

C-Trap[®]

动态单分子荧光光镊系统

全球首款、性能一流的动态单分子显微镜。系统完美整合了高分辨光镊、单分子荧光显微成像、及层流微流控等尖端技术，可独特实现单分子水平生物样品的力学操控和测量、及互动动态同步成像。

产品手册

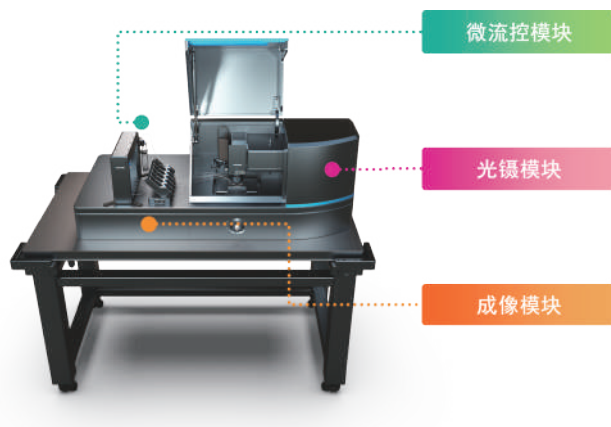


LUMICKS

一体化平台：C-Trap 让复杂的单分子实验化繁为简，得以快速推进

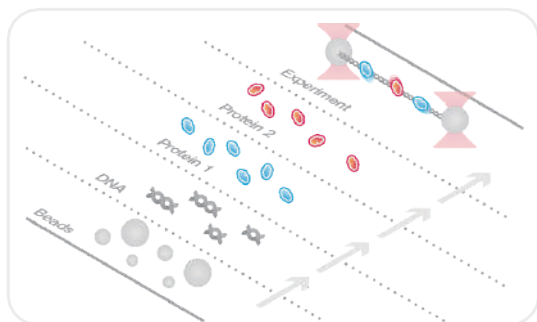
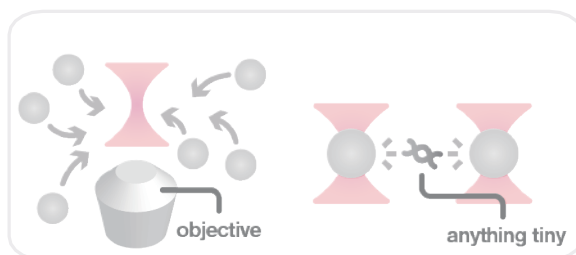
在生命科学领域，研究分子功能的技术与工具多种多样。这些工具往往只能提供结构信息或功能信息中的一种。由于现有技术无法实现对功能过程的单分子水平观测，它们通常难以揭示关键分子的具体作用机制。这种对内在动态过程直接观测的缺失，往往导致所得的研究结果存在模糊性。

基于 C-Trap 的动态单分子技术可独特的实现**单分子水平动态过程的实时观测**，为您提供分子层面生命过程机理无可争议的直接证据。C-Trap® 动态单分子荧光光镊系统可用于观测动态、快速或罕见的过程，所获取的数据可消除研究中的模糊地带，让您在更短时间内取得更具突破性的研究成果。此项解决方案将助您在分子层面深入洞悉生命过程机理和疾病发生的根源，并助力治疗方法开发的重大突破。



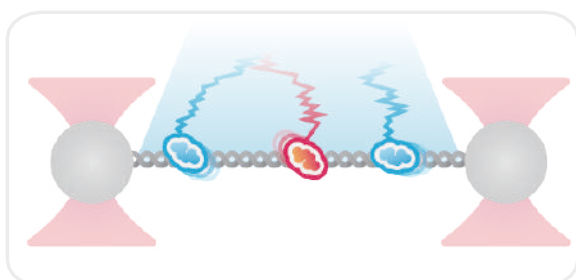
C-Trap 一体化整合了三个重要的工作模块 —— 基于诺奖级技术的高分辨**光镊模块**、实现单分子成像的共聚焦荧光显微成像模块、和通道间无物理间隔的**层流微流控模块**。

