



TIMS-MS

timsUltra AIP

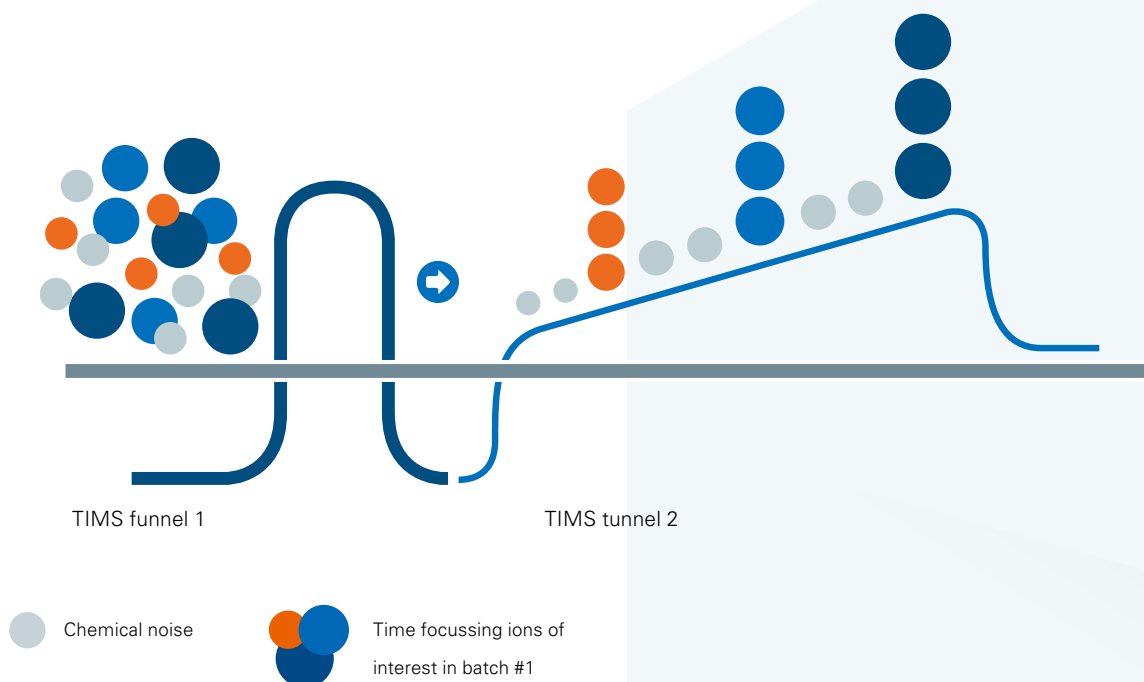
感度の再定義

Innovation with Integrity

革新のレガシー： トラップド・イオンモビリティ 質量分析

トラップド・イオンモビリティ・スペクトロメトリー（TIMS）は、導入された瞬間から、人生を変えるような研究の軌跡を変えてきました。timsTOF は、新たな 4 番目の分離の次元と分析深度を加えることで、研究者がこ

れまで困難だった問題に取り組み、人類の健康の向上につながる画期的な成果を達成できるようにします。timsTOF と共に、困難に挑み続けましょう。**可能性は無限大です。**



デュアル TIMS および CCS に対応した分析

トラップド・イオンモビリティ・スペクトロメトリー（TIMS）は、LC-MS に気相分離の次元を追加することによりサンプルの複雑さを解決します。TIMS により、質量電荷比および衝突断面積に基づくモビリティによってイオンを集積・濃縮します（時間フォーカス効果）。これにより、信号およびノイズをより忠実に分離することができるようになり、高速化および高感度化を実現しています（TIMS のデューティーサイクル 100 Hz 以上）。第 4 世代デュアル TIMS-XRTIMS は、TIMS funnel 1 にイオンを蓄積し、TIMS トンネル 2 のイオンを順次放出することにより、ほぼ 100% のデューティーサイクルを実現しています (>150 Hz)。このパラレル・アキュミュレーション・シリアル・フラグメンテーション（PASEF®）により、高速の衝突断面積（CCS）分析が可能になりました。



ご存知ですか？

研究の最新状況を把握し、システムをアップグレードしましょう。

■ 開始点

timsTOF Pro



timsTOF Pro 2



timsTOF HT

システムを最も信頼性が高く、強力なプロテオミクスワークホースにアップグレードします。または...

■ 開始点

timsTOF SCP/timsTOF Ultra/timsTOF Ultra 2



timsUltra AIP

2021 年のシステムを、今日の最高感度基準にアップグレードします。

2023

timsTOF *Ultra*



2024

timsTOF *Ultra 2*



2025

tims*Ultra AIP*

妥協のない性能を備えた、
最先端の研究用の次世代型超高感度装置。



timsTOF Ultra AIP:

細胞内部の高感度分析まで

timsUltra AIP (Athena Ion Processor) は、2 倍以上のシグナル改善を可能にする新しいイオンプロセッサを特徴とし、感度を高め、ごく少量のサンプルインプットでも深度の高いプロテオーム解析を実現します。



Nikolai Slavov

Professor, Bioengineering, Director, Single-Cell Proteomics Center, Northeastern University
Founding Director, Parallel Squared Technology Institute

「AIP のアップグレードにより、ペプチドフラグメントイオンの感度が 3 倍に向上し、ペプチド配列の同定が強化され、新たなレベルの感度でプロテオミクス分析が可能になりました。」



