

TIMS-QTOF MS

timsTOF Pro 2

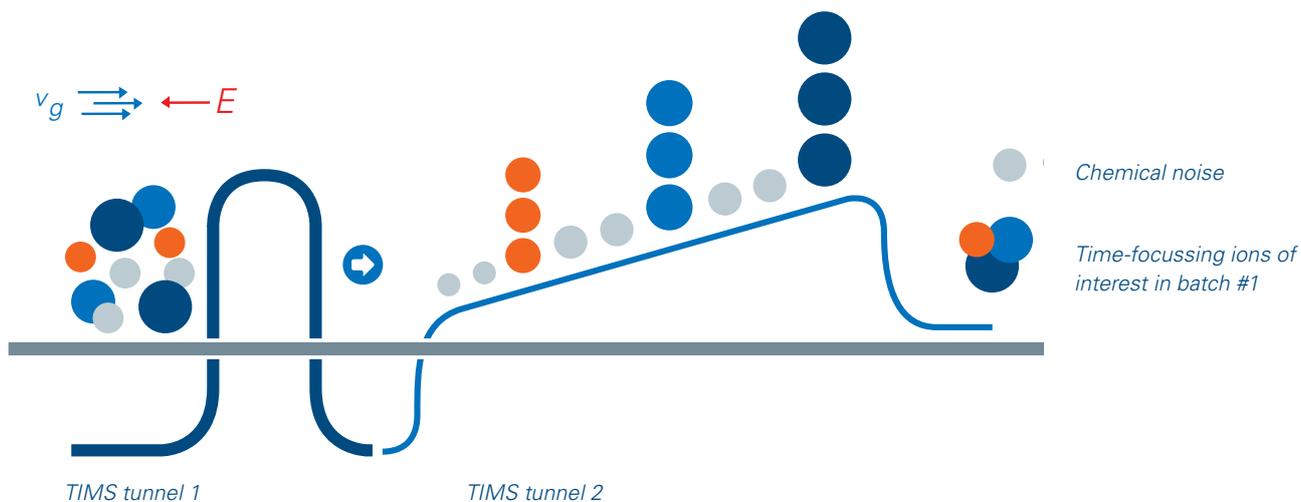
高速高感度 4D- マルチオミクスの新基準

Innovation with Integrity

timsTOF Pro 2

高速、高感度、4D-マルチオミクスの基準

timsTOF Pro 2 質量分析計には、3 倍のイオンキャパシティーを持つ画期的なデュアル TIMS アナライザーが搭載されています。簡素化されたイオン光学系は、イオントランスファーと感度を最大化し、4D-マルチオミクスの新たな基準となります。短いグラジエントでも妥協のないカバレッジの深さと CCS に対応した精度により、timsTOF Pro 2 はトランスレーショナル・マルチオミクスのアプリケーションに欠かせないものとなっています。



デュアルTIMSとCCSに対応した分析

Trapped ion mobility spectrometry (TIMS) は、LC-MS に気相での分離という新たな次元を加えることで、サンプルの複雑性を解消します。TIMS は、所定の質量電荷比 (m/z) と衝突断面積に基づく移動度のイオンを蓄積・濃縮します (時間集束効果)。これにより、シグナルからのノイズの分離をより忠実に行うことができ、これにより感度が向上し、かつてない MS/MS カバレッジを実現しています。

デュアル TIMS は、TIMS トンネル 1 にイオンを蓄積することでほぼ 100% のデューティサイクルを実現し、TIMS トンネル 2 のイオンが順次放出されます (120 Hz 以上)。この Parallel Accumulation Serial Fragmentation (PASEF[®]) により、衝突断面積 (CCS) 解析を高速で行うことができます。

PASEF®により、複雑なサンプルを高速で詳細に解析することが可能になりました。

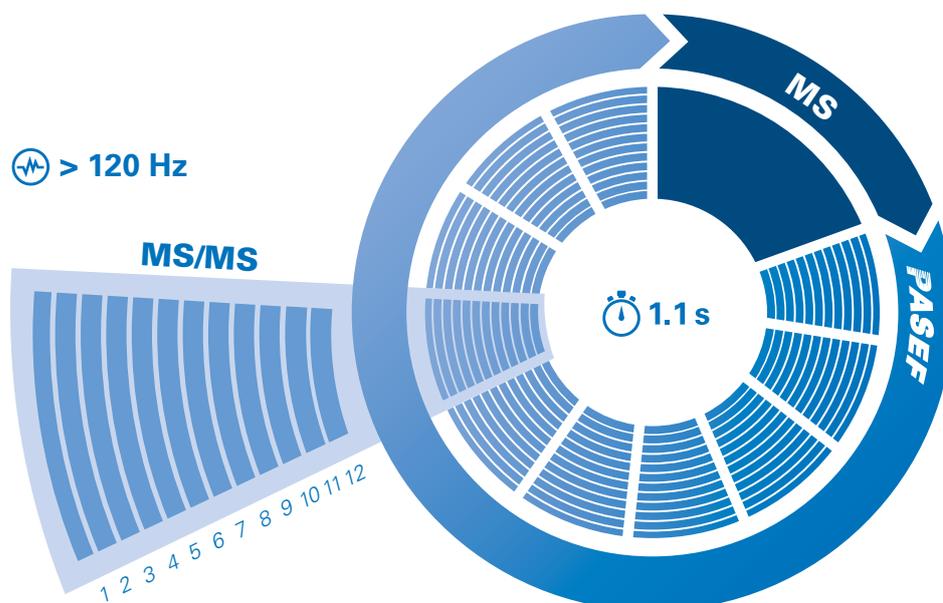
ブルカーでは、Matthias Mann 教授と共同で、プロテオミクス質量分析の欠点を解消するために、デュアル TIMS 技術を用いた PASEF® (Parallel Accumulations Serial Fragmentation) スキャン機能を開発しました。ペプチドイオンは、トラップドイオンモビリティスペクトロメトリーで分離・溶出され (~ 100ms)、四重極飛行時間アナライザー (QTOF) で検出され、TIMS MS ヒートマップが生成されます。

PASEF® は、同じ TIMS 分離を利用して、MS/MS でイオンを連続的に断片化します。四重極

は、溶出中に特定のイオン種を分離し、すぐに次のプレカーサーにシフトします。親イオンとフラグメントのスペクトルは、移動度の値によって整列されます。

PASEF® テクノロジーは、120 Hz 以上の速度でシーケンシングを実現し、MS/MS スペクトルの品質が低いペプチドを何度か選択することで、より信頼性の高いペプチドスペクトルマッチング (PSM) を実現することができます。

PASEF® はショットガンプロテオミクスに最適なソリューションです。PASEF® を搭載した timsTOF Pro 2 は、感度や分解能を損なうことなく、120 Hz 以上のシーケンス速度を実現しています。これは、四重極の分離質量窓を TIMS ファンネルからの特定のペプチドパッケージの溶出時間と同期させることによって達成されます。



Prof. Dr. Matthias Mann

Director, Department of Proteomics and Signal Transduction, Max-Planck-Institute of Biochemistry, Martinsried, Germany

「ペプチドの混合物を 2 次元 (保持時間と m/z) で分析すると、非常に複雑であることがわかりました。もう 1 つの次元を追加することで、原理的にはその先に進むことができます。新たな分離次元に加えて、timsTOF Pro 2 は非常に速いスピードと高い感度を備えているので、プロテオームをより深く理解することができ、サンプル量も少なく済みます。」



