



C-Trap[®]

- C-Trap[®] Dymo – 探索 DNA、蛋白质的动力学及相互作用
- C-Trap[®] Edge – 前所未有地洞察细胞及细胞骨架

C-Trap[®]是世界上首款动态单分子显微镜，可在单分子水平对分子间作用进行操控和同步可视化。C-Trap 系统完美整合了高分辨光镊、荧光和无标记显微镜以及微流控等尖端技术。

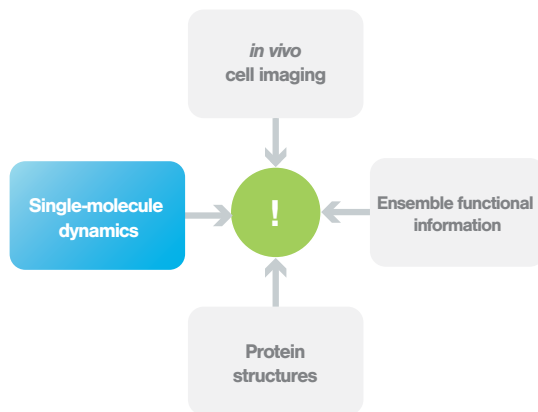
LUMICKS

深圳市现代豪方仪器仪表科技有限公司 0755-26738591 13392863941

填补分子实验方法中的缺失，让您的研究更快速、更有影响力

如今，我们的很多生命科学的手段和仪器，可以检测分子的功能。不过，这些工具要么只能得出分子的结构信息，要么只能得出分子的功能信息，很难兼得。这是因为现有的工具无法对分子的作用过程进行实时观察，因而也就很难对**关键分子的关键作用细节**作出具体呈现。由于无法直接观察到直接的动力学过程，所以我们往往只能得出**不够明确的分析结果**。

如果有一种技术，**能观察到分子的作用过程，并能明确阐明分子的根本机理**，是否会很有用呢？现在就有一种简单好用的仪器，它彻底改变了过去人们对生物学的认知。它是一套高精尖的系统，可以为您提供最罕见、最快速、最瞬态的生物过程的数据，而且消除了研究中的模糊性，让您能够用**更短的时间，获得更有影响力的研究**。该解决方案可以帮助您在单分子水平明确地观测疾病的发生根源，加速治疗方案的研究突破。

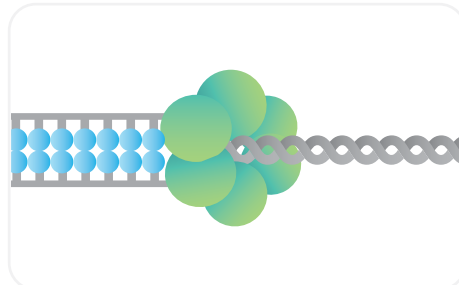


C-Trap® 是目前唯一的动态单分子显微镜产品，它可以让您直接观察到生物分子过程的机制和动力学情况。它融入了独一无二的诺贝尔奖技术，能够让您在同一个实验中：

1. 直接实时可视化单个蛋白质的动力学过程。

2. 控制和观察生物复合物的分步骤地组合过程。

3. 调节分子系统以测试不同条件下的模型。



超高的性能



拥有最高时空分辨率以及灵敏度的单分子可视化功能，确保您能检测到生物系统中**最细微、最瞬时、最快速**的变化。

一次实验，360°视角观测



力学检测与分子可视化之间**无间隙关联**，让您可以实时获得多个并行的数据流，并且，您可以同步对目标分子复合物进行操纵和按顺序组装。

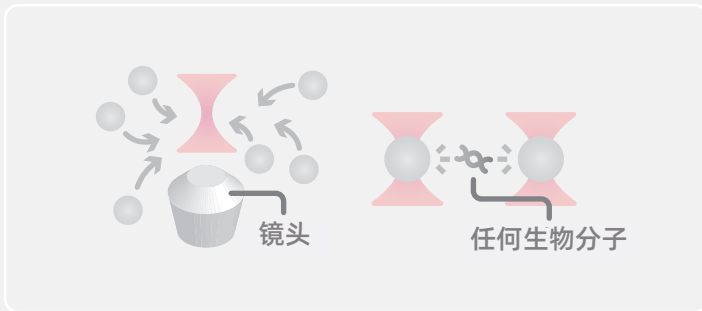
简便易用



您无需是资深的生物物理学家就能使用 C-Trap 进行数据分析。它操作起来直观方便，运行自动化，并具有数据分析功能，能确保**每一位用户都能轻松获得可靠的数据**。

用光镊、微流控、成像技术 引领生物学的革命

简单 3 步 为您全方位展示诺贝尔奖技术 C-Trap 的工作原理及其对科研实践的作用。



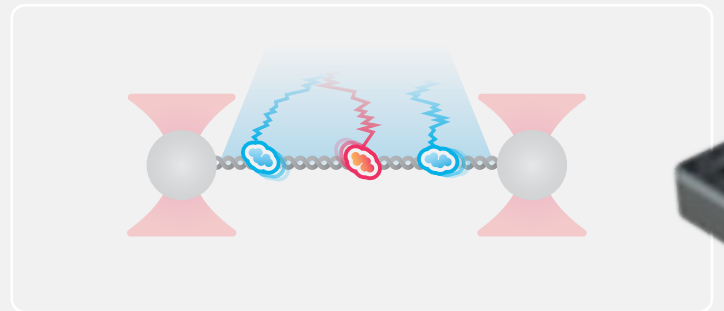
第 1 步

光镊

捕获和操纵目标分子

光镊产生的聚焦光能捕捉各种微小物体。您可以直接捕捉目标分子（例如，蛋白液滴），或捕捉微球，让微球拴系目标分子，例如，用两个微球拴系住 DNA 链。您可在不同条件下操纵所捕获的单分子，用以特性研究。例如：

- 通过对目标分子进行拉伸和释放，研究其构象特性。
- 将目标分子暴露于能与之发生作用中的蛋白质（如核酸内切酶或马达蛋白）中，以检测这些蛋白质对所捕获的分子的影响。
- 对液滴进行融合操作，研究它们的密度和粘度。



第 2 步

荧光或无标记成像

实时记录所捕获的分子

相关显微系统可提供实时影像，让您可以在检测分子过程的同时，观察其对应的相互作用。

它可以一次辨别多个荧光标记的分子，依据荧光密度的变化对分子间相互作用的形成过程进行追踪和量化，或在无标记的情况下检测微管的动力学。无论是荧光显微系统还是无标记显微系统，都能提取到包含目标分子细节信息的高分辨图像。

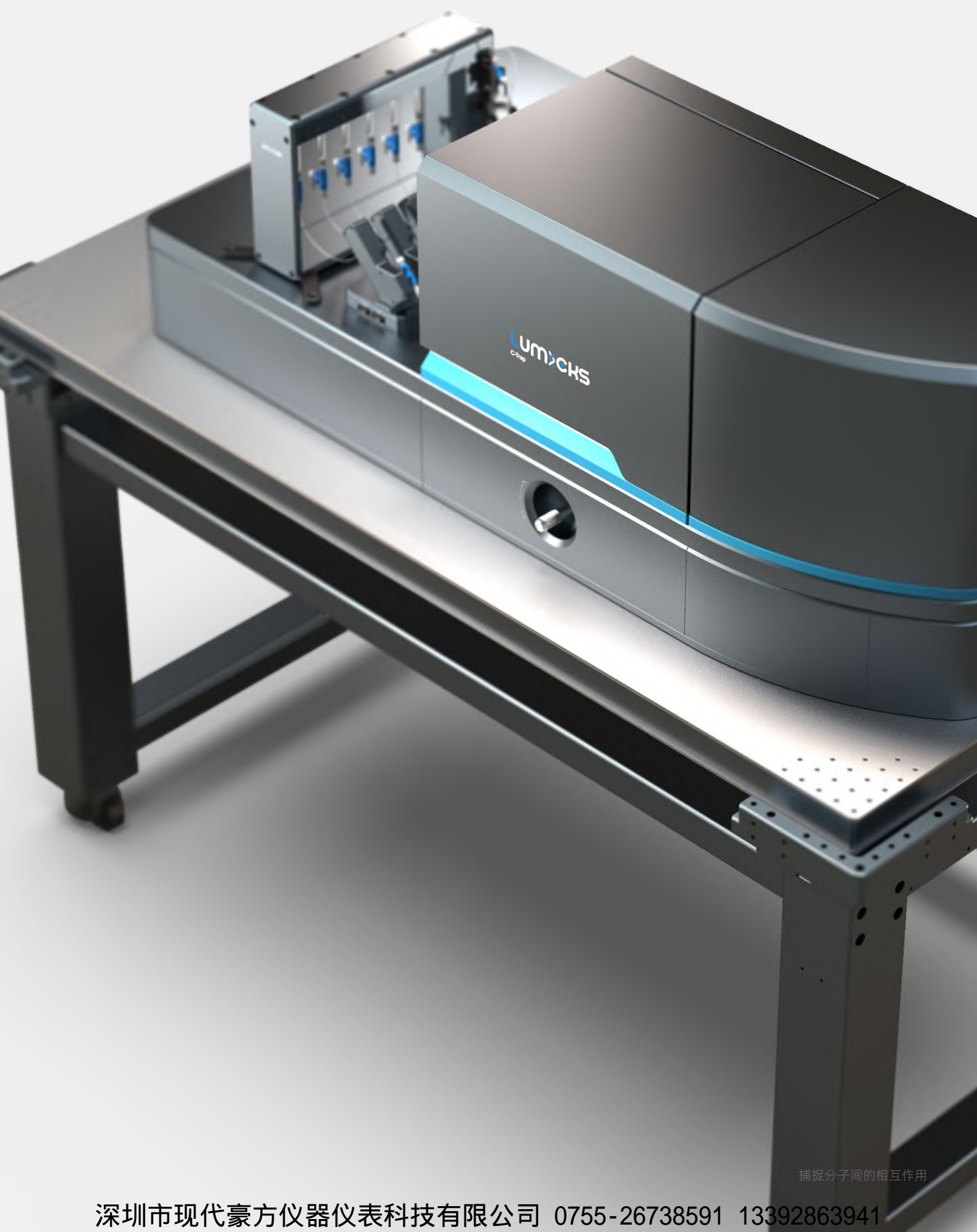


第 3 步

层流微流控

引入、组合、定位您的试剂

集成的微流控系统可将试剂分配到各相邻的层流通道中，通道之间无物理屏障。光阱可以在通道之间来回移动，能够非常方便地将试剂进行引入和组合到各独立通道中，而且还可以很方便地对单分子进行不同条件下的分析。



捕捉分子间的相互作用

在动态单分子研究中的 应用

现代科学发展的方向是实验规模趋于小型化，实验观测趋于结构和机制层面。这里展示了一些应用场景，或许会对您有所启发。

第 08 页

DNA结合蛋白

第 12 页

蛋白折叠

第 16 页

细胞骨架结构与运输

第 20 页

相分离

第 22 页

生物力学

在动态单分子分析中的应用

DNA结合蛋白

利用 **C-Trap® Dymo** 揭示参与DNA修复、复制、转录、编辑，以及染色质组织的DNA结合蛋白的结构、功能和动力学

实时观察单个 DNA 结合蛋白

应用简介:

- 在分子拥挤环境中追踪单个 DNA 结合蛋白，并分析其在不同生物学体系中的动力学特性。
- 引入多种荧光标记的蛋白质，通过记录它们与 DNA 或 RNA 分子的相互作用研究它们的活性。
- 观察记录蛋白质与 DNA 相互作用的全过程，揭示蛋白质分子的数量、位置、扩散情况以及持续时间。



感谢提供数据

[1] Prof. Dr. Gijs Wuite and Prof. Dr. Erwin Peterman at the VU University Amsterdam



主要文献

[2] Brouwer et al. (2016) Nature
[3] Heller et al. (2013) Nature Methods

实时追踪 DNA 与蛋白质间的相互作用，分析评估非同源性末端连接 (NHEJ) 修复蛋白的组装、与 DNA 的结合以及修复 DNA 双链断裂的动态过程

将 DNA 分子与多个相互作用的蛋白质共混，实时可视化和测量它们的相互作用和活性。图 1 中，Kymograph 显示了荧光标记的 XRCC4 和 XLF 修复蛋白，在 DNA 分子上的蛋白特异性结合和动力学随着时间的变化 [1,2]。在此实验体系中，您还可以通过施加外力来操纵 DNA 的构象或调控蛋白质的组成，研究不同条件对 DNA 与蛋白质间相互作用的影响。

