

EVOSEP ONE

Хроматографическое
разделение для протеомного
клинического анализа

EVOSEP





**Еvosep стремится улучшить качество здравоохранения за счет
привнесения инноваций в клиническую диагностику**

Для клинической протеомики необходимы чувствительность, скорость и минимальная потребность в обслуживании

- Больше время между обслуживанием и чистками
- Увеличение скорости анализа и производительности системы
- Лучшее качество регистрируемых данных



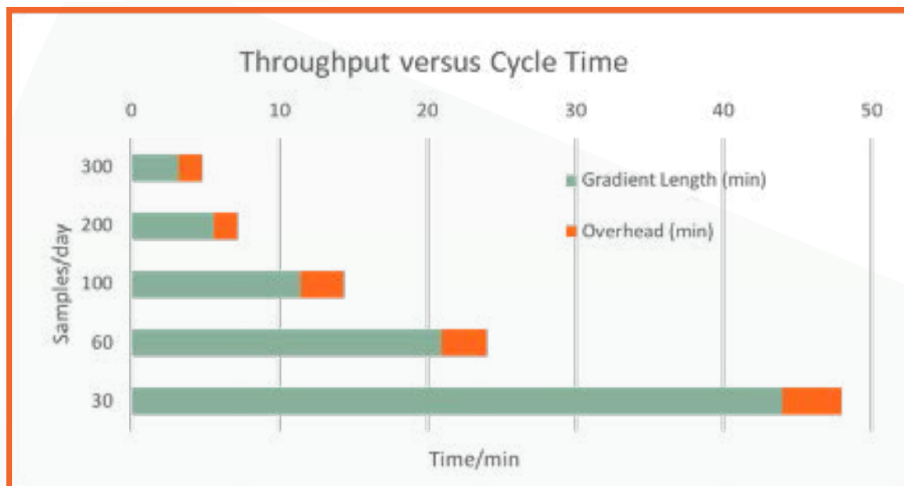
Надежные и быстрые протоколы необходимы для успешного проведения крупномасштабных клинических исследований с применением протеомного анализа плазмы крови.

Профессор Маттиас Манн,
Институт Биохимии Макса Планка, отделение
протеомики и сигнальной трансдукции

Оптимизированные стандартные методы

Кол-во образцов в день	Время анализа (мин)	Градиент (мин)	Скорость потока (мкл/мин)	Размеры колонки (длина / ID / размер зерна)
300	4,8	3,2	4,0	4см/150мкм/3мкм
200	7,2	5,6	2,0	4см/150мкм/3мкм
100	14,4	11,5	1,5	8см/100мкм/3мкм
60	24,0	21,0	1,0	8см/100мкм/3мкм
30	48,0	44,0	0,5	15см/100мкм/3мкм

Высокая эффективность работы системы



Одноразовые наконечники в качестве концентрирующих колонок

- Образец концентрируется и обессоливается до начала анализа в наконечнике Evotip, содержащем обращенную фазу C18 и помещенном в центрифугу
- Автосамплер помещает наконечник в инъекционный порт системы

Частичное элюирование

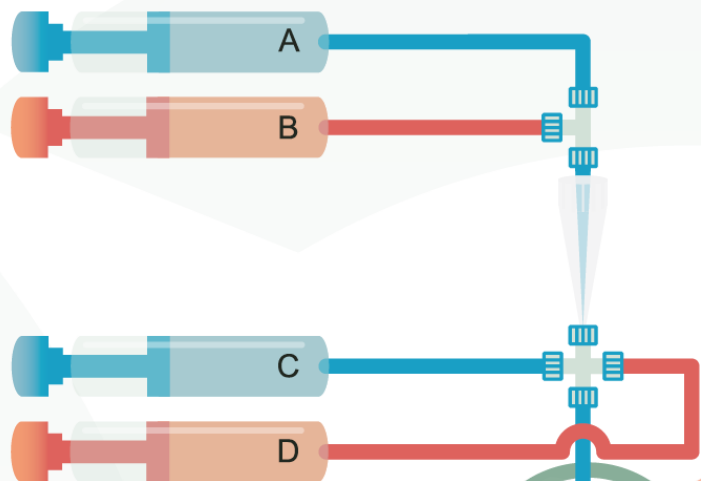
- Матрица и соединения, способные загрязнить ВЭЖХ/МС систему, остаются в одноразовом наконечнике
- Элюируются аналитически значимые пептиды
- Минимизируется перекрестное загрязнение
- Увеличивается время жизни аналитической колонки