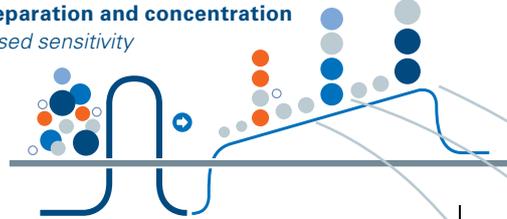
識別の信頼性を高める dia-PASEF®

PASEF®のスピードとTIMS由来の衝突断面積(CCS)の圧倒的な特異性により、データインディペンデント解析を実現します。



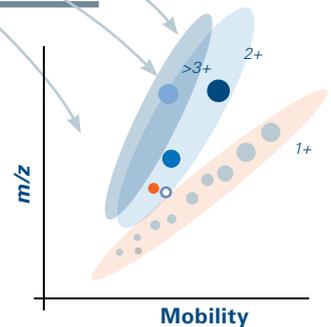
1 TIMS separation and concentration

- Increased sensitivity



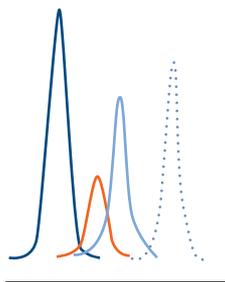
2 Separation by rt, m/z and mobility

Increased selectivity reveal sample complexity signal clean-up



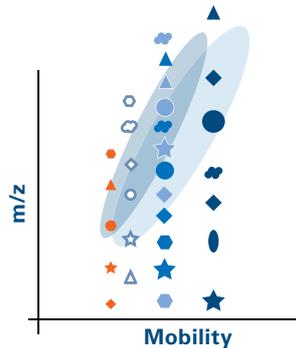
3 Increased CCS-coded analytes

- ID Confidence
- Increased Quant accuracy
- MOMA ID & Quant



RT

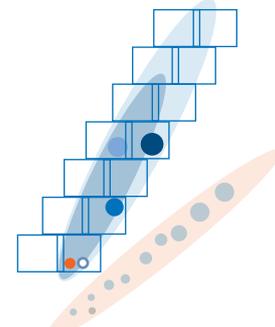
6 Accuracy - Selectivity - Sensitivity Robustness - Confidence - Speed



Mobility

5 MS/MS based, CCS-enabled

Quantitation accuracy
- Ultimate selectivity
- Results confidence



4 Bi-dimensional dia-PASEF windows

- Improved ion usage: sensitivity
- Shortened cycle time: throughput
- 1+ removal: spectral quality

- Chemical noise
- Ion 1 (high CCS)
- Ion 2 (intermediate CCS)
- Ion 3 (intermediate CCS)
- Isobaric Ion 4 (MOMA)
- Isobaric Ion 5 (MOMA)

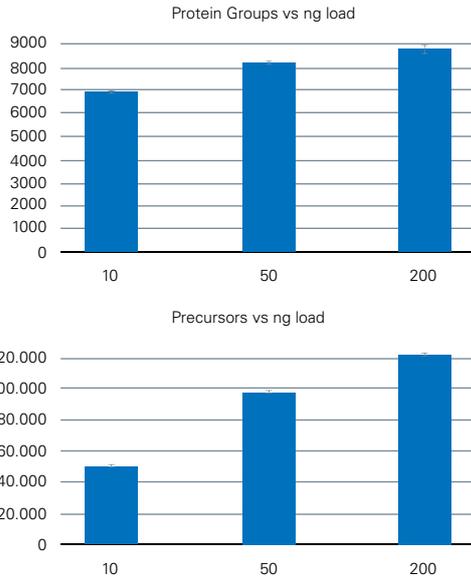
Data-independent acquisition (dia)-PASEF® は、DIA の利点と PASEF® のイオン利用効率を組み合わせることで、従来の DIA のアプローチよりも高い感度と選択性を実現します。LC-MS/MS dia-PASEF® の実行全体にわたって、 m/z 、イオンモビリティ(CCS)、保持時間、強度を含む完璧な 4 次元データが作成されます。TIMS 分離は、選択性を高め、1 価の前駆体をフラグメンテーションから除外し、ノイズからシグナルを濃縮することでサンプルをクリーンにします。また、デュアル TIMS ファンネルから得られる分子量と CCS 情報の相関を利用して、dia-PASEF® は確信度の高いペプチド同定を可能にします。

これまでにないプロテオミクスの深さ

ペプチドやタンパク質の配列を最大限にカバー

35分のグラジエント時間で前例のないプロテオームカバレッジを実現

K562 digest, 35 min gradient (≒ 30 Sample per day) K562 消化物の dia-PASEF® 解析。データ処理は、PaSER™ with TIMS DIA-NN を使用し実行。



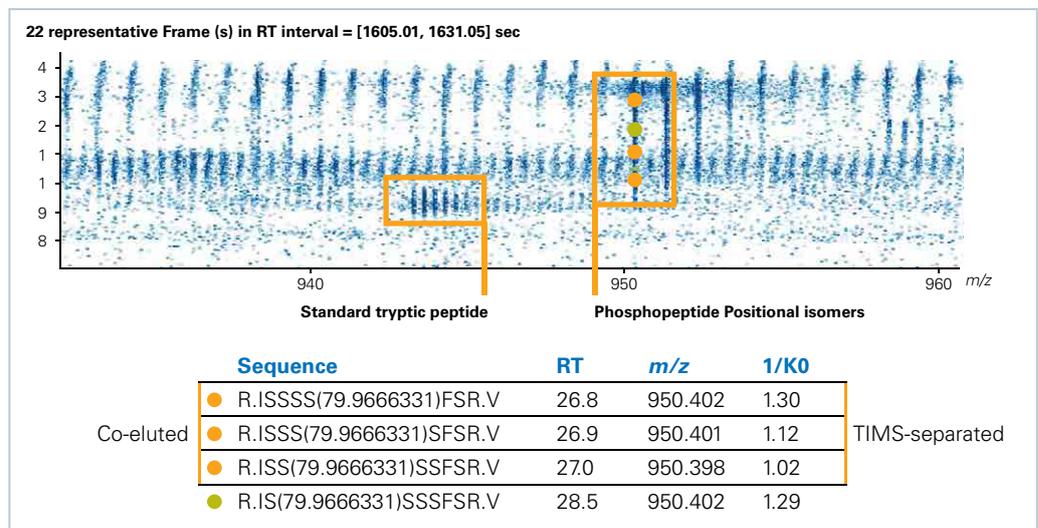
timsTOF Pro 2 の堅牢なステンレススチール製スタックリングイオンガイド (SRIG) と最適化された標準 dia-PASEF® メソッドにより、シングルショットプロテオームでこれまでにない深さのプロテオームカバレッジが実現しました。PepSep 25 cm カラムと nanoElute を接続した timsTOF Pro 2、TIMScore™ 搭載スペクトルライブラリーを使用して、200 ng の K562 ライセートから約 9000 のタンパク質群を 35 分間のグラジエント (約 30 サンプル / 日) で同定しました。

timsTOF Pro 2 は、スペクトルライブラリーを必要とせず、分析間でのデータベース検索とマッチングにより、日常的な細胞株のプロテオーム定量実験を直接行うための詳細なプロテオームカバレッジを提供します。異なるデータベース検索戦略においても同等な結果が得られました。タンパク質をリアルタイムで同定できる PaSER™、そして MaxQuant では、タンパク質とペプチドの両方のレベルで同様の ID 数が得られました。