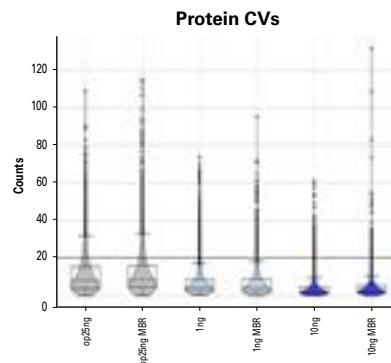
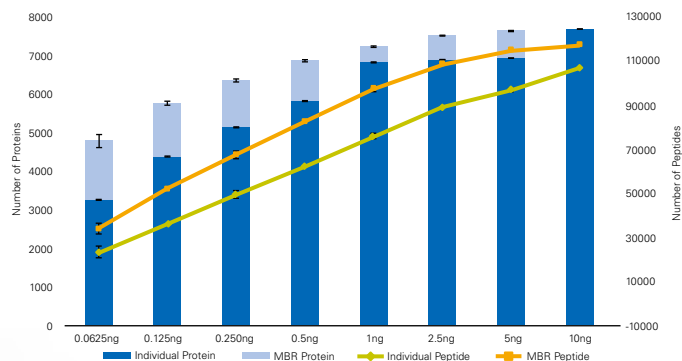
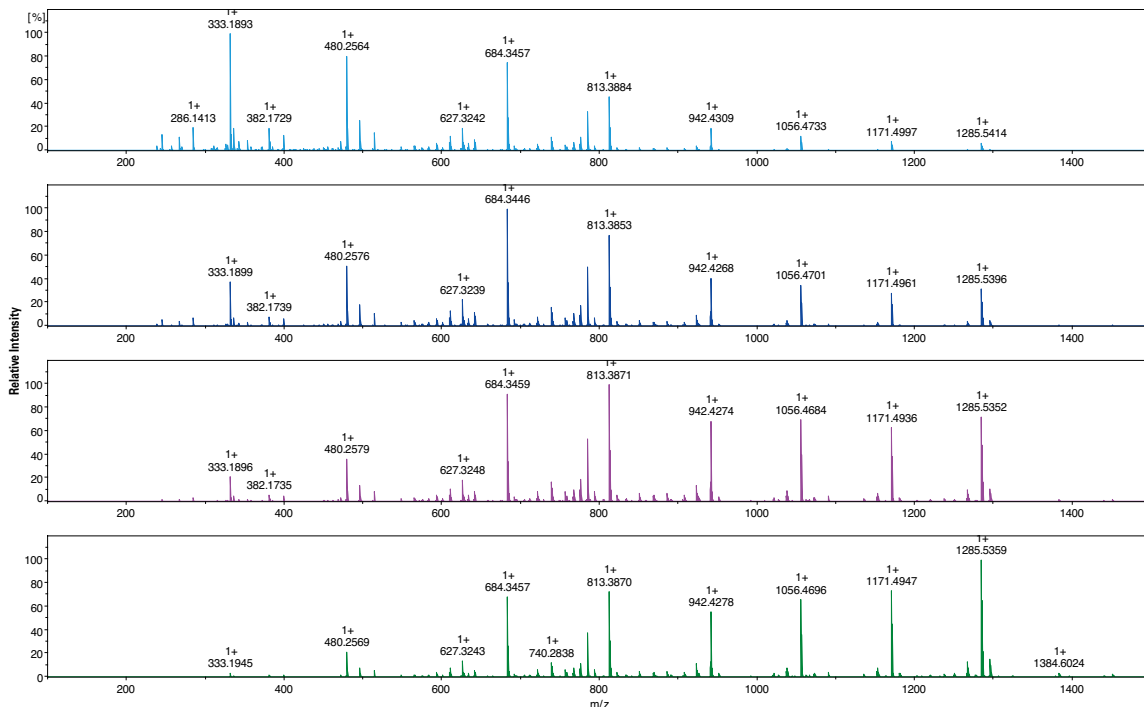
timsUltra AIP (Athena Ion Processor) は革新的なイオンプロセッサを搭載し、2 倍以上のシグナル向上により感度を大幅に向上させます。これにより極微量サンプルからでも深度プロテオーム解析が可能となります。プログラム可能な AIP は限られたサンプル量から情報が豊富な領域に合わせた透過質量範囲を設定でき、トップダウン解析やグライコプロテオミクス実験では広範囲設定も選択可能であり、TIMS と ICC2 の組み合わせにより本システムの優れた汎用性を実現しています。

- **ICC 2.0** (イオンチャージコントロール 2.0) により、サンプル投入をより緩やかに、より使いやすく。
- 血漿ワークフロー専用の新しい **ENRICHplus** へのアクセスが可能に
- Bruker ProteoScape™ (BPS) に最新の **Spectronaut® 20** を統合
- timsTOF SCP および timsTOF Ultra から **アップグレード可能**
- **PASEF** – 300 Hz の超高速



深さ、感度、柔軟性に制限はありません： 貴重なサンプルからさらに多くの情報を 発見してください

timsTOF 技術の発展により、新しい AIP は感度をさらに高め、調整可能なフラグメントイオン移動により究極の柔軟性を実現しています。最高の堅牢性、深度、スケールを誇るバルクプロテオミクスアプリケーションから、ごく少量のサンプル（最小の個別免疫細胞、細胞内コンパートメント、細針生検による免疫ペプチドなど）まで、timsUltra AIP は無限の研究の可能性を提供します。



細胞の不均一性を制限なく研究： 最も困難なシングルセルサンプルから得られた 新たな知見

timsUltra AIP は、timsTOF プラットフォームの伝統を継承し、4D プロテオミクスのすべての利点（妥協のない速度、選択性、感度、堅牢性）を提供します。このプラットフォームは、単一の心筋細胞のような最も困難なサンプルを分析する必要がある研究者に最適です。その堅牢性は真のハイスループットを保証し、最先端の研究環境に最適です。

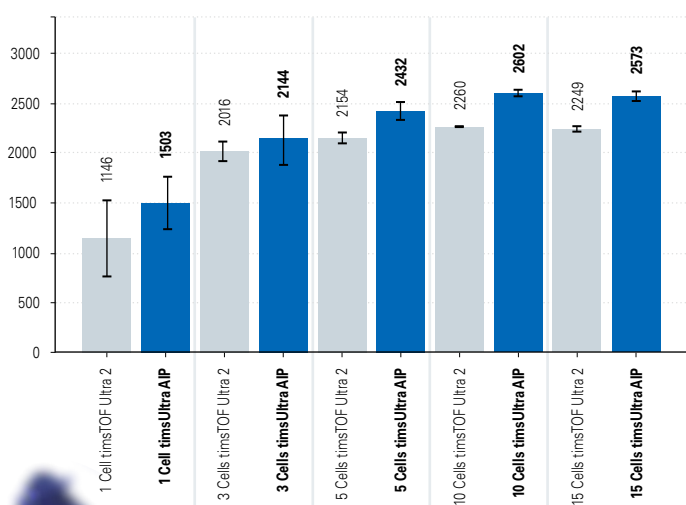
» Jennifer Van Eyk

Director of Basic Science Research in the Barbra Streisand Women's Heart Center & Professor at Cedars-Sinai, Cardiology

「新型の timsUltra AIP によって、単一の心筋細胞という困難なサンプルに対しより深いプロテオミクスの洞察が得られます。timsTOF の感度、スループット、堅牢性により、心血管系疾患に対する新たな考察をすることが可能となります。」

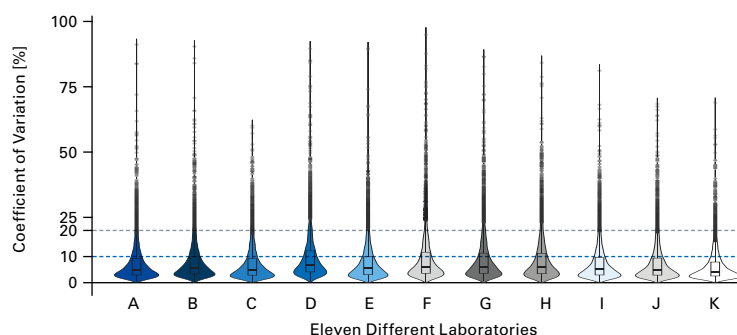
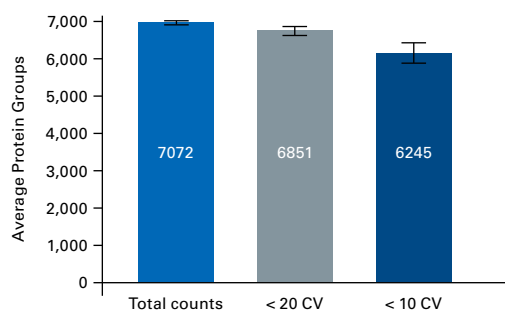
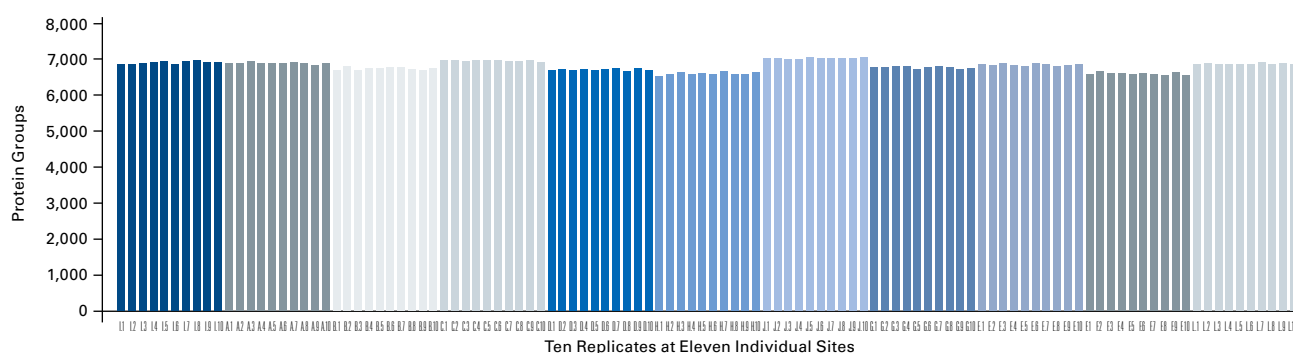