Низкий износ компонентов

Смыв образца и формирование градиента происходят при низком давлении, поэтому компоненты системы меньше изнашиваются

Насосы низкого давления

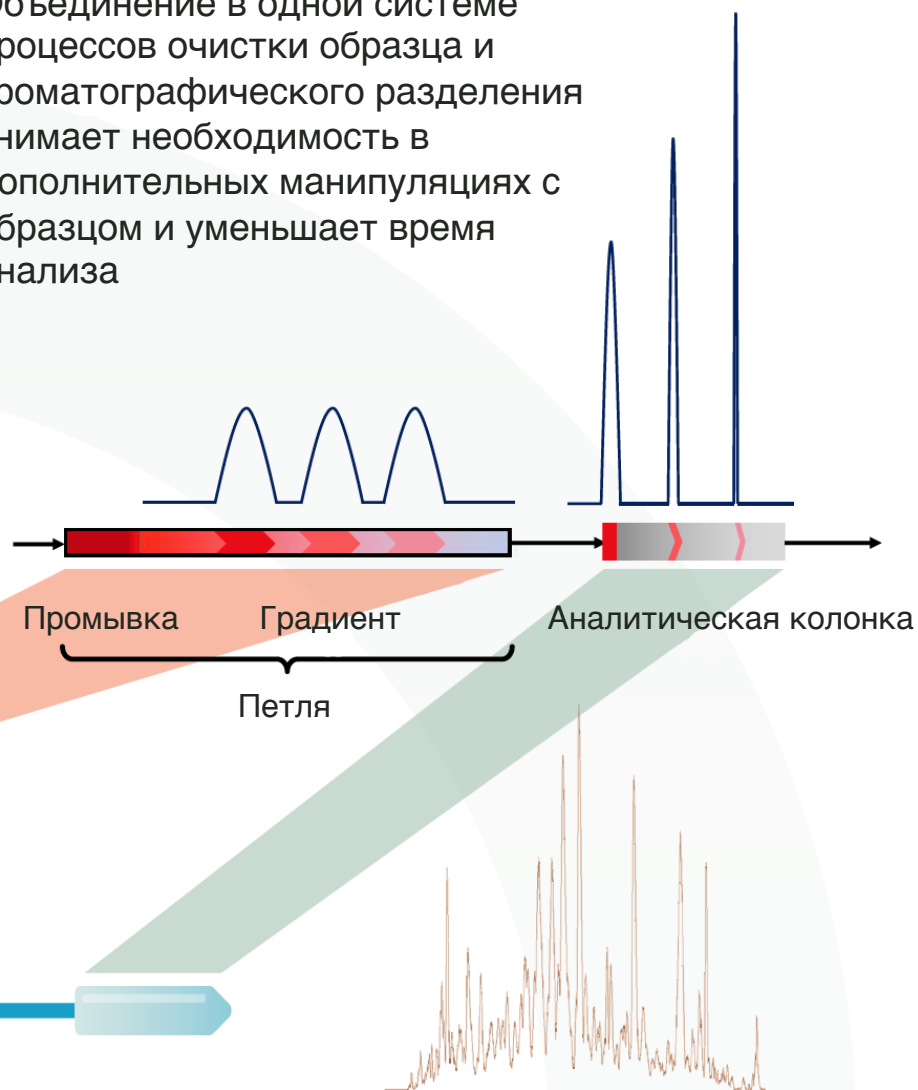


Насос высокого давления



Упрощенный анализ

Объединение в одной системе процессов очистки образца и хроматографического разделения снимает необходимость в дополнительных манипуляциях с образцом и уменьшает время анализа