光镊抓取：光镊模块形成的光阱可瞬间捕获直径数百纳米至数微米的微球类样品，以实现精准的力学操控、力学和距离变化测量。



微流控置换与结合：基于通道间无物理间隔的层流微流控系统，在不同溶液和样品环境便捷切换，快速搭建出单分子实验体系（比如捕获两个微球、在两个微球之间连上单根 DNA、与目标蛋白结合）。

单分子荧光成像与分析：基于荧光显微成像模块，可实时观测单分子水平的互动动态，并获取结合、解离、共定位、运动模式、运动速度等信息。基于光镊模块的主动操控（如改变受力条件、样品构象等）、所获取的力学及距离变化信息，与单分子成像信息基于系统的一体化整合可高时空分辨率关联，从而全面且精准的获取分子水平的动态和功能。



从单分子到细胞力学，应用领域广泛



代表性文献

DNA-Protein 互动动态：

Chua G. et al. **Cell** (2026)
Smith Q. et al. **Nature** (2026)
Greenhough L. et al. **Science** (2025)
Alcon P. et al. **Nature** (2024)
Chappidi N. et al. **Cell** (2024)
Anand R. et al. **Nature** (2022)
Wasserman M. et al. **Cell** (2019)

蛋白质 / RNA 折叠与构象变化：

Tants J. et al. **PNAS** (2025)
Vorobevskaia E. et al. **Sci. Adv.** (2024)
Avellaneda M. et al. **Nature** (2021)

细胞骨架与马达蛋白：

Rao L. et al. **Nat. Cell Bio.** (2026)
Muir K. et al. **Science** (2023)
Mei L. et al. **eLife** (2020)

生物相分离：

Alshareedah I. et al. **Nat. Phys.** (2024)
Gui T. et al. **Mol. Cell** (2023)
Jawerth L. et al. **Science** (2020)

细胞力学：

Wang Y. et al. **Cell** (2026)
De Belly H. et al. **Cell** (2023)
Meijering A et al. **Nature** (2022)

DNA-蛋白质互动动态

- 揭示参与 DNA 损伤修复、复制、转录、编辑及染色质结构维持的 DNA 结合蛋白的动态与功能。
- 在分子拥挤环境中追踪单个 DNA 结合蛋白，评估其在功能条件下的动态特性；
- 引入多色荧光标记的不同蛋白质，追踪其与 DNA 或 RNA 的互作，以研究其功能；
- 获取一段时间内的DNA-蛋白质互作信息，分析结合事件的次数、序列偏好、扩散速率、持续时长等。



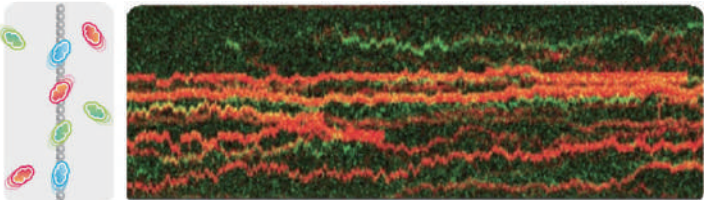
参考文献

Chua G. et al. **Cell** (2026)
Smith Q. et al. **Nature** (2026)
Greenhough L. et al. **Science** (2025)

