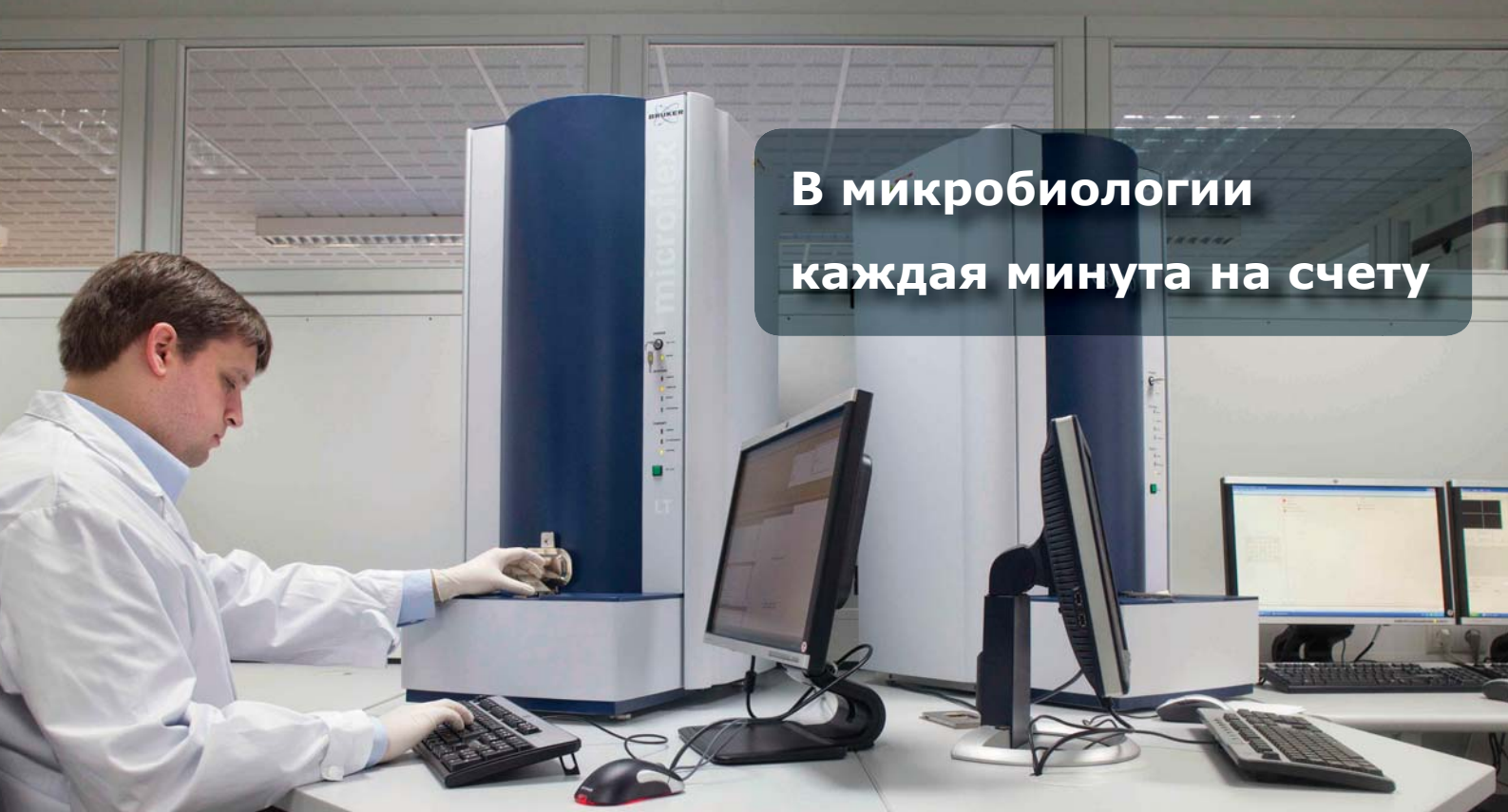




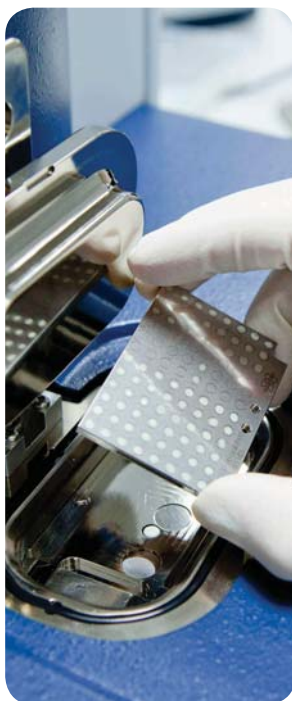
Микробиология XXI века

MALDI Biotyper

- Быстрая и точная идентификация микроорганизмов



**В микробиологии
каждая минута на счету**



**Современные технологии
для достижения наилучших
результатов**

Для решения основных задач в микробиологии, компания Bruker создала инновационную высокопроизводительную систему **MALDI Biotyper**, изменившую способ идентификации в лабораториях во всем мире.

