

Biotechnology Biotechnologie

BIOTECH



LCMS-IT-TOF™

The LCMS-IT-TOF mass spectrometer combines a quadrupole ion trap and a time of flight mass analyzer (TOF), resulting in a system which provides MSⁿ information with high mass accuracy and mass resolution for LC detection.

It delivers a wealth of qualitative information from a sample in a single experiment, thus eliminating multiple analyses and avoiding splitting of samples between multiple instruments. The outstanding performance of the LCMS-IT-TOF is based on the temperature controlled TOF detector which eliminates the need for regular mass calibration over a long period of time. Short duty cycles and consistent data quality of the LCMS-IT-TOF allow extensive fragmentation of the various eluting components of a single HPLC separation. In addition to the structural information gathered from related MS/MS and MSⁿ experiments, the empirical formulae for each compound or fragment can be predicted.

Thanks to the auto tuning function and the easy-to-use LCMSsolution software, this instrument enables scientists to generate outstanding data within a very short time.

With multiple ionization sources, it will be a critical tool for the analysis of small as well as larger molecules in target compound identification and characterization, particularly in the fields of impurity analysis, metabolomics, proteomics, metabolite identification and biomarker discovery.

- high mass accuracy (less than 5 ppm) and mass resolution (greater than 10,000) for all MS modes (MS, MS², MS³; MSⁿ)
- rapid polarity switching to support metabolism and biomarker discovery programs
- high precursor ion selection with precursor ion resolution of the ion trap of 1,000 at m/z 1,000
- high sensitivity of detection
- large variety of ionization sources (ESI, APCI, APPI and nano spray)
- additional software packages used in metabolomics, proteomics as well as in formula prediction are available to support data evaluation, e.g. Formula Predictor software)

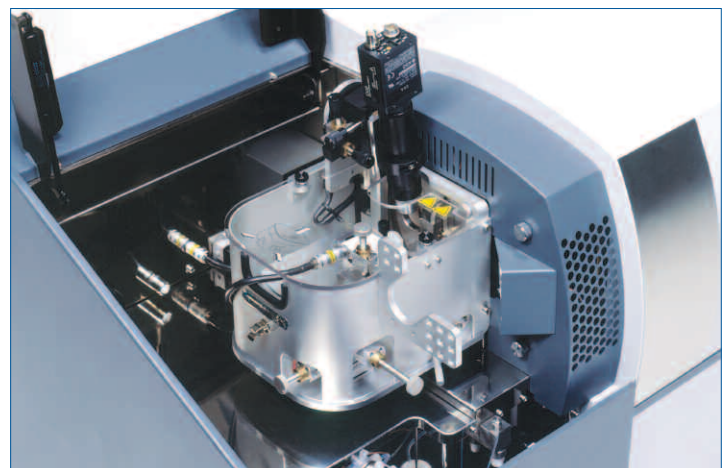
Das LCMS-IT-TOF-Massenspektrometer kombiniert die Vorteile einer Quadrupol-Ionenfalle mit denen eines Flugzeitmassenanalysators. Dieser einmalige Geräteaufbau ermöglicht MSⁿ-Analysen bei gleichzeitiger hoher Massengenauigkeit und Massenauflösung.

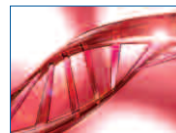
Aus einer einzigen Probe lassen sich eine Fülle qualitativer Informationen generieren, ohne Mehrfach-Analysen durchführen zu müssen. Ein temperiertes Flugrohr im Gerät gewährleistet die nötige Stabilität über einen langen Zeitraum hinweg und macht eine häufige Kalibrierung unnötig. Dank kurzer Zyklen bei der MS-Analyse und konstanter Datenqualität lassen sich zahlreiche Verbindungen während eines HPLC-Laufs fragmentieren. Darüber hinaus können durch die hohe Massengenauigkeit auch Informationen

über die Summenformel der Verbindungen und deren Fragmente gewonnen werden – zusätzlich zu Strukturinformationen aus zugehörigen MS/MS- und MSⁿ-Analysen.

Die Autotuning-Funktion und die einfach zu bedienende LCMSsolution Software erlauben es, herausragende Daten in kurzer Zeit zu erzeugen. Das LCMS-IT-TOF kann mit verschiedenen Ionisationsquellen ausgestattet werden, was die Analyse kleiner polarer oder unpolarer Verbindungen und auch größerer Moleküle ermöglicht. Aufgrund seiner hohen Leistungsfähigkeit eignet sich das LCMS-IT-TOF hervorragend für die Identifizierung und Charakterisierung von unbekanntem Molekülen, wie es zum Beispiel bei der Analyse von Verunreinigungen, bei Metabolomics/Proteomics-Studien sowie der Identifizierung von Biomarkern der Fall ist.