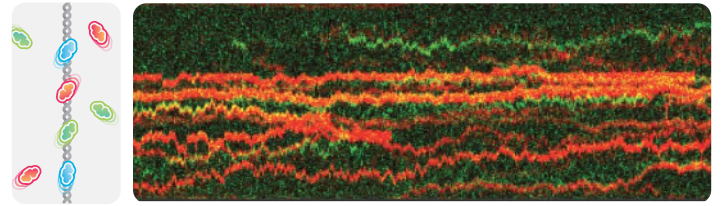


图1: Kymograph, 显示 XRCC4 (绿色, 占总事件的 9%)、XLF (红色, 占总事件的 62%)、XRCC4-XLF 复合物 (黄色, 占总事件的 29%) 在 DNA 分子上的结合位置。

识别分子拥挤环境中的单个蛋白质，破译 DNA 加工蛋白的生理条件

集成单分子光镊与受激发射损耗 (STED) 超分辨显微技术，在高度拥挤环境中实时记录 DNA 分子上荧光标记的转录因子 [1,3]。高分辨成像系统为追踪蛋白质密集区 DNA 分子上的单个酶提供保障，以研究蛋白质的扩散。共聚焦显微系统和 STED 显微系统下记录的观蛋白质分子结合事件，后者分辨率明显更高 (见图2)。

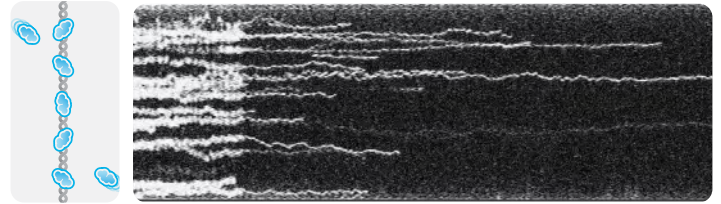
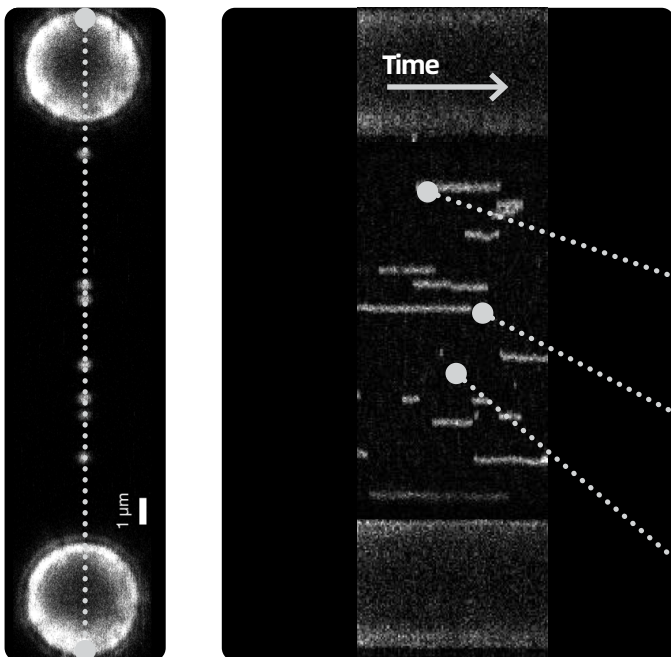


图2: Kymograph, 显示了一个被 4pN 恒定力拉伸的 DNA 分子上, 人类线粒体转录因子 A (TFAM) 的动力学情况。图中为共聚焦显微镜 (左侧) 和 STED 显微镜 (右侧) 的对比。



如何解读 Kymograph 结果?

Kymograph 用图谱方式详细记录了单个 DNA 分子上随时间发生的单分子结合事件的过程，而且提供了有关 DNA 结合蛋白的 k_{on} 和 k_{off} 值的直接信息。

单个带荧光的蛋白结合到 DNA 上

单个带荧光的蛋白从 DNA 上解离

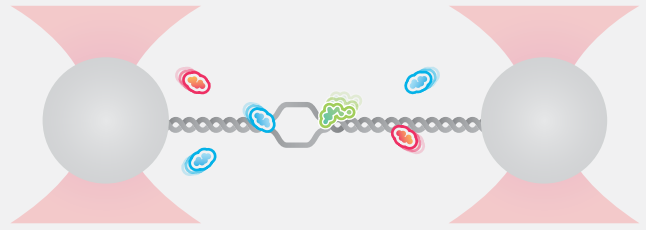
短暂的结合事件 (< 10ms)

捕捉分子间的相互作用

在 DNA 结构变化的同时检测 DNA 与蛋白质间的相互作用

应用简介:

- 通过拉伸力增加分子轮廓长度，操纵 DNA 的分子结构和构象。
- 研究不同构象条件下 DNA 与蛋白间的相互作用，这些构象用以模拟转录和修复过程中 DNA 结构的变化。
- 揭示由 DNA 结合蛋白诱导的 DNA 分子间与分子内的相互作用（如黏连蛋白或核小体桥接的稳定性、形成过程以及断裂过程）的特性。



主要文献

- [4] Newton et al. (2019) Nat Struct Mol Biol.
 [5] Gutierrez-Escribano et al. (2019) Science Advances
 [6] Leicher et al. (2020) PNAS

研究 DNA 是如何通过结构变化来调控基因编辑酶的结合与催化活性

使用 C-Trap，您可以在操纵目标 DNA 结构的同时，可视化观察 DNA 分子上序列特异性的基因编辑蛋白的动力学。您可以研究 DNA 的构象变化（如 DNA 呼吸）是如何影响 Cas9 复合物的靶向特异性 [4]。本例中可以看到，当逐渐增大光镊的拉伸力来作用于拴系的 DNA 分子时，荧光标记的催化失活的 Cas9 内切酶（dCas9）与 DNA 特异性的向导 RNA（gRNA）的结合事件（见图 3）。拉伸拴系的 DNA 会引起其构象改变，导致更多的脱靶结合事件。结果表明，自然发生的结构改变（如 DNA 呼吸）导致 DNA 通过 dCas9-gRNA 复合物进行脱靶结合。

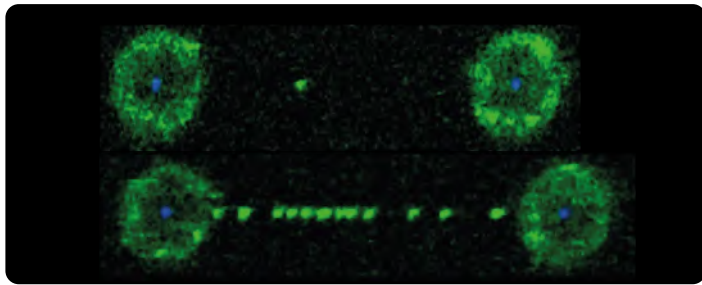


图 3、单个 DNA 分子被束缚在两个微球之间，荧光标记的 dCas9-gRNA 复合物（绿色）结合到了靶点（上图）。拉力增大到 20pN 及以上时，dCas9-gRNA 复合物出现越来越多的非靶点结合（下图）。这张图片引自 David Rueda 教授发表数据。

揭示 DNA 结合蛋白诱导的 DNA 分子间或分子内相互作用

借助 C-Trap 上的四光阱结构，可以同时操纵两个 DNA 分子，用以测试不同 DNA 分子间的桥接特性 [5]。在这里，研究人员将两条 DNA 链转移到黏连蛋白（cohesin）复合物环境中，并使它们相互靠近，以诱导它们产生分子间桥接，再以不同方向的力拉伸这两个 DNA 分子，通过实时成像记录了所生成的 DNA 桥接的强度以及 DNA 的滑动特性（见图 4）。同样地，他们又用双光阱结构拴系了单个 DNA 分子，并将其转移到 cohesin 复合物环境中，从而对 DNA 分子内的 cohesin 桥接的稳定性、形成过程以及断裂过程进行了量化测定。

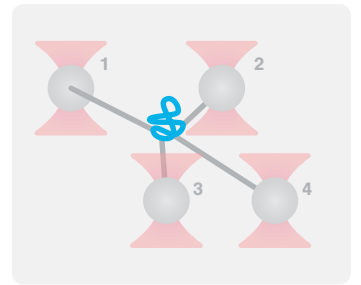
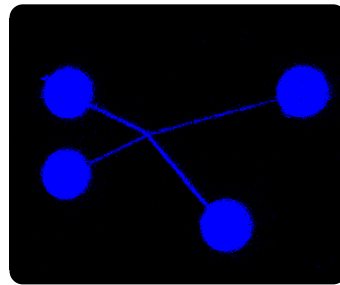


图 4、左图：滑动实验的典型图像，显示两组微球分别拴系着一个 DNA 分子。在 DNA 分子间的 cohesin 桥接建立后，再对微球施以拉力。右图：实验示意图。数据基于 Gutierrez-Escribano 等人 2019 年发表于《Science Advances》上的内容（CC-BY）。

操纵核小体阵列，确定表观遗传类蛋白对 DNA 的凝聚特性和稳定性的影响

将核小体阵列连接在光镊捕获的微球之间，并将其置于表观遗传修饰因子体系中，以此研究包括核小体桥接在内的 DNA 的凝聚和组织情况。本例中，研究人员通过拉伸核小体阵列，研究表观遗传修饰因子对多梳诱导桥接的影响。DNA 去折叠后轮廓长度的相对变化和结构转变可以反映出特定修饰因子如多梳抑制复合物 2（PRC2）各自的桥连谱。

图 5 中作用力-拉伸距离曲线（力谱）显示了每个阵列在拉伸过程中发生的结构转变，每个转变都代表了单个核小体的去折叠 [6]。转移到 PRC2 体系中，阵列的力谱上观察到显著峰值，表明两个核小体间的远端桥连相互作用导致了 DNA 模板的突然延长。

nucleosome array and nucleosome array + PRC2

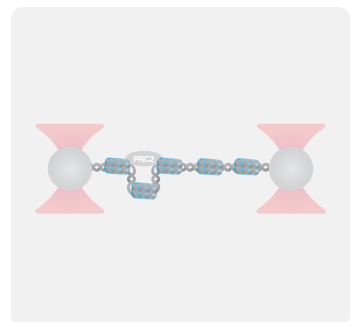
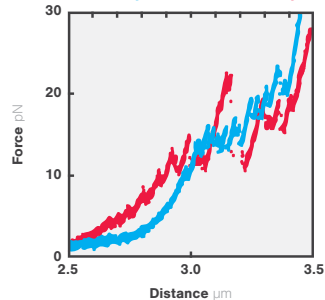
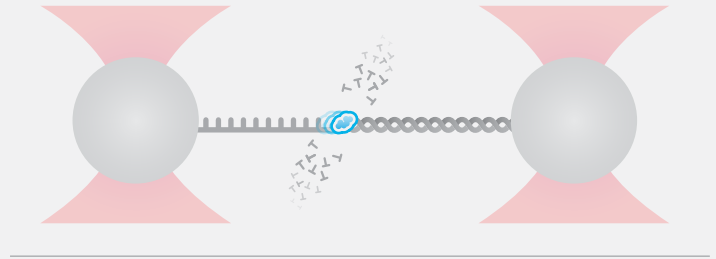


图 5、PRC2（红色）体系及对照体系（蓝色）中拉伸核小体阵列时典型的力谱曲线摘自 Leicher 等人 2020 年发表于《PNAS》上的内容。

提取有关 DNA 加工酶功能和机制的高分辨率数据

应用简介:

- 操纵、测量及可视化记录 DNA 加工过程中马达蛋白的瞬时、复杂的步进行为。
- 以碱基对级别的分辨率评估酶活性，提取有关 DNA 包装行为及步进过程的详细信息，并揭示酶的功能特性和机制。



主要文献

[7] Marchetti et al. (2019)
[NanoLetters](#)



感谢提供数据

[8] Prof. Dr. Carlos Bustamante
at UC Berkeley

用碱基对级别的分辨率揭示 DNA 加工酶的隐匿特性

C-Trap 提供分辨率达碱基对级别的可读结果，评价 DNA 加工酶在加工 DNA 分子时的活性。可在双链 DNA 解旋成单链的过程中，追踪 DNA 分子上酶的活性。图6显示了双链 DNA 解旋成单链时，T7 DNA 聚合酶的核酸外切酶活性。

在本实验中，单个 DNA 分子被光镊以恒定的力控系在两个微球之间，该作用力能诱导 T7 DNA 聚合酶的核酸外切酶活性。数据显示，这个酶产生了3到10次短时间的核苷酸活性爆发，其间频繁出现了多次不同时长的停顿。

