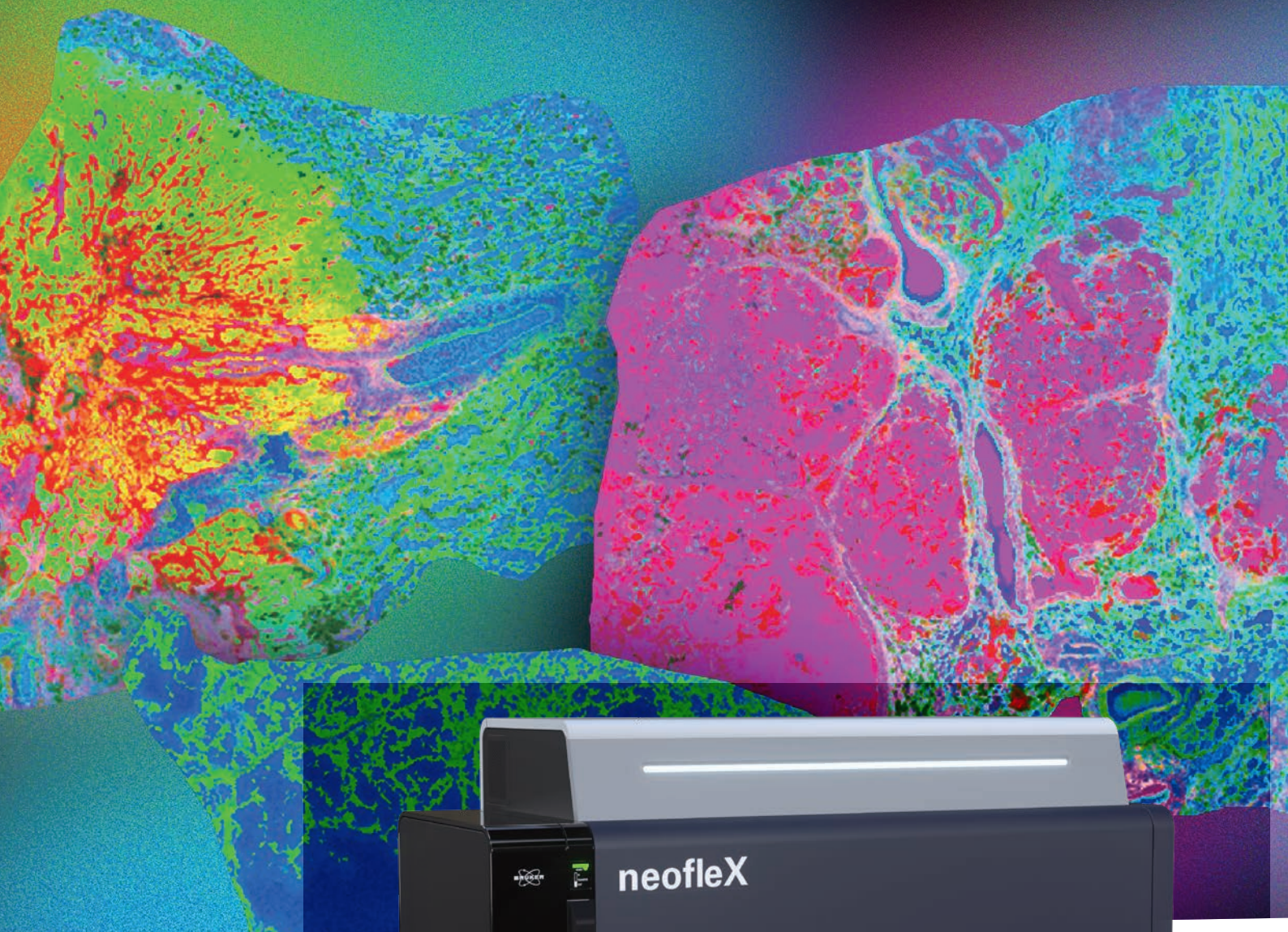




ベンチトップ型 MALDI-TOF

neofleX™ MALDI-TOF

1 ピクセルにおける洞察力の向上

革新的な 116 タンパク質パネル、30 μm イメージングを 7 時間で達成

Innovation with Integrity

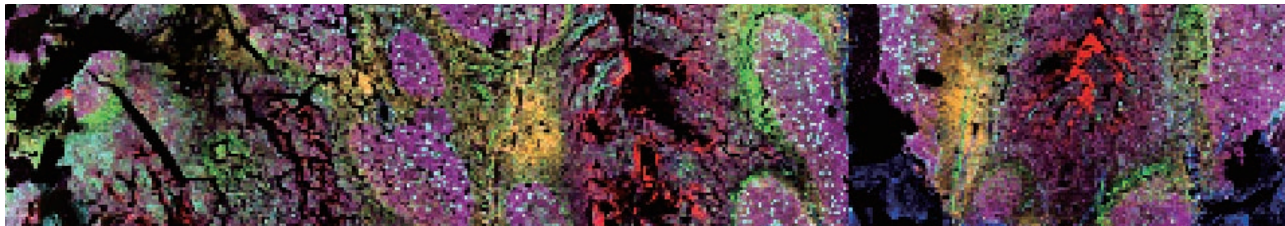
組織切片上で 100 を超えるタンパク質 を同時に画像化できる場合、どのよう に質問を変えますか？

組織表面上の標的タンパク質の発現を追跡する方法により、生物学および疾患に対する理解が大きく変容しました。単一細胞またはバルク実験からのデータを組織微小構造内の特定の場所に関連付ける機能により、細胞近傍がどのように相互作用して生物学的プロセスや疾患状態を引き起こすかについて、深い洞察が得られます。

腫瘍微小環境など、特定の疾患病態に存在する複雑な細胞環境の理解は、完全な特性解析およびコンテキスト化の欠如により、既知の課題となっています。

研究者が利用できる強力なツールのほとんどは、生物学的発見に重点を置いており、リアルタイムで仮説検証に影響を与える柔軟性と効率性を備えたプラットフォームの必要性が生じています。





空間生物学のための革新的なイノベーション

