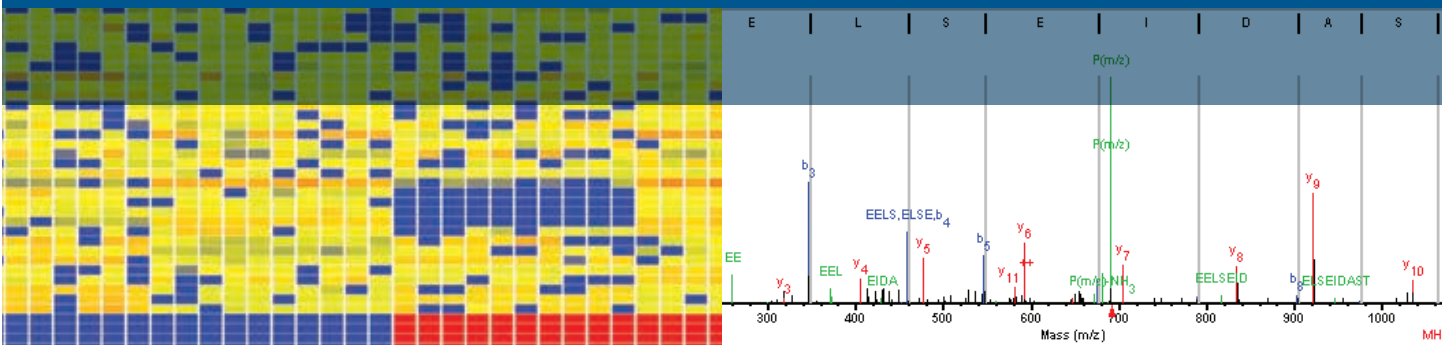


Die Proteomikforschung verbessern

Agilent Proteomik



Proteomik-Lösungen für Ihre Anwendung

Die Proteomik ist ein Schlüsselinstrument, das auf biologische Fragestellungen aus einem breiten Spektrum von Disziplinen und Studienbereichen angewendet werden kann. Überall dort, wo Proteine eine Rolle spielen, bietet die Proteomik das Erkenntnispotenzial, das oft auf keinem anderen Wege gewonnen werden kann.



Grundlagen- und klinische Forschung

Identifizierung und Verifizierung von Peptid-/Protein-Biomarkern, die grundlegende Erkenntnisse in der Biologie liefern.

Landwirtschaft und Pflanzenoptimierung

Identifizierung und Verständnis von Proteinpfeilen zur Optimierung der Pflanzenentwicklung, zur Steigerung der Erträge und zur Verbesserung der Resistenz gegen Pestizide und Herbizide.

Lebensmittelanalytik

Identifizierung von Proteinen, die mit wichtigen Merkmalen wie Lebensmittelqualität, Authentizität, Immunogenität, Geschmack und Nährwert korrelieren.

Pharmazeutische Wirkstoffforschung

Identifizierung von Proteinen als Marker für die durch Medikamente induzierte Toxizität während der Forschung und Entwicklung von Medikamenten.

Biokraftstoffe und synthetische Biologie

Überprüfen der Proteinsynthese, um die Leistung des gewünschten Endprodukts zu maximieren.

Wichtige Werkzeuge für Forschungs- und gezielte Proteomik

Das Gebiet der Proteomik hat sich schnell erweitert und deckt nahezu jeden Aspekt der Proteinforschung ab, von der Identifizierung und Charakterisierung posttranslationaler Modifikationen bis hin zur Entdeckung und Quantifizierung von Biomarkern. Da die Proteomanalyse viele unterschiedliche Herausforderungen mit sich bringt, müssen Ihre Forschungsziele durch umfassende, optimierte und praktische Arbeitsabläufe für genaue und reproduzierbare Ergebnisse erreicht werden.

Proteomik-Studien können grob kategorisiert werden als:

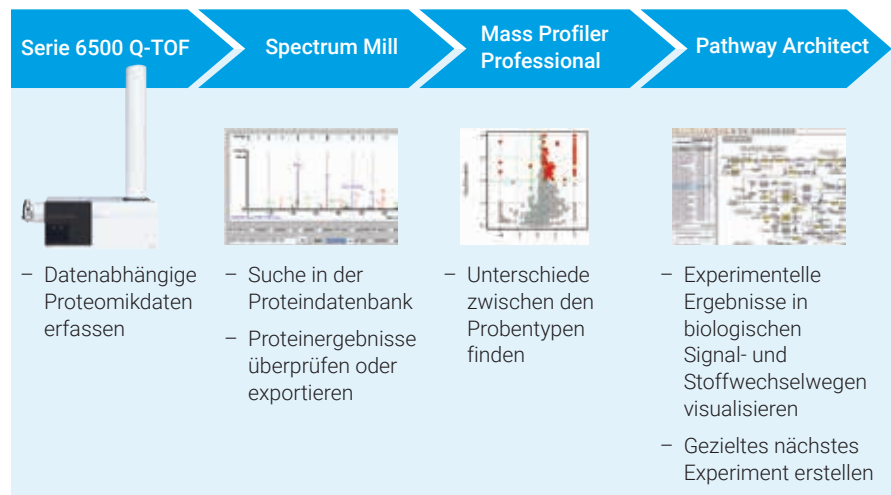
Forschungsproteomik

Identifizierung von Proteinen ohne Vorkenntnisse darüber, welche Proteine vorhanden sein können. Dies wird durch die Suche nach MS/MS-Spektren in einer Protein-Datenbank erreicht. Die Forschungsproteomik kann auch verwendet werden, um Unterschiede zwischen den Probenotypen zu finden, wie z. B. Kontrolle versus Behandlung.

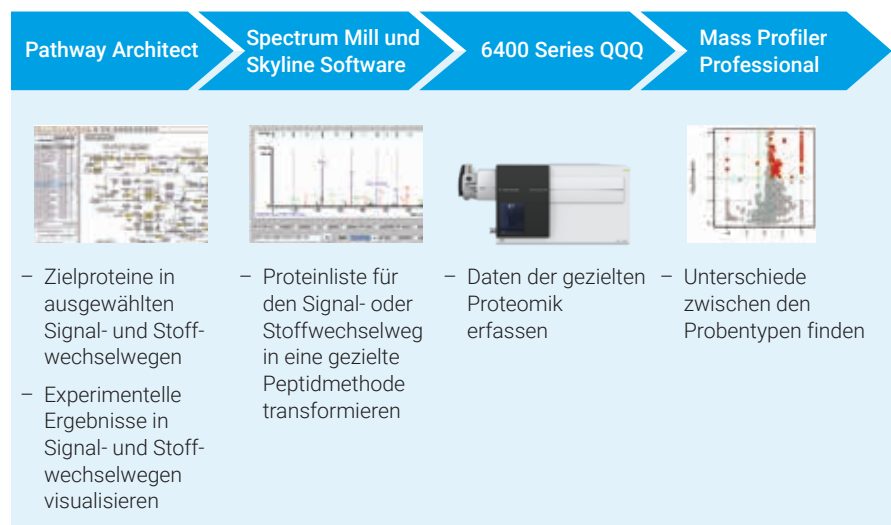
Gezielte Proteomik

Bestätigung von Proteinen auf der Grundlage von Vorkenntnissen, wie Literatur, genomischen Studien oder Pfadanalysen. Die gezielte Proteomik kann auch die genaue Quantifizierung von Proteinen von Interesse umfassen.

Agilent bietet die Werkzeuge, die Sie sowohl für die Entdeckungs- als auch für die gezielte Proteomikforschung benötigen, mit einem Produktportfolio, das Nano- und Standardfluss-HPLC und Massenspektrometer unterstützt, die eine genaue Proteinidentifikation und -quantifizierung ermöglichen.



Forschungsproteomik



Gezielte Proteomik unter Verwendung von Signal- oder Stoffwechselweg-geführten Informationen zur Schaffung einer Informationsgrundlage für das nächste Experiment

Forschungsproteomik

Die Fülle an Proteinen in einer Probe von Interesse kann um Größenordnungen variieren, und oft sind die relevanten Proteine in sehr niedrigen Konzentrationen vorhanden.

Die Forschungsproteomik stellt besonders hohe Anforderungen an Trennung, analytische Empfindlichkeit und Informatik.

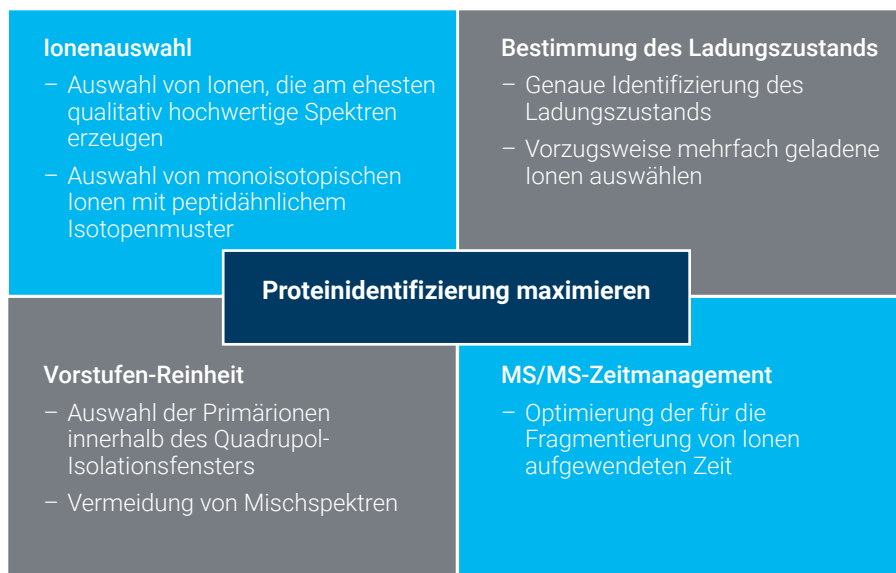
Proteinproben werden typischerweise mit LC-MS/MS in einem datenabhängigen Modus analysiert; daher ist eine gut durchdachte datenabhängige Engine (DDE) ein wesentliches Merkmal des MS-Geräts. Gut umgesetzt liefert dieser Ansatz hochwertigere MS/MS-Peptidspektren, was zur Identifizierung von mehr Peptiden und einem vollständigeren Bild der in der Probe vorhandenen Proteine führt.