非常に難しいプロテオミクスとPTMアプリケーションに対応する高感度測定

難しい PTM を含むサンプル分析で、4D-Proteomics™ によってもたらされる利点は感度だけではありません。PASEF® は感度や速度を犠牲にせずに、共溶出する同重体で、イオン移動度により分離される位置異性体 (MOMA) の検出、特性解析、定量を可能にし、通常的手法では得られない情報を提供します。TIMScore™ アルゴリズムが CCS 情報を幅広く利用することで、非常に低い強度の MS/MS スペクトルであっても、修飾部位の割り当ての信頼性が高くなります。

リン酸化ペプチドを濃縮した K562 ライセートの測定における、溶出時間 26.6~29 分の拡大 (カラムに 200 ng サンプルをロード、70 分グラジエント、PaSER™ を使用した dda-PASEF® で分析)。分析により 47,800 個のペプチドが同定されました。このスナップショットは、ISSSSFSR リン酸化ペプチドの 4 つの位置異性体の質量重複を示しています。これらの異性体の 3 つが重複していますが、イオン移動度の次元で分離されているため、同定と特性解析が可能です。MS/MS 情報と TIMScore™ を組み合わせることで、異性体の修飾の局在情報をさらに得ることができます。



前例のない感度でのハイスループットなターゲットプロテオミクス

ターゲット質量分析法は、プロテオミクスの実験で、例えば大規模なサンプルコホート中のバイオマーカー候補を検証するために使用される強力な手法です。しかし、この手法は1回の取り込みで測定可能なターゲットの数を取るか、あるいは液体クロマトグラフィーの分析時間やそこに必要となる全体的感度を取るかで妥協が必要という制限があります。

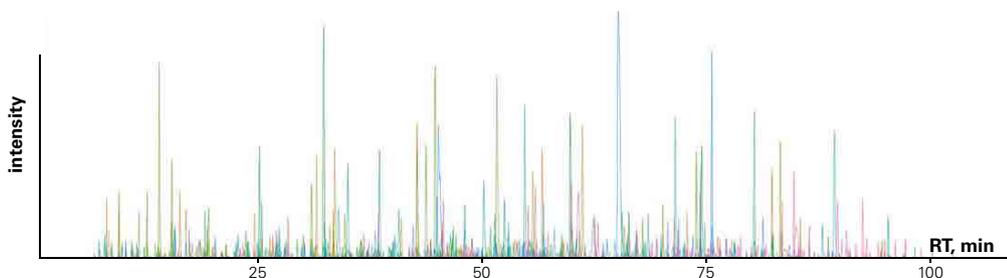
prm-PASEF[®] は、TIMS を4次元の分離とすることで比類ない選択性を実現します。TIMS カートリッジでイオンを時間集束して感度を高め、

PASEF[®] による高速化でプリカーサーのターゲット数を増やすことが可能です。timsTOF Pro 2 のユニークな選択性と高感度を損なうことなく、1回の測定で数百のプリカーサーをターゲットにすることができます。

感度、スピード、選択性を兼ね備えた prm-PASEF[®] 取得法は、ターゲット数が多い場合や短いクロマトグラフィーグラジエント(5分未満)でのアプリケーションにおいて、高い再現性と正確な定量を実現しました。



timsControl ソフトウェアでは、簡単に prm-PASEF[®] メソッドをセットアップできます。



大腸がん血漿試験におけるターゲットプロテオミクス分析。Biognosys 社製 PQ500 キットを用いた prm-PASEF[®] 実験で、565 種のタンパク質から 1565 のプリカーサー (Heavy/Light) をターゲットにしました。



Prof. Dr. Gunnar Dittmar

Group Leader Proteomics of Cellular Signalling, Department of Infection and Immunity, Luxembourg Institute of Health, Luxembourg

「2019 年、私の研究室は tims-TOF Pro 上で prm-PASEF 法を開発するためにブルカーとの共同研究を開始しました。prm-PASEF 法の開発では、デュアルトラップ型イオンモビリティ装置がイオンを蓄積し、高分解能 TOF と相まって非常にシャープで強いピークを放出することで、信号を増やし、強度を高める素晴らしい方法であることがわかりました。さらに、装置の信頼性にも感銘を受けました。素晴らしいですね！」



Jarrold A. Marto, Ph. D.

Associate Professor, Department of Pathology, Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Dana-Farber Cancer Institute, Boston, USA

「私たちはブルカーと緊密に協力して、prm-PASEF を一から作り上げてきました。prm-PASEF が提供するスピード、感度、堅牢性のハイレベルな組み合わせには、これまでのコラボレーションを通じて感銘を受けました。この性能を timsTOF Pro 2 で次のレベルに引き上げることに興奮しています。」



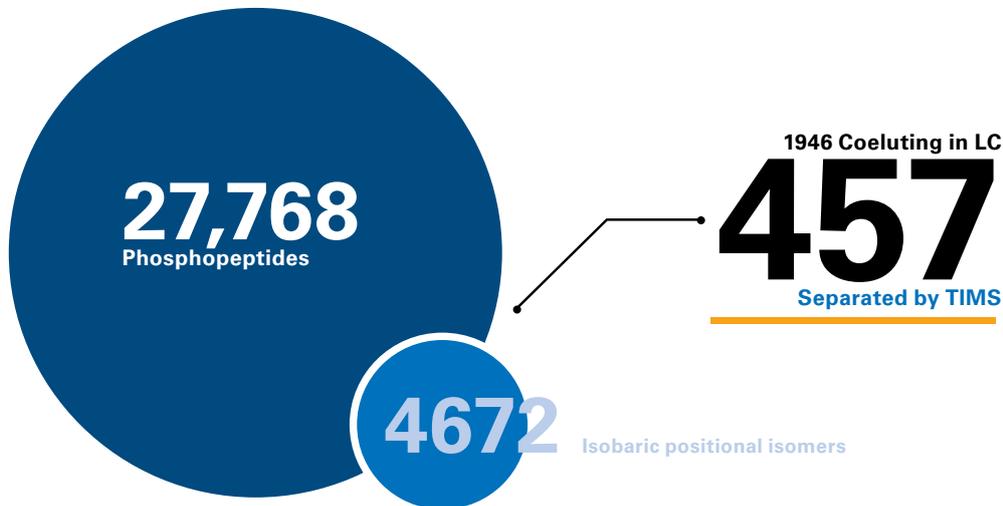
高感度リン酸化プロテオミクスと異性体分離

CCS による近位リン酸化部位の定量化

クロマトグラフィーで共溶出する場合、同重体の性質とシグナルオーバーレイのため、CCS 情報なしの従来のプロテオミクス手法では、リン酸化ペプチド異性体の定量化は不可能です。以下に示すように、標準の 150 µg TiO₂ ベースの濃縮ワークフローによる PASEF[®] 分析により、27,768 個のリン酸化ペプチドが特定され、Mobility Offset Mass Aligned (MOMA) によるイオン移動度分離の利点が明らかになりました。同定された 1946 個の共溶出異性体から、TIMS によって 20% が完全に分離され、近傍タンパク質リン酸化部位をより理解することができました。