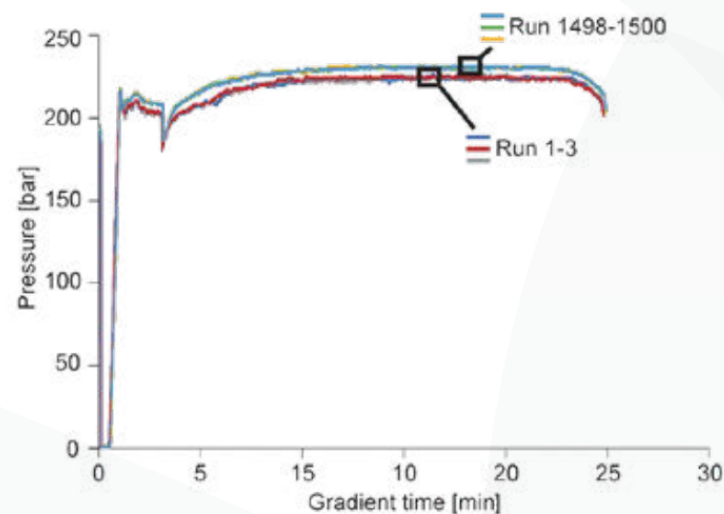
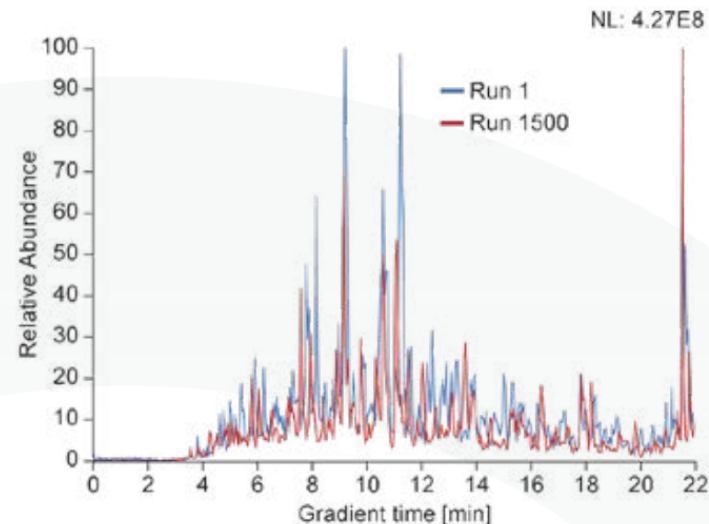


Высокая производительность при работе с «грязными» образцами

- 10-кратное уменьшение перекрестного загрязнения
- 1 000 анализов с одной аналитической колонкой
- Сервисный интервал в 30 000 образцов

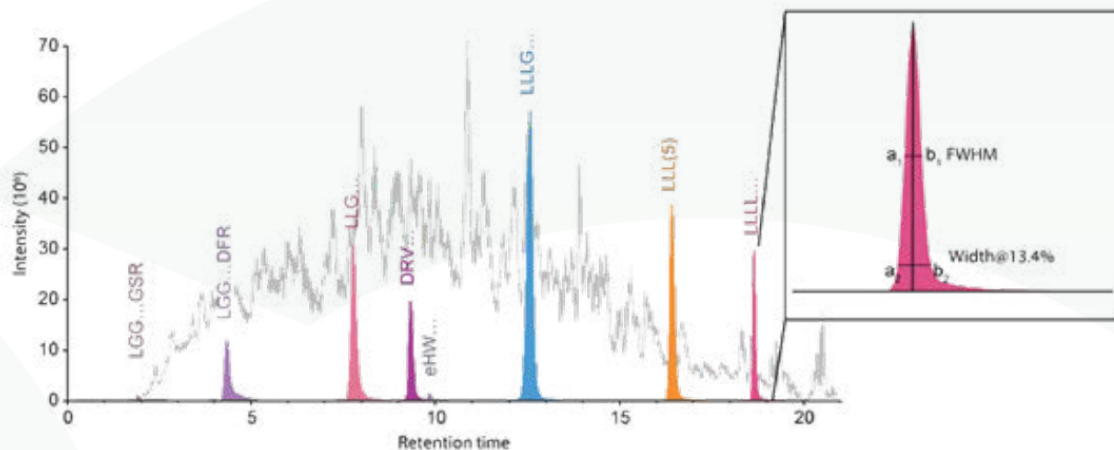


Данные предоставлены: Dr. Jacob Jaffe, Shawn Egri, and Dr. Steven A. Carr, The Broad Institute, Cambridge, MA