Protein Groups



最高の堅牢性と性能を実現するために設計された、あらゆるオミクスアプリケーションに最適な日常使いのパートナーです。

timsTOF のプラットフォームは、卓越した信頼性と最小限のメンテナンスの必要性で際立っており、最大限の稼働時間と迅速な復旧により、日常の研究室のワークフローにシームレスに統合するのに最適です。わずか 5 分のグラジエント時間で、平均 7000 を超えるタンパク質群を部位横断的に簡単に同定できます。途中で手作業による調整をすることなく最高レベルの再現性を達成します。



Read the Application
Note to Learn More:



TIMS および PASEF により 免疫ペプチドミックスの可能性を発見

トラップイオンモビリティ分離 (TIMS) に基づく質量分析法は、研究に革新をもたらしています。この技術により、ネオ抗原を迅速に同定することができ、各患者の免疫プロファイルに合わせた個別化治療の開発を可能とします。わずかなサンプル量でも実現できるこの加速された発見プロセスは、がんの進行および免疫システムに対する研究を加速し、理解を深めます。最終的には、がんとの戦いに希望と具体的な進歩をもたらし、現実のインパクトへの橋渡しを実現します。

- オフターゲット効果を最小化し、免疫療法の治療効果を最大化
- がん進行の根底にあるメカニズムのより深い洞察
- 個々の患者の免疫プロファイルに基づく個別化治療戦略
- 多数のサンプルにわたる潜在的な治療標的の迅速かつ堅牢な同定と特性解析

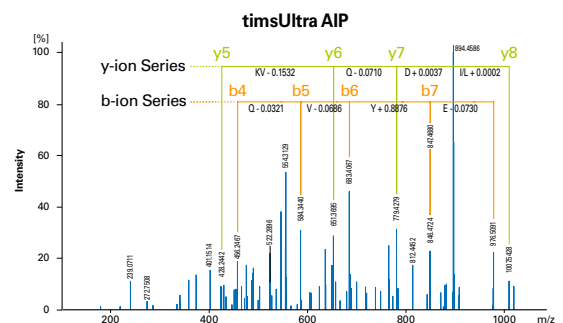
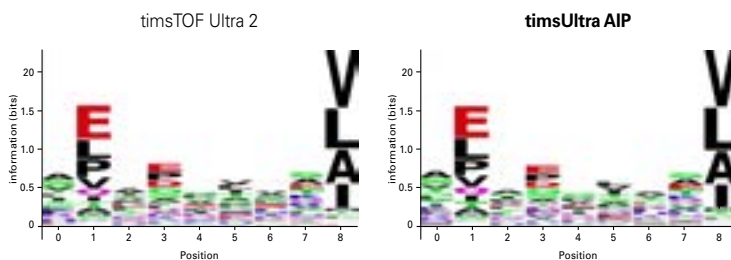
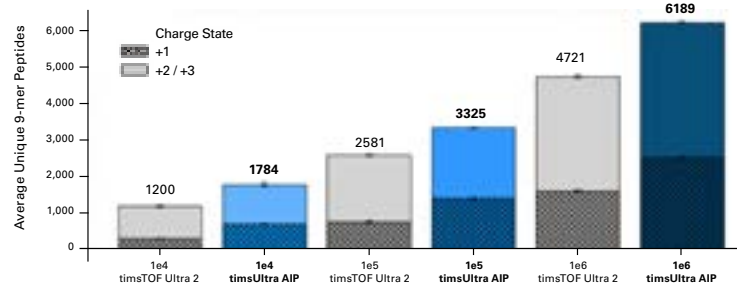
Robert R. Salzler

Senior Principal Scientist, Regeneron

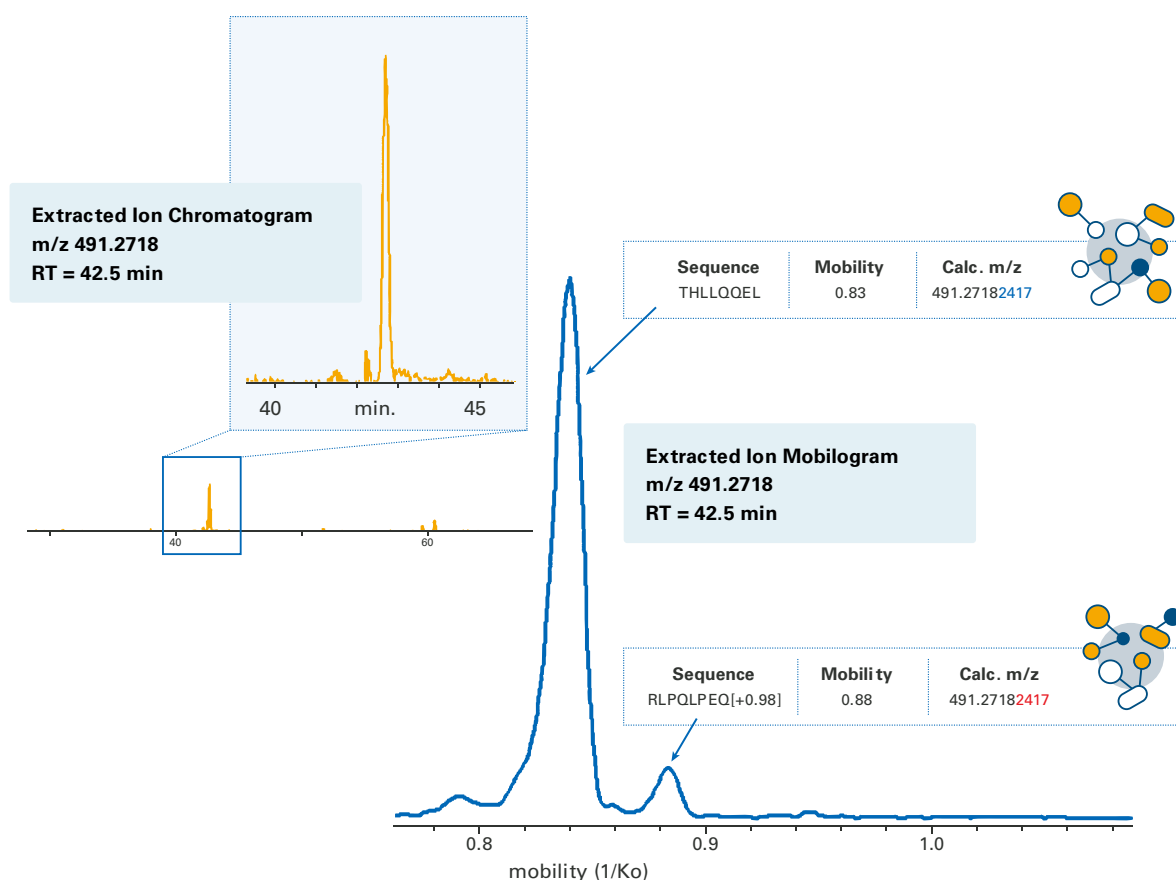
「TIMS ベースの質量分析法は、ごく微量のサンプル量からネオ抗原を迅速に同定を可能とすることで、私たちの研究に革命をもたらしました。TIMS ポリゴンフィルタリングを使用して、一価の免疫ペプチドを捕捉できることは特に印象的です。この技術は、個別化治療戦略と治療標的の堅牢な同定を可能とし、がんとの戦いに希望をもたらしています。」