**Идентификация микроорга-
низмов по молекулярному
«отпечатку пальцев»**

Система **MALDI Biotyper**, созданная на базе времяпролетного МАЛДИ масс-спектрометра, позволяет идентифицировать микроорганизмы по их уникальному белковому составу. Идентификация в **MALDI Biotyper** происходит по рибосомальным белкам, которые являются уникальными для любых микроорганизмов.

Биоинформационное программное обеспечение позволяет надёжно и точно проводить видовую идентификацию любых микроорганизмов путём сопоставления получаемых масс-спектров бактерий с обширной базой данных.

MALDI Biotyper:

- **Быстро**
- **Просто в использовании**
- **Надёжно**
- **Высокая точность анализа**
- **Экономично**
- **Применимо для широкого круга микроорганизмов**

Простая процедура для сложной работы

Инновационный подход повышает эффективность и производительность

Рабочий процесс системы **MALDI Biotyper** очень прост. Вы легко сможете получить и обработать результаты, даже не имея опыта работы в области масс-спектрометрии. Для проведения надежной идентификации необходимо выполнить лишь несколько простых шагов. Программное обеспечение автоматически проанализирует полученные данные и создаст отчет с результатами анализа.

Для идентификации требуется не более одной единичной колонии или небольшой аликвоты жидкой среды. Вся процедура занимает лишь несколько минут. При необходимости можно провести предварительную экстракцию белков, благодаря которой возможен прямой анализ гемокультур, а также идентификация сложных для обычного анализа микобактерий и грибных колоний.





**Простота
использования**

Выбор наиболее подходящего рабочего процесса для Вашей лаборатории

Гибкий выбор формата исследования

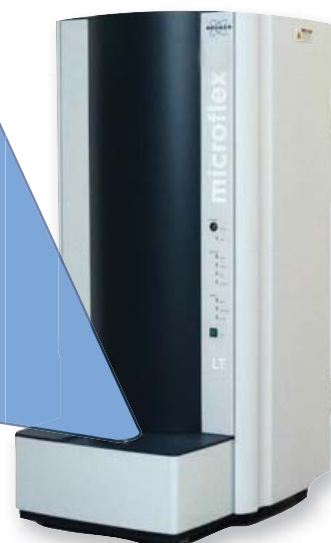
Компания Bruker предлагает различные форматы мишеней для идентификации: стандартные и штрих-кодированные, одноразовые и многоразовые, на 24, 48 или 96 образцов. Вы сможете выбрать наиболее удобный для вас формат.

Нужен срочный анализ?

Не проблема! Достаточно остановить текущий проект, сменить мишень и идентифицировать микроорганизмы в считанные секунды. Уникальный дизайн системы позволяет работать «на потоке» и легко проводить срочные анализы.

Штрих-кодированные мишени

Мишени **MALDI Biotyper** содержащие штрих-код предотвратят случайные ошибки. Вы никогда не перепутаете мишень и нанесенные образцы.



**Быстрая,
простая и
эффективная
идентификация
бактерий из
положительной
гемокультуры**

Применение набора MALDI Sepsityper в сочетании с методом **MALDI Biotyper**, позволяет идентифицировать микроорганизмы в положительных гемокультурах в 70-90% случаев без предварительной стадии роста колонии.

С набором MALDI Sepsityper Вы быстро получите достоверный результат. При анализе инфицированной крови, идентификация будет проведена на несколько дней раньше по сравнению с «классическими» методами.