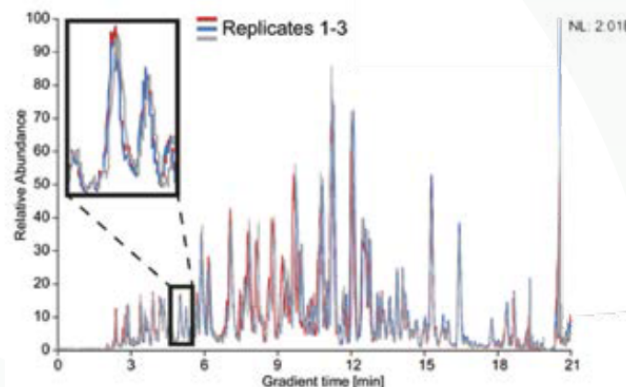
1500 инъекций в одну и ту же колонку 1мкг смеси белков клеточной линии *HeLa*, расщепленных трипсином

Хроматографический анализ

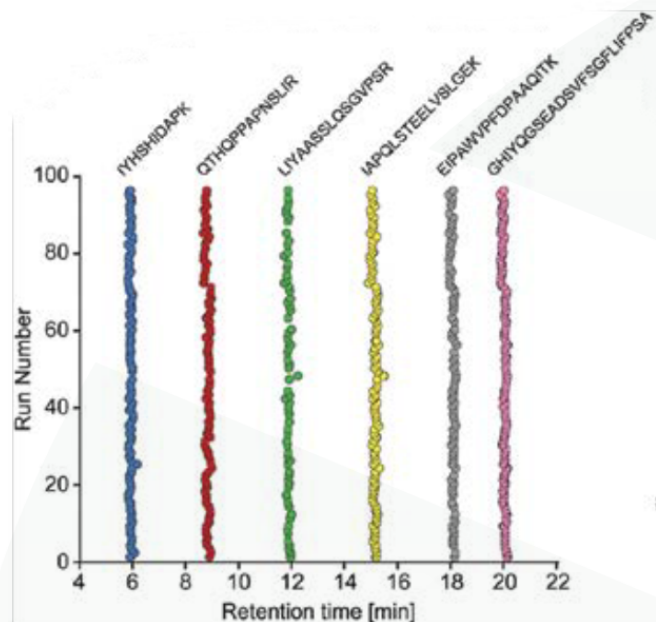


Производи- тельность	Ширина пика на полувысоте	Пиковая (разделительная) емкость
образцов в день	[сек]	4σ/FWMM
300	1,5	35/72
200	2,2	41/97
100	4,0	63/129
60	6,8	79/161
30	15,2	111/216

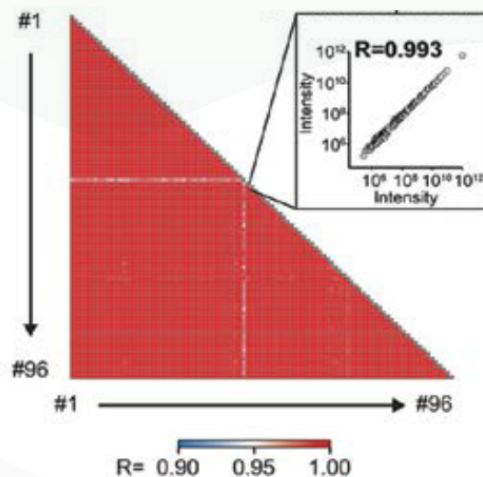
- Разумная система управления насосами
- Анализ хроматографических пиков проводился по смеси пептидов, в которую в качестве фона были добавлены белки клеточной линии *HeLa*, расщепленные протеолитическим ферментом трипсином
- Наложение хроматограмм демонстрирует хорошую воспроизводимость при анализе сложных стандартов



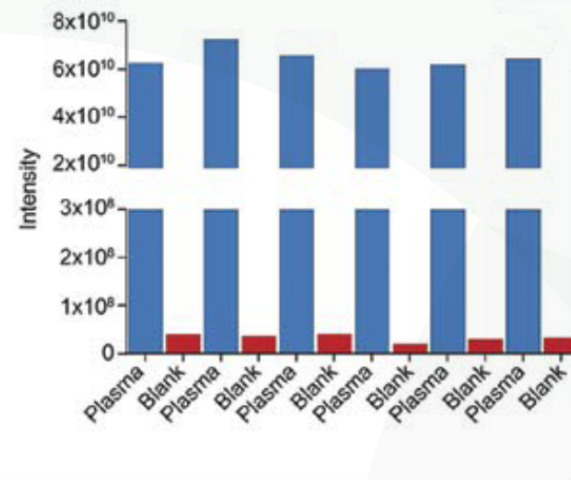
Воспроизводимость при анализе плазмы



Стабильность времен удерживания различных пептидов (96 анализов)