实时追踪 DNA-蛋白质相互作用，解析高动态 NHEJ 修复蛋白的组装、结合与断裂连接机制

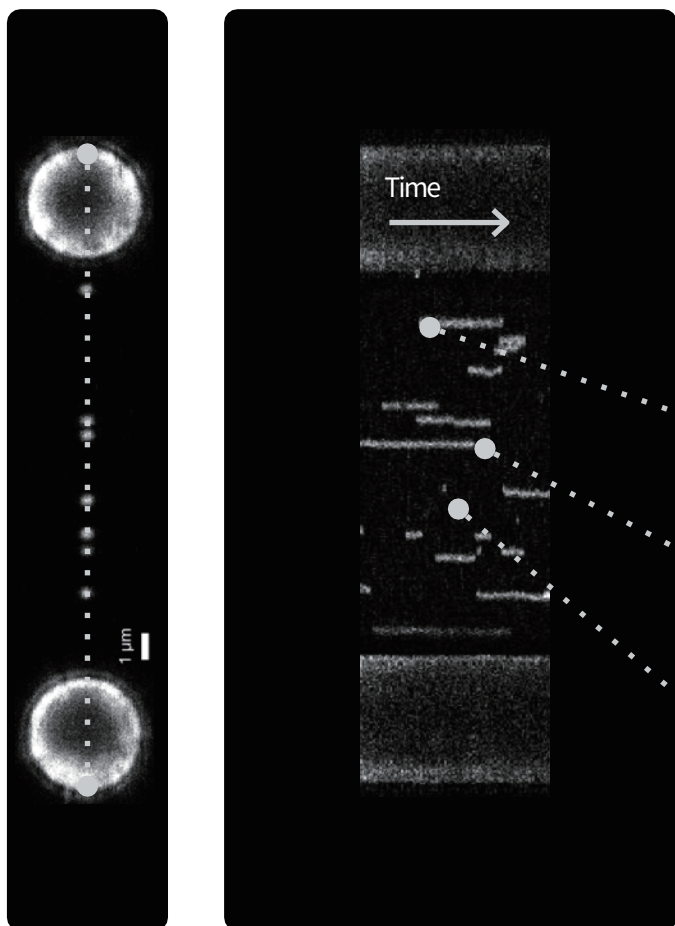
将 DNA 分子置于多种 DNA 结合蛋白溶液中，实时观测其互作与运动。右图的 Kymograph 展示了荧光标记的 XRCC4 与 XLF 损伤修复蛋白随时间在 DNA 分子上的特异性结合与动态过程。

通过此实验体系，您还可通过施加力以调控 DNA 的构象，或改变溶液中蛋白质的组成，研究不同条件对 DNA-蛋白质动态互作体系的影响。



Kymograph 显示了 XRCC4 (绿色，占总事件9%)、XLF (红色，占62%) 以及 XRCC4-XLF 复合物 (黄色，占29%) 在 DNA 分子上随时间的结合位置。该数据直观量化了不同组分的结合分布，为解析 NHEJ 修复途径中蛋白质的动态组装与协同机制提供了直接证据。

数据来源：Prof. DGijs Wuite and Prof. Erwin Peterman at the VU Amsterdam



i 如何解读 kymograph 数据

Kymograph 为您以直观图形化的形式呈现了随着时间在单个 DNA 分子上发生的蛋白结合事件，可用于直接获取您所研究的 DNA 结合蛋白的 k_{on} 和 k_{off} 等动力学参数。

单个荧光标记蛋白结合至 DNA 上

单个荧光标记蛋白从 DNA 上解离

瞬时结合事件(< 10ms)

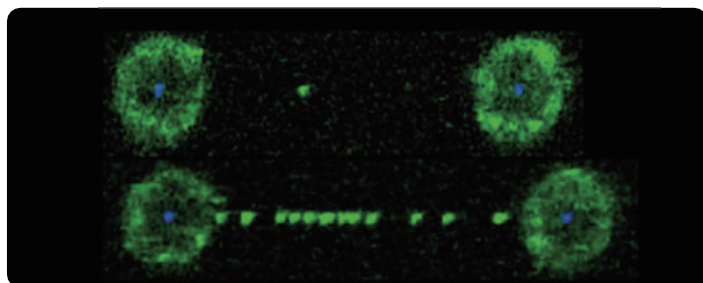
解析 DNA 结构变化如何调控基因编辑酶的结合与催化活性

C-Trap 让您在操控目标 DNA 结构的同时，跟踪序列特异性基因编辑蛋白。您可以研究 DNA 的构象变化会如何影响 Cas9 复合物的靶向特异性。在右图实验中，随着光学镊子以递增的力拉伸被束缚的 DNA 分子，我们可以观察到荧光标记的催化失活的 Cas9 (dCas9) 与 DNA 特异性引导 RNA (gRNA) 结合的动态事件。