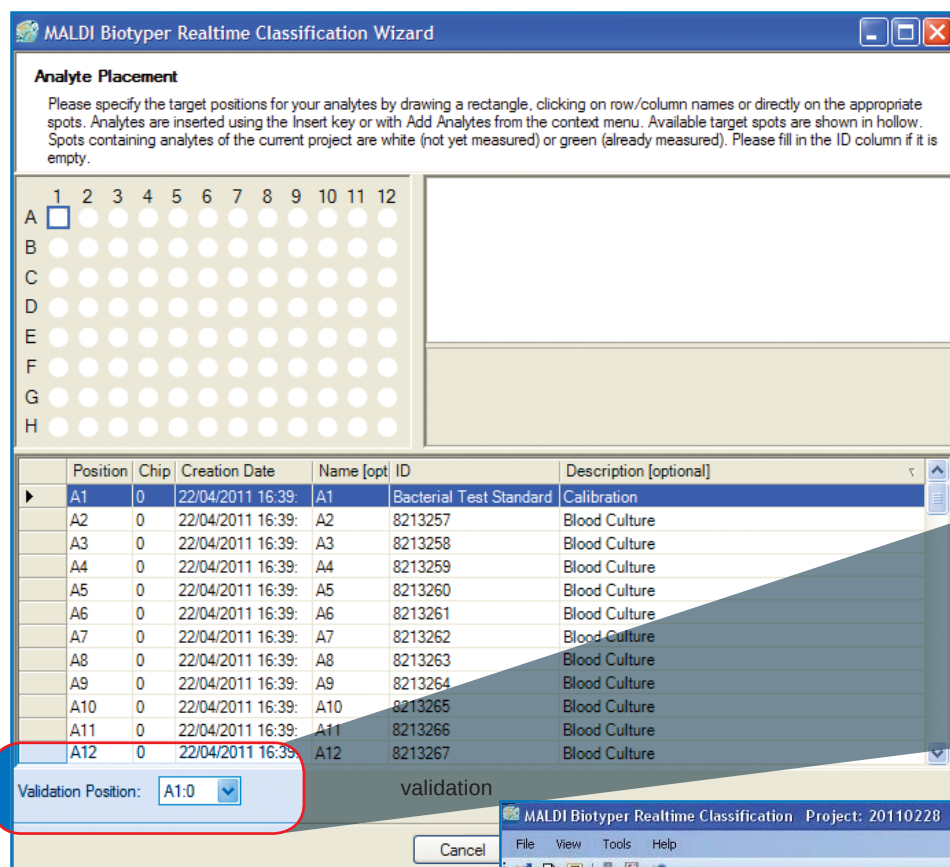
[illegible]

Протокол анализа

1. Отберите 1 мл крови в пробирку;
2. Добавьте гидролизующий буфер, перемешайте и отцентрифугируйте;
3. Добавьте промывочный буфер, перемешайте и отцентрифугируйте;
4. Растворите осадок в воде;
5. Проведите экстракцию белков по стандартному протоколу для идентификации микроорганизмов;
6. Нанесите 1мкл экстракта на мишень и покройте сверху матрицей;
7. Зарегистрируйте масс-спектры;
8. Получите результат.



Интуитивно понятное программное обеспечение для микробиологии...



Интерфейс программы

Интуитивно понятный интерфейс проведет Вас от образца до результата всего за несколько шагов. Данные можно импортировать из LIMS или Excel, или задать посредством сканирования штрих-кода.

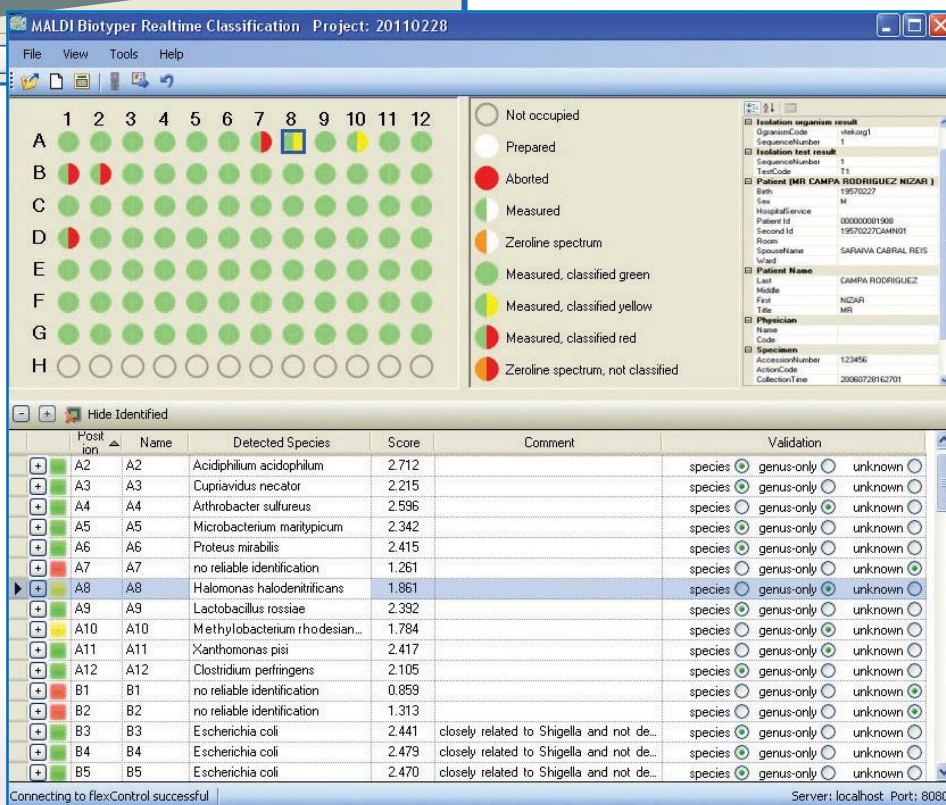
Автоматическая калибровка

Вы можете нанести бактериальный калибровочный стандарт на любую позицию мишени и использовать ее для автоматической калибровки и валидации Вашей системы.

