



Bruker **Daltonics**



MALDI Biotyper

- Идентификация и классификация микроорганизмов

think forward

MALDI-TOF

Идентифицируйте микроорганизмы за минуты



Ищете возбудителей инфекции?

Быстрая и надежная видовая идентификация и штаммовая дифференциация микроорганизмов, таких, как бактерии, дрожжи или грибы, очень важна в рутинной практике клинических лабораторий, контроле качества продуктов питания или экологических и таксономических исследований. Получите преимущества экспресс-диагностики и простоты исследования с высокой дискриминирующей способностью.

Молекулярный «отпечаток пальцев»

Установите идентичность бактерии по ее уникальному молекулярному составу. При MALDI-TOF масс-спектрометрии белки и пептиды располагаются в спектре по увеличению массы, давая характерный набор пиков, даже при дифференциации штаммов: индивидуальный «отпечаток пальцев».

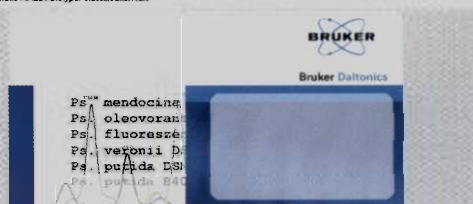
Количество образца не является критичным

Образец может быть как единичной колонией, выращенной на агаре, так и отцентрифугированной частью жидкой культуры. В биологическом материале находятся миллионы клеток, из них 10^5 клеток достаточно для анализа с высокой точностью на стандартной мишени MALDI.

● Процедура анализа: требуется минимум шагов

1. Откройте окно программы управления прибором MALDI Biotyper

MALDI Biotyper Automation Control Wizard
Welcome to the MALDI Biotyper Automation Control Wizard. This wizard assists you when setting up an automatic MALDI Biotyper classification run.



2. Определите Ваш проект

Define Project

Please create a new project for your classification run. The project will record all results generated here. (To reuse an existing project, please select the appropriate project name.)

Project Name: sample analysis 071205

Description: Project number MB 20

Creation Date: 12/5/2007 7:02:05 AM

Creator: jforuser

3. Задайте место нахождения Ваших образцов

Analyte Placement

Please specify the target positions for your analytes by drawing a rectangle, clicking on row/column names or directly on the appropriate spots. Analytes are inserted using the Insert key or with Add Analytes from the context menu. Available target spots are shown hollow. Spots containing analytes of the current project are white. (Gray spots mark unmovable occupied positions, e.g. analytes from foreign projects.)

Position	Chip	Creation Date	Name (optional)	ID (optional)	Description (optional)
D2	0	12/5/2007 8:04:07 A	D2	Referenz	Referenz
D3	0	12/5/2007 8:04:07 A	D3	Sample MB 20	Sample MB 20
D4	0	12/5/2007 8:04:07 A	D4	Sample MB 20	Sample MB 20

Получение результатов на экране занимает лишь несколько минут. От Ваших результатов Вы находитесь на расстоянии лишь пяти щелчков мыши.

4. Запустите измерения

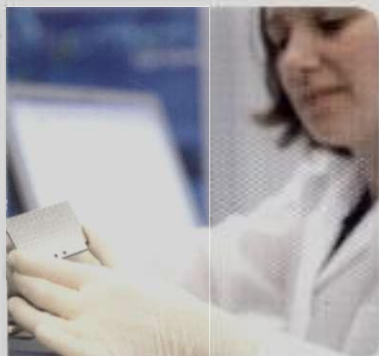
5. Получите результаты

Analyte Name	Analyte ID	Organism (best match)	Score Value	Organism (second best match)	Score Value
(+++)	referenz	Escherichia coli DH5alpha BRL	2.382	Escherichia coli ATCC 25922 THL	2.226
(+++)	MB 20	Burkholderia multivorans LMG 14293 HAM	2.457	Burkholderia dolosa DSM 16088 HAM	1.855
(+++)	MB 20	Burkholderia multivorans LMG 14293 HAM	2.462	Burkholderia dolosa DSM 16088 HAM	1.996

Meaning of Score Values

Range	Description	Symbols	Color
2.300 ... 3.000	highly probable species identification	(+++)	green
2.000 ... 2.299	secure genus identification, probable species identification	(++)	green
1.700 ... 1.999	probable genus identification	(+)	yellow
0.000 ... 1.699	no reliable identification	(-)	red