自動データ取得

SCiLS™ Autopilot 機能により実験前の工程を自動化することで、neofleX™ に組み込まれた先進技術が誰にでもアクセス可能になります。自動操縦機能により、毎回のデータ取得の前に装置が自動的に最適化され、各組織切片または組織マイクロアレイ (TMA) の最高の性能が保証されます。

柔軟なデータ取得

現在抱えている疑問に応じてデータ取り込み方法を選択します。プレックスのレベルに関係なく、組織全体の発現パターンを評価するために、セクションのスタックの迅速な処理が必要ですか？統合型の Smartbeam 3D レーザー システムは、実行時に「ズームアウト」して、これまで数日かかっていたサンプル処理が数分で終了し、次に何をすべきかが決定できるようになります。

柔軟な関心領域

ROI の決定にお悩みですか？neofleX™ は小さな領域に限定されず、スライド全体を画像化することができ、プレックスのレベルが高くなっても、取り込み速度には影響しません。

柔軟な標的化

neofleX™ では、各プローブに固有のペプチドレポーターを使用する空間生物学用の高度な MALDI HiPLEX-IHC ワークフローを活用します。つまり、使い慣れた IHC の使いやすさを維持しながら、検証済みのプローブとパネルを変更することなく、柔軟に組み合わせることができます。