Подтверждение результатов

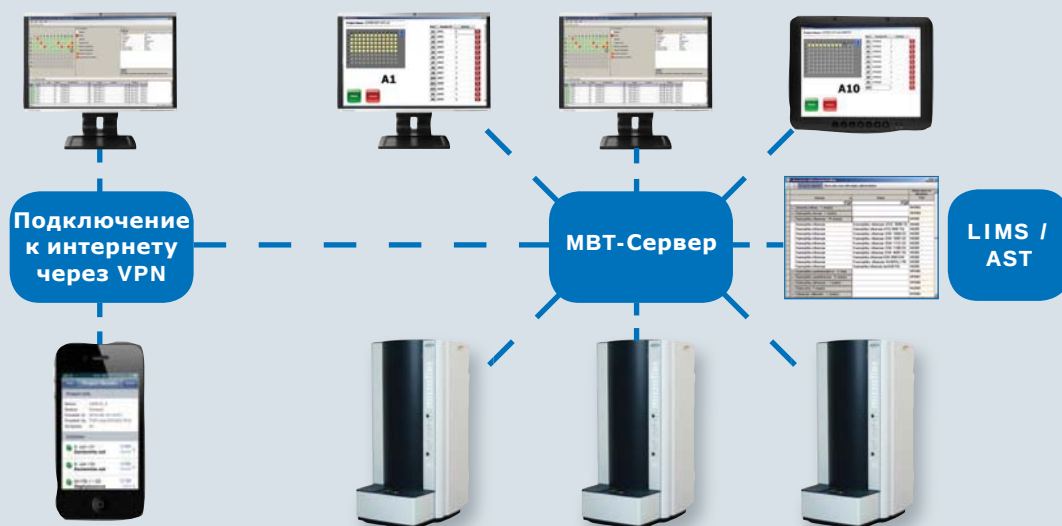
Встроенная система автовалидации позволяет проводить эффективную идентификацию образца и осуществляет валидацию результатов.

Выбрать правильный результат анализа поможет система “всплывающих подсказок”, которая не только позволит оценить полученные данные, но и экспортировать их в LIMS.



...Мощная и гибкая структура системы базы данных

Архитектура MBT клиент-сервера



Прямое подключение к LIMS

Интеграция всех систем управления лабораторной информацией осуществляется через сервер **MALDI Biotyper** (MBT-сервер). Отчеты в формате CSV и ASTM используются, для обмена данными и поддерживаются многими коммерческими LIMS.

Простое получение информации

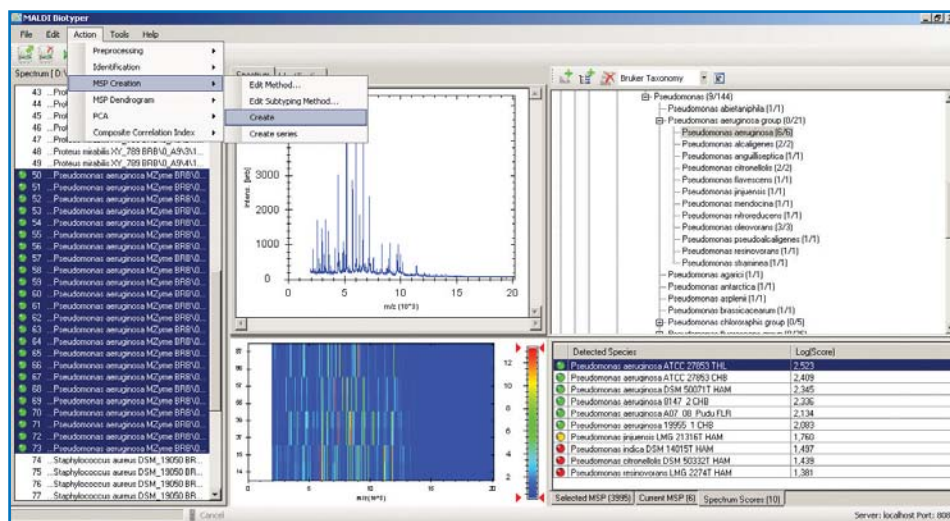
Центральный сервер MALDI Biotyper контролирует все входящие запросы и осуществляет хранение данных. Сервер производит обработку данных поступающих либо напрямую от масс-спектрометров, либо от удаленных клиентов. Возможна установка удаленного доступа на различные компьютеры, что позволяет производить настройку, запуск анализа или проверку статуса уже проведенных идентификаций с различных терминалов вашей лаборатории.