Unique 9-mer identifications from indicated starting material with timsTOF Ultra 2 or timsUltra AIP Collision Cell



MOMA と共に共溶出する影に光を当てる



免疫ペプチドミックスのためのブルカーのソリューション

ブルカーは、高性能な timsTOF 質量分析と強力なバイオインフォマティクスツールを組み合わせた、免疫ペプチドミックス研究のための包括的なソリューションを提供します。

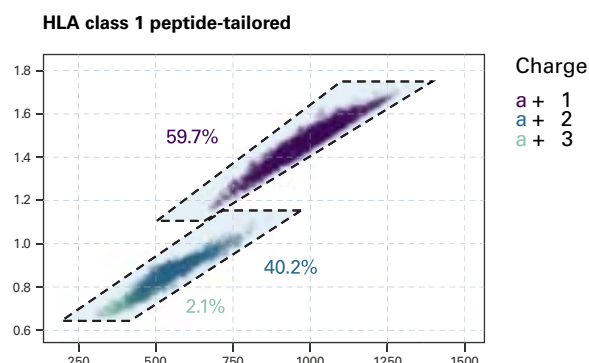
- **独自の感度:** timsTOF だけの分離能力により、隠れた低濃度ペプチドが明らかになり、研究者は最小限のサンプルからでもネオ抗原を同定できるようになります。これにより、より小さい組織から、より多くのデータが必要なニーズに対応できます。
- **より鮮明なフォーカス:** MHC ペプチドの特性を正確に標的にすることで、イオンを見逃さず、潜在的な治療標的を包括的に特定できます。
- **同重体の悩みを解消:** TIMS と高度なデータ分析を組み合わせることで、隠れた重要な情報が明らかになり、見逃される可能性のある偽のイオンから真のヒットイオンが分離されます。
- **精密な単一電荷標的:** 独自のポリゴンフィルタリングには、不要なノイズではなく、対象となる単一電荷ペプチド質量のみが含まれ、よりクリーンなデータとより信頼性の高いネオ抗原の同定が得られます。
- **強力なバイオインフォマティクス:** Bruker ProteoScape™ には、BPS Novor モジュールを搭載しており、高度な de novo (新規の) 配列のパワーを発揮し、未知のペプチドを迅速に解釈します (1 時間の取り込みに約 2 分、1 秒あたり 1000 スペクトル超)。ネオ抗原の同定を改善するために、MHC データで新たにトレーニングされました。

免疫ペプチドミックスについての
詳細情報:



TIMS と PASEF® のパワー

- **比類のないネオ抗原精度**：MOMA テクノロジーはイオンモビリティを利用して、複雑な混合物を分解し、キメラスペクトルを最小限に抑え、同重体ペプチドを分離します。これにより、信頼性の高い免疫ペプチドミクスデータを得るための、正確なネオ抗原の同定と定量化が保証されます。
- **CCS 分子フィンガープリント – ペプチド構造の解読**：timsTOF テクノロジーにより、各ペプチドの CCS 測定が提供されます。これは、ペプチドのサイズと形状を明らかにする固有の分子フィンガープリントとして機能します。「CCS データを分析することで、ペプチドの構造に関する貴重な洞察が得られ、確実な同定と特性解析に役立ちます」
- **BPS Novor 2.0**：合理化されたネオ抗原発見ソフトウェアにより、次世代シーケンシングを必要とせずに、がんのネオ抗原を発見できるようになります。この強力なツールでワークフローが合理化され、ネオ抗原の同定が加速し、個別化されたがん治療への道が開けます。



免疫ペプチドミクスのポリゴンフィルタリング：特定の電荷状態分布と質量のイオンの例示的なヒートマップが標的となります。¹



Anthony W. Purcell

Professor and Head of Immunoproteomics Laboratory, Monash University

「機械学習に基づくネオ抗原ランドスケープの de novo カタログ作成により、がん免疫療法研究が促進されます」



¹Gomez-Zepeda, D., Arnold-Schild, D., Beyrle, J. et al. Thunder-DDA-PASEF enables high-coverage immunopeptidomics and is boosted by MS2Rescore with MS2PIP timsTOF fragmentation prediction model. Nat Commun 15, 2288 (2024). <https://doi.org/10.1038/s41467-024-46380-y>



ご存知ですか？

timsTOF テクノロジーでは、免疫ペプチドミクスの研究を強化する独自の機能セットを提供します。

- **検索スペースの定義**: timsTOF プラットフォームでは、独自の **TIMS ポリゴンフィルター** を活用します。このフィルターを使用すると、質量対モビリティ空間 (m/z vs CCS) 内の特定の関心領域を定義できます。この標的を絞ったアプローチを、**glyco-PASEF®** および **diagonal acquisition** などの PASEF® の取り込みモードと組み合わせることで、特定のペプチドクラスに対する感度が大幅に向上し、分析がさらに効率化されます。



Juliane Walz

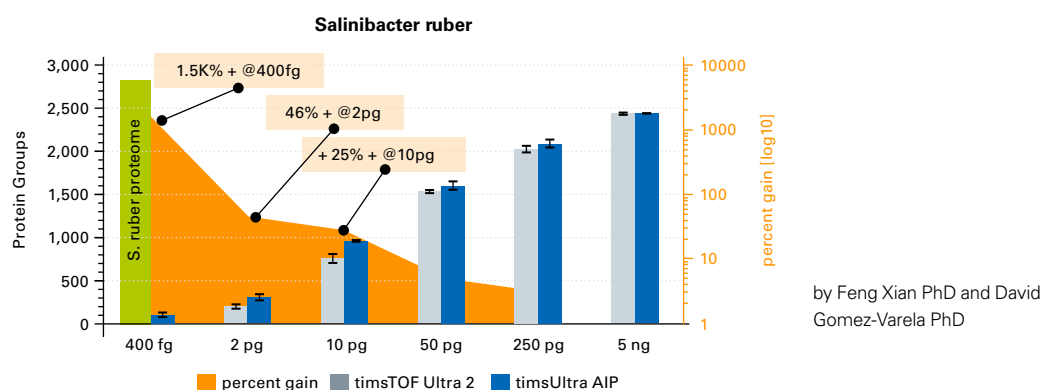
Professor at the Department of Peptide-based Immunotherapy,
University and University Hospital Tübingen, Germany