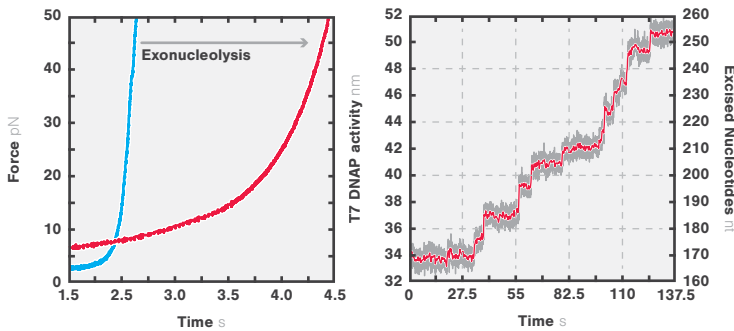


图6、左图：典型的双链 DNA（蓝色）和单链 DNA（红色）的力谱曲线。右图：双链 DNA 上，T7 DNA 聚合酶受外力诱导产生核酸外切酶的活性爆发。

用碱基对级分辨率来明确马达蛋白的 DNA 包装特性

识别 DNA 包装特征，了解马达蛋白在病毒感染等过程中加工 DNA 的机理。为此，研究人员将一种 DNA 包装马达蛋白（如 $\phi 29$ ）和相应的双链 DNA 底物控系在两个被光阱捕获的微球之间。在碱基对级分辨率下，两个微球间的距离缩短显著表明了 DNA 的包装过程（见图7）。

具体来说，这些高分辨实验数据揭示单个马达蛋白的动力学功能，包括运动步进、包装周期以及所包装的 DNA 数量[图7、图8]。

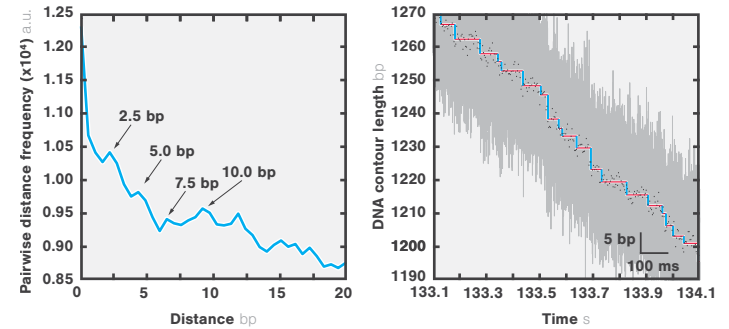


图7、左图：包装轨迹的相对分布函数，显示 $\phi 29$ 马达蛋白的运动距离在 2.5bp 左右。右图：DNA 包装轨迹显示机械化学循环的不同阶段，红色为驻留阶段，蓝色为运动阶段。原始数据是在 78125Hz（灰色）下收集，均值降噪到了 250Hz（黑点）。

用 C-Trap® Dymo 探究 DNA 加工的机制

获得证明蛋白质功能的直接证据

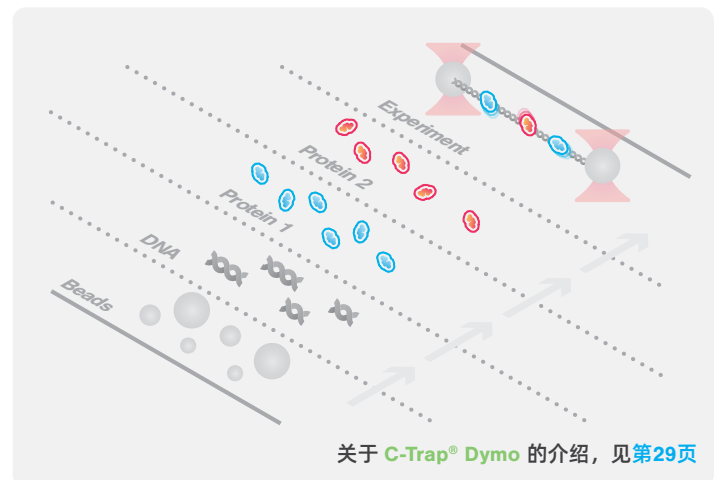
直接实时可视化单个蛋白质的动力学，获得证明蛋白质功能的最直接证据。

揭示分子复合物的形成机理

控制序列组装，并且进行可视化观察，以特有的方式揭示分子复合物的构建和激活机理。

控制和测量 DNA 的局部结构

操纵和检测DNA张力，以最简单的方式控制和测量DNA局部结构。



关于 C-Trap® Dymo 的介绍，见第29页

在动态单分子分析中的应用

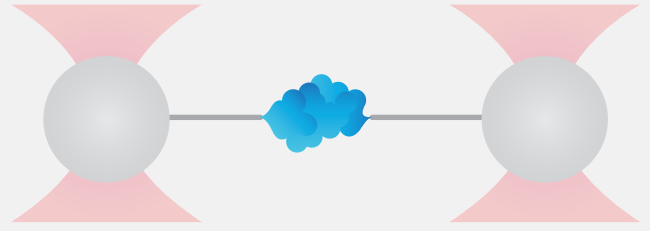
蛋白质折叠

利用 **C-Trap[®] Dymo** 的高分辨光镊和荧光成像技术研究蛋白质折叠以及构象变化的机制。这些变化决定了蛋白质的生物活性和功能。

揭示蛋白质、DNA、RNA 的构象变化及其能量景观

应用简介:

- 实时检测单个蛋白质分子、DNA 分子、RNA 分子在不同生物条件下的短寿命的构象变化、长寿命的构象变化以及罕见构象变化。
- 结合光镊测量和 FRET，建立蛋白质的机械特性与局部结构变化的关联。
- 对捕获的生物分子，通过力的拉伸和释放来分析其去折叠和折叠时的特性，并绘制相关能量景观。



感谢提供样品1 和数据2

[1] Prof. Dr. Carlos Bustamante at UC Berkeley
 [2] Prof. Dr. Hang Shi at Tsinghua University



主要文献

[3] Pelz et al. (2016) Nature Communications
 [4] Wruck et al. (2021) Communications Biology

追踪蛋白质的主要和“隐藏”构象状态

解析酶高度动态的构象状态，优化蛋白质特异性候选药物的筛选。在本研究 [1] 中，我们将钙结合信使蛋白（钙调蛋白）拴系在两个光阱捕获的微球之间，来研究其去折叠和折叠时的特性。先通过力拉伸再释放操作得到力谱曲线清楚地显示了一个可逆的两步去折叠过程，它对应于酶上的两个螺旋-环-螺旋结构域（见图1）。

当光阱保持恒定距离时，观察到蛋白质构象态在打开和闭合之间随机变换。分析中还发现第三种短暂的状态，即中间态（见图2）。

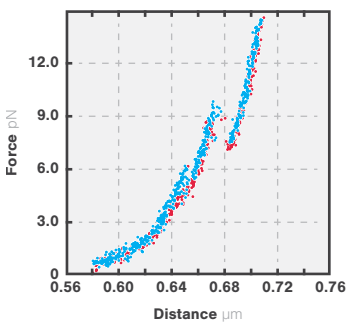


图1、对钙调蛋白进行力学拉伸（蓝色）和释放（红色）时得到力谱曲线，得出该蛋白质去折叠和再折叠时经历了两个步骤。

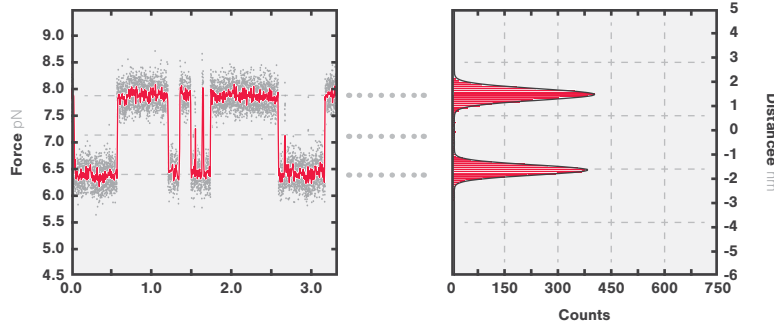


图2、左图：平衡态测定的3秒钟力的轨迹线，显示钙调蛋白分子的结构变化。灰色数据显示的是 50kHz 的采样率，红线显示的是均值降频到 200Hz 的数据。中图：直方图，表示当微球保持恒定距离时的主要状态。由于第三中间态为瞬态，故而可忽略不计。右图：直方图中所观察到两种状态的示意图。

发生构象变化时的蛋白质间相互作用的实时检测和成像

可视化观察分子伴侣与蛋白质的结合情况，研究蛋白质复合物形成过程中的分子间相互作用。在本研究中，研究人员将麦芽糖结合蛋白（MBP）拴系在两个微球之间，再对拴系蛋白进行力学拉伸/释放，同时监测带有荧光标记的触发因子（一种与 MBP 相互作用的分子伴侣蛋白）和它的结合事件 [4]。研究人员可以观察每次拉伸操作时，分子伴侣蛋白是如何与 MBP 进行结合的，以及在每次拉伸/释放过程中分子伴侣蛋白是如何保持结合态的（见图3）。

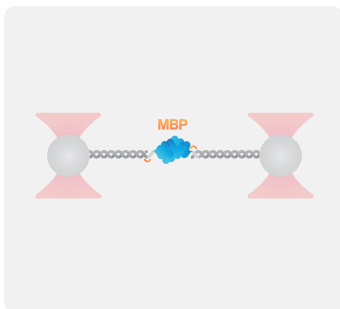
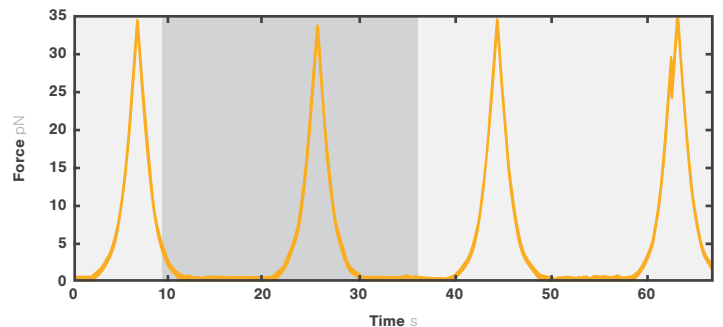
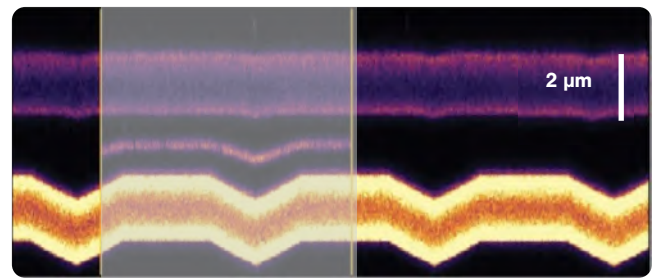


图3、右上图：光镊捕获的微球拴系着 MBP 的荧光，显示了拉伸力达到 35pN 后又释放拉伸力后，蛋白质发生去折叠和折叠状况。带有 ATTO 647N 标记的触发因子（用 638nm 激光激发）在去折叠后与 MBP 结合并保持此状态（细线）。右下图：拉伸力随时间的变化图。摘自 Avellaneda 等人2020年发表于《Communications Chemistry》的内容（CC-BY）。



捕捉分子间的相互作用

研究 RNA 发夹结构的去折叠和折叠特性，揭示其不同的构象状态

解析 DNA 和 RNA 发夹结构的稳定性，以发现其生理特性并改进基因沉默工具。利用 DNA/RNA 杂交手柄链将 RNA 发夹结构拴系在两个微球之间 [2]。在本例中，我们以恒定的速率力学拉伸和释放 RNA 分子，同时确定此操作产生的机械和结构特性（见图 3，左图）。当作用力为大约 8pN 时，出现了约 15nm 长的去折叠豁口。一旦释放拉伸力，该蛋白分子便开始折叠，且折叠过程与去折叠轨迹基本相同，包括在 8pN 拉力时形成 15nm 的豁口。这证明，RNA 发夹结构的去折叠过程具有可逆性且其结构非常稳定。

进一步分析了 RNA 结构随时间发生的转变，恒定距离平衡态数据表明，其结构在 6.7pN 和 7.7pN 左右的张力下分别以两种不同的状态之间震荡。分析中还发现了第三种偶现的构象状态，即介于两种主要状态之间一种状态（见图 3，右图）。

**Tony Hyman 教授与
Stephan Grill 教授**

马克斯·普朗克分子细胞
生物学研究所

"The correlation of force traces with fluorescence observation provides very powerful insights for our research. The team has been fighting over system time!"