サンプルのインテグリティ

組織サンプルは測定中に分解されないので、neofleX™ でマッピングした後、別の研究に使用できます。

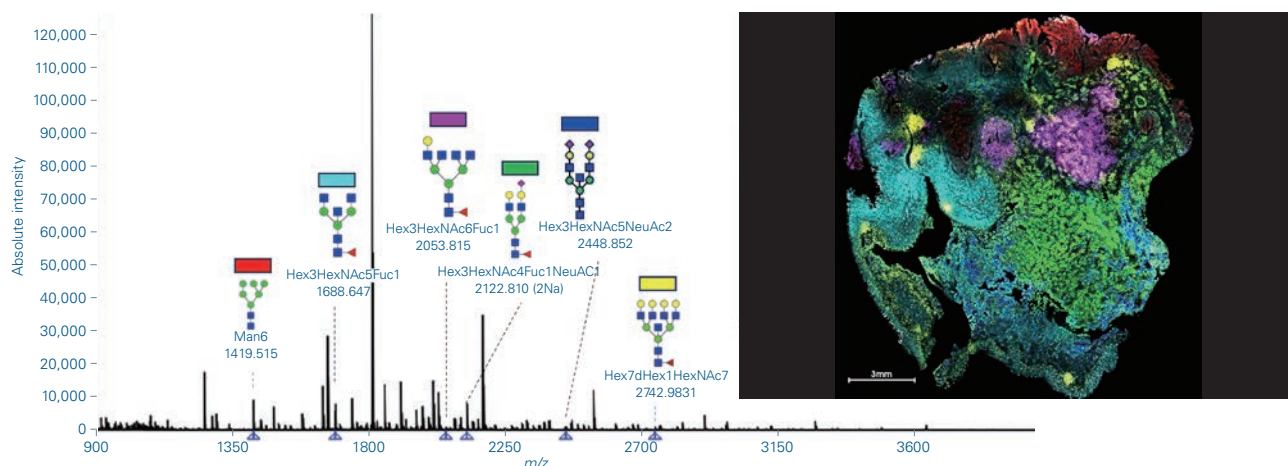
neofleX™ による細胞近傍の構築：

- 存在する細胞の種類と状態は？
- 出現パターンを決定します。
- 空間構造を定義します (例：腫瘍は浸潤しているか？)。



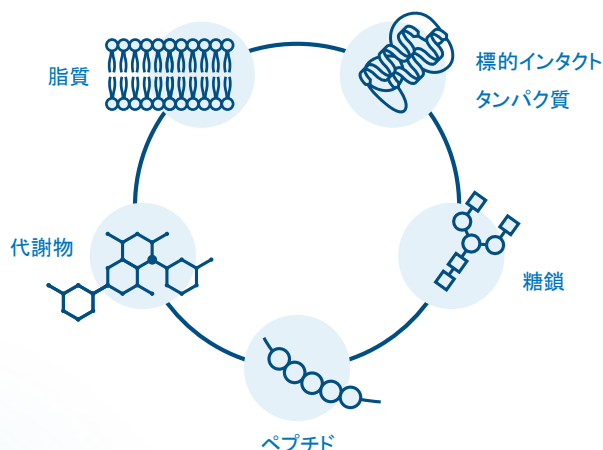
がん研究にオミクスのコンテキストを導入

空間生物学のワークフローに neofleX™ を統合することで、タンパク質が存在する場所と、何をしているのかを知ることができます。マルチオミクスは、RNA とタンパク質の発現を超えて、選択されたタンパク質を糖鎖、標的代謝物、脂質とともに組織または腫瘍微小環境内の発現標的に空間的に共局在させることにより、重要なインプットを再定義します。



大腸がん切片からの N-結合型糖鎖 MALDI イメージングデータセット全体の平均スペクトルと、示されたピーク (x 軸の下の子青い三角形) の分布を示すマルチチャンネルイオン画像。
N-結合型糖鎖の推定構造が各ピークの上に示されています。イオン画像の擬色コード化に使用される色は、各糖鎖構造の上に示されています。サンプルは、A. Tannapfel および Jens Christmann (Institute of Pathology, University of Bochum, Germany) から提供されました。

