

AXIMA@SARAMIS™

■ Préparation des échantillons

- Enregistrement des projets dans SIRWEB
- Ensemencement des boîtes :
 - Dépôt de la colonie sur la plaque
 - Ajout de la solution de matrice
 - Séchage et cristallisation

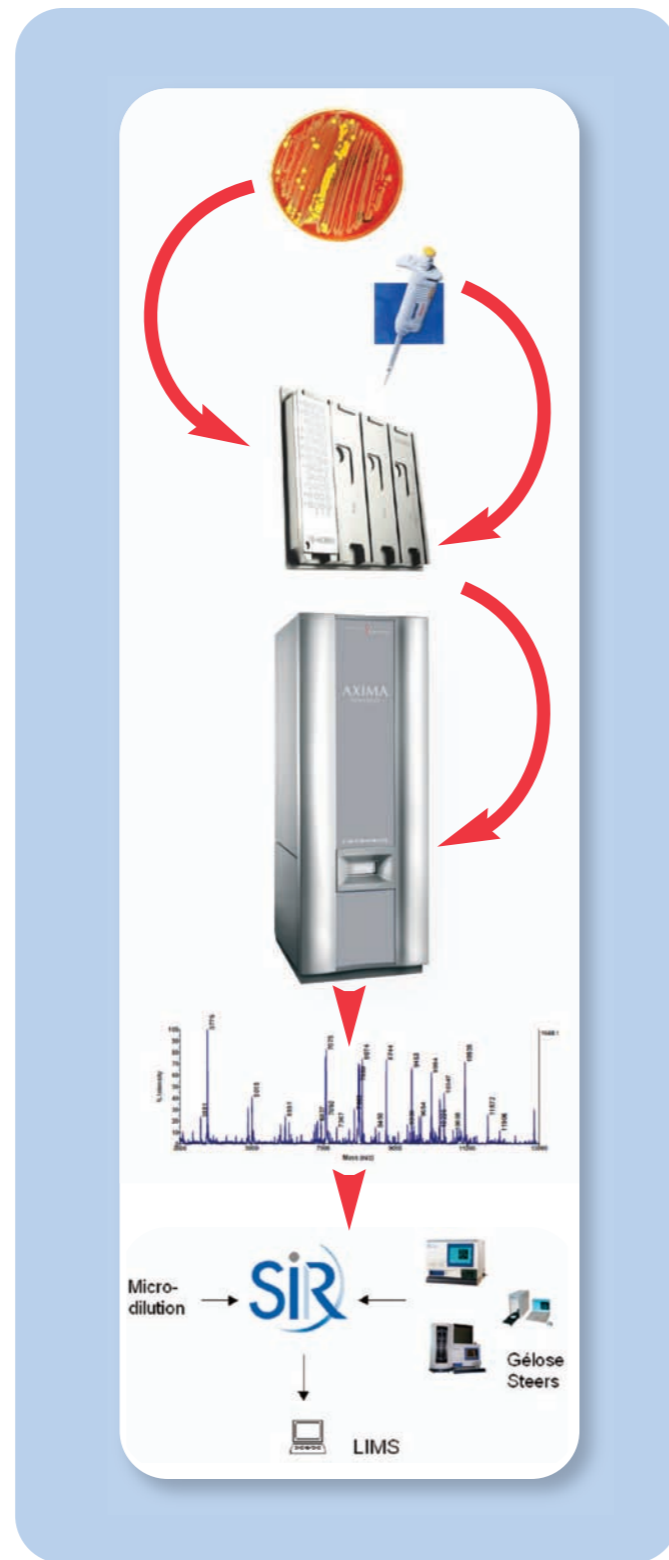
■ Identification

- Introduction des plaques dans le spectromètre
- Traitement des échantillons
- Analyse des spectres par Saramis

SIRWEB-MALDI-TOF

■ Analyse et intégration

- SIRWEB fait l'analyse des résultats trouvés par Saramis, intègre les résultats, imprime les rapports de synthèse et réalise le chaînage avec les antibiogrammes réalisés, quelles que soient les techniques employées.