- hohe Massengenauigkeit (besser als 5 ppm) und Massenauflösung (größer als 10.000) für alle MS-Modi (MS, MS², MS³; MSⁿ)
- schnelles Umschalten der Polarität ermöglicht den Einsatz in der Metaboliten- und Biomarker-Forschung
- hohe Vorläuferionenselektivität; die Vorläuferion-Auflösung der Ionenfalle ist 1.000 bei m/z 1.000
- hohe Detektionsempfindlichkeit
- verschiedenste Ionisationsquellen (ESI, APCI, APPI und Nano-Spray)
- zusätzliche Software-Lösungen für Metabolomics, Proteomics und die Vorhersage der elementaren Zusammensetzung von unbekanntem Verbindungen, z.B. Formula Predictor Software)





prominence SQ

Biotechnology

Biotechnologie

LCMS-2010EV

The LCMS-2010EV single stage quadrupole mass analyzer has evolved into the most flexible MS detection system for LC currently available.

It delivers unprecedented performance for a complete range of analytical challenges from integrated column switching at capillary flow rates to mass directed auto-purification at preparative flow rates.

- maximized sensitivity through optimized ion optics
- high speed mass range scanning electronics (6,000 amu/s)
- supports ESI, APCI and APPI source
- unique APCI support for low flow rate applications (25 $\mu\text{L}/\text{min}$)
- supported by PsiPort™ web based software for both analytical and preparative data review
- in mass directed auto-purification the fraction triggering can be optimized using both slope and threshold parameters in addition to AND/OR logic utilizing other HPLC detector signals

- supports analog output for triggering an external fraction collector in polarity switching mode

Dieses Single-Quadrupol-Massenspektrometer ist einer der flexibelsten und empfindlichsten Massenanalytoren für die LC.

Es bietet in verschiedenen Anwendungen eine herausragende Leistung – von integrierter Säulenschaltung bei Flussraten für Kapillarsäulen bis hin zur automatischen massengesteuerten Aufreinigung bei präparativen Flussraten.

- maximale Empfindlichkeit durch verbesserte Ionenoptik
- sehr schnelle Scan-Geschwindigkeit (6.000 amu/s)
- unterstützt ESI-, APCI- und APPI-Quellen
- Unterstützung von APCI-Ionisierung bei niedrigen Flussraten (25 $\mu\text{l}/\text{min}$)
- Unterstützung durch PsiPort™, der web-basierten Software für die komfortable Datenauswertung im analytischen und präparativen Modus

- die massengesteuerte automatische Fraktionierung kann unter Verwendung von Peaksteigung und Schwellenwert optimiert werden. Über eine Und/Oder-Logik können weitere HPLC-Detektorsignale für die Steuerung der Fraktionierung ausgewertet werden
- ein externer Fraktionssammler kann auch im Polarity Switching Modus angesteuert werden

AXIMA™ MALDI-TOF MS Systems

The AXIMA range of MALDI-TOF MS systems delivers uncompromised data quality for biochemical, chemical and life science researchers.

The open architecture integrates with other enabling technologies from Shimadzu Biotech such as chemical inkjet printing (CHIP-1000) for tissue imaging and LC-MALDI (AccuSpot), resulting in the most flexible MALDI technology platform currently available. The AXIMA MALDI-TOF MS systems create a new benchmark in mass accuracy and resolution with high sensitivity.

AXIMA-Assurance

Linear MALDI-TOF mass spectrometer for mass detection without the need for structural information. The instrument is ideally suited for high throughput QA/QC applications in the areas of oligonucleotides, protein detection, identification of microorganisms, polymer analysis and microsatellite DNA characterization.

AXIMA-Confidence

MALDI-TOF mass spectrometer with curved field reflectron. The unique patented curved field reflectron provides in seconds the most efficient seamless PSD peptide fragmentation data for protein identification.

Automatic seamless PSD can be combined with automated peptide mass fingerprint experiments for further identification or confirmation.

AXIMA-Performance

MALDI-TOF mass spectrometer for high energy CID MS/MS with high performance, patented monoPULSE™ ion gate providing market-leading MS/MS

precursor ion selection resolution. Combined with high resolution MS spectra, more information can be extracted even from mixtures and neighboring isotopic envelopes.