MPI-CBG 照片版权所有

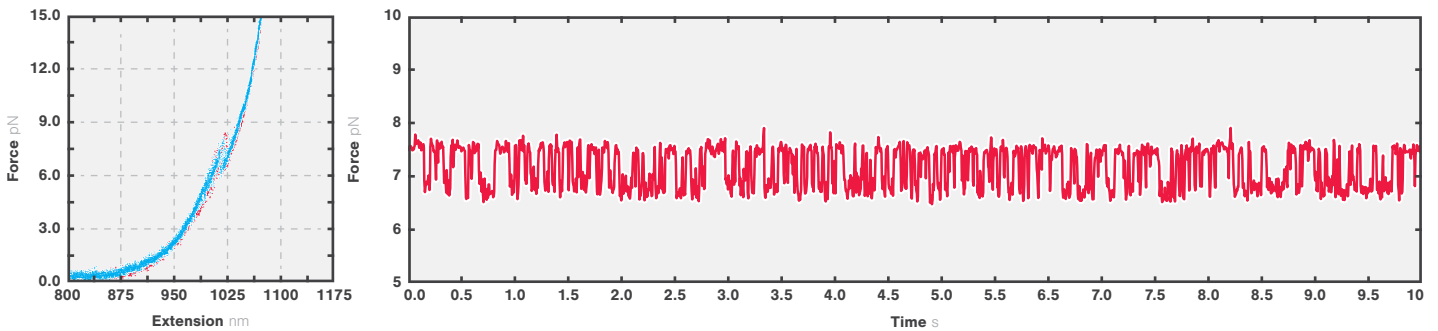


图3、左图：当拉力增加时，被拴系的 RNA 分子发生伸展（红色）和收缩（蓝色）。右图：恒定距离模式下作用于 RNA 分子的拉力（初始为 7.5pN）随时间变化图（10秒）。数据采集自 50kHz 的高分辨率数据集，均值降频到 200Hz。

稳定性好的光阱距离锁提高构象变化长期检测的稳定性

检测 DNA、RNA、蛋白质的细微构象变化及罕见状态需要非常稳定的光阱，因为即使极小的光阱位置位移也可能给检测结果带来致命偏差。C-Trap 克服了这一难点，它特有光阱距离锁定功能，实现了闭环反馈机制，主动补偿光阱发生的位移距离，且独立于样品和作用力的检测数据。这种特征功能给平衡测度带来了超高的稳定性。

作为原理证明试验，我们在反馈机制激活>35分钟的时间里，检测了单个 DNA 发夹结构的平衡动力学。在光阱距离锁激活的情况下，我们发现，在整个实验过程中，实验数据的分布保持了稳定（见图 4、图 5），而没有主动位移补偿的检测过程中，则实验数据的分布发生了明显的改变。这些数据有力地证明了锁定光阱距离的重要性，因为只有这样才能保持目标分子处于恒定的能量状态，才能切实进行长时间的平衡测量。

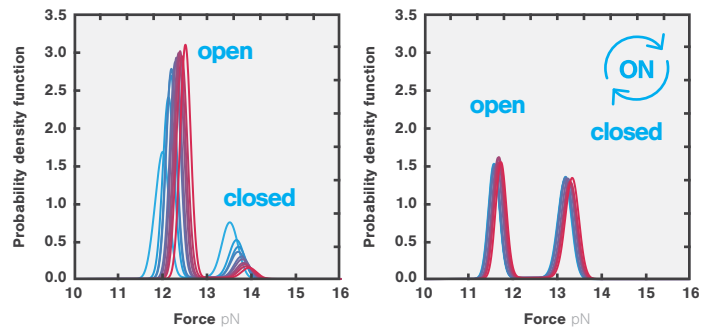


图4、概率密度函数显示不同时间间隔下分子处于展开（open）和闭合（closed）状态的分布情况。时间间隔情况如图 5 所示。用 13pN 的预张力拉伸 DNA 发夹，光阱间的距离恒定，而光阱距离锁分别处于关闭（左图）或开启（右图）状态。初始时间点（0-4分钟）为浅蓝色线，最后时间点（36-37分钟）为红色线。

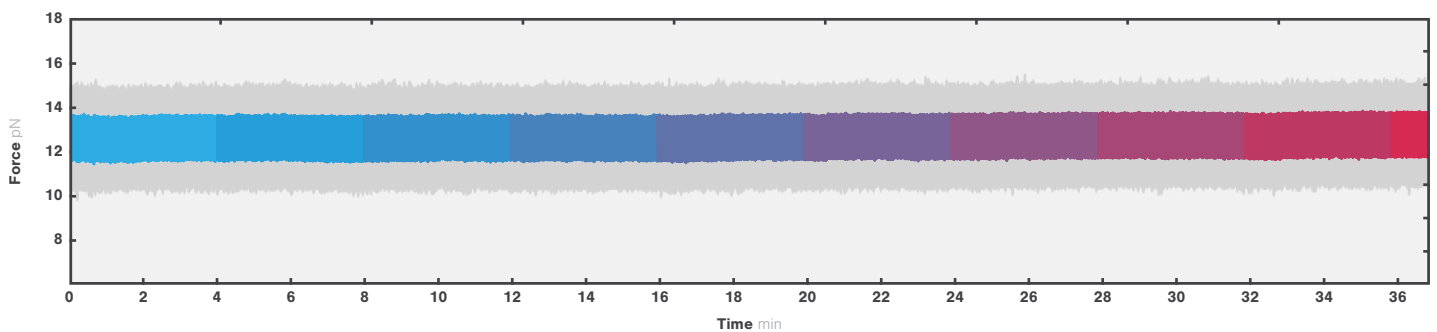


图5、在光阱间距离恒定且光阱距离锁被激活的情况下，作用力随时间变化的平衡测量。用 13pN 预张力拉伸拴系的 DNA 发夹进行检测，整个过程持续 37 分钟。浅灰色表示原始数据（78kHz），降频采样（100Hz）数据以 4 分钟的间隔合并。

结合光镊和单分子 Förster 共振能量转移 (FRET) 技术, 在氨基酸级分辨率下验证核糖体内难以捕捉的蛋白质折叠特性

通过单分子荧光共振能量转移 (smFRET) 技术, 将单分子力谱与荧光检测结合, 成为分析核糖体内的蛋白质折叠情况的有效手段。例如将一个包含了29个氨基酸且带有荧光团的蛋白质结构域 (ADR1a) 拴系到被光镊捕获的一个微球上, 再将这个带有蛋白质的核糖体拴系到另一个微球上 [4]。

拉伸 ADR1a 与核糖体的复合物。通过分析蛋白质去折叠时的轮廓长度变化以及供体荧光团发射的荧光情况, 可以揭示核糖体内的蛋白质折叠机制 (见图7)。拉伸复合物导致供体荧光团和荧光发射之间大约有29个氨基酸的距离, 这一结果与核糖体中的去折叠情况一致。依靠力谱和 smFRET 的数据组合, 有助于破译“难以到达”的环境中分子构象的变化过程。

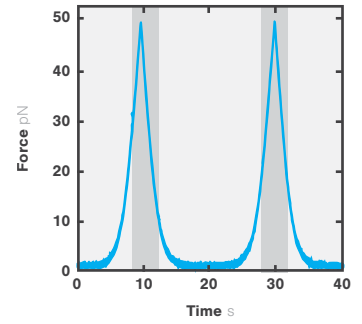
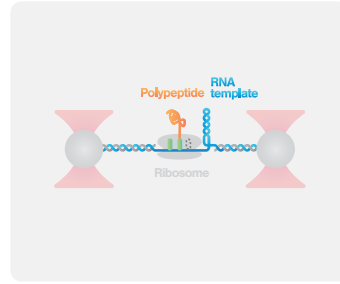


图7、右上图: 典型的 Kymograph 数据显示了分别对光镊捕获的微球所拴系的核糖体和 ADR1a 进行拉伸时, 供体发出的荧光情况。

右下图: 拉伸作用力随时间的变化情况。灰色显示的是微球之间的高张力区域。摘自 Wruck 等人 2021 年发表在《Communications Biology》上的内容 (CC0)。

通过纳米精度的数据记录, 揭示抑制剂诱导的酶构象性质

通过解析酶的高动力学构象状态, 了解其基本动力学情况, 优化对蛋白质特异性候选药物的筛选。两个微球和酶 (如, 磷酸转移酶 AdK) 构建单分子拴系结构, 然后根据微球之间距离的变化, 检测这个酶构象特性。为分析与构象状态相关的平衡动力学, 我们在有底物类似物 (AP5A) 的情况下, 以低作用力 (6-10pN) 拉伸 AdK 蛋白。当 AdK 在此小分子抑制剂体系中, 微球间的距离保持在 2nm 左右, AdK 产生了对应其展开和闭合态的构象波动 (见图8)。所以, C-Trap 可以从高动态的分子过程中提取纳米级别精度的数据, 揭示蛋白质在不同条件下的构象特性。

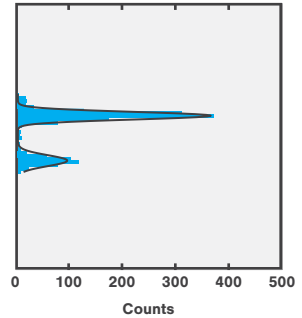
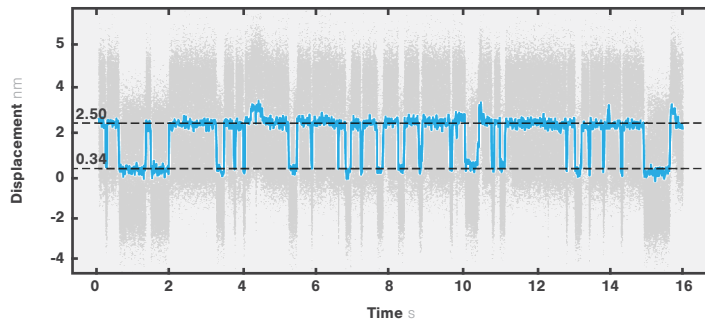
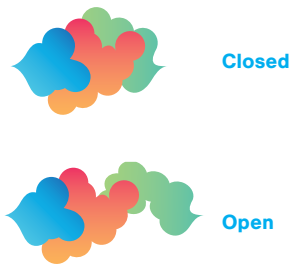


图8、在浓度为 50nM 的 AP5A 环境下, 拴系蛋白质的微球在拉伸时发生的位移情况。两条虚线分别表示闭合和展开状态下, 微球的平均位移。本文中, 将蛋白质拴系到 DNA 手柄的生化方案是我们与 Matthias Rief 教授 (TUM) 的实验室合作开发的, 并且参考了 Pelz 等人于 2016 年在《Nature Communications》上发表的内容 [3]

用 C-Trap® Dymo 探究蛋白质折叠的机制

检测最小的构象变化

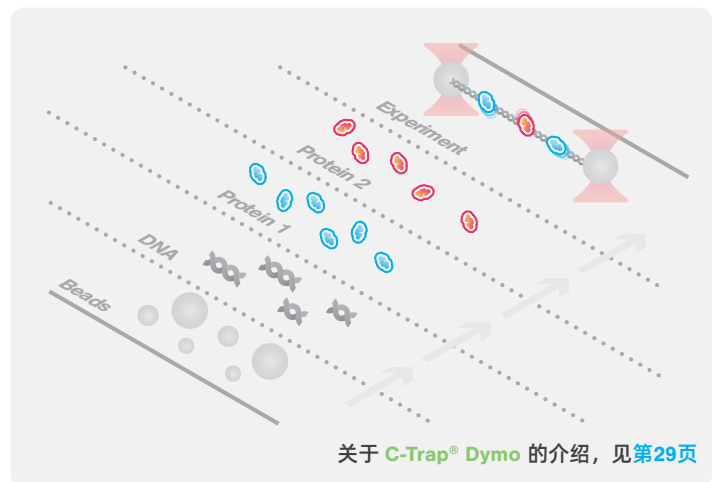
C-Trap 具有超高的稳定性和分辨率, 让您观察到蛋白质的平衡波动以及详细折叠过程。

检测蛋白质构象变化并绘制能量景观图

在真正的时间平衡中进行长时间的检测, 以确定蛋白质折叠和去折叠轨迹, 并绘制相关的能量景观图。

建立蛋白质的整体力学性质与局部结构信息的关联

将高分辨光镊检测与 FRET 相结合, 以观察蛋白间相互作用或蛋白质特定结构域内的折叠事件。



关于 C-Trap® Dymo 的介绍, 见第29页

在单分子动力学分析中的应用

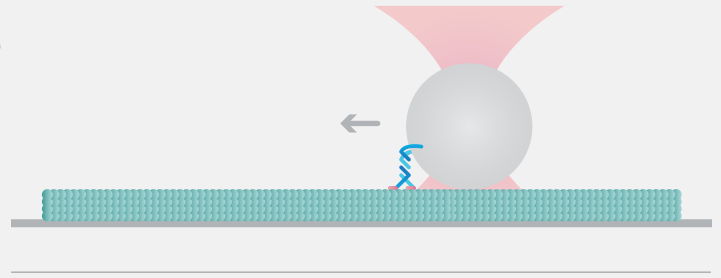
细胞骨架结构与运输

用 **C-Trap® Edge** 研究细胞骨架成分的活性、动力学和力学性质，解析最复杂的生物学问题

实时观察骨架纤维和马达蛋白的高动态过程

应用简介:

- 研究对分子功能和细胞功能起关键作用的细胞骨架重塑与马达蛋白运输的高动力学过程。
- 以高灵敏度、高视频帧数对纤维蛋白、马达蛋白和其他蛋白在单分子水平成像。
- 观察和测量不易检测的骨架纤维过程（如微管的生长过程），以及确定马达蛋白的作用结果。