サンプル量が限られている細胞シグナリングの解析

timsTOF Pro 2 の dia-PASEF[®] は、高感度、シーケンス速度、再現性に優れ、サンプル量が限られている場合でもリン酸化プロテオミクスの定量化が可能です。マウス脳サンプルから得られたわずか 25 µg のタンパク質でも、ラベルフリーでリン酸化プロテオミクスを定量化できます。1 日あたり 30 サンプルの Evosep 法で濃縮したリン酸化ペプチドを用いた dia-PASEF[®] 分析では、3 回の濃縮レプリケート全体で 4473 種のユニークなリン酸化ペプチドを同定できました。これらの結果は、がんプロテオゲノミクスデータをシグナル伝達についての情報で補完するものとして、針生検での応用が期待されています。結果は Stefan Tenzer 教授のご好意により提供されました。

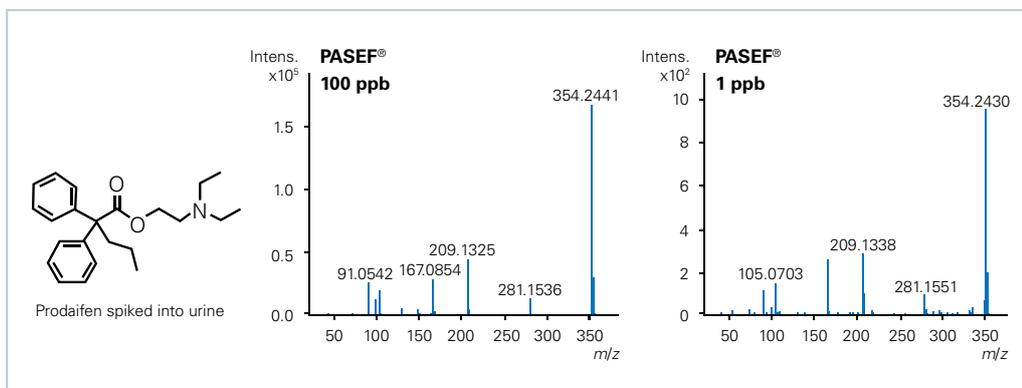


TIMS と PASEF[®] によるリン酸化ペプチドの同定とリン酸化部位異性体の分離。結果は Stefan Tenzer 教授のご好意により提供されました。

4D-Lipidomics でより速い スループットを実現

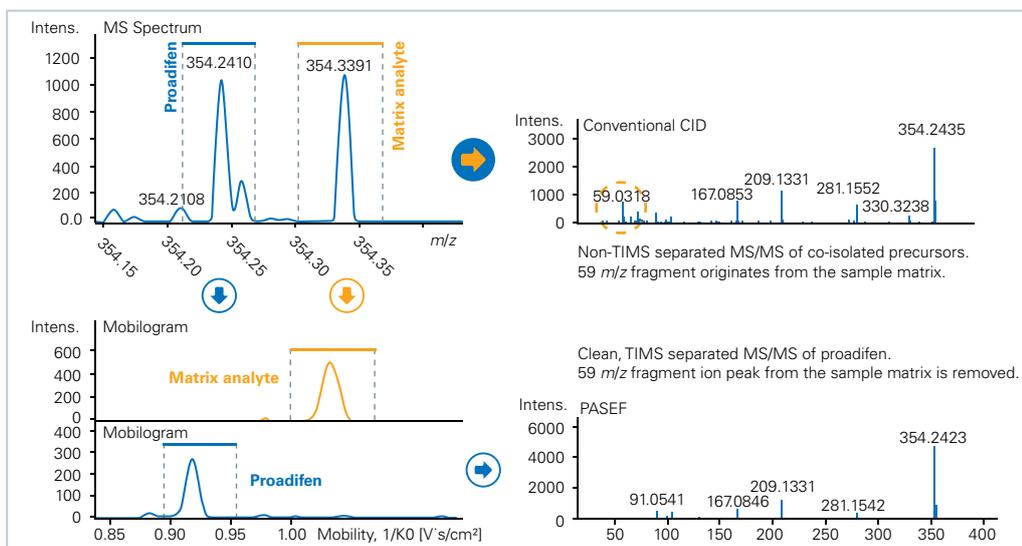
低濃度でも再現性のある MS/MS スペクトル

ノンターゲットメタボミクスにおいて、高い MS/MS カバレッジは化合物アノテーションの重要な要素です。当社の最適化された 4D-Metabolomics™ メソッドは、同じサンプル分析で定量 MS プロファイリングデータと MS/MS フラグメンテーションスペクトルの両方を提供し、低濃度の分析物でも大部分の特徴をカバーすることが可能です。PASEF® は、フラグメンテーションの前にイオンモビリティで選別することで、クリーンで明確なフラグメントスペクトルを得ることができます。高い精度の CCS 測定はワークフローに固有であり、精密質量、同位体パターン一致、保持時間、MS/MS をルーチンに生成し、確実な化合物アノテーションのための直交する基準を提供します。



尿に添加された法医学中毒学アナライト混合物の 4D-Metabolomics™ 分析では、高濃度および低濃度の両方で、PASEF® で得られる MS/MS スペクトルの再現性が優れていることが示されました。

PASEF® により MS/MS スペクトルが改善し、 ライブラリーとのマッチング結果が向上

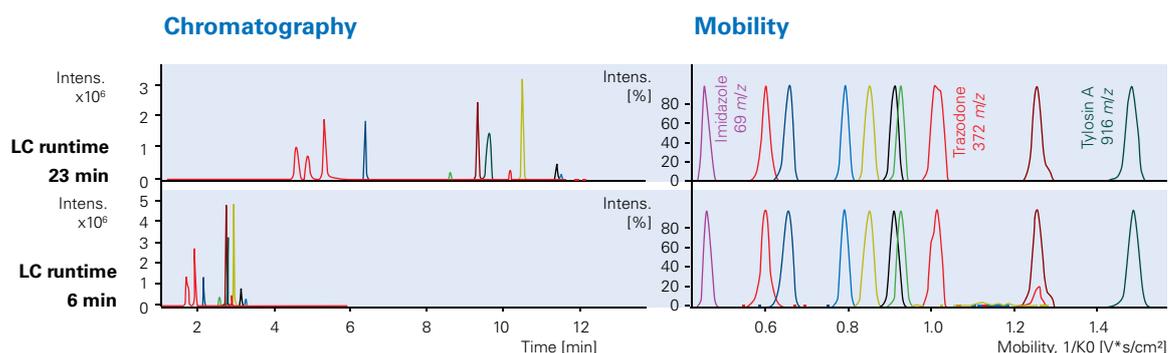


複雑な生体試料中のプロアジフェンを測定する場合、その MS/MS スペクトルは同様の質量マトリックス分析物の共溶出、共分離、同時フラグメンテーションにより損なわれることがあります。

PASEF® は各化合物を個別にモビリティ分離および断片化できるため、クリーンなフラグメントスペクトルが得られます。マトリックス由来の MS/MS フラグメントを除去することで、MetaboScape® のプロアジフェンとのライブラリー一致が向上し、結果に対する信頼性が高くなります。