The unique combination of the novaCFR™ reflectron and the 20-K™ high energy collision cell means that you see all the MS/MS fragment ions produced in the instrument.

The zoomIMMO™ feature allows rapid zooming in on diagnostic immonium ions at the low mass end of the spectrum.

High resolution and accuracy are consistent across the MS/MS mass range with no stitching of MS/MS fragment and precursor ion spectra.

No grids are used in the optics, thereby ensuring high ion transmission.

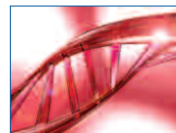
Sensitivity is improved for reliable MS/MS results, guaranteeing confident identifications without complications.

AXIMA-QIT

Hybrid MALDI-TOF mass spectrometer combining quadrupole ion trap technology with the simplicity of a time of flight MALDI system.

The design enables researchers to use the power of MSⁿ and the accuracy and resolution of a TOF detection. The AXIMA-QIT provides researchers with a unique tool set for the characterization of protein sequences, proteoglycans and carbohydrates.





AXIMA™ MALDI-TOF-MS-Systeme

Die AXIMA MALDI-TOF-MS-Systeme sind richtungsweisend in Massengenauigkeit und -auflösung bei gleichzeitig hoher Empfindlichkeit.

Der flexible Aufbau erlaubt die Kombination der Geräte mit anderen Instrumenten aus dem Shimadzu Biotech Portfolio (CHIP-1000 für Tissue Imaging und AccuSpot für LC-MALDI). So können flexible und leistungsstarke Plattformen für Anwendungen aus der chemischen, biochemischen und Life-Science-Forschung aufgebaut werden.

AXIMA-Assurance

Lineares MALDI-TOF-Massenspektrometer für eine schnelle Massenbestimmung von Molekülen ohne Generierung weiterer Strukturinformationen. Das Design erlaubt auch Hochdurchsatz-Analysen bei QA/QC-Anwendungen in der Oligonukleotid-,

In Kombination mit der Messung von peptide mass fingerprints können PSD-Experimente automatisiert zur Absicherung einer Protein-Identifizierung eingesetzt werden.

AXIMA-Performance

Reflektrom MALDI-TOF-Massenspektrometer für Hochenergie-CID-MS/MS-Fragmentierungen mit höchster Massenauflösung und Empfindlichkeit bei hervorragender Massengenauigkeit. Das neu entwickelte, patentierte monoPULSE™ ion gate bietet eine einmalige Auflösung für die Auswahl des Vorläuferions in MS/MS-Experimenten. Die 20-K™ Hochenergie-Stoßzelle mit dem novaCFR™ Reflektrom ermöglicht eine schnelle und effektive Erzeugung und Registrierung von MS/MS-Fragmentspektren.

Die neuartige zoomIMMO™ Funktion verstärkt die Darstellung der MS/MS-

leistet sichere Analysen ohne Komplikationen.

AXIMA-QIT

Dieses kombinierte Trap-TOF-MALDI-Massenspektrometer vereint die Flexibilität und Robustheit der MALDI-Ionisation mit den MSⁿ-Fähigkeiten einer Ionenfalle und der Spektrqualität eines Flugzeitmassenspektrometers.

Das AXIMA-QIT ermöglicht einzigartige Experimente in der Charakterisierung von Proteinsequenzen, Proteoglykanen und Kohlenhydraten.

Biotechnology

Protein- und Polymeranalytik sowie für die Identifizierung von Mikroorganismen und Micro-Satellite DNA-Charakterisierung.

AXIMA-Confidence

Reflektrom MALDI-TOF-Massenspektrometer mit „curved field reflectron“. Das einzigartige patentierte „curved field reflectron“ erzeugt mit „seamless PSD“ schnell und effektiv Fragmentspektren, etwa für die Identifizierung von Proteinen über die PSD-Fragmentspektren ihrer tryptischen Peptide.

Fragmente im unteren Massenbereich, zum Beispiel der Immonium-Fragmentionen eines Peptids.

Die hohe Massenauflösung und -genauigkeit sind über den Massenbereich der Ionenfragmente einheitlich, ohne Stitching von MS/MS-Spektren und Vorläuferionenspektren.