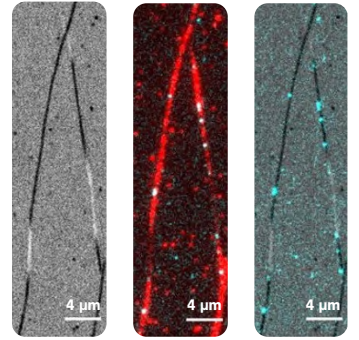
感谢提供样品

[1] Dr. Arne Gennerich at Albert Einstein College of Medicine

对微管上的马达蛋白同时进行无标记的 IRM 和 TIRF 显微成像，揭示细胞骨架的动力学相互作用

C-Trap Edge 特有的集成全内反射荧光显微镜（TIRF 显微镜）和干涉反射显微镜（IRM），能够研究细胞骨架纤维上单个马达蛋白的活动。图1显示了 GFP 标记的驱动蛋白在无标记微管上的成像情况 [1]。图像显示，相关成像技术可在单分子水平上以高对比度、高空间分辨率研究细胞骨架的动力学相互作用。由于 IRM 显微镜可进行无标记观察，因此无需对微管进行荧光标记，从而降低了样品制备成本，免去了纤维的光漂白风险，并避免了标记物对纤维上马达活动可能产生不良影响。

图1、左图：用 IRM 显微镜观察无标记的微管（注：颜色较暗的是靠近表面的微管，颜色较亮的是在非粘附区的微管）。中图：HiLyte647 标记（红色）的驱动蛋白被覆盖了绿色荧光标记蛋白（GFP）标记的驱动蛋白（青色）。右图：GFP 标记的驱动蛋白的覆盖层的 IRM 显微图像。



获得不同条件下马达的速度和停留时间，并确定驱动蛋白在微管上的运动速率

在本实验中，我们通过分析单根微管纤维上驱动蛋白（带 GFP 标记）的 Kymograph（见图2，左上图、左下图），解析了驱动蛋白的速率 [1]。我们根据这些数据，计算了群体速率，并建模为两个高斯分布，一个对应动态的马达蛋白，一个对应静态的马达蛋白（见图2，右上图）。马达蛋白的平均移动速率为 $299 \pm 82 \text{ nm/s}$ 。要注意的是，有时马达蛋白速率的计算结果显示负数，这可能是因为在交叉的微管上马达蛋白作相反方向移动。

接着，我们计算出了马达蛋白停留时间的直方图，并拟合了一个指数，时长的算数平均值为 5.8 秒，置信区间为 95%（见图2，右下图）。通过本例可知，C-Trap 是一个非常理想的工具，借助它可以很方便快捷地获得不同条件下不同马达蛋白的速率和停留时间。

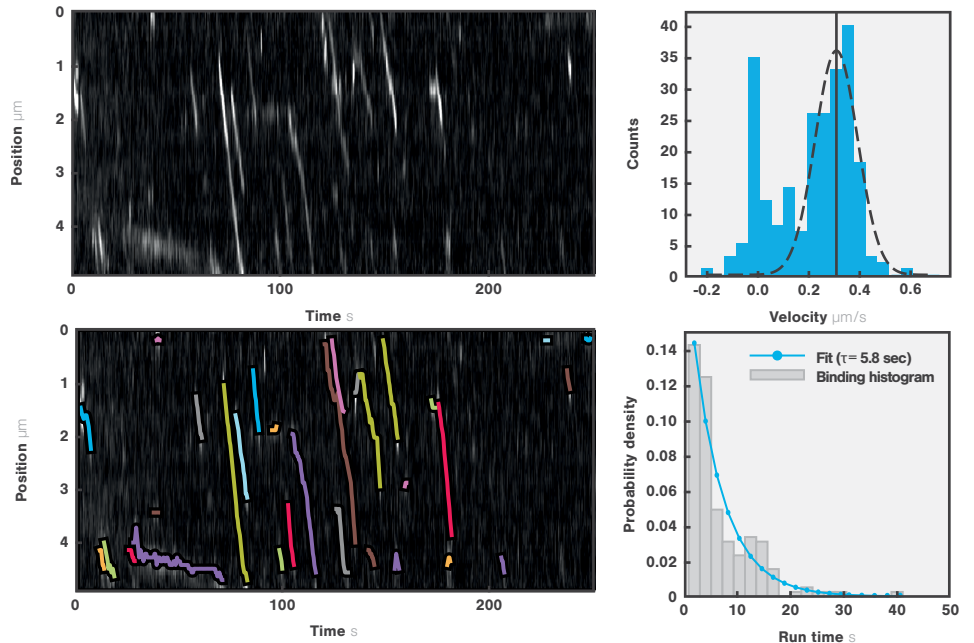
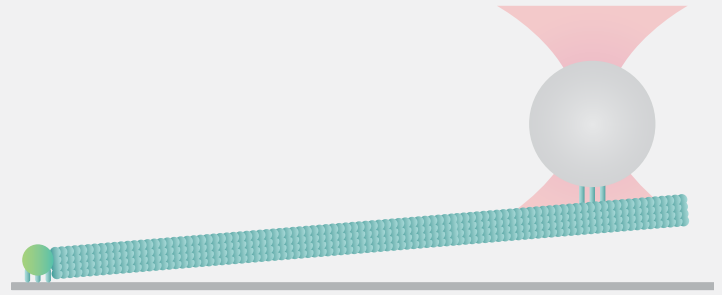


图2、左上图和左下图：沿微管运动的驱动蛋白的单分子轨迹，采用 TIRF 和 IRM 成像结果，以及自动识别和解析系统对单个驱动蛋白的识别结果。左下图：通过大量分子轨迹，量化驱动蛋白的速率，轨迹数量 $(N) = 234$ 。右下图：马达蛋白的停留时间分布情况（灰色），显示时间常数为 5.8 秒（95% 自助 (bootstrap) 置信区间在 5.0 和 6.7 秒之间）。分析中排除了 Kymograph 中速率 $< 50 \text{ nm/s}$ 的轨迹。

通过操纵和可视化细胞骨架来检测其特性

应用简介:

- 捕获骨架纤维，通过操纵其结构来检测其稳定性。
- 结合光镊与荧光显微镜，通过微管的局部结构变化来反映其机械特性



感谢提供数据1,3和样品2

- [1] Prof. Dr. Sara Köster at the University of Göttingen
 [2] Prof. Dr. Erwin Peterman at the VU University Amsterdam
 [3] Dr. Zdeněk Lánský at BIOCEV Prague

分析骨架纤维的机械特性，了解它对细胞运动的作用

通过检测骨架纤维的机械特性，可揭示其对健康细胞、恶性细胞运动的作用。检测纤维机械性质时，可通过拉伸/释放被捕获的分子，来确定产生的滞后性 [1]。在本实验中，波形蛋白的机械特性的检测是通过一边拉伸纤维，一边检测作用力和延伸度的方式来实现的（见图3）。我们利用同步共聚焦荧光成像技术解析了波形蛋白的分子内重塑过程。

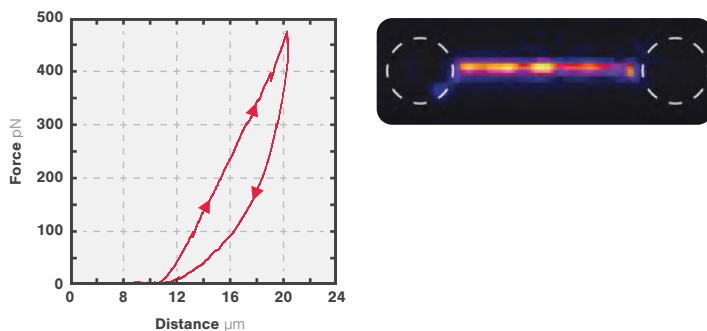


图3、左图：缓慢拉伸/释放波形蛋白纤维的过程中，作用力与移动距离的曲线关系图（结构处于平衡）。图线表明，在高张力下，波形蛋白重塑产生了滞后性。右图：ATTO 647N 标记的波形蛋白的共聚焦荧光同步成像。

通过使骨架纤维弯曲，来确定其影响细胞运动、细胞分裂的功能和机制

通过操纵纤维来研究弯曲点和断裂点可揭示纤维的机械特性，其机械特性表现为对细胞运动或细胞分裂的调节作用。我们在这里用了驱动蛋白包裹的微球来捕获微管纤维 [2]。图4显示了微管弯曲时（4-6秒）所受到的作用力，随后复合物破裂（6-8秒）。类似的分析方法也可用来研究其他骨架纤维及马达蛋白的功能和机制。

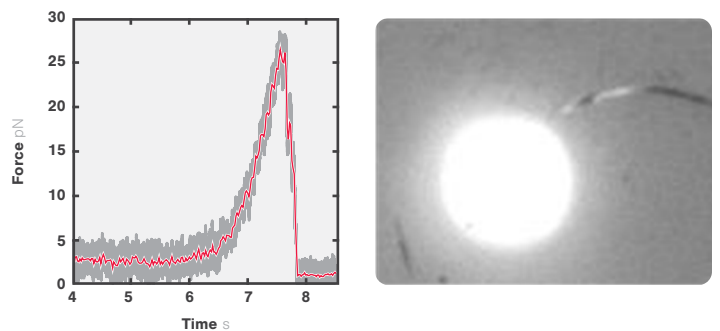


图4、左图：图中显示了使微管弯曲作用力与时间的关系曲线。我们可以看到，当作用力达到 27pN 左右，驱动蛋白包裹的微球与纤维之间发生了断裂事件。途中显示的数据为 30kHz（灰色），并按 50Hz（红色）均值降频。右图：该图显示了微管弯曲的截图。

Neil Kad 博士

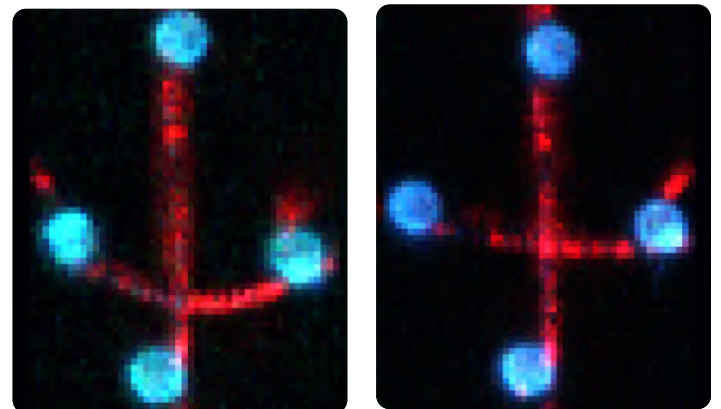
肯特大学

"The combination of force and single-molecule fluorescence, in an easy-to-use system, will accelerate experiments that take days to just take minutes. Making complex tools easier to use, will make ours and the scientific community's science move faster."

研究细胞骨架纤维的交叉构型对蛋白质相互作用及细胞皮质特性的影响

在本实验中，研究人员使用了四光阱结构来检测溶液中两根荧光标记的微管纤维间的相互作用 [3]。先将捕获的两根微管纤维交叉排列，然后以一定的力拉伸其中一根纤维滑过另一根。该光阱结构的作用是，通过表面相互作用以及静电和离子力来测定两根纤维间产生的摩擦力（见图5）。

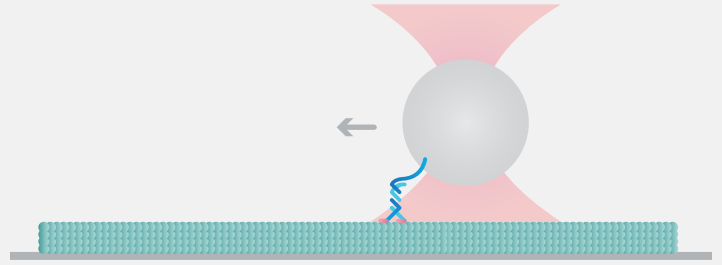
图5、通过已知力拉伸一根微管滑过另一根微管来研究纤维间的相互作用。截图显示，由于纤维间摩擦力的存在，致使一根微管出现了弯曲的构象。一旦停止拉伸，微管便会慢慢放松然后变直。



研究单个马达蛋白的步进机制和活动

应用简介:

- 以前所未有的高分辨率和灵敏度记录马达蛋白，在单分子水平下实时研究分子运动。
- 研究马达蛋白的离散化步进过程及动力学，并在相关条件下进行实验。
- 长时间观测各种复杂分子试验的最小机械变化。



感谢提供样品

[1] Dr. Arne Gennerich at Albert Einstein College of Medicine

高分辨率的检测结果，可区分马达蛋白的单步进事件和失速力

C-Trap Edge 除了可以被动观察驱动蛋白运动外，还可实时计算驱动蛋白马达的步幅以及其产生的作用力。在本例中，我们将驱动蛋白与微球结合，并贴近微管[1]。通过IRM可视化微管，无需对微管作荧光标记（见图6，左上图）。