继续拉伸 DNA 会诱导其构象变化，并导致脱靶 DNA 结合事件的数量增加。这些结果表明，DNA breathing 等自然发生的结构转变会使 DNA 更易与 dCas9-gRNA 复合物发生脱靶结合。

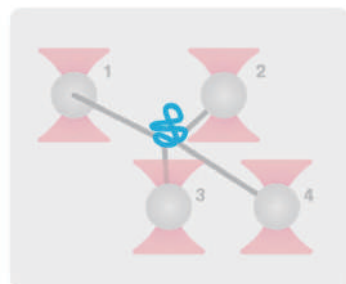
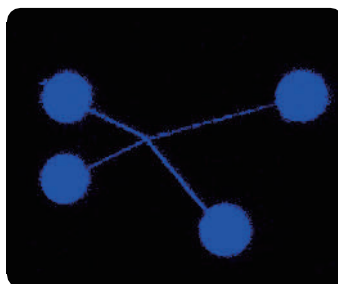
揭示 DNA 结合蛋白诱导的 DNA 分子间与分子内相互作用

C-Trap 的四光阱配置支持同时操控两条 DNA 分子，用于研究分子间 DNA 桥联特性。在该实验中，研究者将两条 DNA 链保持在邻近位置，并使其暴露于可诱导分子间桥联的黏连蛋白复合物中。随后，通过沿不同方向移动 DNA 分子，可实时观测已形成桥联的强度与滑动特性（右图）。使用双光阱配置施，通过固定单条 DNA 并暴露于黏连蛋白复合物，可定量分析 Cohesin 蛋白复合物桥联的稳定性与动力学特性。



上图：单根 DNA 分子被捕获在两个微球之间，荧光标记的单个 dCas9-gRNA 复合物（绿色）结合在目标 DNA 序列位点。下图：当施加于 DNA 的力增加 20pN 或更大时，dCas9-gRNA 复合物会结合到 DNA 上更多的脱靶位点。此图改编自 David Rueda 教授发布的数据。

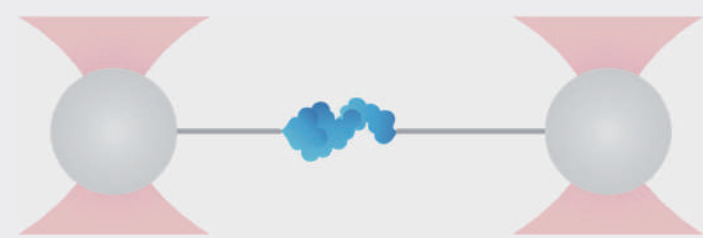
<https://www.youtube.com/watch?v=rm1TfNgMOXI>



左图：滑动实验的代表性图像，其中两组微球个拴住一根 DNA 分子，并在分子间黏连蛋白桥接建立后，施加力使 DNA 分子发生移动。右图：实验示意图。数据来自 Gutierrez-Escribano 等人 (2019) 在 Science Advances 上发表的研究 (CC-BY 许可)。

生物大分子折叠与构象变化

- 实时测量单个蛋白质、DNA 或 RNA 分子在不同条件下的短暂、持久、及罕见的构象变化；
- 将光镊测量与 FRET 技术结合，关联分析蛋白质的力学特性与局部构象变化；
- 通过拉伸与释放所捕获的生物分子，评估其去折叠与折叠特性，并获取相应的能量势场图谱。