Im optischen System wurde auf Gitter verzichtet, um eine hohe Ionenübertragung zu sichern. Die verbesserte Empfindlichkeit ermöglicht zuverlässige MS/MS-Ergebnisse und gewähr-

Biotechnologie



CHIP-1000 Chemical Inkjet Printer Chemischer Inkjet Printer

The Chemical Inkjet Printer is a unique piezoelectric liquid delivery system designed for exploring new challenges in micro-scale chemistry. Using nanotechnology fluidics the CHIP can deliver approx. 100 picoliter droplets of bio-chemicals and solvents to a diverse range of applications in biomedical and diagnostic analysis including on-tissue experiments (profiling/imaging), micro-scale on membrane protein identification and nanowestern analysis.

- delivers picoliter volumes of reagents to specific target locations (typically 100 – 400 μm in diameter) using 4 piezoelectric printing devices
- surface targets can be mounted on a conventional 96 well plate format (including PVDF membranes for PMF analysis and nanowesterns)
- focus on specific surface targets opens new horizons in working with critical biological samples (e.g. brain tissue for tissue profiling/ imaging)

Der CHIP-1000 dosiert Pikoliter-Volumina an Reagenzienlösungen sehr präzise über piezoelektronische Printköpfe auf verschiedene Oberflächenmaterialien, wie zum Beispiel Gewebeschnitte oder eine PVDF-Membran, und ermöglicht so Analysen im Mikromaßstab. Der Printer eignet sich für Applikationen in Biomedizin und Diagnostik – einschließlich der Probenpräparation für Tissue Profiling/Imaging, der micro-scale Proteinidentifizierung direkt von einer PVDF-Membran sowie der Nano-Western-Analyse.

- vier Piezo-Printköpfe ermöglichen den Transfer von verschiedenen Lösungen (100 – 400 μm im Durchmesser), zum Beispiel bei einem Mehrfachverdau eines Proteinspots mit unterschiedlichen Enzymen oder bei einer Derivatisierung auf ausgewählte Bereiche der Membran
- Probenbearbeitung im 96-well Mikrotiterplattenformat

Biotechnology

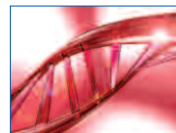
Biotechnologie

- supports the delivery of multiple chemistries to a specific target location, increasing the level of protein information (sequence coverage) without repeating sample separation
- integrated with Shimadzu Biotech AXIMA MALDI mass spectrometers for rapid protein identification from tissue section as well as PVDF membranes

The CHIP-1000 technology was developed by Shimadzu and Proteome Systems Limited.

- neue Möglichkeiten bei der Untersuchung von Oberflächenmolekülen kritischer Proben (z.B. Gehirn- oder Tumorgewebe)
- mehr Informationen von einem Protein durch verschiedene Derivatisierungen auf dem selben Spot ohne erneute Probentrennung durch Gel-Elektrophorese
- einfache Kombination mit den Shimadzu AXIMA MALDI-Massenspektrometern für die Identifizierung von Proteinen aus Gewebeschnitten und von PVDF-Membranen

Die Technologie des CHIP-1000 haben Shimadzu und Proteome Systems Ltd. gemeinsam entwickelt.



AccuSpot LC-MALDI

This high capacity LC spotting device was designed for online collection of fractions eluting from Capillary/ Nano LC. It combines the identification performance and automation of a MALDI-MS system with the separation performance and flexibility of an LC system. Integrated with 1D or 2D LC systems, the AccuSpot increases significantly the potential to automate challenging proteomic studies.



- supports micro-fractionation on AXIMA MALDI-MS targets, for 96 or 384 well plates; 9 micro titer plates can be loaded at a time (using either 96 well or 384 well format)
- multiple plates can be spotted continuously, nine plates without stopping
- the flow rate of the co-delivered MALDI matrix solution can be adjusted from 0.1 $\mu\text{L}/\text{min}$ to 50 $\mu\text{L}/\text{min}$

- a spotting monitor feature and a CCD camera confirm actual spotting status on the PC screen
- supports micro-fractionation on up to 18 ABI MALDI-MS targets or 9 Bruker MALDI-MS targets (96 or 384 micro titer plate format)

Dieser Mikrofraktions-Sammler für die Kapillar- und Nano-LC verbindet die Trennleistung und Flexibilität einer LC mit der Identifizierungsleistung und Empfindlichkeit eines MALDI-MS. Die erforderliche MALDI-Matrix-Lösung wird vor dem Ablegen der Fraktion automatisch mit dem Eluenten gemischt. Die Einbindung des AccuSpot in 1D- oder 2D-LC-Systeme eröffnet neue Möglichkeiten bei der Automatisierung aufwändiger Proteomstudien.