Матрица корреляции Пирсона для 96 анализов



Низкие значения перекрестного загрязнения ($< 0.1\%$)

Данные предоставлены: Dr. Philipp Geyer, Max Planck Inst., Martinsried

Быстрый высокочувствительный скрининг на белки штамма-продуцента

- Масс-спектрометрические протоколы «снизу вверх» для анализа белков штамма-продуцента
- Определение малых количеств белков штамма-продуцента с высокой производительностью теперь возможно благодаря соединению Evosep One с времяпролетными масс-спектрометрами, оснащенными системами разделения по ионной подвижности

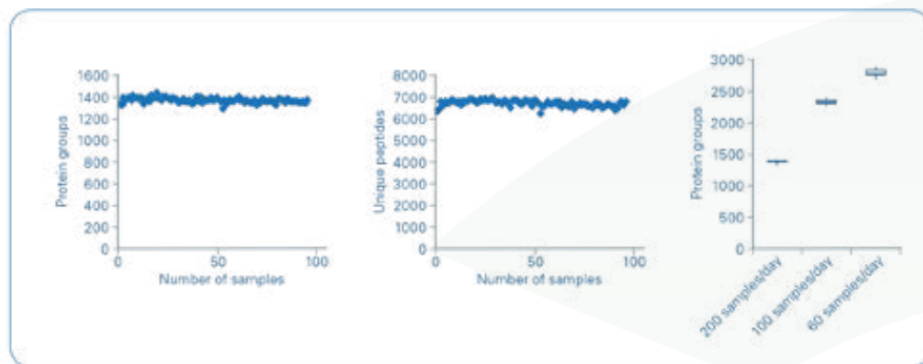


Идентификация за 21 минуту 61 белка штамма-продуцента из 25 мкг NISTmAb (по протоколу, описанному в статье Huang et al., Anal. Chem. 2017, 89, 5436-5444), что эквивалентно загрузке 1 мкг образца.

- в 3 раза быстрее*
 - в 2 раза выше чувствительность *
- *по сравнению с общепринятым стандартом анализа за 1 час

Данные предоставлены: FN-06 flash note;
Bruker Daltonik GmbH, Germany

Короткие градиенты для идентификации белков



- 96 инъекций с постоянным числом идентифицированных белков и пептидов с использованием метода для анализа 200 образцов в день
- Количество идентифицированных белковых групп при использовании разных методов.

Все измерения выполнялись на масс-спектрометре Bruker Daltonics timsTOF Pro, объем инъекции белков клеточной линии *HeLa*, расщепленных трипсином составлял 50 нг, анализ повторялся не менее 15 раз.

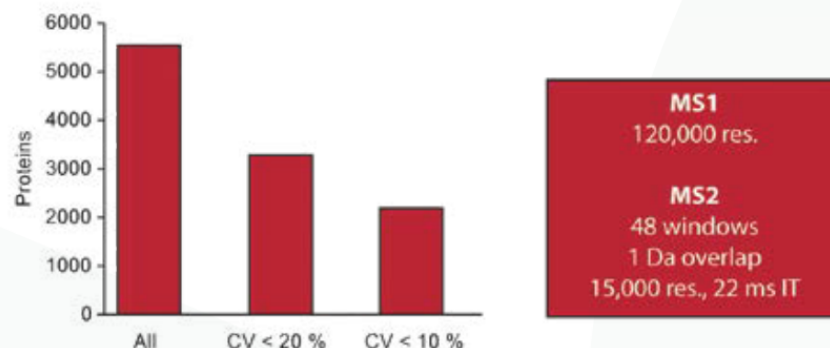
Данные предоставлены: LCMS-141 app note, Bruker Daltonik GmbH, Germany

Быстрое создание библиотек DIA

Библиотека спектров протеомов клеточных линий млекопитающих, созданная на основе анализа 46 фракций белков клеточной линии *HeLa*, расщепленных протеолитическим ферментом трипсином.