然后，我们继续计算了失速力。通过失速力，我们就可以弄清楚马达蛋白在细胞内能运输的物质，或者各种辅因子是如何影响马达蛋白物理行为的。在本例中，当驱动蛋白将要易位时，光阱保持静态（见图6，右上角）。结果显示失速力约为6-5pN。此外，在失速力下，数据还显示了马达蛋白向前和向后的步进情况，步幅为8 nm（见图6，左下图）。

接下来，为了研究单个马达所产生的作用力，我们观察了马达蛋白的运动过程。在本例中，马达蛋白克服了光阱的恒定作用力（约2pN）作反向运动。我们观察了该运动过程（见图6，右下角）。通过这种方式，我们揭示了到马达蛋白如何进行8nm步幅运动的，而且还了解了马达运动暂停次数、暂停时长，以及运动的瞬时速率等信息。

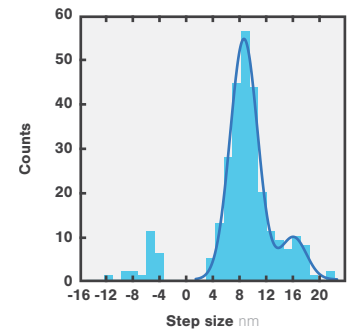
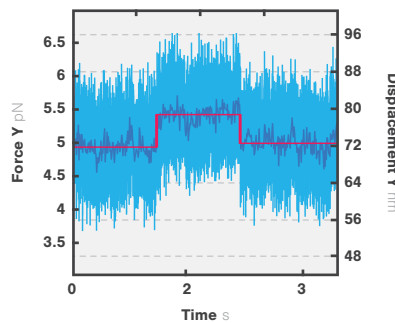
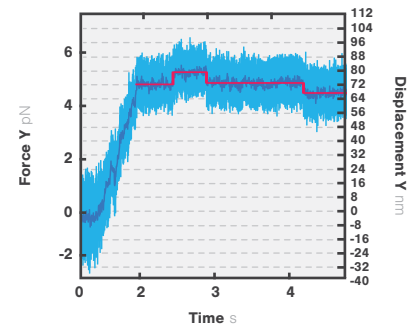
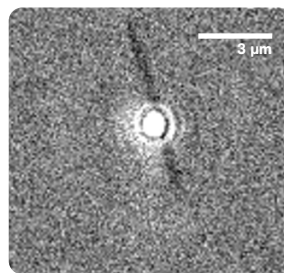


图6、左上图：IRM 延时成像截图，显示一个驱动蛋白包裹的微球沿着微管运动。右上图：单个驱动蛋白克服静态光阱的作用力随时间的变化关系图，显示失速力约为5pN左右。左下图：单个驱动蛋白克服静态光阱作用力的步进情况，可以观察到它向前和向后以8nm步幅作运动。右下图：在马达运动后完成的二维力钳实验对应的直方图，显示了8nm和16nm两种步幅，步数(N)=285。记录了78kHz（浅蓝色）下的作用和位移数据，通过降频采样至200Hz（深蓝色）降噪。

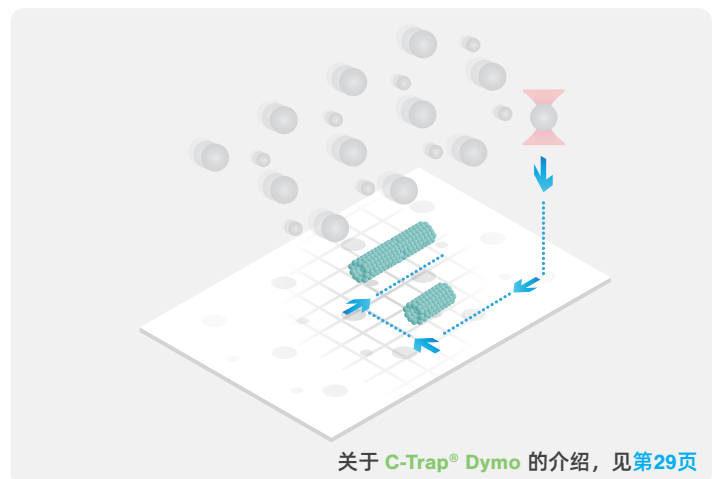
借助 C-Trap® Edge 发现细胞骨架的过程机制

通过特有的实验方法来研究细胞骨架马达蛋白和骨架纤维

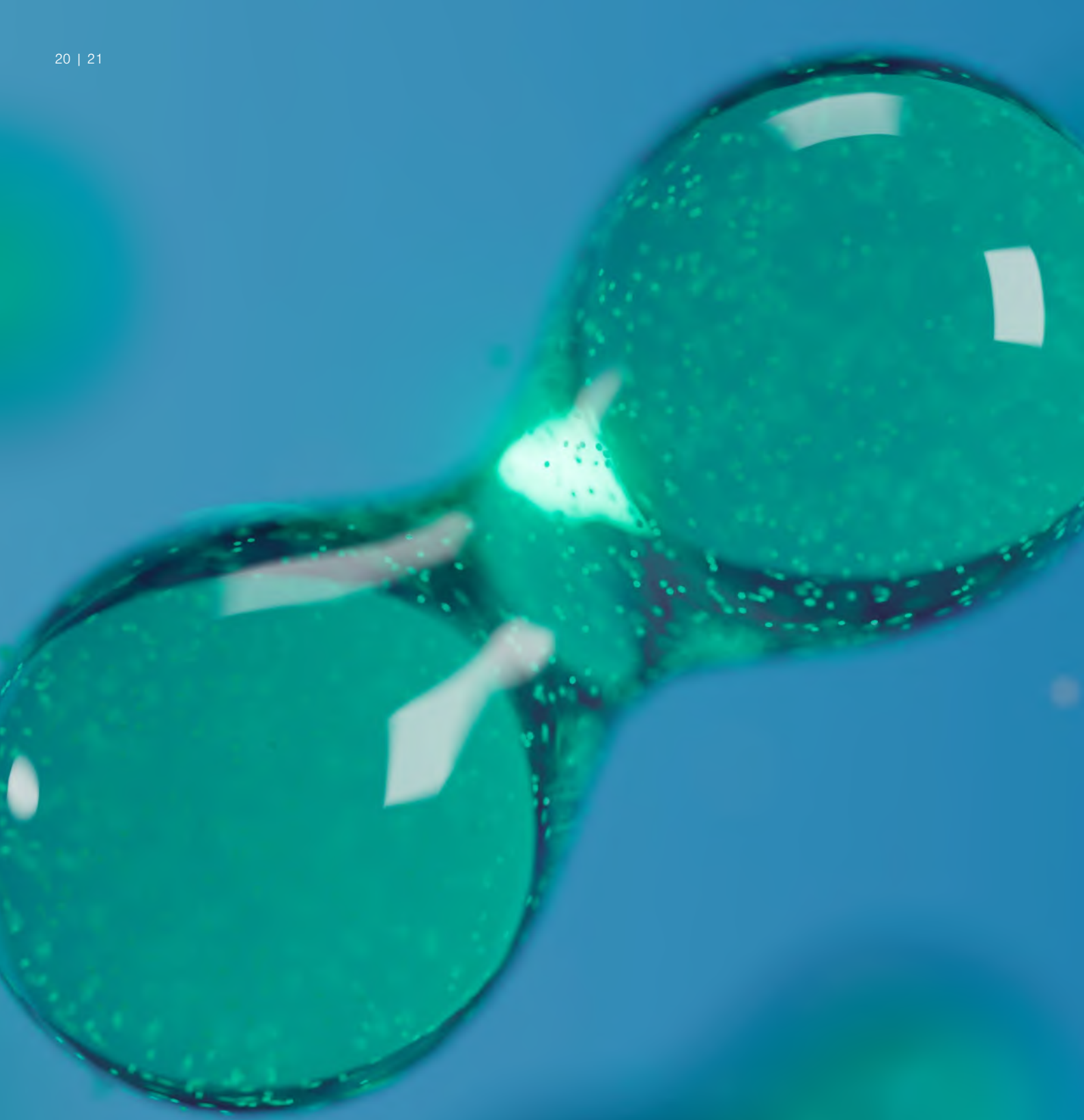
光镊在各个方向均具有极高的力学分辨率，且在贴近表面时稳定性极佳，因而不仅能测出细胞骨架上极细微的马达蛋白步幅和负载，还可以测出纤维的弯曲情况。

通过其特有的用户友好的工作程序，可提供连续的分子通量，让您更轻松、更快速得出高质量的研究成果

特制的工作流程、可视化无标记纤维、主动式表面稳定作用，加上相关联的数据能确保您以最快速度得出高质量研究结果。



关于 C-Trap® Dymo 的介绍，见第29页



在单分子动力学分析中的应用

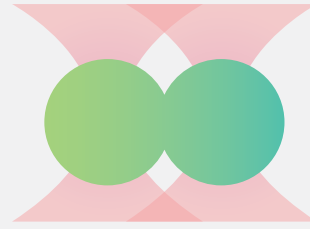
相分离

利用 **C-Trap® Dymo** 研究蛋白液滴的组装和融合作用，以及检测液滴的细微性质和在受控条件下的扩散情况

实时检测蛋白液滴的组装、融合情况及粘度

应用简介:

- 在不同条件下操纵、检测、可视化蛋白液滴，研究其动力学特性。
- 研究蛋白液滴的相变，了解与液滴相关的细胞功能和病理结构的发展。



相关文献

- [1] Kaur et al. (2019) *Biomolecules*
 [2] Jawerth et al. (2018) *Phys Rev Lett*
 [3] Alshareedah et al. (2021) *Nature Communications*

通过液滴的定向融合，揭示蛋白液滴在不同分子条件下的结构特性

蛋白液滴刚度是一个可影响细胞生物过程的参数，而融合实验是检测蛋白液滴刚度的好方法。捕获蛋白液滴并引导他们进行接触面粘合，然后就可以诱导单个液滴间的融合，并对融合过程进行计时 [1]。利用这种方法，可以研究内部或外部分子序列对单个液滴结构特性的影响，例如分子聚合物或不同蛋白质变体对它的影响。图1显示了不同浓度的分子聚合物聚乙二醇（PEG）对液滴间融合时间的影响。

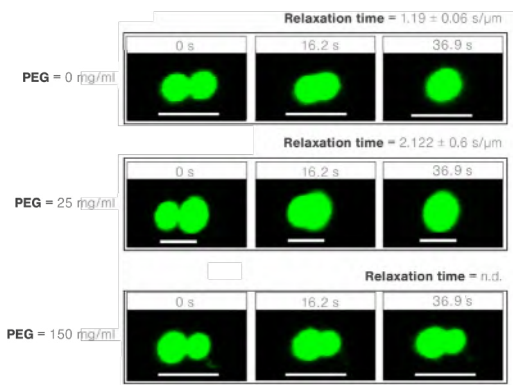


图1、显示FUS蛋白液滴融合的时间间隔与 PEG8000 分子聚合物浓度的函数关系的图像。在存在 PEG8000 的情况下，控制被捕获的不同液滴以恒定速率相互靠近进行液滴融合。摘自 Kaur 等人于 2019 年发表于《Biomolecules》上的内容（CC-BY）。

运用微流变学，揭示单个蛋白液滴在不同条件下的粘度

运用微流变学，可以对蛋白液滴粘度进行确切地观测，并准确掌握这一影响细胞功能的物理性质。检测液滴的微流变学性质时，需要捕获两个微球，并让它们与单个蛋白液滴进行粘合接触 [2]。保持其中一个光阱静止，让另一个微球通过往复运动使液滴变形。通过此实验，可以直接测出液滴在不同环境条件下（如，不同盐浓度）的刚度和粘度（见图2）。

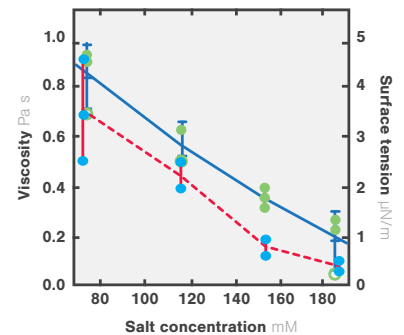
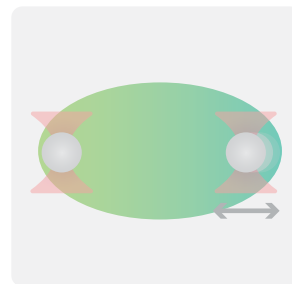


图2、左图：用光镊进行微流变实验的示意图。右图：粘度（红色）和表面张力（蓝色）随盐浓度递增而发生的变化。数据参考了 Jawerth 等人于 2018 年发表于《Phys Rev Lett》上的内容。

利用光镊的实时荧光成像功能，记录DNA上转录因子的序列依赖性凝聚物的产生

结合光镊和荧光显微镜双重功能，可研究转录因子在 DNA 上的凝聚，了解其对细胞核内DNA组织的作用。将捕获的 DNA 分子暴露于荧光标记的转录因子（如 Klf4）中 [3]，可以获得浓度依赖性病灶形成过程中的实时数据。