neofleX™ マルチオミクスを使用して、発現を超えた生物学的コンテキストを追加



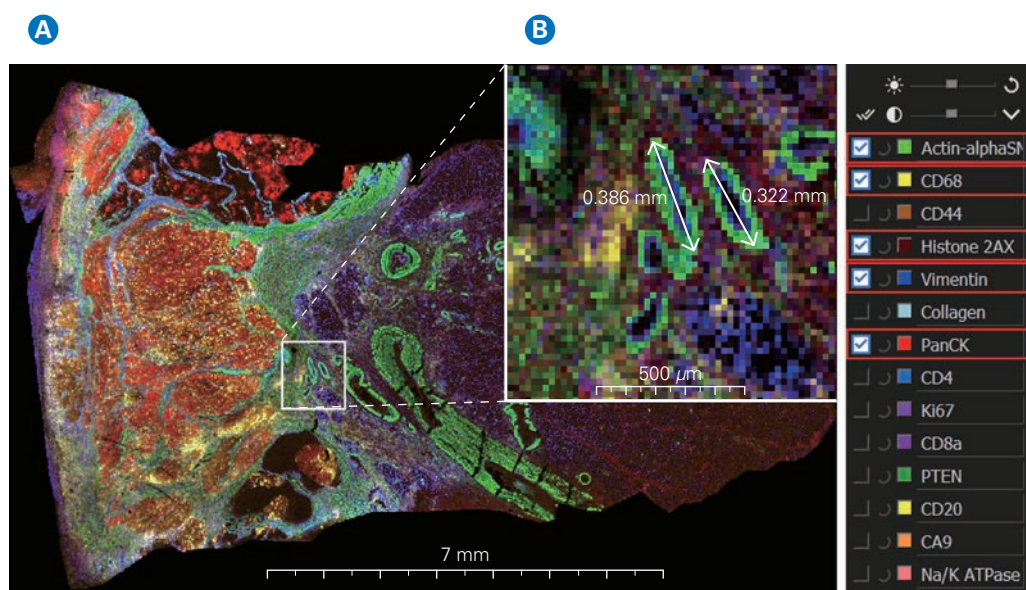
》 Peggi Angel, Ph.D.

Associate Professor at Medical University of South Carolina

がんに関わる細胞シグナル伝達プロセスに着目している研究室の観点から見ると、MALDI HiPLEX-IHCは質量分析イメージングと細胞生物学の統合を可能にする画期的な技術です。



完全なワークフロー



大腸がんサンプルからの MALDI HiPLEX-IHC データを SCiLS™ Scope で可視化。

様々ながん、免疫、微小環境特異的マーカーが活性化され、タンパク質の分布が示されます(A)。ズームした画面で、(B)血管の直径を強調するために距離測定が適用されました。

Prof. Dr. Carsten Hopf

Hochschule Mannheim – Center for Mass Spectrometry and Optical Spectroscopy

neofleX™ は、バイオメディカルアプリケーションの拡張を望むエントリーレベルの研究者にとって、非常に多用途で使いやすい機会を提供します。



世界クラスの MALDI ラインナップ

MALDI の第一人者

neofleX™
Multiomic
translational



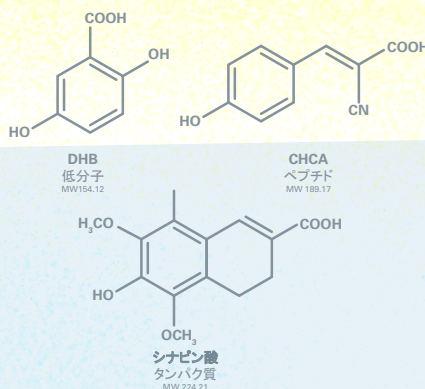
rapifleX®
Targeted
throughput



← Translation

MALDI-TOF MS:

マトリックス支援レーザー脱離イオン化 (MALDI) TOF MS は 30 年以上にわたって、その分析能力を実証してきました。MALDI-TOF MS は、比類のない速度 (結果が得られるまでの時間) と柔軟性を提供します。少ないサンプル量で、塩やバッファーを含む幅広いサンプル内容に対応できる点が際立っています。



飛行時間の原理

電圧 U によるイオン加速の運動エネルギー:

$$E_{kin} = \frac{1}{2} m v^2 = z e U$$

電界のない領域におけるイオン速度:

$$v = \frac{L}{t}$$

(1) の v の置き換え:

$$E_{kin} = \frac{1}{2} m \left(\frac{L}{t} \right)^2 = z e U$$

m = イオン質量

v = 加速後のイオン速度

z = 電荷数

e = 素電荷

U = 加速電圧

t = 飛行時間 (秒)