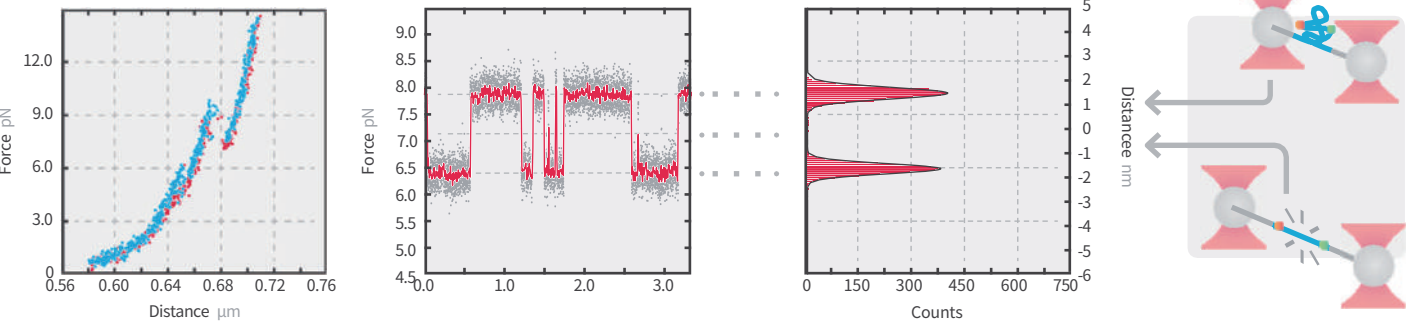
样品及数据来源：Prof. Dr. Carlos Bustamante
UC Berkeley

参考文献：Avellaneda M. et al. *Nature* (2021)
Till K. et al. *PNAS* (2025)

表征蛋白质的主要和“隐藏”的构象状态

表征酶高度动态的构象状态，以优化蛋白质特异性候选药物的筛选。在本研究中，我们将钙结合信使蛋白钙调蛋白固定在两个光学捕获的微球之间，以研究其去折叠与折叠特性。通过拉伸及随后松弛过程获得的力-距离曲线揭示了一个可逆的两步去折叠过程，分别对应着酶上的两个螺旋-环-螺旋结构域。

保持两个光阱距离恒定以观察蛋白质过渡态，可显示出蛋白在两种主要状态（打开与闭合）之间的随机切换。该实验还识别出第三种短暂存在的中间状态。

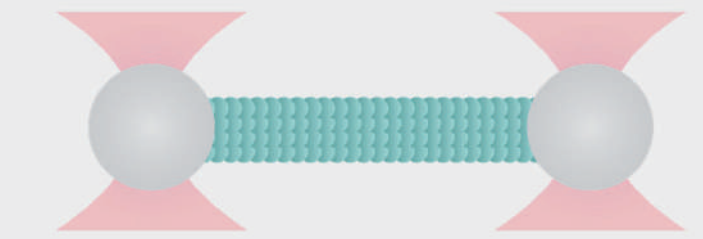


钙调蛋白的拉伸（蓝）与松弛（红）循环的力-距离曲线表明，该蛋白以两步方式完成折叠与去折叠过程。

左：钙调蛋白在 3 秒内维持恒力状态的力谱，展示了其构象切换。灰色数据为 50 kHz 采样频率，红色曲线为降频至 200 Hz 后的数据。中：直方图显示了在微球保持恒定距离时蛋白质的主要状态。由于存在时间极短，第三种中间态在统计时被忽略了。右：示意图呈现了直方图中观测到的两种状态。

细胞骨架与马达蛋白

- 捕获细胞骨架蛋白的单根纤维，操控与测量其力学特性与稳定性；
- 结合光镊操控与荧光显微成像，将微管的力学特性与其局部结构变化进行关联分析；
- 研究马达蛋白与运输过程的动力学特性。