- unterstützt die Mikrofraktionierung auf AXIMA MALDI-MS Targets, für 96- oder 384-well-Platten; bis zu 9 Mikrotiterplatten können in einem Lauf kontinuierlich beladen werden (entweder 96-well-oder 384-well-Format)
- die Matrix kann in Flussraten von 0,1 $\mu\text{L}/\text{min}$ bis 50 $\mu\text{L}/\text{min}$ zudosiert werden

- eine CCD-Kamera ermöglicht die Überwachung der Mikrofraktionierung und des aktuellen Status des Systems auf dem PC-Monitor
- unterstützt die Mikrofraktionierung auf bis zu 18 ABI MALDI-MS Targets oder 9 Bruker MALDI-MS Targets (96 oder 384 Mikrotiterplattenformat)

BioSpec-mini

The BioSpec-mini is a routine instrument with application-optimized user-interface designed particularly for the biosciences.

It is compact, easy-to-use and is also suitable for classic spectroscopic applications (190 - 1100 nm). It complements the UV-1240 compact spectrometer series and features a 5 nm fixed slit width.

- nucleic acid analysis, quantification of single and double stranded DNA, RNA

- Warburg-Christian method
- protein quantification according to, among others, the Lowry, Bradford and Biuret methods
- calculation of molecular mass, molar extinction coefficients as well as melting point determinations
- accessories for application-specific analyses (sippers, single and multi-cell holders, thermostatted cuvette holders, program cards [for instance kinetics], micro-cuvettes)

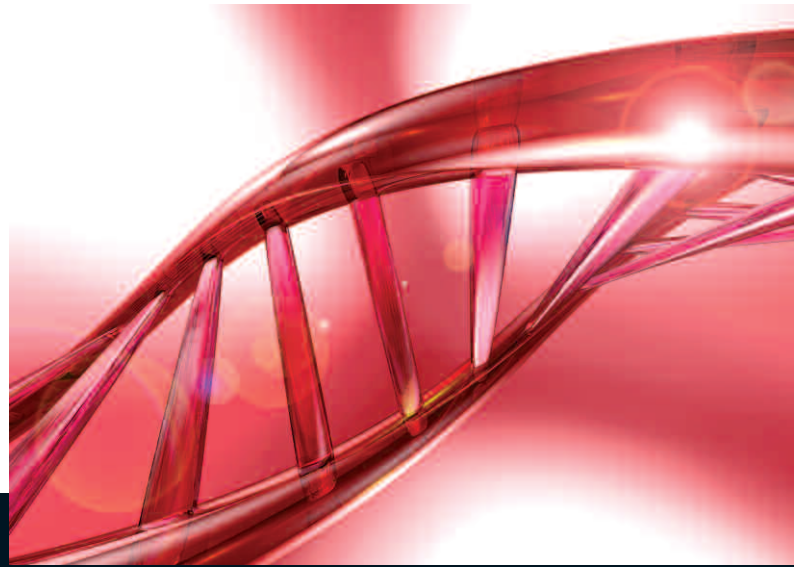
Das BioSpec-mini ist ein Routinegerät mit applikationsoptimierter Bedienoberfläche – speziell für die Biowissenschaft.

Es ist kompakt, leicht zu bedienen und eignet sich auch für klassische spektroskopische Anwendungen (190 bis 1100 nm). Es ergänzt die Kompaktspektrometer-Serie UV-1240 und ist mit 5 nm Festsplatt ausgestattet.

- Nukleinsäure-Analyse, Quantifizierung ein- und doppelsträngiger DNA, RNA

- Warburg-Christian-Methode
- Protein-Quantifizierungen nach Lowry, Bradford, Biuret u.a.
- Berechnung von Molekulargewichten, molaren Extinktionskoeffizienten sowie Schmelzpunktbestimmung
- Zubehör für anwenderspezifische Analysen (Sipper, Einfach- und Multizellhalter, temperierbare Küvettenhalter, Programm-Karten [zum Beispiel Kinetik], Mikroküvetten)





BIOTECH

To find your local Shimadzu contact
please visit www.shimadzu.eu



Shimadzu Europa GmbH
Albert-Hahn-Str. 6-10 · D-47269 Duisburg

Tel.: +49 - (0)203 - 76 87-0
Fax: +49 - (0)203 - 76 66 25
Email: shimadzu@shimadzu.de