信頼性を維持したまま、 スループットを向上

多くのメタボロミクスラボでは、高いサンプルスループットの需要が高まっています。このため、クロマトグラフィーメソッドを最適化することで、結果の信頼性を損なうことなく、分析時間を高速化することが求められています。TIMS 移動度の値は、代謝物質ごとに特徴的であり、速度選択や事前サンプル分離の影響を受けないため、上流のサンプル分離アプローチに関係なく測定の直交性が得られます。



レファレンス標準試料の混合物 (m/z 69 のイミダゾール～ m/z 916 のチロシン A) を従来の 23 分間および分析時間が最適化された 6 分間の逆相 UHPLC グラジエントで分離しました。2 つの異なる LC メソッドの抽出イオンクロマトグラムは、予想通り保持時間の凝縮が見られますが、クロマトグラフィーの分析時間を変更しても移動度は影響を受けません。したがって、CCS 値はメソッド最適化やルーチンサンプル分析の重要な同定基準として使用できます。



MetaboScape®: アノテーションを 実証する CCS 値

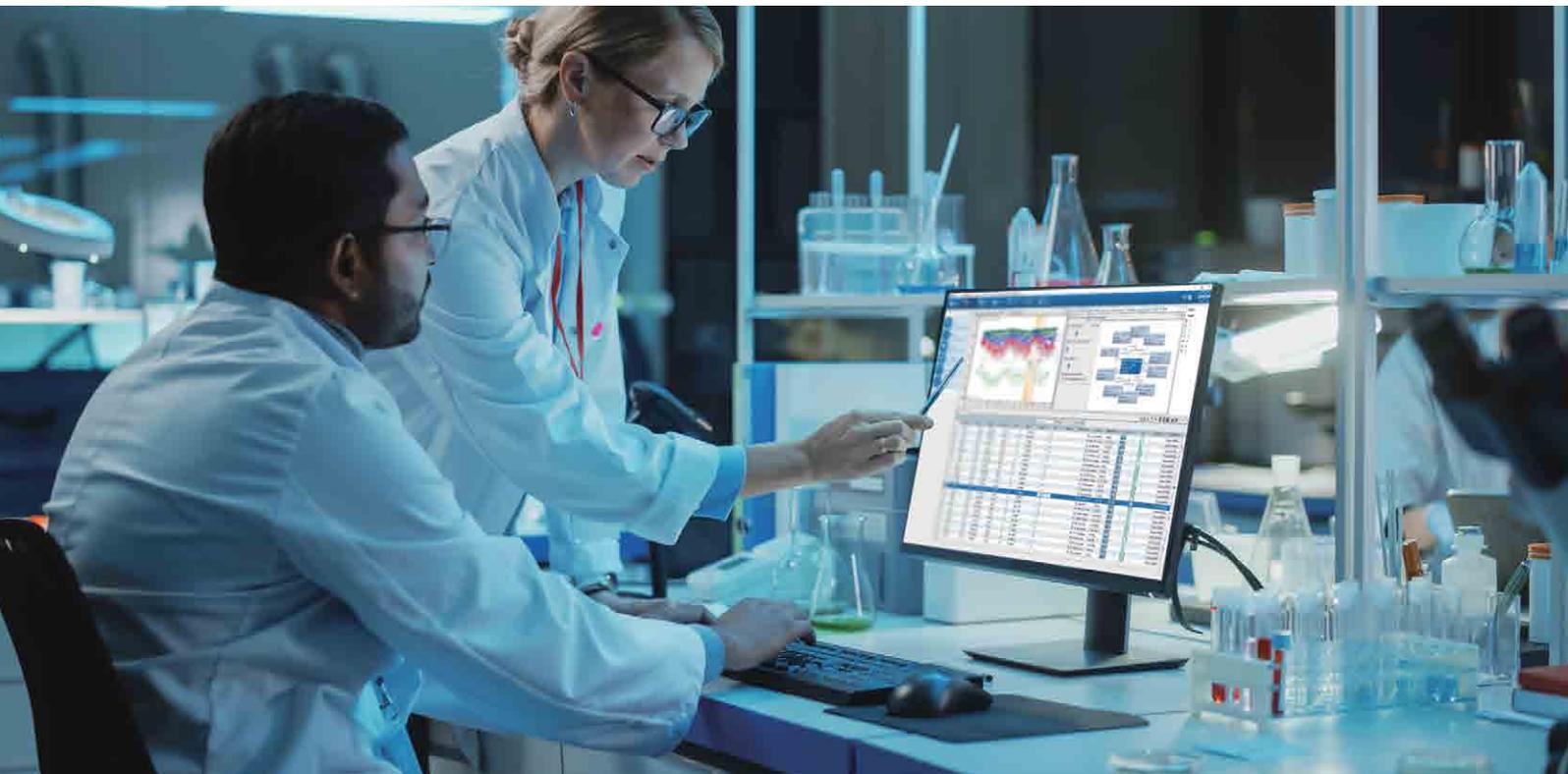


この手法の独立性により、トレーサブルなレファレンス標準試料から得られた 3800 を超える値を保管する Unified CCS Compendium (<https://doi.org/10.1039/C8SC04396E>) など、実験的に収集された CCS 値が速やかに生成され共有されます。TIMS データによって高精度の一致値が得られ、MetaboScape® を使用した自動メタボロミクスアノテーションプロセスが迅速化します。さらに、CCSPredict Pro を使

用すると、化学物質に共通の InChI 識別子を持つ代謝物質ライブラリーから、高精度の予測値を備えた検索可能な CCS ライブラリーを作成することができ、メタボロミクス研究における第4の次元の有用性が大きく拡張します。



CCSPredict Pro



Zheng-Jiang Zhu, Ph.D.

Principal Investigator, Director of Metabolomics Research Center, Interdisciplinary Research Center on Biology and Chemistry (IRCBC), Shanghai Institute of Organic Chemistry (SIOC), Chinese Academy of Sciences (CAS)

「ブルカーの timsTOF Pro の高速スキャンと CCS 値測定機能の組み合わせは独自のもので、ハイスループットメタボロミクスでの機能を大きく向上させます」



4D-Lipidomics でより速いスループットを実現

プロテオミクスサンプルと同様に、脂質の抽出物は、その構造的な多様性のために、サンプルの複雑性が高いです。高品質の MS/MS スペクトルは、信頼できる脂質のアノテーションを得るために不可欠です。PASEF® は、CCS に対応したワークフローを提供し、脂質のアノテーションの信頼性をさらに高めることができます。

アイソバリック脂質の MOMA (Mobility Offset Mass Aligned) データ

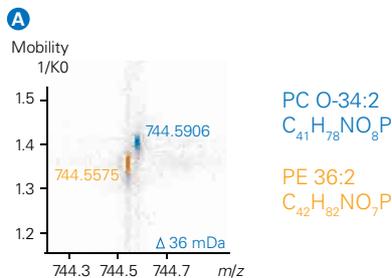
PASEF® は、モビリティ分離を利用して、わずか 100 ms の時間内に 10 種類以上のプレカーサーを選択することで、10 倍以上のプレカーサーを断片化することができます。これにより、重複する夾雑物が除去され、同重体や異性体の脂質も分離されます。結果として得られる MS/MS スペクトルは、各脂質クラスに固有のフラグメントを示し、信頼性の高いアノテーションが得られます。