AXIMA@SARAMIS™ & SIRWEB™ MALDI-TOF



AXIMA-SARAMIS™ est un produit SHIMADZU - AnagnosTec intégré et distribué par



Une révolution dans l'identification !

Une révolution pour l'identification

AXIMA@SARAMIS

IDENTIFICATION DES BACTERIES PAR SPECTROMETRIE DE MASSE MALDI-TOF

(spectrométrie de masse à temps de vol et désorption / ionisation laser assisté par matrice)

■ L'identification repose sur l'analyse des masses moléculaires des échantillons. Le principe MALDI est de réaliser une ionisation « douce » de la bactérie afin de garder les grosses protéines. La souche est bombardée par des tirs lasers ; les molécules sont alors ionisées puis accélérées par un champ magnétique ; elles sont séparées selon leur rapport masse/charge. Les ions séparés sont détectés et ce signal est envoyé à un système de données où les rapports masse/charge sont stockés ainsi que leur abondance relative ;

■ Le système constitue alors un spectre de masse de la souche à analyser. Celui-ci est traité par le logiciel Saramis qui le compare d'abord à une base composée de super-spectres : ceux-ci correspondent à de multiples spectres d'une même espèce ; ils permettent une identification fiable non dépendante des milieux utilisés ou des conditions de culture ou de conservation. Si aucun super-spectre n'est trouvé, Saramis compare le spectre acquis avec une base de données de plusieurs dizaines de milliers de spectres d'espèces.

1. SIMPLE

- Pas de test préalable (gram, ...)
- Pas d'inoculum nécessaire

2. RAPIDE

- Résultats en quelques minutes seulement

3. UNIVERSEL

- Bactéries cliniques, vétérinaires et environnementales
- Levures

4. FIABLE

- Analyse moléculaire
- Identification des sous-espèces

5. ECONOMIQUE

- Coût du test s'élevant à quelques centimes

The diagram illustrates the MALDI-TOF mass spectrometry process. A laser beam (tir laser) hits a sample plate (plaque) containing analyte crystals (cristaux analyte/matrice). Ions are accelerated through a zone of acceleration (zone d'accélération) and pass through electrodes (électrodes) into a vacuum zone (zone sous vide) where they are detected by a detector (détecteur). The resulting mass spectrum (spectre) is shown at the top.

Below the diagram, two mass spectra are displayed. The first is a 'Superspectrum: Staphylococcus aureus Type 10'. The second is a 'F005461-4: Staphylococcus aureus' spectrum. The x-axis is labeled 'Mass m/z' and ranges from 3,000 to 15,000.

At the bottom, a phylogenetic tree is shown, listing various Staphylococcus strains and their corresponding mass spectra identifiers.

SIRWEB-MALDI TOF

SIRWEB offre toutes les fonctionnalités pour gérer de manière optimale les identifications par spectrométrie de masse, analyser les résultats en provenance de l'automate et réaliser l'intégration de ces données au sein du laboratoire (chaînage avec les antibiogrammes, liaison avec le LIMS).

1. SIMPLE

- Création simple, rapide et sécurisée des projets ; impression des masques des plaques à réaliser
- Gestion des duplicats, répliqués
- Travail possible sur plusieurs postes simultanément (version multi-utilisateurs)

2. AUTOMATIQUE

- Intégration automatique des résultats

3. FIABLE & INTELLIGENT

- Analyse des incohérences (duplicats, répliqués, multi-germes, ...)
- Affichage des spectres/zooms/spectres cumulés
- Antériorités en ligne

4. SECURISANT

- Backup de l'identification et de l'antibiogramme avec SirScan micro+ et Taxiden

The top screenshot shows the SIRWEB software architecture, including components like 'Système Info Labo', 'Lecteur Taxiden', 'Système micro-dilution', 'Id spectro masse', and 'Gélose / Steers'.

The middle screenshot shows the software interface for mass spectrometry, displaying a grid of data points and a spectrum plot.

The bottom screenshot shows a detailed mass spectrum plot for 'Pseudomonas aeruginosa - 1', with the x-axis ranging from 2,000 to 12,000 m/z and the y-axis from 0 to 12,000,000.

The bottom-most screenshot shows a photograph of laboratory equipment, including a mass spectrometer and a computer monitor displaying the software interface.