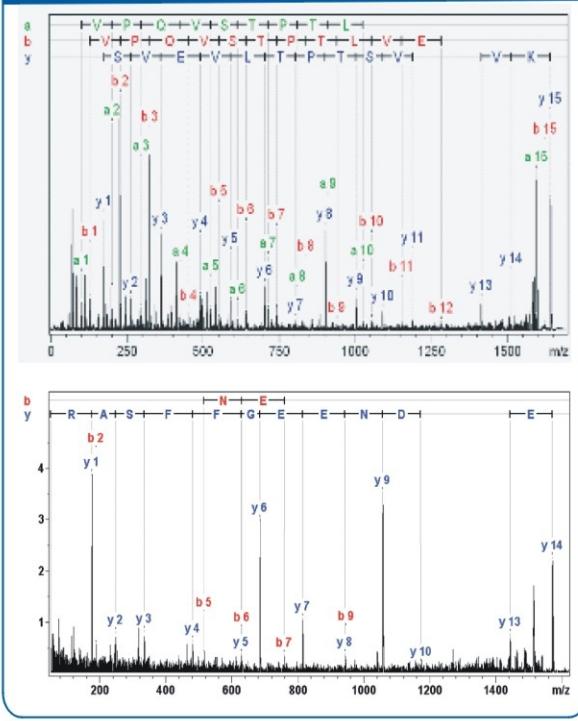
无论是MS还是MS/MS模式， 灵敏度都是关键

autoflex III TOF/TOF采用了经多年实践证明是成功的无栅格离子源和反射器设计，确保了在常规 MALDI-TOF 模式的超高灵敏度。根据我们多年在 REFLEX™ MALDI-TOF MS上的成功经验，autoflex TOF/TOF系列产品从一开始注入了最尖端的分析性能。最新的 autoflex III极大地提高了灵敏度，对低浓度样品也能得到近乎全序列的覆盖率。

多肽Glu-Fibrinopeptide B的MS/MS图谱。质量误差小于0.02 Da。Biotools软件可以轻松评定质量差异。



Confidence in peptide characterization



在MS/MS模式下极佳的质量精度

高精度的测量为研究人员提供高质量的结果。autoflex III 的质量精度在同类产品中居领先地位。高质量精度尤其是在多肽从头序列 (de-novo sequencing) 分析方面具有极大的帮助，能够高可信度地鉴定蛋白质、评定翻译后修饰或者突变。该仪器可获得高成功率的蛋白质鉴定结果和高置信度的蛋白质表征。

用autoflex III获得的 250 amol BSA酶解产物(上图)和250 amol 多肽Glu-Fibrinopeptide B的MS/MS图谱(下图)。从两幅谱图中都可以发现极高的序列覆盖率和很好的信噪比。

灵活多样的解决方案

基于电泳分离的蛋白质组学解决方案

人工智能式自动测定与蛋白质数据库搜索，快速高通量鉴定考染或银染电泳胶点，成功鉴定率高，结果可信。

- 提供专用于考染和银染电泳胶内酶切的方法，确保经处理的样品适合MALDI (TOF/) TOF的测定；
- 采用布鲁克专利的 AnchorChip™ 靶板即可简单快速地在靶上除盐，又能够提高灵敏度10-100倍；
- PMF和TOF/TOF数据联合搜库，大大提高鉴定结果的可靠性。

基于液相色谱分离的蛋白质组学解决方案

WARP-LC™ 软件具有依据结果的智能化LC-MALDI 数据采集和数据定量处理等多种功能。autoflex III 配有 WARP-LC 软件可完成以下工作：

- 验证蛋白质序列；
- 筛查蛋白质翻译后修饰；
- 准确定量蛋白质组学，且兼容无标记定量技术和所有商品化标记试剂定量方法。

MALDI 分子成像解决方案

布鲁克公司独树一帜的MALDI分子成像技术包括MALDI-TOF质谱仪、病理组织切片成像技术和相应的数据处理软件。

- 确保样品制备重现性的全自动基质喷雾仪ImagePrep™；
- 专用的smartbeam™激光技术适用于生物和临床研究，获得组织样品中蛋白生物标记和药物的横向分布的高分辨率分子质量成像；
- 数据分析软件FlexImaging，统计学评估软件ClassImaging™ 和ClinProtTools™

CLINPROT™——基于质谱的生物标志物分析的临床蛋白质组学研究工具

整套的发现生物标志物与临床蛋白质组学研究工具，为促进临床研究和缩短生物标志物的发现周期提供了成熟的方法与技术。

- 基于磁珠分离纯化的样品处理技术
- 专利的AnchorChip™ 样品靶技术
- 生物信息学ClinProTools™ 软件，用于生物标志物检测与分析

MALDI Biyper 微生物快速鉴定

对细菌、原始菌、酵母和真菌等微生物进行快速可靠的鉴定和分类，Biyper软件通过微生物蛋白质表达谱中的特征谱峰模式鉴别微生物。

- 将单一菌落从琼脂培养皿中取出，略加处理，点到MALDI样品靶上，直接进行质谱分析
- 谱图识别可以在几分钟内完成，数据直接经Biyper软件处理并进行数据库检索。
- 开放式的 Biyper 数据库系统允许用户添加新的微生物的特征指纹图谱，或者建立自己独立的数据库。