Технические характеристики



Области применения

- Рутинная практика клинических лабораторий, экологические или таксономические исследования, контроль качества в производстве продуктов питания
- Идентификация, таксономическая классификация, или дерепликация микроорганизмов

Пробоподготовка / обработка

- Очень простая и быстрая пробоподготовка
- Очень чувствительная, достаточно около 10^5 клеток
- Не требуется предварительная оценка, каждый образец обрабатывается одним и тем же способом:
Не требуется окрашивания по Граму, проведения оксидазного или других тестов и подбора условий

Образец

- Бактерии (грам+ / грам-), дрожжи, грибы, споры

Оборудование

- Быстрые измерения с высокой воспроизводимостью на MALDI-TOF масс-спектрометрах microflex™, autoflex™ или ultraflex™

Программное обеспечение

- MALDI Biotyper, COMPASS™ для серии FLEX, включая flexAnalysis™

Скорость анализа

- Минуты «от колонии до результата» для единичного образца, около 1.5 часов «от колонии до результата» для 96 образцов



Профессор Эрко Стакебрандт,
управляющий директор DSMZ

“Была острая необходимость создания масс-спектрометра нового поколения для быстрой, удобной и экономически целесообразной идентификации штаммов бактерий. MALDI Biotyper компании Bruker Daltonics отлично подходит для этих целей, так как соответствует этим требованиям, и, кроме того, является высокопроизводительным и обладает высокой воспроизводимостью.”

www.bdal.com ● ООО „Брукер“

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

Bruker Daltonics

Бремен · Германия
Тел. +49 (421) 45-12-1
Факс +49 (421) 45-12-2
sales@bdal.com

СПЕКТРОЛАБ

Спектроскопия: AAS, AES, ICP,
UV-VIS, IR, FTIR.
C, H, N, O, S, H анализаторы.
Ремонт и расходные материалы.

Авторизованный дистрибутор
анализаторов в Беларуси и странах

ЗАО „Спектр“
220050, г. Минск, ул. Свердлова
тел.: +375 17 375 17 2
факс: +375 17 29 61 2
моб. +375 29 61 29 61
E-mail: vz@spectr.by

Широкие возможности биоинформатики

Глубокий анализ собранных наборов данных становится возможным при использовании различных средств биоинформатики, таких, как алгоритмы „weighted pattern matching“, корреляционный анализ и анализ по принципиальному компоненту.

Анализ по принципиальному компоненту

Анализ по принципиальному компоненту, например, является превосходным инструментом для исследования близкородственных изолятов, видов или подвидов.

Построение дендрограмм

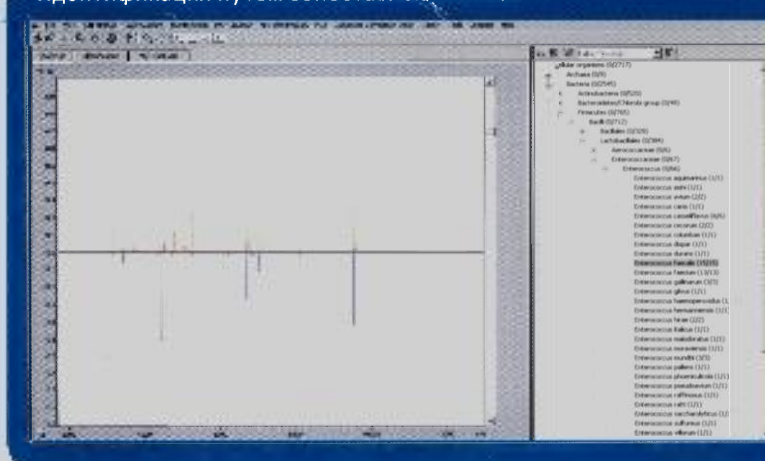
Дендрограммы создаются действительно за секунды из всех спектров, выбранных в одну стадию.

Создание собственных библиотек

Добавляйте собственные референс-спектры в библиотеки или создавайте полностью новые базы данных посредством нескольких щелчков мыши.