「timsTOF を使用して、大規模な良性参照データセットを作成しました。これにより、以前に記載された腫瘍抗原の改良が可能になり、将来のペプチドベースのがん免疫療法開発の標的として、幅広い既成抗原と変異由来のネオエピトープを新たに特定できるようになりました」

uMetaP でマイクロバイオーームと宿主の相互作用を解明する

ヒトの体内には、マイクロバイオーームと呼ばれる複雑な生態系の中に、数兆個の微生物が生息しています。これらの微生物の機能を理解することは、健康を維持し、病気を予防するために非常に重要です。メタプロテオミクスは、マイクロバイオーームと宿主間の双方向の働きをより深く理解できる革新的なツールとして登場しました。

この取り組みをさらに推進するため、ブルカーとのパートナーシップの下、ウィーン大学に“**Center of Excellence for Metaproteomics**”が設立されました。同センターは、最先端の研究と先進技術を組み合わせ、次世代マイクロバイオーーム解析の先駆者となっています。



David Gómez-Varela 博士のチームはマイクロバイオーーム研究を加速するメタプロテオミクス手法の先駆者です：

- **5000x の感度の強化**
timsTOF Ultra の DIA-PASEF により 100 万分 1 の細菌を検出します。
- **NovoMP による de novo 探索**
新規の FDR 評価系により taxonomy のカバレッジが 200% 増加します。
- **遺伝子を超えた機能への考察**
低存在量の微生物タンパク質を定量します。
- **timsUltra AIP による前進**
新型の AIP を搭載することでスペクトルの品質が向上し、de novo 探索の性能がさらに向上します。



David Gómez-Varela

Director of the Center of Excellence for Metaproteomics, Division of Pharmacology and Toxicology, University of Vienna

「私たちは微生物の世界に生きており、何兆もの微生物があらゆる生態系の健康を形作っています。しかし、細菌の活動を反映するタンパク質レベルのシグネチャーは、感度の限界により、これまでほとんど捉えることができませんでした。新しい AIP システムにより、現在では単一細菌のプロテオームレベルに相当するサブピコグラムレンジの細菌ペプチドを検出できるようになりました。これは感度における大きな飛躍です。これにより、微生物の生命活動をかつてないほど詳細に探求することが可能になり、微生物の機能的多様性の理解に新たな可能性をもたらしています。」



Ultra-sensitivity metaproteomics redefines the gut “dark metaproteome”, uncovering host-microbiome interactions and drug targets in intestinal inflammatory diseases | bioRxiv

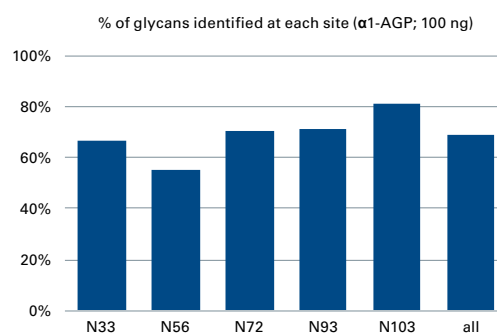
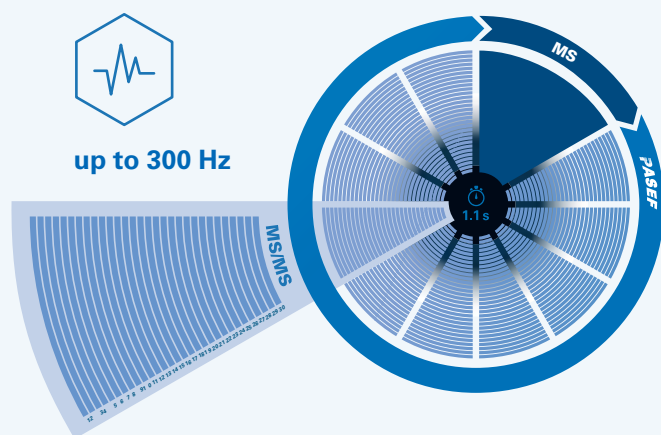
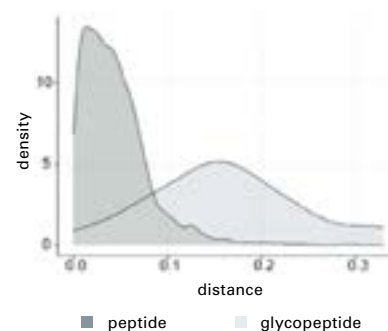
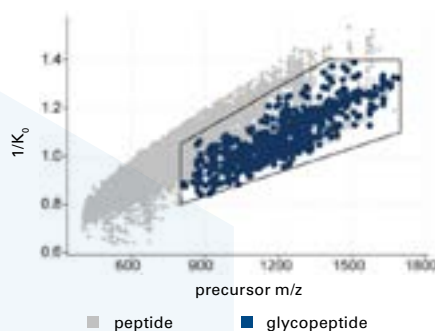
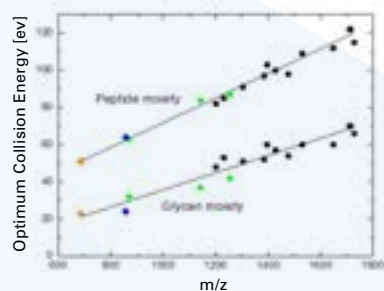
glyco-PASEF® :

信頼度の高いグリコシル化の探索

グリコシル化は、多くの生物学的プロセスにおいて重要な役割を果たす、最も複雑なタイプの PTM の 1 つです。糖ペプチド専用に設計された断片化技術である Glyco-PASEF® は、これらの複雑な糖構造の詳細な分析において、比類のない感度と分解能を提供します。高度な分離技術と断片化戦略を組み合わせることで、glyco-PASEF® で糖鎖の包括的な特性解析が容易になり、研究者にグリコシル化パターンとその機能的意義に関する詳細な情報が提供されます。



- **glyco-PASEF®** : 優れた結果を得るための段階的エネルギー CID とオキシニウムイオンゲーティング
- **PASEF® の速度**と、糖プロテオーム解析におけるイオンモビリティクラスタリングの特異性を組み合わせる
- **GlycoScape™ および Run & Done** : リアルタイム 4D- グライコプロテオミクス結果のプラットフォーム



Tin Long Wong, Brian P. Mooney, Gustavo J. Cavallero, Minhui Guan, Lei Li, Joseph Zaia, and Xiu-Feng Wan
Journal of Proteome Research 2023 22 (1), 62-77 DOI: 10.1021/acs.jproteome.2c00469



Albert Heck

Professor of Chemistry and Pharmaceutical Sciences,
Utrecht University and Scientific Director of the
Netherlands Proteomics Center