图3中的 Kymograph 显示，在生理浓度下，Klf4 沿着被拴系的 DNA 分子生长形成病灶的过程。在整个生长过程中，这些凝聚物会发生融合，改变位置，直至达到饱和。通过荧光成像和激发强度对比，可实时掌握凝聚物的聚集情况。据此，研究人员可以确定每个凝聚团块中 Klf4 分子的相对数量，以及随着时间变化，这些分子的序列依赖性位置。

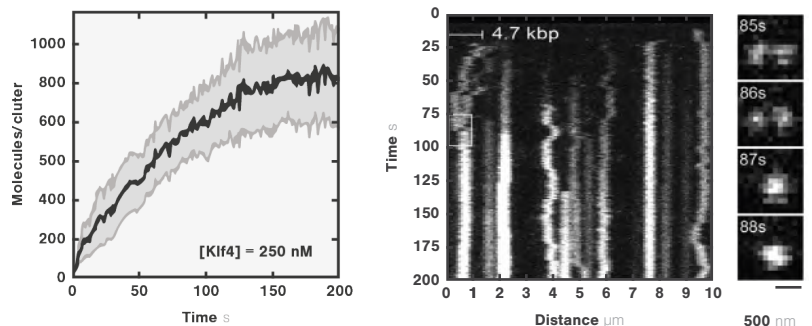


图3、左图：随着时间变化，每个焦点上 GFP 标记的 Klf4 分子数量平均增长情况（黑线）。灰色区域表示算数平均值的标准差。右图：大图为 Kymograph，显示 Klf4 凝聚物病灶的形成过程。右侧竖排小图显示的是 Kymograph 中观察到的融合事件（白色像素格）。摘自 Morin 等人于 2021 年发表于《bioRxiv》上的内容（CC-BY）。

在单分子动力学分析中的应用

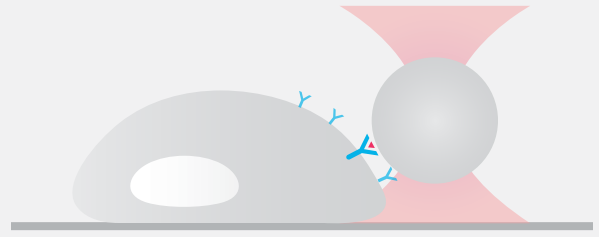
生物力学

利用 **C-Trap[®] Dymo** 或 **C-Trap[®] Edge** 实时操纵和研究细胞力学和功能

研究活细胞和生物体的细胞反应

应用简介:

- 研究机械刺激或应力对细胞受体反应的影响机制，方法是在100秒内施以 pN 量级的作用力来操纵细胞表面，并用多色显微镜观察多个细胞成分
- 通过荧光显像实时观察丝状伪足的形成和行为，并记录与细胞相互作用和细胞环境有关的作用力



感谢提供样品

- [1] Prof. Dr. Jonathan Javitch at Columbia University
- [2] Prof. Dr. Margaret Titus at the University of Minnesota
- [3] Alshareedah et al. (2021) bioRxiv (preprint)

通过可视化操纵和力学读出的相关联，研究机械刺激或应力对细胞受体反应的作用机制

利用 C-Trap 了解跨膜受体机械激活的相关特性 [1]。使用光镊施加受控的刺激，可实时监测细胞内反应和信号的激活。

作为演示，我们首先将微球与人类 HEK293 细胞表面和细胞溶质标记物（红色信号）接触。接着，我们把微球从细胞上移开，并用共聚焦显微镜观察胞膜的变化。同时，我们记录了细胞膜上的作用力，并看到了四种不同状态。图1显示了微球从细胞上移开时，引起胞膜变形及操纵位受体聚集的过程。随着操作的进行，用最小拉力就足以让细胞膜形成一段粗管状结构。结果表明，胞膜变形和受体蛋白的局部积聚（蓝色信号）之间存在着相关性。

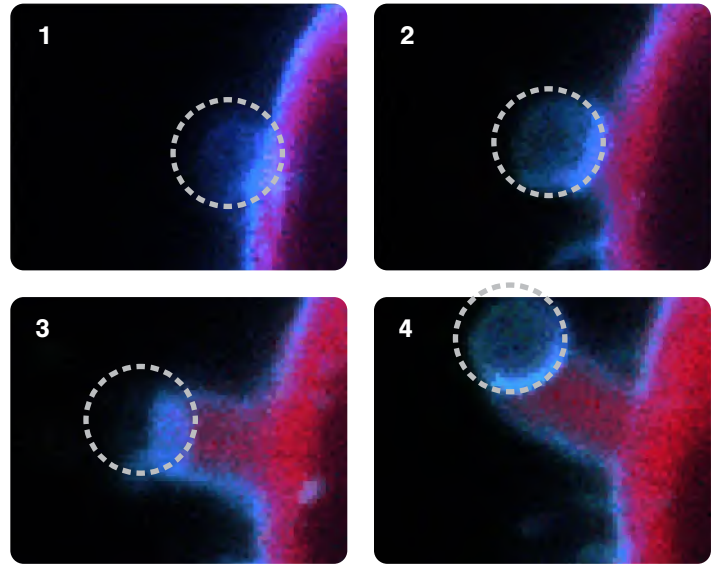


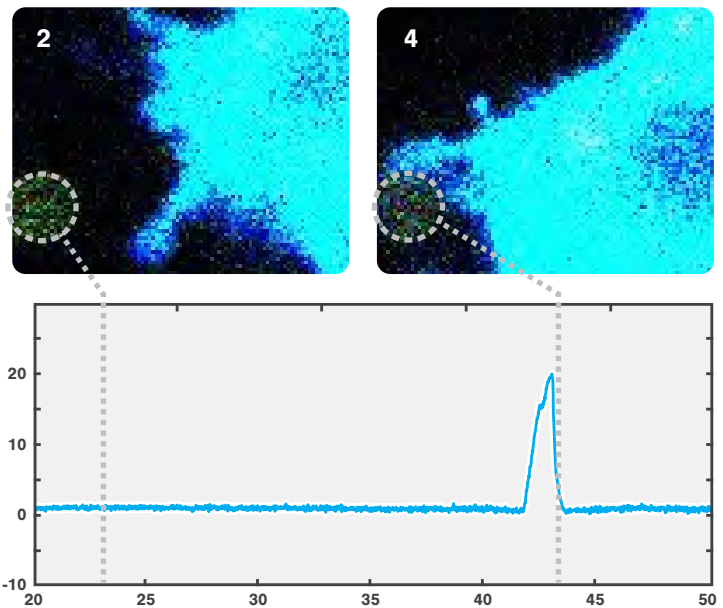
图1、上图：细胞的共聚焦显微图像。通过荧光标记的生物素化受体（蓝色）和胞浆标记物（红色）可以看出，用激光操纵聚苯乙烯微球（灰色虚线圈）时，细胞膜、受体、胞浆相关活性的变化，同时显示了细胞膜操作位的变形情况和受体聚集情况。

记录与丝状伪足的形成和功能相关的作用力

为了重点研究与丝状伪足形成相关的作用力和动力学，我们与 Margaret Titus 教授的实验室合作进行了一项实验 [2]。为研究丝状伪足的形成过程，我们研究了盘基网柄菌细胞，这是一种真核变形虫细胞，也是常用于研究人类细胞过程的模型系统。

在本实验中，我们将一个微球放置在异位表达 GFP-肌球蛋白7（蓝色信号）和肌动蛋白丝标记物 RFP-LifeAct（见图2）的盘基网柄菌细胞附近。细胞朝着被控制的微球的方向移动，在感应到接近目标物时，它会延伸出多个突起。每次细胞吞噬微球时，我们都观察到了一个特征性信号，并且发现在微球被吞噬前有一个偶然的作用力的峰值（相关完整的作用力图表，可参阅细胞力学和功能的应用案例）。结果表明，图表上力值的峰值（约20pN），对应于单个突起作用于目标物上的力。

图2、细胞的共聚焦显微图像显示，通过荧光标记的生物素化受体（蓝色）和胞浆标记物（红色）可以看出，用激光操纵聚苯乙烯微球（灰色虚线圈）时，细胞膜、受体、胞浆相关活性的变化，同时显示了操纵位的细胞膜变形和受体聚集情况。

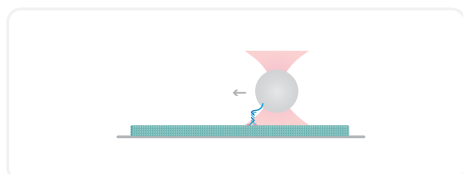


用 C-Trap 在短时间内获得前所未有的检测结果

C-Trap 有三大主要技术特点：可稳定而精确地操作和检测样品，具有多种可视化功能，能以高通量实验流程进行溶液和表面分析。下面是 C-Trap 的不同光镊配置。掌握其操作和可视化功能的技术特点，有助于您更好地利用样品。

■ 单光阱

用于对样品表面的高稳定性分析



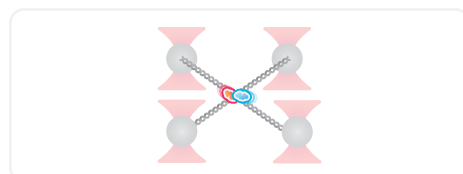
■ 双光阱

用于溶液内的分析



■ 四光阱

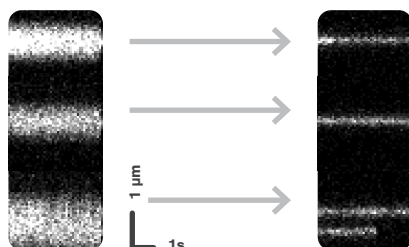
非常适合研究复杂的相互作用



■ 共聚焦荧光，可升级至 STED 超分辨率

共聚焦：共聚焦具有快速的一维扫描能力，特别适用于研究 DNA、纤丝等一维结构。多达三色的共聚焦荧光，可同时可视化多种蛋白质。

STED：升级至 C-Trap SR，成为受激发射损耗 (STED) 纳米显微镜，可分辨相互簇拥的蛋白质个体，以超高分辨率 (<35nm) 进行实验。



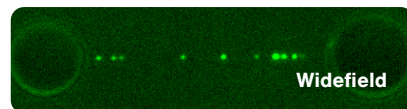
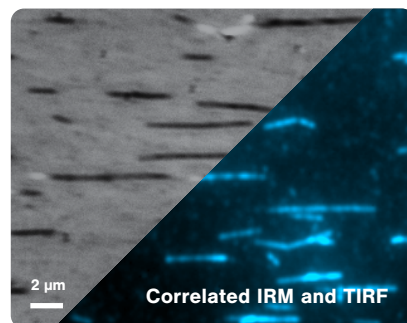
STED Super Resolution

■ TIRF、宽场荧光和 IRM

TIRF：消除了焦平面外的背景荧光，适用于表面的可视化。

IRM (干涉反射显微镜)：无需荧光标记即可观察微管形态。

宽场：以高采样率对溶液中的生物分子过程成像。



用作多用户平台设备时
请添加表面组件解锁表面分析

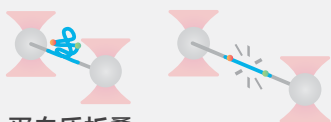
C-Trap[®] Dymo: 用于解析DNA和蛋白质的动力学和相互作用

C-Trap Dymo经过专门构建和优化，是分析溶液中实验的绝佳工具。可使用共聚焦或宽场荧光，且可选STED，使用两个或四个光阱，是进行深入特定应用研究或设备平台的完美工具，适用于进行各种不同溶液的分析。



DNA结合蛋白

研究DNA修复、复制、编辑、转录，以及染色质组织的分子机制。



蛋白质折叠

研究蛋白质折叠的机制、构象变化，以及其实现的生物功能。



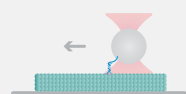
相分离

实时检测蛋白液滴的组装、融合及其特性。

用作多用户平台设备时
请用宽场成像功能解锁溶液分析

C-Trap[®] Edge: 用于对细胞和细胞骨架前所未有的分析

C-Trap Edge 是专用于分子水平的超稳定表面分析的高端研究工具。它所提供的解决方案是自底而上而设计的，让科研人员能以全新的动力学角度研究细胞骨架。这个方案结合了可对表面成像和分析的 smTIRF、IRM 以及表面实验的工作流程，将最好的表面成像和光镊功能结合在一个平台。



细胞骨架结构与运输

研究骨架纤丝以及纤丝上马达蛋白的活性和力学性质。



生物力学

实时操纵和研究细胞力学和细胞功能。



捕捉分子间的相互作用

高通量实验过程

在30分钟内加载样品并分析数据集。

1 用简便快捷的移液方式

将样品加入微流控中

进行溶液分析时，先将样品和条件溶液装入5通道自动微流控系统注射器中。注射器配有“twist-and-lock”控制阀，通过它可在几秒钟内完成每种试剂的给样，让您以方便快捷地往各个注射器中反复加样。