確信を持ったアノテーションによるハイスループット

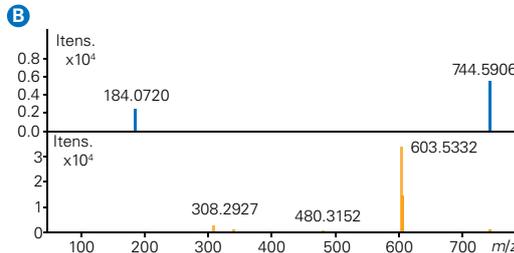
1 回の注入で平均 65% のプレカーサーの MS/MS スペクトルを取得できるため、貴重なサンプルを複数回に分けて注入する必要がありません。これにより、スループットが 4 倍以上向上し、高速 LC グラジエントとの組み合わせにより、ハイスループットな脂質プロファイリングが可能になります。

正確で精密な TIMS CCS 値は、ライブラリフリーのフラグメンテーション則に基づいたアノテーションの自動 CCS 予測において、信頼性を高めるための追加の判定基準として使用されます。

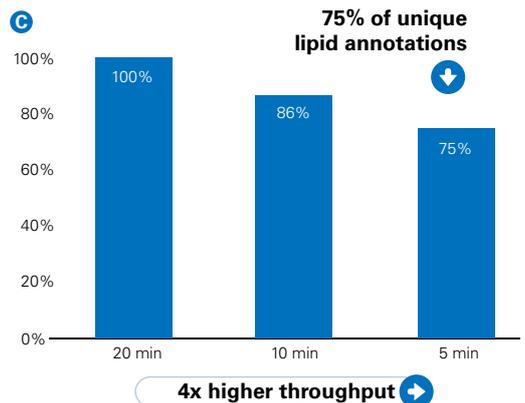
① 逆相 LC から共溶出した 2 つのアイソバリック脂質のモビリティ分離を示すヒートマップ



② モビリティ分離後のクリーンな PASEF® MS/MS スペクトル

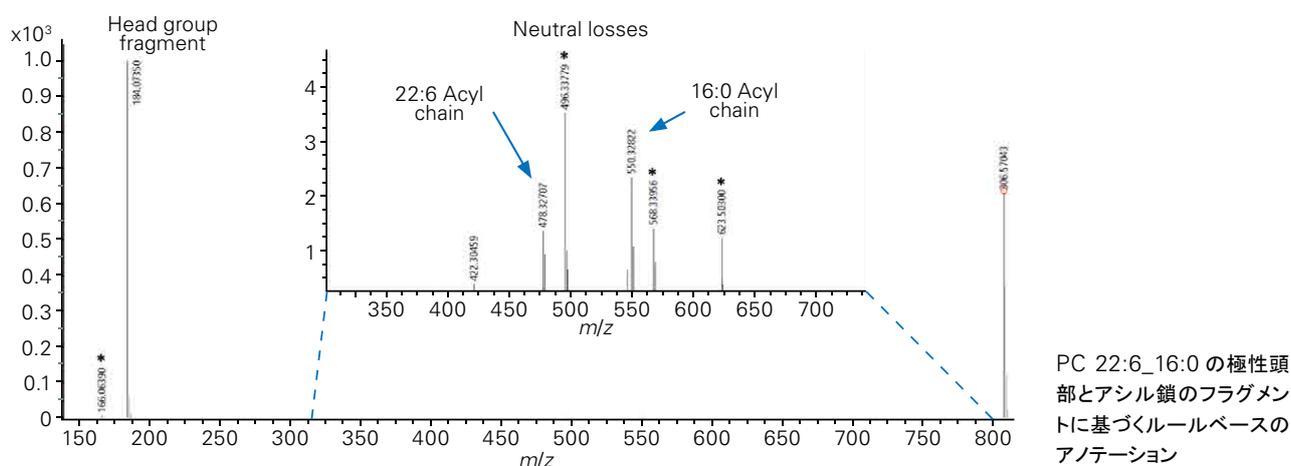


③ NIST SRM 1950 (ESI-(+) モード) から得られた、異なるグラジエントランタイムでのユニークな脂質のアノテーション



リピドミクスの初心者から上級者までを対象とした統合アノテーションツール

結果を適切に報告するためにアノテーションを検証することは、脂質プロファイリングの重要なステップです。この作業を簡単にするために、MetaboScape® ではいくつかのツールが用意されています。



ルールに基づくアノテーション

MetaboScape® には、典型的なデータベースやスペクトルライブラリに基づいたアノテーションの他に、公開されているフラグメントルールを利用したライブラリフリーのアノテーションツールがあります。フラグメントとニュートラルロスに応じて、MetaboScape® は種または分子種レベルのアノテーションを行うことができます。

発展を続けるリピドミクスコミュニティと一体化するために、MetaboScape® では、略語や階層に関する最新の推奨事項を採用し、プロファイリングのワークフローを簡素化するための新しいリピドミクスツールを定期的に更新しています。