「グライコプロテオミクスにおける timsTOF の独自の強みを活用した glyco-PASEF® により、糖鎖生物学研究が加速します。」

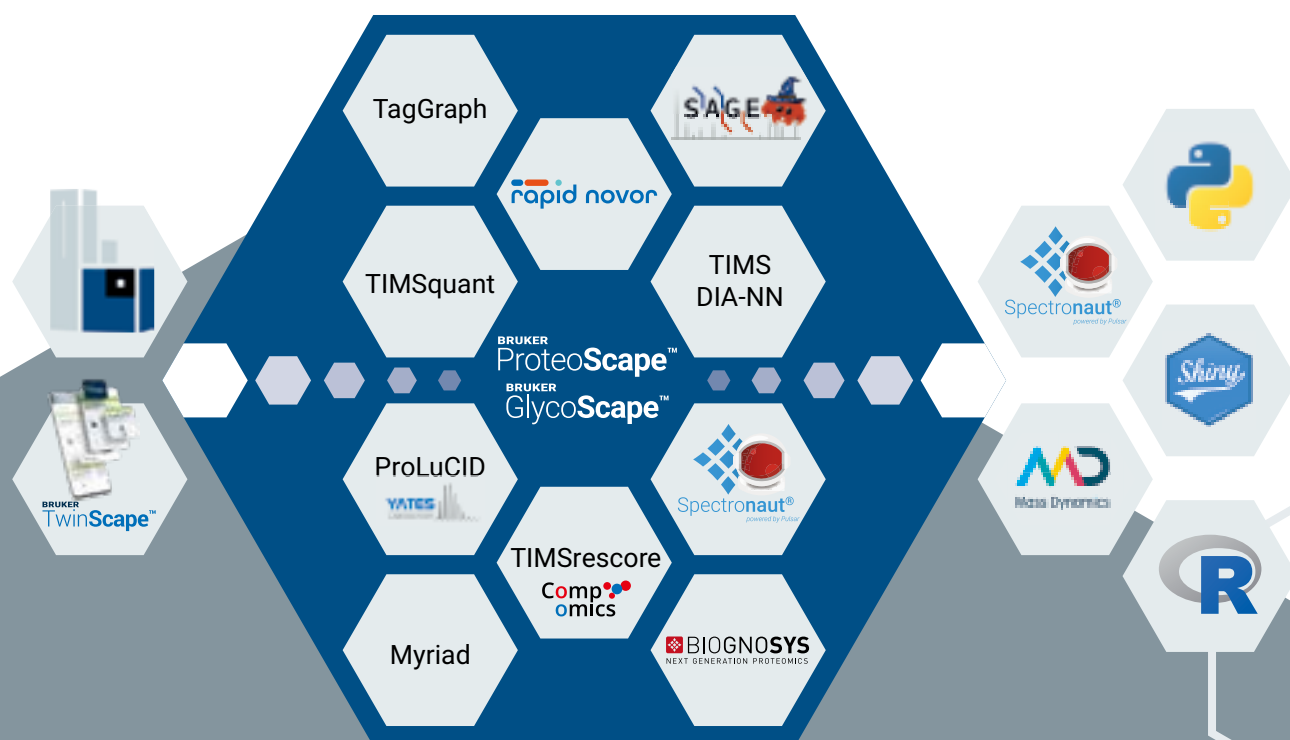


Learn More about
4D-Glycoproteomics:



Bruker ProteoScape™ – データ処理から 洞察までのシームレスなアクセス

- **Run & Done** – dda-PASEF® データ取得のための GPU 搭載データベース検索または de novo 配列解析。
- **分析の自動化** – データ取得と分析のワークフローが統合されているため、データ取得を開始した後は、他の作業を行っている間に、結果を評価する準備が整っています。
- **ProteoScape™ 取り込み制御 (PAC)** – データ品質の最小または最大のしきい値を定義すると、これらのしきい値が満たされない場合は自動的に取り込みが停止されます。貴重なサンプルについても心配無用です。
- **統合ソフトウェアパッケージ**には、Spectronaut® や TwinScape™ などの最新バージョンが含まれます。



timsTOF 最適化アルゴリズム –

BPS では、パートナーとの協力を通じて、timsTOF データに最適化された CCS 対応アルゴリズム一式を統合しています。

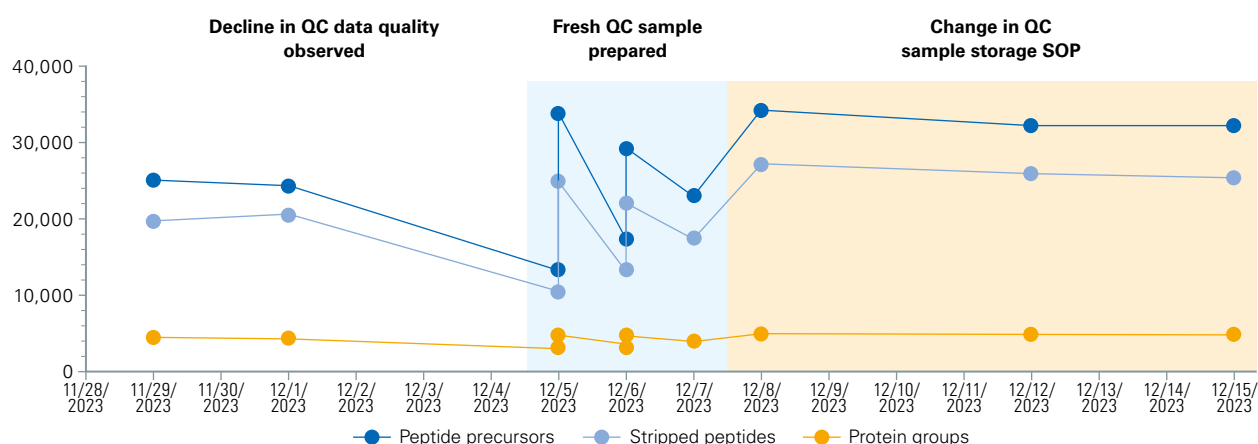
- **BPS Novor** は、効率的で正確なペプチド配列決定のために何百万ものスペクトルでトレーニングされた、機械学習ベースの de novo 配列決定エンジンです。
- **TagGraph**: BPS Novor で得られる結果を利用し、アミノ酸の修飾、配列の変異、タンパク質のプロセッシングをルーティンで解析することが可能になります。
- **Spectronaut®**: 直接ワークフローを実現する BPS と統合された最先端の DIA 解析を実施します。timsTOF データの強化された予測モデルにより、20 を超える PTM をサポートし、感度と精度が最大 40% 向上します。
- **TIMSrescore**: MS2Rescore の timsTOF 最適化バージョンです。フラグメントピーク強度、保持時間、イオンモビリティの予測を強化し、正確な PTM 同定を保証する機械学習モデルが含まれています。University of Ghent's Compomics Team と連携しています。
- **Myriad**: glyco-PASEF 測定におけるリアルタイム糖ペプチド同定を行います。新しい糖鎖の探索が可能になります。RadboudUMC の Wessels 博士のグループとの共同開発ツールです。