Предоставляемый отчет

Используя современные инструменты передачи данных, информация об идентифицированных микроорганизмах в **MALDI Biotyper**, автоматически конвертируются в нужный формат LIMS.

Species	Name	Abbreviation for laboratory
+ Grimontia hollisae - 1 strain(s)		GH0363
+ Haemophilus ducreyi - 1 strain(s)		HD0364
- Haemophilus influenzae - 10 strain(s)		HI0365
Haemophilus influenzae	Haemophilus influenzae ATCC 35056 TH	HI0365
Haemophilus influenzae	Haemophilus influenzae ATCC 9006 THL	HI0365
Haemophilus influenzae	Haemophilus influenzae DSM 10000 DS	HI0365
Haemophilus influenzae	Haemophilus influenzae DSM 10001 DS	HI0365
Haemophilus influenzae	Haemophilus influenzae DSM 11121 DS	HI0365
Haemophilus influenzae	Haemophilus influenzae DSM 11969 DS	HI0365
Haemophilus influenzae	Haemophilus influenzae DSM 4690T DS	HI0365
Haemophilus influenzae	Haemophilus influenzae DSM 9999 DSM	HI0365
Haemophilus influenzae	Haemophilus influenzae HU30410_1 PN	HI0365
Haemophilus influenzae	Haemophilus influenzae besS130 THL	HI0365
+ Haemophilus parahaemolyticus - 6 strain		HP0366
+ Haemophilus parainfluenzae - 5 strain(s)		HP0367
+ Haemophilus pittmaniae - 1 strain(s)		HP0368
+ Hafnia alvei - 7 strain(s)		HA0369
+ Haloarcula vallismortis - 1 strain(s)		HV036A

Обширная база данных по микроорганизмам



Доступная и обширная база данных

MALDI Biotyper содержит библиотеку масс-спектров, содержащую данные о штаммах нескольких тысяч микроорганизмов. Библиотека постоянно пополняется при участии лабораторий по всему миру.

Пользователи могут самостоятельно пополнять существующую или создавать свою библиотеку. Этот процесс автоматизирован и очень прост. Добавленные масс-спектры можно объединять в новую отдельную библиотеку посредством нескольких щелчков мыши.

The screenshot shows the 'MALDI Biotyper MSP Metadata Editor' window. It contains fields for entering metadata for a mass spectrum. The 'Organism' field is set to 'Pseudomonas aeruginosa' and the 'Strain' field is set to 'ATCC 27053'. Other fields include 'Provided by' (THL), 'Determined by' (ATCC), 'Conserved' (checkbox), 'Extraction Method' (BOH-FA), 'Matrix' (HCCA), 'Growing Conditions' (according to http://www.lgcpromochem-atcc), and a 'Comment' field with a matching hint.

Основная база данных

База данных **MALDI Biotyper** хранится в специальном формате Main Spectra (MSP). Данные о каждом микроорганизме получаются путем математического усреднения множества первоначальных спектров одного штамма.

Комплексный статистический алгоритм преобразует масс-спектр в формат MSP, путем извлечения информации о положении пиков, их интенсивности, частоты присутствия в спектре, а также использует технологию исключения шумовых сигналов и запатентованную технологию корректировки положения массы.

Спектр неизвестного микроорганизма сопоставляется с библиотекой, по средством многовариантного статистического анализа, на основе информации о положении и интенсивности сигнала для обеспечения максимального уровня точности и воспроизводимости всего спектра.

The screenshot shows the 'MALDI Biotyper Taxonomy Tree Editor' window. It displays a tree structure of projects and libraries. The 'Projects' section shows 'Filamentous_Fungi_Consortium' and 'Mycobacterium consortium library'. The 'MSPs of Mycobacterium consortium library' section shows a table of mass spectra with columns for 'MSP Name', 'Creation ...', and 'Peak List Count'.