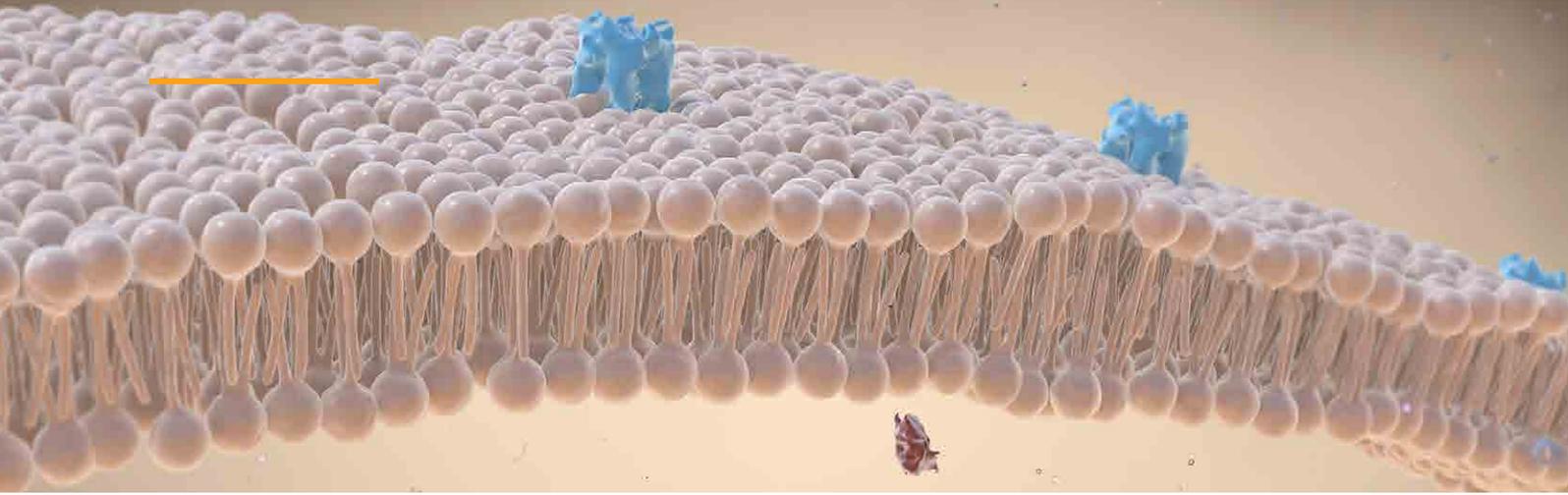


Dr. Michael Witting

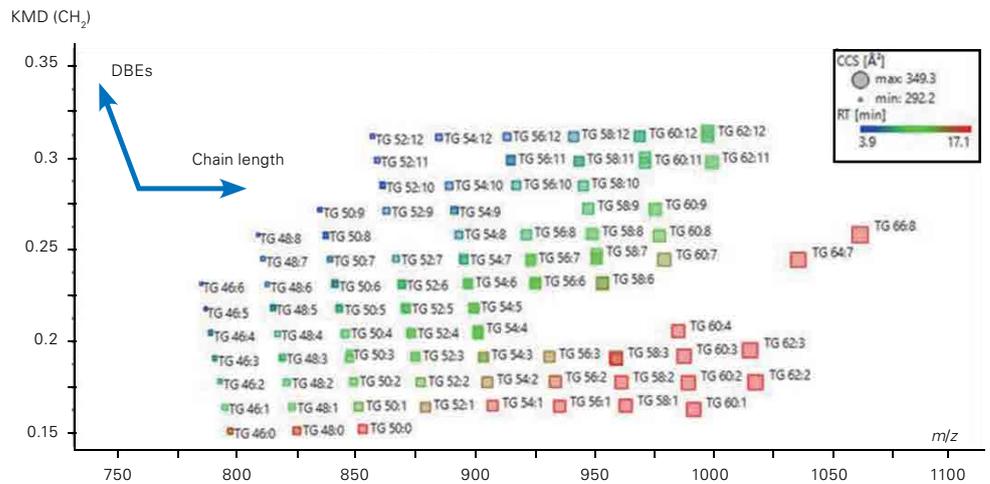
Co-Head Metabolomics and Proteomics Core,
Helmholtz Zentrum Munich, Neuherberg, Germany

「PASEF® は、MS2 スペクトルを持つ脂質のプリカーサーカバレッジを 70% まで向上させることができます。これらの MS2 スペクトルは、脂質を正しく同定するために不可欠です。それに加えて CCS を使用することで、RT、MS、MS/MS に情報のレイヤーを追加し、アノテーションの信頼性がさらに高まります。」



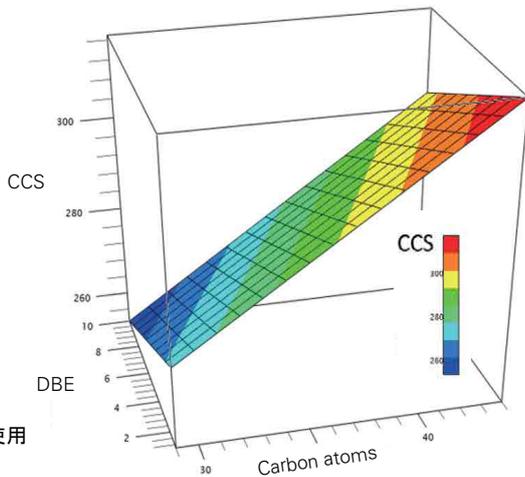


相同性を示す魚油抽出物のトリアシルグリセライドのKendrick Mass Defectプロット



Kendrick Mass Defect 分析

複数の脂質クラスで異なる Kendrick Mass Defects を計算し、多次元プロットで表示することで、外れ値のスクリーニング、非アノテーション種の識別、偽陽性の除去を行うことができます。外れ値を自動的に検出することで、相同性のある一連の脂質の深い分析を簡素化します。



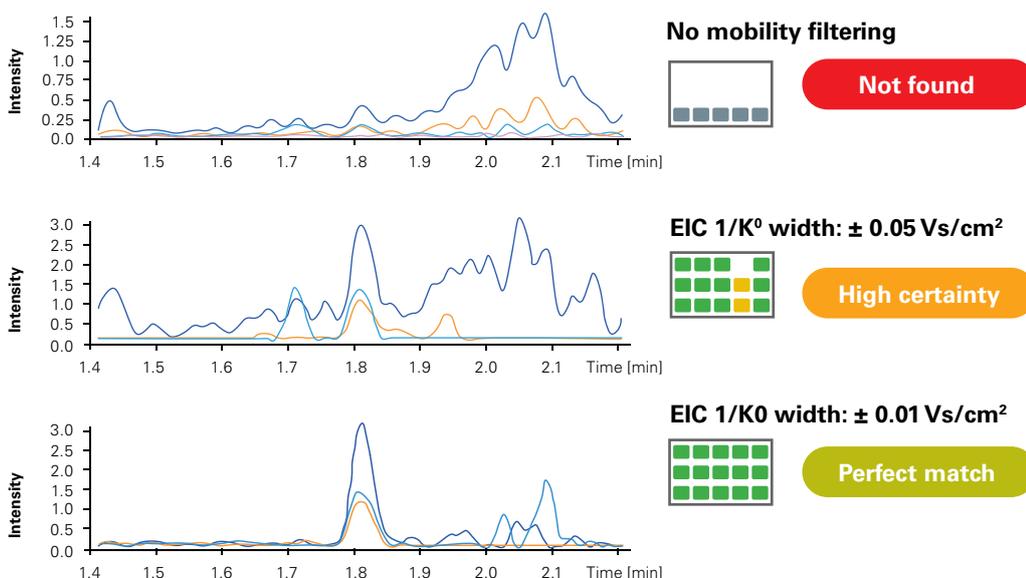
CCS値の自動予測に使用されるCCS超平面

自信を持って脂質のアノテーションを行うための CCS 対応ツール

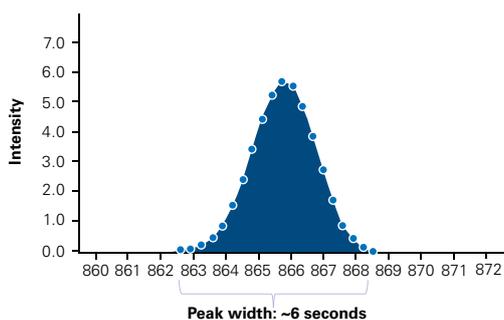
MetaboScape® は CCS に完全対応したソリューションで、CCS 値を利用してアノテーションの質を向上させる複数のツールを備えています。CCS 値が統合された MS/MS スペクトルライブラリ(例:50 万の脂質に対応した LipidBlast ライブラリ)に加えて、CCS 超平面に基づいて CCS 値を自動的に予測する新しいツールが MetaboScape® に実装されています。

複雑なマトリックスにおける超ハイスループットで 確実なスクリーニングと定量化

timsTOF Pro 2 システムの卓越したスピードは、GC-APCI または UHPLC VIP-HESI のデータ取得で完全な未知のスクリーニングを可能にします。TASQ® ソフトウェアとの組み合わせで、ブルカーはデータ取得から自動データ解析までの完全なソリューションを提供します。