进行表面分析时，只需在盖玻片上滴涂样品，添加蛋白质和微球溶液，再密封，然后再将玻片装入样品支架中。

轻松点击鼠标即可调节压强，
实现对各通道调控。

2 借助我们针对溶液和表面分析的专业工作流程， 毫无物理屏障地组装实验

进行溶液中实验时，可以流畅地移动光阱，方便捕捉微球，光阱可在5个微流通道间来回移动，对目标分子进行组装。

进行表面实验时，双击鼠标即可捕获微球。您可以通过IRM、荧光显微镜等功能轻松定位样品。通过高分辨率的纳米压电控制台，精确移动位置(x, y, z)，让您可以把捕获的微球放置在微管末端来开始实验。

3 通过我们的 Bluelake 软件套件进行实验， 并让实验过程自动化

C-Trap 的 Bluelake™ 是一套操作直观且用户友好的软件套件。它的功能包括对单分子实验的简化、自动化和加强，以及进行实时数据的收集。

可重复的实验是收集统计学数量的数据以及可用于发表的实验结果的关键。您可利用 Bluelake 执行脚本实现自动化，访问所有相关的系统参数和数据流。通过这种方式，任何用户都可以完全自动化重复各种实验过程，使实验能够自主地进行。

Bluelake 完成一次组装分析和一次实验大约耗时80秒。一般在半小时内，就获得18组有效数据，如右图所示。

通过 Python 脚本实现实验运
行自动化

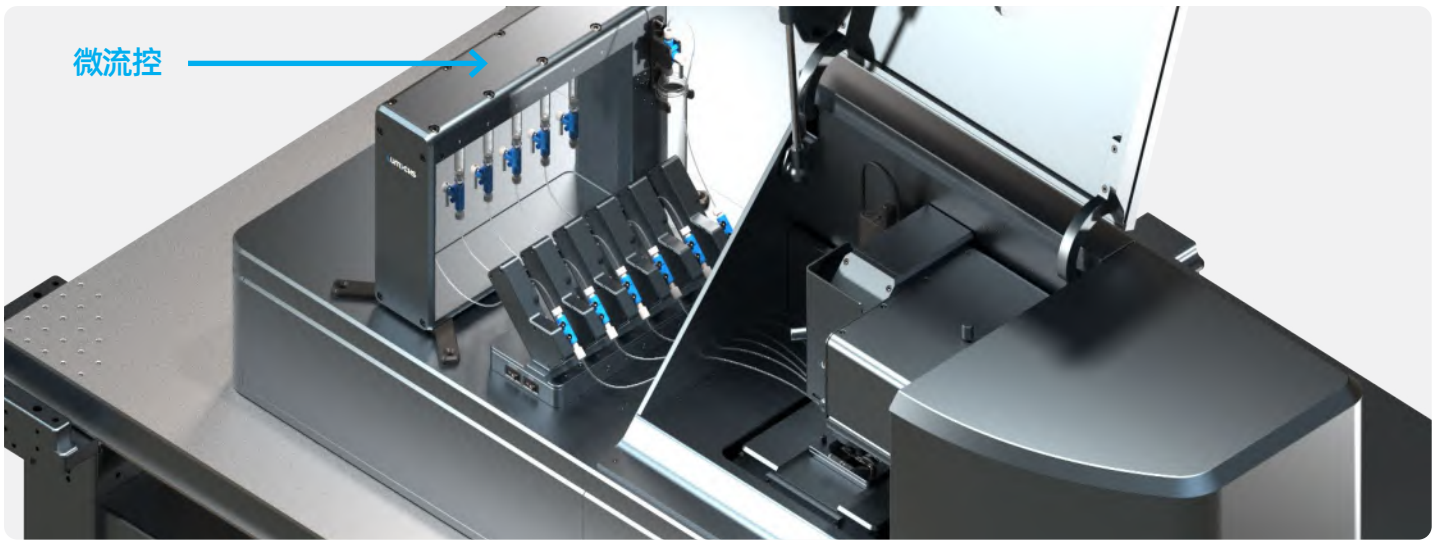
4 用专业软件套件 对数据进行组织、分析

快捷流畅的导览多天的实验数据，生成一套结构化数据体系。

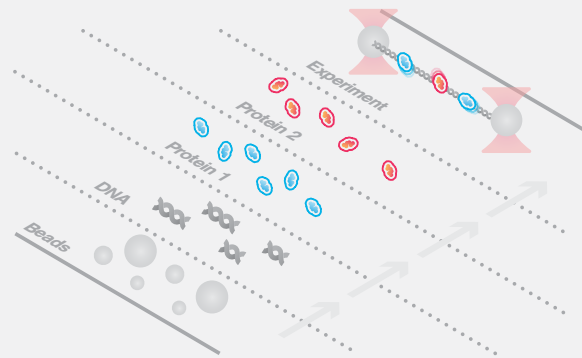
在实验中或实验后查看、比较、导出完全相关联的数据流。专用软件会自动存储所有元数据，让您永远不会丢失有价值的信息，并且可以随时重现您的实验。

实验分析和重现工作无比省心，因为我们随分析软件附送了教程，以及代码样本，您可以用它作为自己进行实验分析的参考模板。

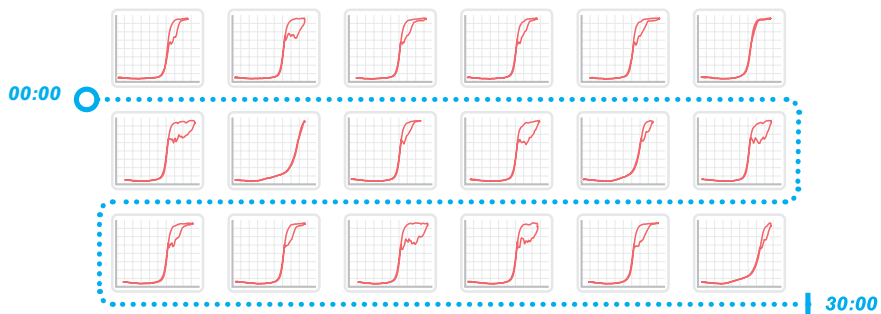
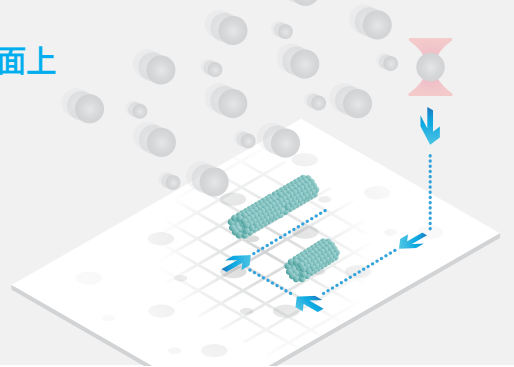
使用开源 Harbor 平台，免费
上传、下载、查看用户脚本：
<https://harbor.lumicks.com>



在溶液中

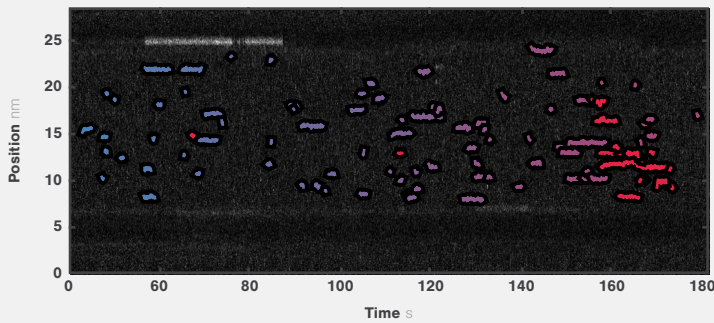


在表面上



生成18个 DNA 分子的18条“力-距”曲线，用时不到30分钟

Kymotracker 是一个数据分析软件包，可自动记录 Kymograph 上的单个荧光轨迹，让您能够轻松量化蛋白质结合事件并进行实时分析。



C-Trap Dymo 的仪器规格

光镊

力学分辨率 (x, y, z) *	<0.1 pN@100 Hz*
力学稳定性 (x, y, z) *	连续测量2分钟 <0.3 pN*
力学采集率 (x, y, z)	双光阱均为 78 kHz
双光阱模式下最大逃逸力 (x, y)	>1000 pN, 4.5 μ m 聚苯乙烯微球
力学信号下微球位移分辨率	< 0.3 @100 Hz
明场微球实时追踪时微球位移分辨率	< 3 nm @100 Hz
步长最小增量	0.5 nm
可移动范围 (x, y, z)	50 μ m x 50 μ m x 9 μ m
独立光阱数	1-2 或 1-4 ^c

*针对 ≥ 0.35 pN/nm 光阱刚度下的 1 μ m 微球

共聚焦荧光**

共聚焦分辨率	衍射极限
1D STED 分辨率 ^d	< 35 nm
激光光斑点位置准确度	< 5 nm
荧光定位精度	< 15 nm
扫描速率	至 100 Hz
灵敏度	单荧光团检测最优系统
暗计数	每像素停留时间内 (通常 0.1 ms) < 0.025 个光子
背景抑制极限	1 ms 曝光时间内为 100 nM
单光子时间标记精度	10 ns
视场 (x, y)	50 μ m x 35 μ m
多色共聚焦 (默认: 488 nm, 561 nm, 638 nm)	1 ^a 或至 3 ^b

**对于 Dymo 400 w, 见 C-Trap Edge 宽场规格

样品处理

微流控	搭载自动阀的先进微流控
温控绝对精度 b	0.2 $^{\circ}$ C
温控稳定性 b	0.05 $^{\circ}$ C
温控范围 b	室温至 45 $^{\circ}$ C

表面套件

力学分辨率 (z)	< 0.1 pN @100 Hz***
力学稳定性 (z)	连续测量2分钟 < 0.3 pN***
表面分析工具包	纳米位移台, 近表面力学校准, 高度测定

***针对 ≥ 0.05 pN/nm 光阱刚度下的 1 μ m 微球

短链分析套件

主动光阱稳定时力学漂移 (x, y)	连续测量1小时<0.3pN
短链分析工具包	纳米位移台具有主动校准, 短链压电追踪, 基线校正功能

- a. Dymo 200
- b. 仅适用于 Dymo 300, 400w, 400, 700
- c. 仅适用于 Dymo 400w, 400, 700
- d. 仅适用于 Dymo 700

C-Trap Edge 的仪器规格

光镊	力学分辨率 (x, y, z)	< 0.1 pN @100 Hz*
	力学稳定性 (x, y, z)	连续测量2分钟 < 0.3 pN*
	力学采集率 (x, y, z)	双光阱均为 78 kHz
	双光阱模式下最大逃逸力 (x, y)	> 1000 pN for 4.5 μ m 聚苯乙烯微球
	力学信号下的微球位移分辨率	< 0.3 @100 Hz
	明场微球追踪时微球位移分辨率	< 3 nm @100 Hz
	步长最小增量	0.5 nm
	可移动范围 (x, y, z)	50 μ m x 50 μ m x 9 μ m
	独立光阱数	1-2 or 1-4 ^c
	* for 1 μ m beads at \geq 0.35 pN/nm (x,y) and at \geq 0.05 pN/nm (z b) trap stiffness	
宽场/TIRF荧光	宽场/TIRF分辨率	衍射极限
	像素大小	~ 72nm
	全视场下相机帧率	> 125 Hz
	视场 (x, y)	45 μ m x 45 μ m
	多色TIRF成像 (488 nm, 561 nm, 638 nm)	1 ^a or up to 3 ^b
	多色宽场成像 (488 nm, 561 nm, 638 nm)	3 ^b
IRM ^b (干涉反射显微镜)	IRM 分辨率	衍射极限
	像素大小	~ 77nm
	全视场下相机帧率	> 25 Hz
	视场 (x, y)	> 25 μ m x 25 μ m
样品处理	微流控	搭载自动阀的先进微流控
	温控绝对精度 b	0.2°C
	温控稳定性 b	0.05°C
	温控范围 b	室温至 45°C
	表面分析工具包	纳米移动台, 近表面力学校准, 高度测定 b
	表面稳定性 (z) b	连续测量2分钟 < 3 nm
短链分析套件	主动光阱稳定时力学漂移 (x, y)	连续测量1小时<0.3pN
	短链分析工具包	纳米位移台具有主动校准, 短链压电追踪, 基线校正功能

C-Trap Edge 可选项规格

短链分析套件	主动光阱稳定时力学漂移 (x, y)	连续测量1小时<0.3pN
	短链分析工具包	纳米位移台具有主动校准, 短链压电追踪, 基线校正功能

- a. Edge 250
- b. 仅适用于 Edge 350, 450
- c. 仅适用于 Edge 450