MSP Name	Creation ...	Peak List Count
Mycobacteri	10.06.20	21
Mycobacteri	10.06.20	14
Mycobacteri	10.06.20	20
Mycobacteri	10.06.20	24
Mycobacteri	10.06.20	6
Mycobacteri	10.06.20	21

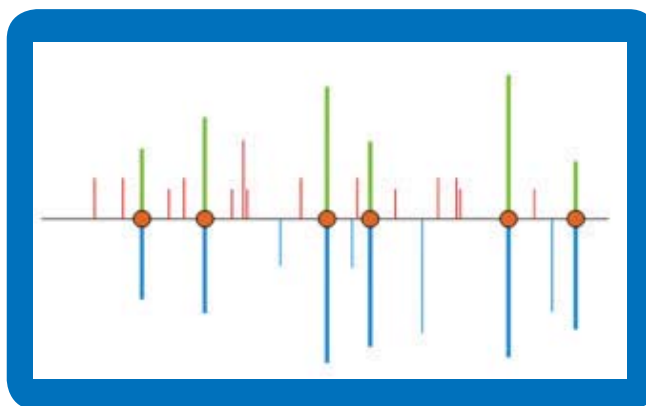
Постоянное пополнение базы данных и экспертная поддержка

Компания Bruker постоянно стремится к развитию базы данных. Библиотека масс-спектров **MALDI Biotyper** регулярно пополняется и обновляется.

Тщательный анализ данных - гарантия точности результата

Анализ и отображение полученных результатов

Сигналы исследуемого образца можно отображать одновременно с данными библиотеки. Сигналы образца отображаются над осью, в то время как библиотечные спектры отображаются под осью синим цветом. Идеальные совпадения между спектрами образца и библиотечным помечаются зеленым, а отличия выделяются красным. Светло-голубым отмечаются пики обнаруженные в библиотечном спектре, но отсутствующие в спектре образца.



Отчет

Итоговый отчет для каждого образца может включать в себя два наиболее идеальных совпадения с библиотечными штаммами. Детальный отчет может содержать информацию о десяти наиболее близких штаммах микроорганизмов к анализируемому образцу.

Общий отчет

Analyte Name	Organism (best match)	Score Value	Organism (second best match)	Score Value	
Enterococcus faecalis XY 123 BRB (+++)(A)	Enterococcus faecalis	2.348	Enterococcus faecalis	2.198	
Enterococcus faecalis XY 123 BRB (+++)(A)	Enterococcus faecalis	2.331	Enterococcus faecalis	2.229	
Proteus mirabilis XY 789 BRB (+++)(A)	Proteus mirabilis	2.579	Proteus mirabilis	2.378	
Proteus mirabilis XY 789 BRB (+++)(A)	Proteus mirabilis	2.634	Proteus mirabilis	2.394	
Pseudomonas aeruginosa MZyme BRB (+++)(A)	Pseudomonas aeruginosa	2.407	Pseudomonas aeruginosa	2.31	
Pseudomonas aeruginosa (+++)	Rank (Quality)	Matched Pattern		Score Value	NCBI Identifier
Staphylococcus aureus (++)	1 (+++)	Pseudomonas aeruginosa ATCC 27853 THL		2.407	287
Staphylococcus aureus (++)	2 (+++)	Pseudomonas aeruginosa 8147_2 CHB		2.31	287
	3 (++)	Pseudomonas aeruginosa DSM 50071T HAM		2.27	287
	4 (++)	Pseudomonas aeruginosa ATCC 27853 CHB		2.219	287
	5 (++)	Pseudomonas aeruginosa 19955_1 CHB		2.183	287
	6 (++)	Pseudomonas aeruginosa A07_08_Pudu FLR		2.017	287
	7 (+)	Pseudomonas jinjuensis LMG 21316T HAM		1.751	198616
	8 (-)	Pseudomonas citronellolis DSM 50332T HAM		1.622	53408
	9 (-)	Pseudomonas indica DSM 14015T HAM		1.382	137658
	10 (-)	Pseudomonas resinovorans LMG 2274T HAM		1.172	53412

Символ	Цвет
(+++)	Зеленый
(++)	Зеленый
(+)	Желтый
(-)	Красный

A - C)

Расшифровка оценки совпадений

Диапазон	Описание	Символ	Цвет
2.300 ... 3.000	Достоверная видовая идентификация микроорганизма	(+++)	Зеленый
2.000 ... 2.299	Достоверная родовая идентификация микроорганизма, Высокая вероятность видовой идентификации	(++)	Зеленый
1.700 ... 1.999	Высокая вероятность родовой идентификации микроорганизма	(+)	Желтый
0.000 ... 1.699	Нет точного результата идентификации	(-)	Красный

Значение категории совпадений (A - C)

Категория	Описание
A	Все 10 наиболее вероятных кандидатов принадлежат к одному роду. Зеленая категория - точное видовое соответствие, Желтая категория - точное родовое соответствие.
B	Предложенные 10 наиболее вероятных кандидатов принадлежат к разным родам. Зеленая и желтая категории -> видовое и родовое соответствие.
C	Нет ни видового, ни родового соответствия. Проверьте родственные микроорганизмы или анализируемый образец на предмет загрязнения.