Общее время	Продолжительность градиента	Пептиды	Белки
18,4 мин	16,1 мин	132 850	9918

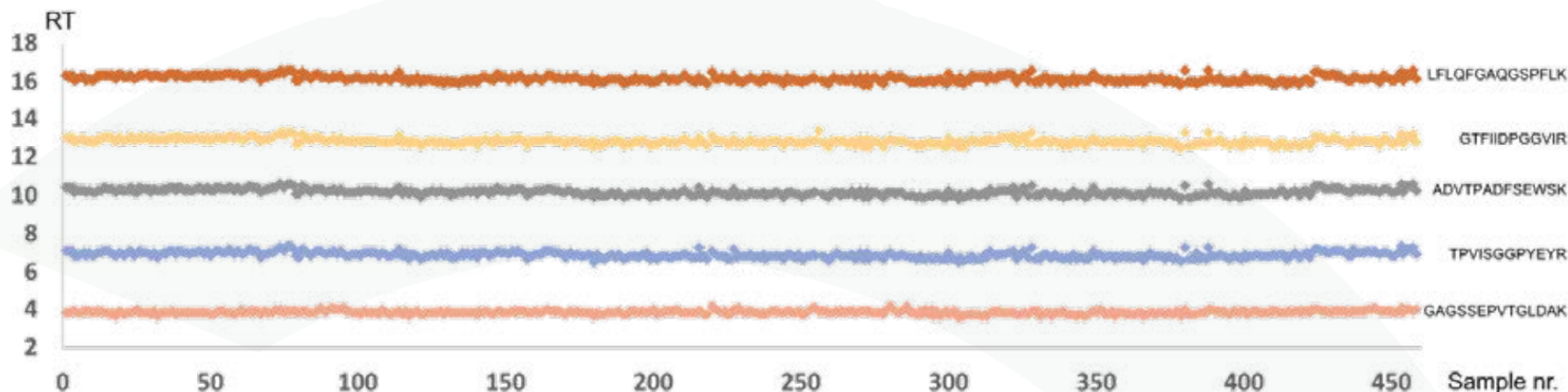
Идентификация и количественное определение проводились с использованием метода для анализа 60 образцов в день



Данные предоставлены: Prof. Jesper Olsen and Dorte Bekker-Jensen, Novo Nordisk Center for Proteome Research, Copenhagen on a Thermo Scientific Q Exactive HF-X

Большая серия образцов для клинической протеомики

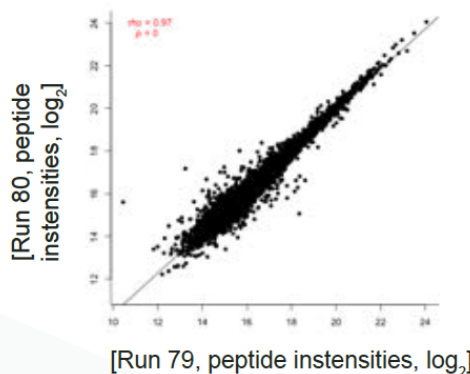
Нормированное время удерживания пептидов на протяжении 460 инъекций образцов печени мыши (методы для анализа 60 образцов в день)



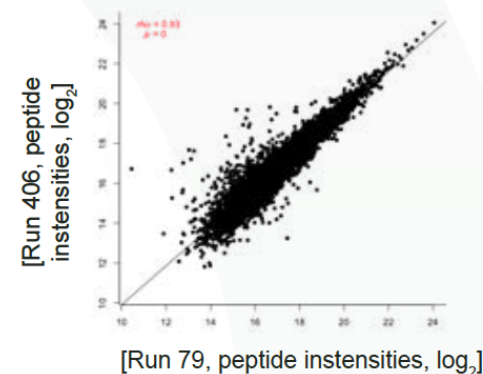
Возможность проведения масштабных исследований

- Стабильность времен удерживания
- Высокий уровень согласованности данных при сотнях инъекций

Ближкие технические повторы



Дистанционные технические повторы



Данные предоставлены: Dr. Ben Collins, Dr. Evan Williams and Prof. Ruedi Aebersold, ETH Zürich on a Sciex TripleTOF 6600

Дистрибьютер в России:

МС-АНАЛИТИКА

119334 Москва, ул. Косыгина 13-1

+7 495 995-88-90

moscow@textronica.com

www.textronica.com

EVUSEP

Узнайте больше о Evosep



**Скачивайте
материалы**



**Узнавайте
больше**



**Смотрите
видео**