大蛋白、化学高分子化合物和核酸等大分子的测定与分析

充分体现布鲁克MALDI-TOF线性模式技术的成熟与先进性，测定不同类型大分子的分子量易如反掌。

- 提供适合 MALDI-TOF 测定核酸样品的前处理方法，轻松测定合成核酸分子量；
- 操作简单的GenoTools™软件，用于自动基因分型和合成核酸的质量控制；
- 测定化学高分子化合物，PolyTools™ 快速计算化学高分子化合物的相关参数，如数均分子量(Mn)、重均分子量(Mw)、分散度(pd)和聚合度等以及末端基团的确定。



MALDI 样品靶板、机械手和消耗品

一次性预置基质AnchorChipTM靶板的大小与工业微孔板的尺寸一致，增加灵敏度，使用方便。由于克服了通常容易在常规靶板使用过程中发生交叉污染的弊端，因而使结果更加可靠。

Proteineer fc 是专门用于 LC-MALDI 工作路线的液相馏份收集器或称自动点样仪，可将液相分离的多肽组份直接点在 MALDI 靶板上。

布鲁克公司的 CARE 品牌消耗品包括高纯度的质谱常用精细化合物、方便使用的 ICPL 同位素标记蛋白质定量试剂盒、用于蛋白质表达谱、糖组学和定量分析的磁珠试剂盒。



整合的软件环境

autoflex III采用功能强大的 CompassTM 软件环境。Compass 软件可与最完整的蛋白质组学软件包蛋白质组项目数据库管理软件 ProteinScapeTM 无缝连接。

布鲁克公司的蛋白质组学项目数据库管理软件ProteinScapeTM是生物信息中心控制平台，可用于储存和处理质谱数据，支持各种基于电泳和液相分离的技术路线。其嵌入式的数据处理流程加上多个功能强大的算法，极大地提高了蛋白质鉴定的可靠性和工作效率。

人类蛋白质组组织 (HUPO) 中的人类脑蛋白组计划是著名的国际合作研究项目之一，该组织广泛推广使用了 ProteinScape 平台。今天，全球范围已有众多研究单位和实验室成功地使用 ProteinScape 作为数据储存、处理和分析的生物信息学平台。



技术性能

前沿技术

- smartbeam激光技术：对任何基质都具有最高性能，远远优于常规的单一的YAG激光。
- PAN: 在700 - 3500 Da 质量范围内的任意分子量都具有最高的质量分辨率
- HPC: 利用高精度矫正获得最高的质量精度

仪器性能

- smartbeam激光：激光频率可在1-200 赫兹之间任意调整
- 线性模式下令人信服的分辨率，是进行MALDI分子成像和生物标志物表达谱应用的先决条件。
- 利用布鲁克独特的PANTM 全景聚焦技术，获取高分辨率。
- 对attomole (10^{-15})多肽样品，依然能够获得高信噪比的TOF/TOF谱图

Compass软件包

- FlexControl模块，快捷易用的仪器控制
- FlexAnalysis模块，自动和可交互式数据分析

可选软件

- BiotoolsTM — 蛋白质分析的前沿软件
- WARP-LCTM — LC-MALDI和蛋白定量分析软件
- ClinProtToolsTM — 生物标志物显示和发现软件
- FlexImagingTM — MALDI成像应用软件
- BiotyperTM 和微生物特征蛋白质指纹图数据库—微生物鉴定与分类软件
- ProteinScape 适用于蛋白质组学项目管理的数据库系统
- Compass Security Pack工具包包含了美国和欧盟法规所要求的所有功能
- GenoToolsTM — 自动基因分型和合成核酸的质量控制软件
- PolyToolsTM — 化学高分子化合物分析软件

技术支持特点

- 扩展的自我诊断功能
- 远程在线服务
- 基于客户特殊要求的保修合同
- 提供安装确认、运行确认和性能确认 (IQ/OQ/PV) 等相关验证。
- 资历雄厚的中国本地售后服务队伍，从安装维修到应用技术支持，为您提供全方位的专业服务。

autoflex III完全整合于布鲁克的系统解决方案

- MALDI Molecular Imager: 基于质谱的组织成像解决方案
- ClinProt: 基于质谱的生物标志物解决方案
- Proteineer-LC: 基于液相色谱分离的蛋白质组学解决方案
- Proteineer-2D: 基于电泳分离的蛋白质组学解决方案
- Biotyper: 基于质谱的微生物快速鉴定与分类解决方案
- PolyTools: 化学高分子化合物解决方案

● 布鲁克·道尔顿公司

网 址：www.bdal.com.cn
www.bdal.com
电子邮件：ms@bruker.com.cn
服务热线：800-810-2325

北京办事处

北京市海淀区中关村南大街11号
光大国信大厦5109层
邮编：100081
电话：(010) 68474095/4093
传真：(010) 68474109

上海办事处

上海市徐家汇路430号
电力大楼311室
邮编：200025
电话：(021) 64727973/7997
传真：(021) 64720667