Классификация результатов

Помимо степени совпадений, определяется категория совпадений. Данный параметр показывает степень согласованности данных. Категории делятся на «видовое соответствие», «родовое соответствие» или «нет соответствия».



Лучшие технологии от лидера в производстве MALDI-TOF систем

MALDI-TOF масс-спектрометры серии FLEX™

Система **MALDI Biotyper** создана на базе, хорошо зарекомендовавших себя MALDI-TOF масс-спектрометров серии FLEX. Данные системы разработаны как надежные, компактные, высокопроизводительные платформы предназначены для рутинной и интенсивной работы.

Многие функции этих выдающихся инструментов были объединены в систему **MALDI Biotyper** для достижения максимальной производительности, функциональности, простоты работы и увеличения времени эксплуатации прибора.

■ Компактная настольная система

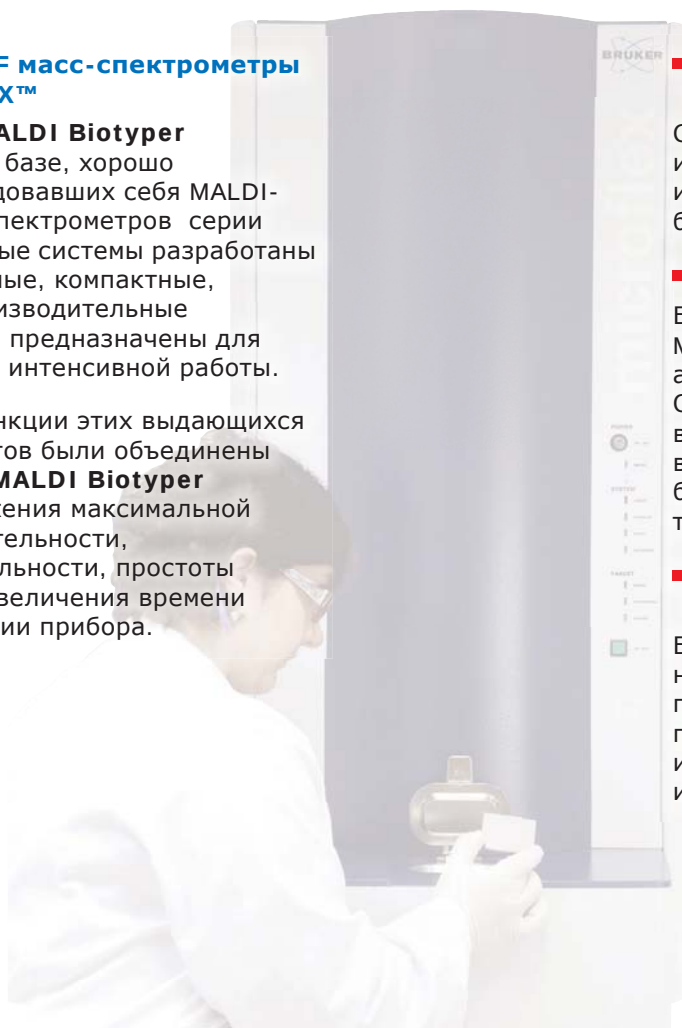
Современный компактный дизайн, использована та же электроника и инновации, что и у «старших братьев» данной серии приборов.

■ Бесшумная эксплуатация

Благодаря технологии Whisper-Mode ваша система работает абсолютно бесшумно. Отсутствие масляных насосов в вакуумной системе, делает ваш масс-спектрометр не только бесшумным, но и простым в техническом обслуживании.

■ Непревзойденная чувствительность

Благодаря высокочувствительному детектору Flash, Вы получаете ту же высокую производительность, как и на масс-спектрометрах исследовательского класса.



Непревзойденное сочетание высокой производительности и компактности системы

Готовая система для рутинной микробиологии

Система MALDI Biotyper

Традиционная MALDI-TOF система

Эффективность и производительность системы

Высокое разрешение на всем диапазоне масс

Запатентованная система импульсной экстракции ионов действует на всем диапазоне масс. Эта уникальная технология позволяет получать высокое разрешение и точности сигналов без необходимости длинной времяпролетной трубы.