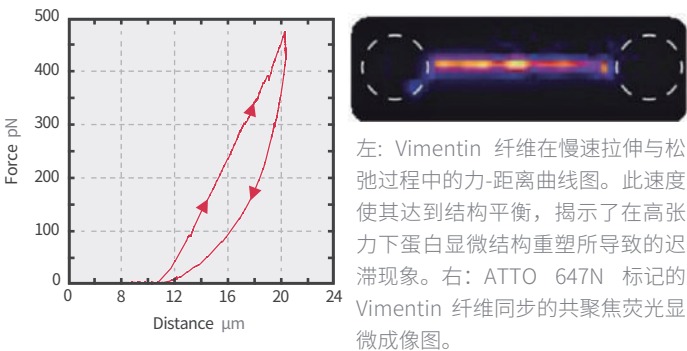


数据来源：Prof. Sara Köster
University of Göttingen

参考文献：Rao L. et al. *Nat. Cell Bio.* (2026)
Muir K. et al. *Science* (2023)

评估细胞骨架纤维的力学特性，以阐明其调控细胞运动的机制

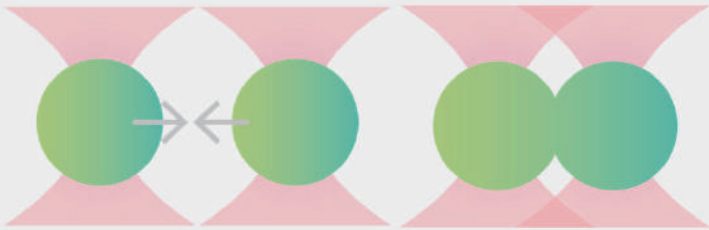
测量纤维结构的力学性质可揭示其如何影响正常细胞与变异细胞的运动能力。在实验中，通过对捕获的分子进行拉伸与松弛循环操作，测量产生的迟滞曲线，以量化其力学特性。在右图实验中，通过拉伸 Vimentin 蛋白纤维并同步测量其力-距离延伸曲线，获取其力学参数。基于同步共聚焦荧光显微成像，我们进一步获取了 Vimentin 纤维在受力过程中的分子内结构动态重塑。



左：Vimentin 纤维在慢速拉伸与松弛过程中的力-距离曲线图。此速度使其达到结构平衡，揭示了在高张力下蛋白显微结构重塑所导致的迟滞现象。右：ATTO 647N 标记的 Vimentin 纤维同步的共聚焦荧光显微成像图。

生物体系相分离过程

- 操控液滴，实时观察不同条件对其组装、融合过程的影响；
- 通过微流变学测量液滴的黏度、刚性等物性；
- 探究蛋白质液滴的物相变化，以理解与生物分子凝聚物相关的细胞功能及病理结构的形成。

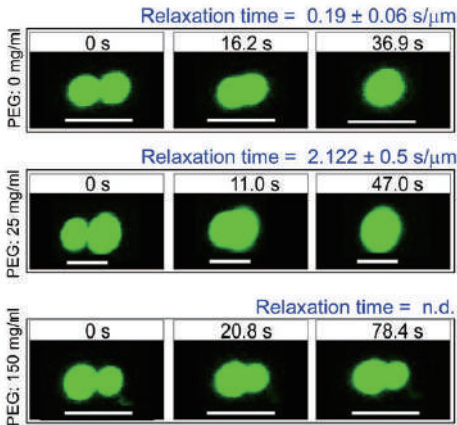


参考文献：
Zhou H. et al. *Science* (2025)
Das T. et al. *Molecular Cell* (2025)

定向液滴融合可揭示蛋白液滴在不同分子环境中的结构特性

液滴融合实验是表征蛋白液滴刚性的最佳方法。这一力学参数直接影响细胞生理活动。通过光镊捕获蛋白液滴并移动至发生初始接触，可诱导融合过程并精确测定融合动力学过程。该体系可用于系统性评估外部因素（如分子拥挤剂 PEG）或内部因素（不同蛋白组份）对液滴特性的影响。右图展示了不同浓度的分子拥挤剂聚乙二醇（PEG）对液滴间融合时间的影响。