L = 移動距離 (AE)

$$m/z \sim t^2$$

一般的な MALDI マトリックス

fleXmatrix® – MALDI MS 分析の鍵

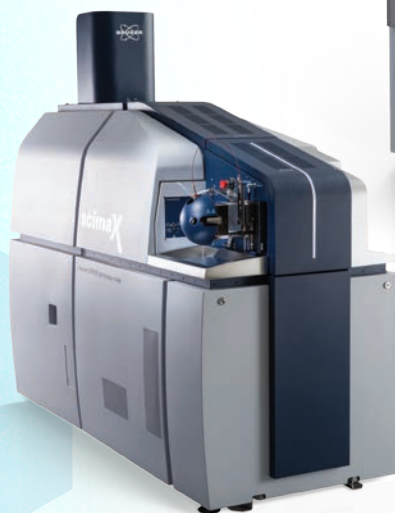
fleXmatrix の事前分割バイアルは、特に標準的なスプレー法や昇華法の場合、MALDI イメージング用のマトリックスソリューションの準備が簡素化されます。これにより、一貫性が保証され、ワークフローの時間が節約されます。

Discovery →

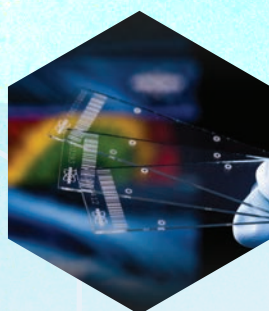
強力な分析、 迅速な結果

継続的なイノベーション、直感的なソフトウェア、シームレスな自動化により、MALDI 分析の深度が強化され、ハイスループットソリューションが保証されます。

scimaX®
Toughest
problems



timsTOF fleX
Flexible
discovery



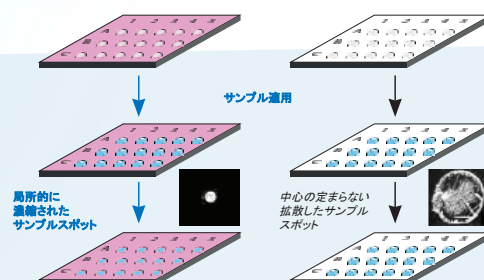
スマートな消耗品

IntelliSlides® – インテリジェントな機能でピクセルあたりの情報コンテンツを最大化

IntelliSlides® は SpatialOMx® に最適なツールです。測定ごとの自動セットアップを可能にし、導電性スライド表面へのバーコードと永久刻印により、イメージング用のサンプルと登録マーク（ティーチマーク）を最適に配置することで、MALDI イメージングワークフローを簡素化します。

AnchorChip ターゲット

従来型のスチール製ターゲット



Analytical advantages

AnchorChip Target Technology – サンプル準備を簡素化し、再現性を向上

特許取得済みの Bruker AnchorChip ターゲット上のサンプル位置には、“anchor”、つまり疎水性リングに囲まれた親水性パッチが含まれています。“anchor”は液滴の位置を特定し、自動測定実行中にすべてのレーザーショットがサンプルスポットに照射されるようにします。

オンライン情報
bruker.com



数秒でタンパク質配列を検証

タンパク質の一次配列は、その構造と機能に直接影響を与える重要な要素です。したがって、生物学的アッセイまたは生物学的薬剤用の親和性ベースの試薬を扱う場合でも、検証する必要がある重要なパラメータです。

neofleX™ では、高性能 MALDI トップダウン配列解析 (MALDI-TDS) をベンチトップ型装置に初めて導入しました。これによって、ユーザーは精製されたタンパク質の強力な配列検証ツールを利用でき、結果を得るまでの時間を最小限に抑えることができます。

MALDI-TDS 測定は 1 秒未満で実行でき、ブルカーの OmniScape™ ソフトウェアで簡単に分析できるシングルチャージスペクトルが生成されます。neofleX™ の分解能により、mAb サブユニットなどの組換えタンパク質を高い信頼性で検証でき、MS/MS T3 シーケンシングにより信頼性が向上します。時間の節約だけでなく、サンプル量も最小限 (1 pmol) で済むため、貴重な試薬や研究レベルのサンプル量にもこの手法を適用できます。