TwinScape™ – デジタルツインを活用した品質管理ソリューション

TwinScape™：現代のプロテオミクス研究室における品質管理のためのデジタルツインを活用したソリューションです。TwinScape は、物理システムと仮想モデルを橋渡しし、パフォーマンスの監視、逸脱の検出、測定プラットフォームが最高の研究基準を満たしていることの確認を支援することで、チームによるデータの信頼と、発見の加速を可能にします。



TwinScape™ による高度な品質管理



Bruker ProteoScape™ と Biognosys の iRT 標準を使用した完全なワークフロー



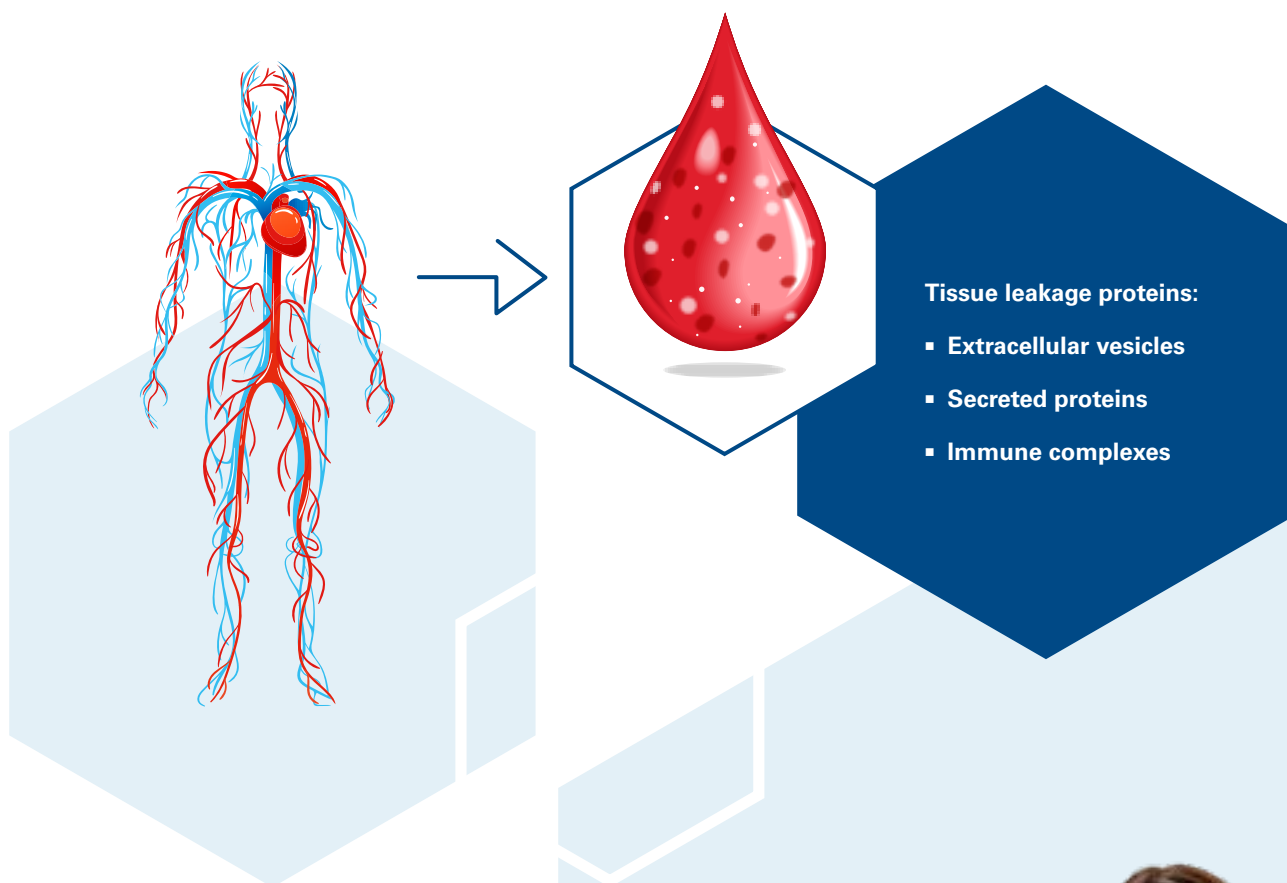
Julian Langer

Head of the shared Mass Spectrometry Lab, Max Planck Institutes of Biophysics and Brain Research, Frankfurt, Germany

「TwinScape™ は私たちの標準的な HeLa/iRT による QC のパイプラインに加わった素晴らしいワークフローであり、すぐにルーティンの QC 項目の 1 つとなりました。TwinScape™ による確実なモニタリングと見識によって私たちのワークフローの効率が上がり、潜在的な問題が大きくなる前に発見することが可能となるとともに、先を見越したテクニカルサポートを受けることが可能になります。」

ブルカーのエコシステム： 次世代の液体生検と血漿分析

血漿やその他の高ダイナミックレンジのサンプルにより、これまではアクセスが困難であった診断用および予後バイオマーカーの豊富な情報が得られるようになりました。ブルカーのエコシステムにより、小規模コホートから大規模コホートまでのプロテオミクス情報にアクセスするために必要とされるカバー範囲、堅牢性、ハイスループット、再現性が提供されます。血小板を豊富に含む血漿からクリーンな血漿まで、ヒトおよびモデル系における生物学的な根拠を見逃すことなく、最大 10 倍まで改善された幅広い範囲のメリットを享受できます。



» Dr. Stefanie Hauck

Head of Core Facility Metabolomics and Proteomics, Helmholtz Munich, Germany

私たちのコア施設では、常に技術の進歩の最前線に立つことを目指しており、ENRICH テクノロジーへアクセスできたことは大きな転換点となりました。ENRICH-iST により、血漿タンパク質の同定能力が 2 倍になりました。その後 ENRICHplus が登場し、さらなる向上を実現しました。現在では、シングルショット実験で平均約 3,600 の血漿タンパク質グループを同定しており、これは未処理血漿に対して iST-BCT を用いた我々の標準ワークフローと比較して 5.3 倍の増加です。



timsTOF が推進する 血漿プロテオミクスの革新

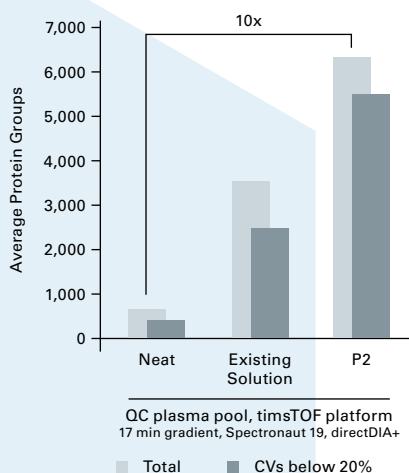
Deep, affordable, automatable, and quantitative:

ENRICH テクノロジーは均一な粒子による高い精度で timsTOF による血漿、血清、CSF のプロテオミクス分析の限界を押し上げます。

- **ENRICH** テクノロジーは、優れた再現性、合理化されたオートメーション化、および幅広いサンプルで深いプロテオームカバレッジを実現する適合性により、バイオマーカー探索に高い性能を発揮します。
- **ENRICH-iST** は、ヒトおよび前臨床哺乳動物サンプル向けの簡便で柔軟なオールインワンソリューションであり、**血漿、血清、または CSF** から 5 時間以内にクリーンなペプチドを得ることができます。
- **ENRICHplus** は、ヒト **EDTA 血漿** において最大の深度解析を達成し、未処理血漿と比較して同定数を最大 7 倍に高めるとともに、堅牢な定量化とハイスループット対応を実現します。

timsTOF が Biognosys 社の P2 エンリッチメントシステムを強化： 血漿プロテオミクスにおける深度、堅牢性、スループットで業界をリード

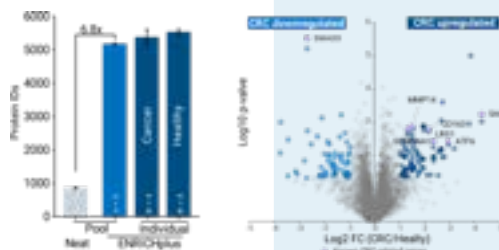
Biognosys の TrueDiscovery 血漿バイオマーカー検出サービスは、単一ウェルの粒子ベースの血漿濃縮と timsTOF 用の新しい特許取得済みの P2 粒子システムを搭載しています。記録的なハイスループットで、研究者に比類のないプロテオームの深度と定量的精度を提供します。



More information about
P2 Enrichment System:



PREOMICS



More information about
ENRICH Technology:

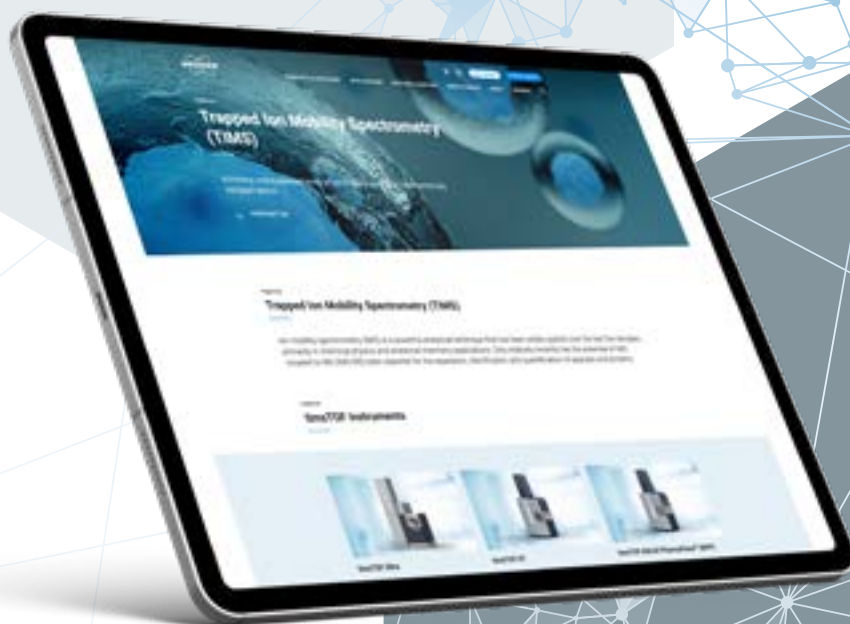


BIOGNOSYS
NEXT GENERATION PROTEOMICS

P2 Enrichment
System

- **血漿中の濃縮度が最も高いと報告されており、未処理血漿と比較して最大 10 倍の増加で、単一の血漿プールで深度 6000 を超えるプロテオームカバレッジを実現します。**
- **魅力的なプロジェクト所要時間と、比類のないハイスループット化によるコスト効率を実現します。**
- **群を抜く定量的精度が、多様な血漿サンプルマトリックスから制御された定量的実験によって証明されました。**
- **CRO サービスとして、または timsTOF 装置を保有するラボに向けた複数年ライセンスによるインハウス利用が可能です。**

Further Reading and References



Explore More: Recommended Reads and Resources

1. Introducing the timsUltra AIP:

www.bruker.com/timstof-ultra



2. PASEF: Discover the Advantage of SPEED with Confidence

www.bruker.com/de/products-and-solutions/mass-spectrometry/timstof/pasef.html



3. Immerse into the Capabilities of 4D-Proteomics

www.bruker.com/en/applications/academia-life-science/proteomics/4d-proteomics.html



4. Immediately dive into Results of your Experiment

www.bruker.com/en/products-and-solutions/mass-spectrometry/ms-software/teoscape.html



5. TwinScope: Streamlined Quality Control and Monitoring

www.bruker.com/en/products-and-solutions/mass-spectrometry/ms-solutions/twinscape.html



6. timsOmni

<https://www.bruker.com/en/products-and-solutions/mass-spectrometry/timstof/timsomni.html>



7. timsMetabo

<https://www.bruker.com/en/products-and-solutions/mass-spectrometry/timstof/timsmetabo.html>



8. 4D-Proteomics Content Collection:

www.bruker.com/en/landingpages/bdal/proteomics-content-collection.html



9. Pharma Content Collection:

www.bruker.com/en/landingpages/bdal/pharma-content-collection.html



10. Everything you need. Maximum Sensitivity, Speed, and Robustness

www.bruker.com/en/products-and-solutions/mass-spectrometry/lc-ms/pepsep-columns.html



11. Setting the Standard for Protein Analysis with PreOmics

<https://www.preomics.com>



12. The Gold Standard for DIA Proteomics Analysis: Spectronaut

<https://biognosys.com/software/spectronaut/>



13. PASEF Melodies:

www.bruker.com/en/landingpages/bdal/proteomics-content-collection.html



14. Setting the Standard for Protein Analysis with PreOmics

<https://www.genengnews.com/topics/omics/leveraging-proteomics-for-precision-cancer-research-diagnosis-and-treatment/>



15. Bruker Pharma Brochure

https://www.bruker.com/en/products-and-solutions/mass-spectrometry.html?q_ls=pharma-ebook#literature



ブルカー – 革新とインテグリティ： コミュニティのためのエコシステムの構築

メリット	特徴
制御されたイオンの放出	<p>コリジョンセルから放出されるフラグメントイオンの空間分布を最適化</p> <ul style="list-style-type: none"> ・ フラグメントイオンシグナルの大幅な改善 ・ 多様な用途に合わせて柔軟に調整できる転送質量範囲
CaptiveSpray Ionization Source (CSI)	イオン電流と感度を高める最適化ガス流
PASEF® Melodies	TIMS プラットフォーム独自の全 PASEF® モードを完全サポート (diagonal-PASEF® 含む)
ICC 2.0 (Ion charge control 2.0)	サンプルロードの許容範囲拡大とより使いやすいユーザー体験を実現
Spectronaut® 20 搭載	Bruker ProteoScape™ (BPS) で利用可能
アップグレード可能	timsTOF SCP, timsTOF Ultra, timsTOF Ultra 2 から
PASEF®	300Hzでの超高速測定



本製品は研究用です。臨床診断目的には使用できません。

Bruker Daltonics is continually improving its products and reserves the right to change specifications without notice. © BDAL 06-2025, 1912390 Rev 01

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

www.bruker.com

詳細については、
QRコードをスキャン
してください



JP_LS 02_07-2025