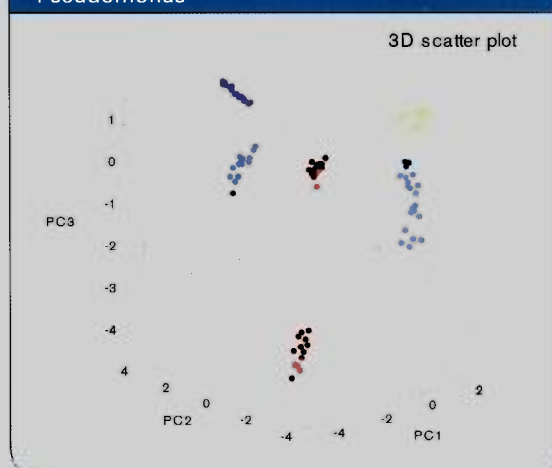
Дендрограмма клостридии, полученная на MALDI Biotyper; можно оценить минимальные различия между штаммами. Данные были получены в сотрудничестве с профессором Крюгером и доктором Гроссе-Херрентеем, Институт Бактериологии и Микологии, Университет Лейпцига, Германия.

Идентификация путем сопоставления пиков



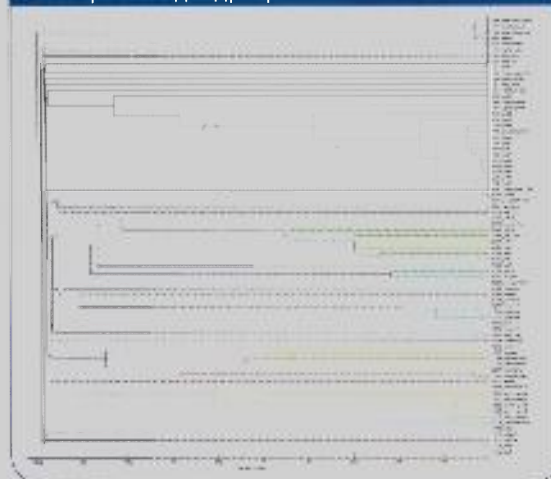
Типичное окно результатов работы MALDI Biotyper 2.0 после обработки неизвестного образца off-line. Слева: окно сопоставления спектров, в котором измеренный спектр сравнивается с референсным. В правом окне показаны «хиты» в базе данных.

Многовариантный анализ различных видов Pseudomonas

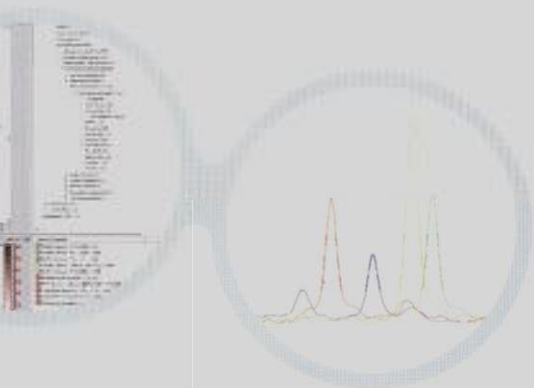


Трехмерная диаграмма первых трех принципиальных компонентов для шести представителей рода Pseudomonas
 ■ Pseudomonas veronii, ■ P. fluorescens, ■ P. mendocina,
 ■ P. oleovorans, ■ P. putida species B401, P. putida species DSM291

Построение дендрограммы



Просто один шаг



Простота управления, анализ в реальном времени

Одиночные бактериальные колонии или другой биологический материал можно напрямую наносить на MALDI мишень и вводить в MALDI-TOF масс-спектрометр серии FLEX. Сбор спектров завершается через несколько минут, и оценка данных следует сразу за измерениями. Такая простая аналитическая процедура удобна для тестирования большинства микроорганизмов, и позволяет избежать необходимости окрашивания по Граму, проведения оксидазного и любых других тестов.



Качество на столе: microflex™

Сложное оборудование

С высокопроизводительными и надежными масс-спектрометрами серии FLEX компании Bruker Daltonics, возможны быстрые измерения с высокой воспроизводимостью. Благодаря высокой чувствительности приборов, возможна идентификация минимальных количеств образца. При использовании широко известной технологии Bruker AnchorChip™, исследователям потребуется еще меньше биологического материала.

Молекулярный «отпечаток пальцев» образца используется для сопоставления спектров. Сложная калибровка и статистические алгоритмы позволяют проводить высокопроизводительную и точную идентификацию. Скоринги совпадения, обозначенные цветовыми кодами, используются для ранжирования результатов.

База данных «Ready-to-Go»

MALDI Biotyper интегрирован с постоянно обновляемой референсной библиотекой, содержащей тысячи спектров индивидуальных штаммов. Система легко пополняема новыми данными, служащими для идентификации бактерий, дрожжей и грибов.