Максимальная производительность системы и окупаемость инвестиций

Самоочищающийся источник

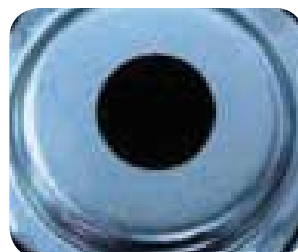
Источник ионов Perpetual™ - это уникальный оснащенный автоматической системой самоочистки источник. Данная технология позволяет осуществлять плановую очистку системы менее чем за 15 минут без дорогостоящих и трудоемких затрат, вызова инженера сервисной службы и потери вакуума в системе.

Сбор данных посредством Smart-Spectra™

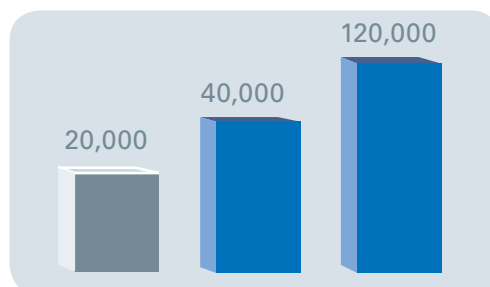
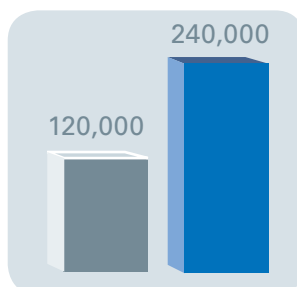
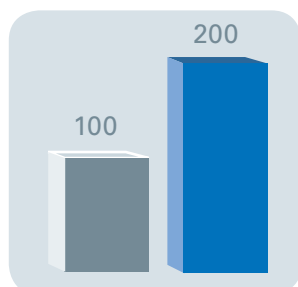
Данная возможность ускоряет сбор данных за счет минимизации времени и уменьшения количества вещества необходимого для получения сигнала. За 30 минут Вы сможете полностью проанализировать 96 образцов.



До очистки



После отчистки



Количество образцов между ежегодным обслуживанием

MALDI-TOF MS

MBT

MALDI-TOF MS

MBT

MALDI-TOF MS

MBT

MBT с самоочищающимся источником

● Технические характеристики

Размеры и условия эксплуатации

ДхШхВ:	510 x 680 x 1093мм [20.1" x 26.8" x 43"]
Вес:	84кг(185 lb) без упаковки
Шум:	<30 Дб при н.у. эксплуатации
Температурный режим:	10-30°C (50-86°F)
Относительная влажность:	15-85% @ 30°C

Масс-спектрометр Microflex LT

- Азотный лазер с частотой 60 Гц
- Панорамное разрешение при полной чувствительности (FSR)
- Запатентованная система автоматического анализа спектров
- Самоочищающийся источник ионизации Perpetual™
- Новейший Flash детектор
- Режим низкого шума Whispermode™
- Безмасляный форвакуумный и турбомолекулярный насосы
- Произведен в соответствии с требованиями GMP и QSR

Анализируемые объекты:

- Грамположительные и грам-отрицательные бактерии, дрожжи, грибы, микобактерии, положительные культуры крови и мочи

ПК, ПО и база данных:

- Операционная система Windows XP, Windows 7
- Четырехъядерный процессор 2.66 ГГц, Лазерный принтер
- Возможность удаленного обслуживания, используя 128-битный SSL
- База данных MALDI Biotyper
- MALDI Biotyper клиент-сервер

Дополнения для системы:

- Программный пакет IVD MALDI Biotyper в соответствии с директивой Европейского парламента и Совета 98/79/EC (IVD)
- Набор Sepsityper для идентификации из положительных культур крови и мочи

Мишени:

- Многоцветные полированные мишени из нержавеющей стали: на 48 и 96 позиций с и без штрих-кодов
- Одноразовые 48-позиционные мишени с индивидуальными штрих-кодом
- 24- и 96-позиционные мишени



Франк Лаукиен, президент компании Bruker

«Компания Bruker является инноватором и лидером в производстве масс-спектрометрических систем для клинических исследований. Компания Bruker постоянно совершенствует свои системы для достижения максимальной функциональности, производительности, сокращения времени анализа и обеспечения высочайшей надежности результатов.

Решения компании Bruker это не только передовые технологии, но и источник ответов, необходимых для успешного лечения серьезных заболеваний во всем мире.»

www.bruker.com ● Bruker Daltonik GmbH

Bremen · Germany
Phone +49 (421) 2205-0
Fax +49 (421) 2205-103
sales@bdal.de

Bruker Daltonics Inc.

Billerica, MA · USA
Phone +1 (978) 663-3660
Fax +1 (978) 667-5993
ms-sales@bdal.com

ООО „Брукер“

г. Москва, Россия
Тел. +7 495 517 9284/9285
Факс +7 495 517 9286
ms@bruker.ru