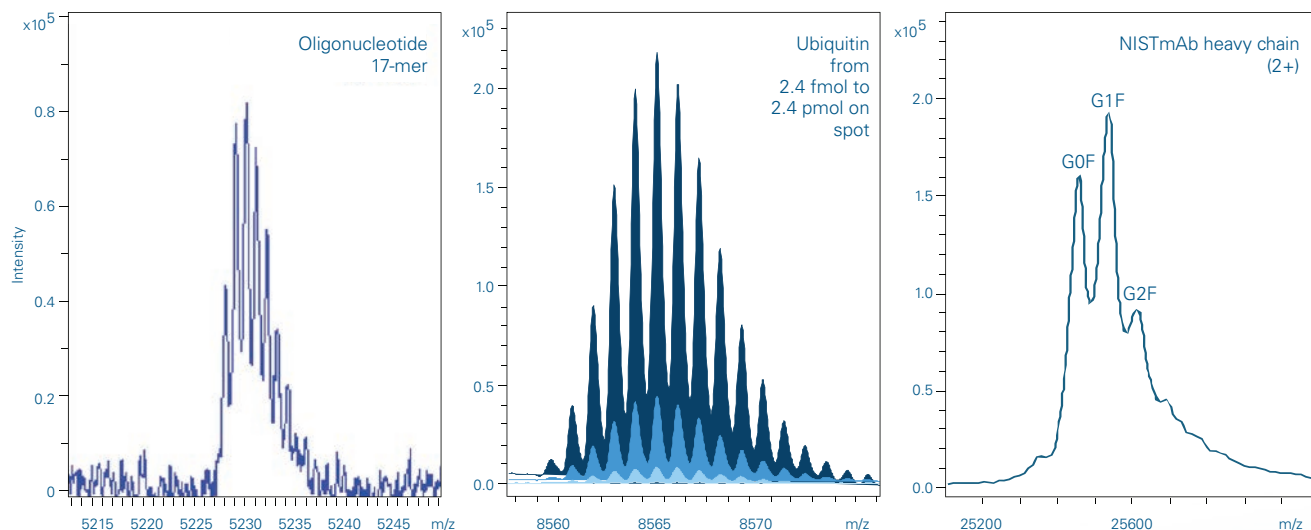
OmniScape™ 解析による包括的な配列検証 (NISTmAb LC)



MALDI トップダウン配列解析 (MALDI-TDS) による NIST mAb 軽鎖の配列検証。電荷デコンボリューションを必要としないシンプルで堅牢な配列読み出し。Bruker OmniScape™ ソフトウェアを使用して、マウスを数回クリックするだけで、MALDI-TDS データを標的タンパク質配列と照合することができます。結果までの時間が短く、確実な配列確認が可能になるため、即座に意思決定を行うことができます。

- 5 秒以内に結果が得られます
- < 1 pmol のサンプル量
- 簡単なデータ解釈

生物製剤の特性解析のための包括的なツールボックス



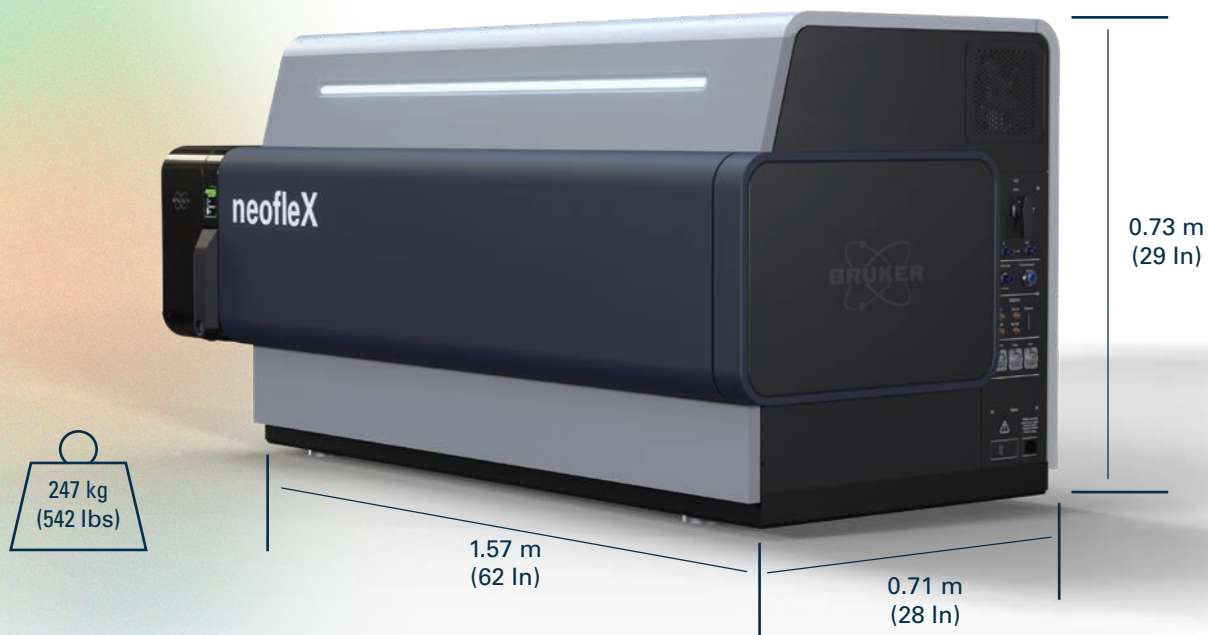
幅広い m/z 範囲にわたる高感度と高分解能により、生物製剤プロジェクトに不可欠なデータが得られます。