FUS 蛋白液滴融合过程随时间变化动图，及 PEG8000 分子拥挤剂的浓度对这一过程的影响。在存在或不存在 PEG8000 的条件下，通过以恒定速率使捕获的液滴相互靠近来诱导液滴融合。数据改编自 Kaur 等人于 2019 年在《Biomolecules》上发表的研究（CC BY 许可）。



细胞力学

- 对活细胞施加力学刺激，实时跟踪细胞表面受体的响应，探究力学传导机制；
- 测量单细胞、细胞器、或生物膜体系的生物力学特性及环境对其影响；
- 基于荧光成像实时观察细胞形态，并追踪与细胞间及细胞微环境之间互作的力学特性。



样品来源
Prof. Jonathan Javitch
at Columbia University

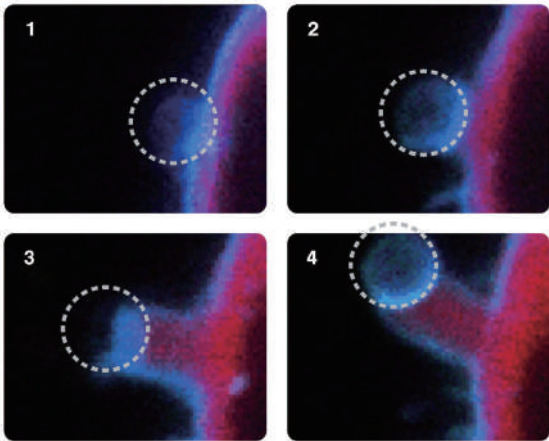


参考文献
Wang Y. et al. *Cell* (2026)
De Belly H. et al. *Cell* (2023)

基于单细胞操控与力学信号的关联分析，研究细胞受体对机械刺激或应力的响应

基于 C-Trap，我们可以研究跨膜受体的机械激活过程中的分子特性：通过光镊施加可控的机械刺激，并实时监测细胞内响应与信号通路的激活状态。

我们首先将微球与 HEK293 细胞表面，随后移动微球使其远离细胞，并利用共聚焦成像追踪细胞膜的动态变化。同时，仪器会实时记录细胞膜所受的力，并识别出四种不同的力学状态。右图展示了微球远离细胞如何引起细胞膜形变，并在操控位点处引发受体的聚集。随着实验进行，即使施加极小的力，也足以从细胞膜拉伸出较厚的膜管。这一结果表明，细胞膜形变与受体蛋白（蓝色信号）的局部富集存在显著相关性。



共聚焦显微成像结果显示，在光镊操控微球（灰色虚线圆圈所示区域）时，表达荧光标记生受体（蓝色）和胞质标记物（红色）的细胞膜、受体及胞质的动态变化，图像清晰呈现出细胞膜形变及操控位点处的受体聚集现象。

C-Trap:

性能卓越、一体化、高度易用的单分子研究平台

定义单分子研究精度的新标准

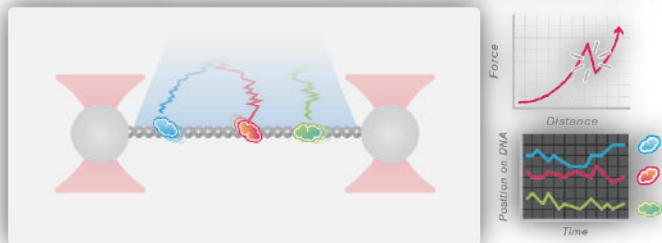
C-Trap 是专为高水平单分子研究和细胞力学研究设计的技术平台，基于亚皮牛级的力学分辨率、长时间力学稳定性、及距离变化检测分辨率，可实现高精度的单分子力学操控和测量，探测亚纳米级的分子构象变化。系统的最大逃逸力高于 1000pN，可充分满足细胞力学等研究需求。C-Trap 的成像模块性能卓越，专门优化用于单光子水平探测，以观测单个荧光基团。