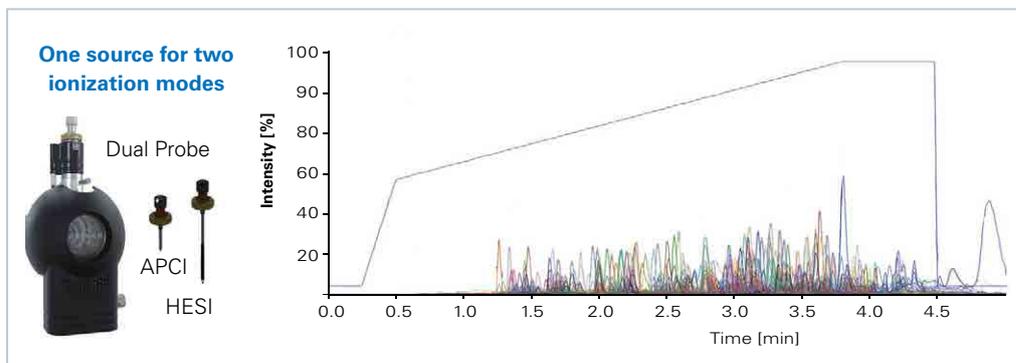


抽出イオンクロマトグラムにモビリティフィルタを適用することで、干渉を除去し、複雑なマトリックスでも感度が向上します。これは、1 ng/mL 濃度のタマネギ中の Thiacloprid のトレースではっきりと確認できます。下のトレースは、モビリティの範囲が徐々に狭くなるようにフィルタリングされており、MRSQC スコアの緑色で示されるように、TargetScreener データベースと完全に一致させることができます。



timsTOF Pro 2 の並外れた速度によって、GC APCI を使用して取り込んだ 2,3,7,8-TCDD の 6 秒間のピークで多くのデータポイントを収集できます。このため、低濃度化合物でも正確な定量と低い RSD 値が得られます。

ピークキャパシティを高めたTIMS bbCIDと高感度VIP-HESIソースを組み合わせることで、240種類の農業標準メソッド20分のところを5分に短縮できます。



サンプルに共溶出異性体が含まれている場合、CCS データは正しい識別を割り当てる際に非常に貴重なものとなります。保持時間、分子イオン、同位体パターン、MS/MS 情報を使用しても、トラマドールと O- デスマチルベンラファキシンを正しく割り当てることはできません。したがって、サンプル中にどちらかの化合物が存在する場合、両方が存在するという同定結果が得られることとなります。

メチルベンラファキシンと明確に同定することができます。

O- デスマチルベンラファキシンとトラマドールは従来の LC-MS/MS では区別できませんが、TIMS 分離を使えば O- デスマチルベンラファキシンを明確に識別可能です。

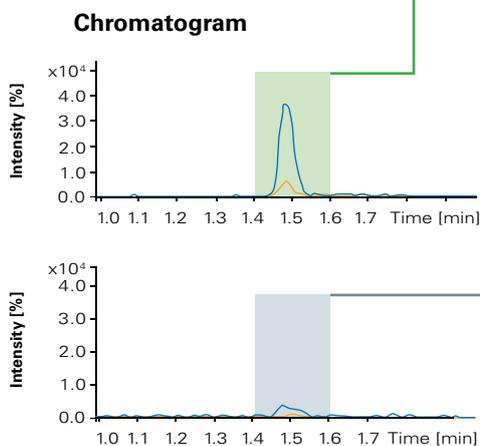
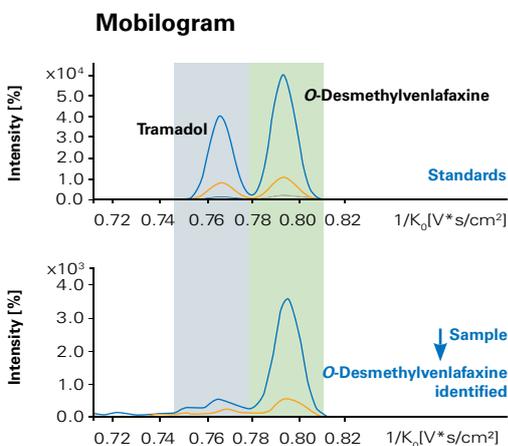
一方で、遡及的なデータ分析を行い、両化合物の CCS 情報を含めると、測定した CCS 値が予想値の 0.2% 以内であり、MRSQC スコアは TargetScreener 4D データベース内の情報と完全に一致し、O- デス

TIMS OFF

Analyte Name	RT [min]	m/z meas.	MRSQC
O-Desmethylvenlafaxine	1.48	264.1959	
Tramadol	1.48	264.1959	

TIMS ON

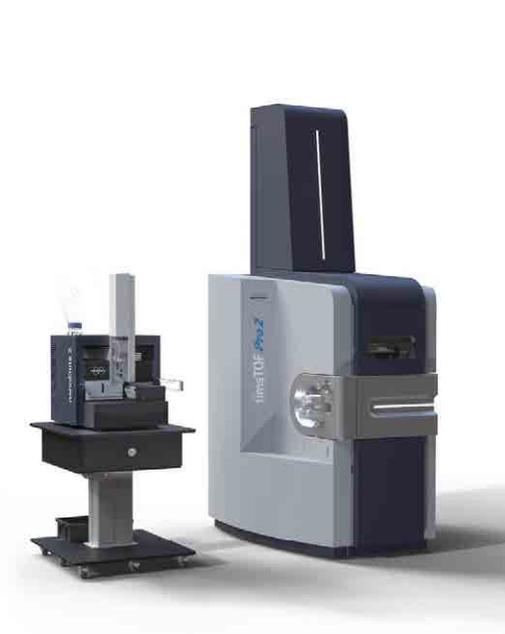
Analyte Name	RT [min]	m/z meas.	CCS [A ²]	CCS [A ²] meas.	CCS [%]	MRSQC
O-Desmethylvenlafaxine	1.48	264.1959	166.80	167.13	0.20	
Tramadol			161.20			



O- デスマチルベンラファキシンとトラマドールが混在してもモビリティフィルター処理により O- デスマチルベンラファキシンだけの EIC が作成可能です。

timsTOF Pro 2 and PaSER™

Run & Done! 取り込み終了後、結果はすぐお手元に。



PaSER™ (Parallel Search Engine in Real-time) は、ハードウェアとソフトウェアを組み合わせたソリューションで、timsTOF シリーズ (Pro 2、HT、SCP、fleX) において、完全に統合された GPU ベースのリアルタイムデータベース検索と結果ベースのサンプルキュー管理を可能にします。PaSER™ は、PTM 検索を含め、妥協のないスピードで結果を提供します。PaSER™ の妥協のない検索速度により、データ取得が終了した数秒後には結果が手元に届き、Run & Done! を実現します。

Professor Janne Lehtiö

Science for Life Laboratory, Department of Oncology-Pathology, Karolinska Institute, Sweden

「我々は timsTOF Pro の性能に感銘を受けました。特に、この装置のスピードと感度は、限られた量の出発物質からより多くの免疫ペプチドを確認することを可能にします。これは、ネオアンチゲンの発見や、がん治療のための個別化医療の開発において、特に価値があると期待しています。」



Bruker Daltonics is continually improving its products and reserves the right to change specifications without notice. © BDAL 08-2022, 1898406, Rev. 01

本製品は研究用です。臨床診断目的には使用できません。

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

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

オンライン情報

[bruker.com/
timstof-pro-2](http://bruker.com/timstof-pro-2)



JP_LS 02_12-2022

www.bruker.com