MALDI は、高速、高感度、重複しない荷電状態 (1 つ以上の支配的なスペクトル) で、幅広い分子量範囲にわたって生体高分子を測定できる独自の機能を提供します。これにより、幅広いワークフローの基盤が得られます。

シンプルな出力と迅速な分析により、MALDI はクローンスクリーニングや酵素活性アッセイなどのアプリケーションに最適です。使いやすさ、マトリックス耐性、サンプル希釈液の柔軟性、容易なデータレビューなどの特性は、インタクトレベルまたは消化レベルでの同定検証ワークフローにとって理想的です。

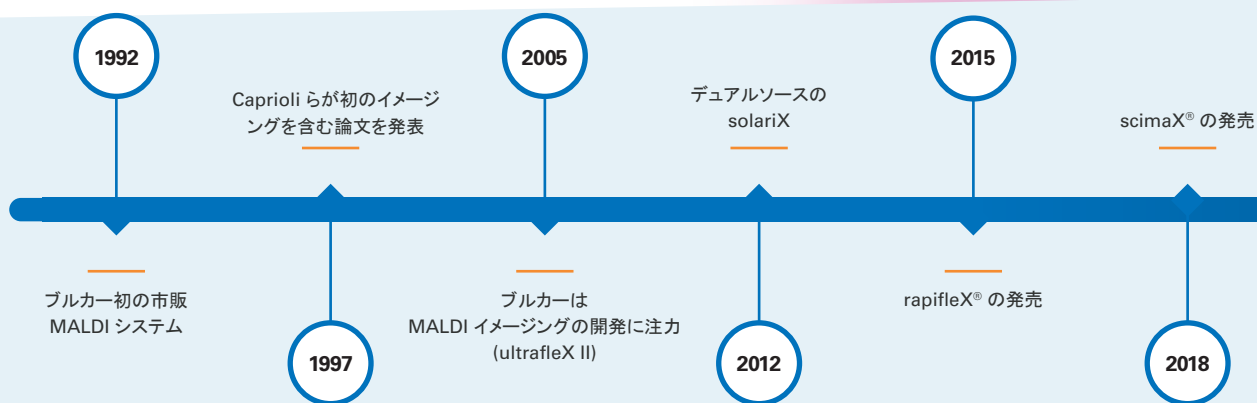
neoflex™ を使用することで、ユーザーは高い疎水性、不均一性 (例: 結合) または高速の生物製剤の分析が必要な研究開発プロジェクトをサポートするために装備されたベンチトップ装置で、研究グレードの性能を実現できます。neoflex™ を BioPharma Compass® データ解析と連携することで、研究用の次世代ツールボックスが得られます。