全球独创的一体化平台

与光镊加载于第三方光镜的思路不同，C-Trap 的初始设计理念即基于高度一体化整合光镊与荧光显微成像功能，以实现单分子力学操控与荧光显微成像的高时间和空间分辨率的关联。得益于此，C-Trap 成为了全球独创的一体化动态单分子荧光光镊系统。您可以基于 Bluelake 控制软件便捷的进行微流控上样、光镊操控、荧光显微成像等步骤，在单分子操控的同时，实时同步获取高度关联的力学、距离位移变化、单分子荧光成像信号。基于一次实验获取高度关联的多重信息！

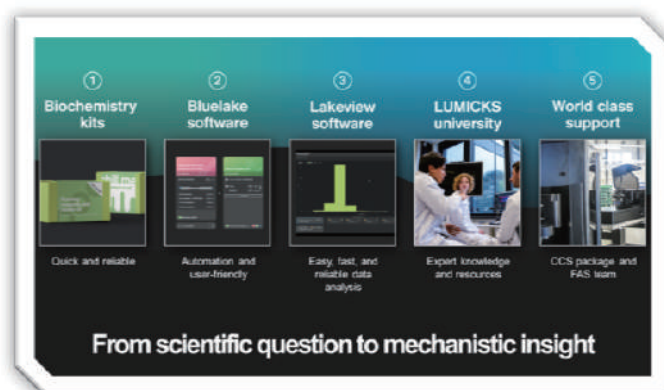
Real-time visualization of interactions and dynamics of single DNA-binding proteins



在对 DNA、蛋白质等分子进行亚皮牛级力学操控的同时，您可以直接通过荧光信号实时“看到”其结合、解离、相互运动等可视化互动动态，实现了对生物过程的实时、多维度解析，从根本上简化了实验流程并提升了数据的直接关联性与可靠性。

从启动到发表：您的全程实验伙伴

C-Trap 包含了高度易用的工作流设计的操作软件 Bluelake 和数据处理软件 Lakeview。LUMICKS 经验丰富的应用技术团队可提供专业的培训和技术支持，对从实验设计、样品准备、仪器操作、数据解析等步骤提供全流程的支持。



全球信赖，驱动前沿发现

我们致力于开发创新的技术，以助力全球的科学家和研发人员深入探究生命过程和疾病机理，并开发创新药物。目前，LUMICKS 仪器已安装于全球 200 多家用户单位，并用于 370 多篇高影响力研究成果的发表！

全球研究者的选择与见证

"Our group has been very much enjoying using the LUMICKS C-Trap since 2016. The capability to correlate single-molecule manipulation and fluorescence imaging has proven to be pivotal in our ongoing efforts to uncover molecular mechanisms of important DNA- protein complexes."

Prof. Bo Sun, ShanghaiTech University

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

Prof. Stephan Grill, Max Planck Institute of Molecular Cell Biology

"Just as impressive as the craftsmanship of the instrument is the professional and timely customer support that LUMICKS has provided us on a regular basis over the past years. The relationship between the LUMICKS team and my team is more of a collaborative nature, which is unique and what I find most enjoyable."

Prof. Shixin Liu, The Rockefeller University

KEEP IN TOUCH
联系我们

400 857 8882

info@phenom-china.com
www.phenom-scientific.com



LUMICKS



复纳生物公众号



LUMICKS 公众号



复纳科技小程序

复纳科学仪器（上海）有限公司

上海市闵行区申滨路 88 号虹桥丽宝广场 T5 办公楼 705 室

苏州办事处

苏州市相城区长三角国际研发社区 10 号 A 座 108 室

北京办事处

北京市海淀区西四环北路 119 号四季慧谷数字园区A座一层 118 室

广州办事处

广州市黄埔区广州国际生物岛螺旋大道 87 号 C 栋 601 - 602 单元

深圳办事处

宝安区留仙一路 6 号稻兴环球科创中心 A 座 913

成都办事处

成都市高新区锦云东三巷 1 号金融麦田 C106

西安办事处

雁塔区雁翔路 3369 号曲江创意谷 A 座 706 室