信頼性の高いタンパク質の特性解析



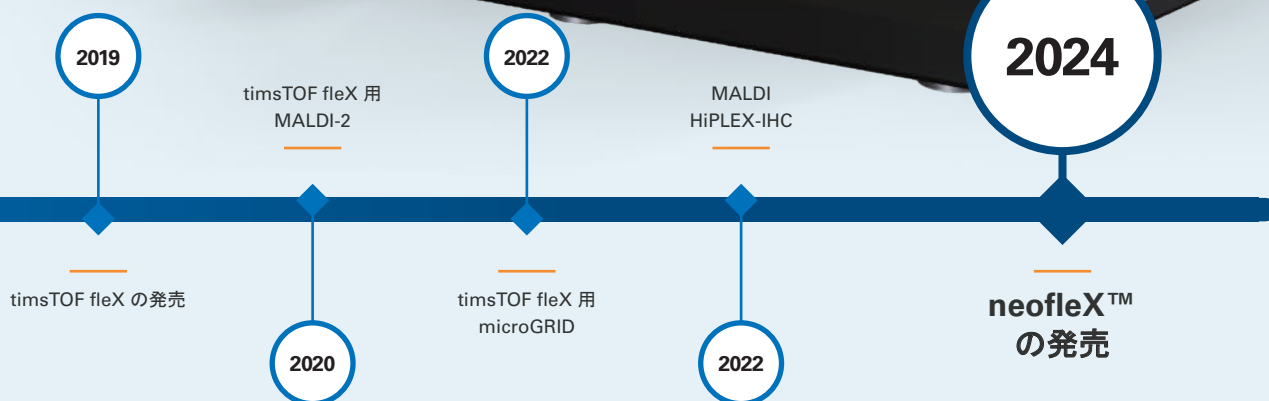
簡単に

- アクセス
- クリーニング
- 操作



**neofleX™ マルチオミクスを使用して、
出現を超えた生物学的コンテキストを追加:**

- エネルギーの生物学的利用能
- 代謝出力
- 機能
- 構成成分
- タンパク質活性



neofleX™ により、rapifleX®、timsTOF fleX、scimaX® を含むブルカーの既存の MALDI イメージングポートフォリオがシームレスに補完されます。

比類のない性能

- **真のピクセルイメージング**: 特許取得済みの smartbeam 3D テクノロジーで、業界標準の 20 µm 空間分解能を実現し、詳細な分析を可能にします。
- **強化されたイメージング検出器**: 高品質のデータを取得し、正確な結果を提供します。
- **スイープ MS/MS 機能 (LID、CID、ISD)**: 構造の詳細についてのより深い洞察を提供します。タンパク質のシームレスなトップダウンおよびボトムアップの配列。

技術情報

空間分解能	20 µm
最大速度	20 px/s
分解能 (FWHM)	30,000
質量精度 (Int)	≤ 1.5 ppm
有効飛行距離	124 cm linear mode 260 cm reflector mode
ベンチトップサイズ (長さ × 幅 × 高さ)	157 cm × 71 cm × 73 cm 62 in × 28 in × 29 in
重量 - TOF - TOF/TOF	247 kg (542 lbs) 270 kg (595 lbs)

強力なツール、シームレスな統合

- **IntelliSlides®**: インテリジェントなスライドテクノロジーにより、ピクセルあたりの洞察を最大化します。
- **SCiLS™ autopilot**: SCiLS™ Lab およびオープンソースの OME-TIFF ファイルを測定後すぐに生成し、シームレスなデータ分析を行います。
- **SCiLS™ Scope**: 対象画像をすばやく簡単に視覚化します。
- **OmniScape™**: トップダウン配列データを最大限に活用
- **BioPharma Compass®**: 大量の MS および MS/MS データを構造化されたプロジェクトに収容し、データ分析の効率を向上

信頼できる包括的な分析

SCiLS™ Lab による高度な視覚化と統計評価

Bruker Daltonics is continually improving its products and reserves the right to change specifications without notice © BDAL 06-2024, 1912411

ブルカー・ジャパン株式会社 ダルトニクス事業部

横浜営業所

〒221-0022

神奈川県横浜市神奈川区守屋町3-9

TEL: 045-440-0471

FAX: 045-453-1827

www.bruker.com

大阪営業所

〒532-0004

大阪府大阪市淀川区西宮原1-8-29

テラサキ第2ビル2F

TEL: 06-6396-8211

FAX: 06-6396-1118

詳細については、
QRコードをスキャン
してください



JP_LS 01-08-2024