Die Wirksamkeit der DDE hängt vom Ionenauswahlalgorithmus ab, um die Vorläuferionen auszuwählen, die am ehesten Peptide sind, und um hochwertige MS/MS-Spektren zu erhalten. Die Herausforderungen für eine effektive Auswahl von Peptidionen sind in der folgenden Grafik dargestellt.

Das Agilent 6550 iFunnel Q-TOF LC/MS-System erhöht die analytische Empfindlichkeit erheblich und verbessert die von niedrig konzentrierten Peptiden.

Es umfasst zudem einen fortschrittlichen DDE-Algorithmus, der alle Elemente für die Auswahl von Peptidionen beinhaltet, was zu einer sichereren Proteinidentifizierung führt. Für eine umfassende Analyse führt der vollautomatische iterative MS/MS-Erfassungsmodus sequenzielle Injektionen mit automatischem Ausschluss der zuvor ausgewählten Vorstufen durch.

Die Fähigkeit einer eines HPLC-Systems, Peptide zu trennen, kann auch die Ergebnisse der Forschungsproteomik erheblich beeinflussen. Eine bessere Trennung führt zu besseren Peakformen, was die Aufgabe der DDE vereinfacht und zu mehr identifizierten Proteinen führt.



Datenabhängige Logik zur Maximierung der Proteinidentifizierung.

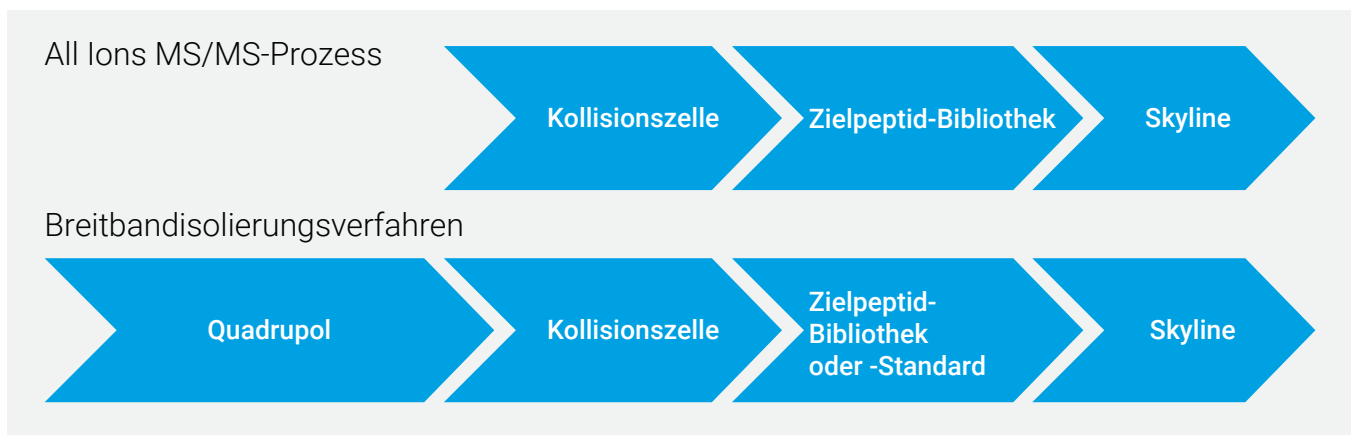
Gezielte Proteomik

Eine Weise, auf die sich die gezielte Proteomik von der Forschungsproteomik unterscheidet, besteht darin, dass sie nach Peptiden von Proteinen sucht, die voraussichtlich vorhanden sind, basierend auf Vorwissen wie Literatur, Genomikstudien oder Pfadanalysen.

Quadrupol-Time-of-Flight(Q-TOF)-Geräte für exakte Massenbestimmungen sind die Werkzeuge der Wahl, um eine große Anzahl von Proteinen gleichzeitig zu screenen. Die gezielte Q-TOF-Proteomik erfasst Peptid-MS/MS-Spektren in einem datenunabhängigen Erfassungsmodus (DIA). Peptide aus spezifischen Proteinen von Interesse werden durch Screening der erworbenen Peptid-MS/MS-Spektren gegen eine Peptid-MS/MS-Bibliothek identifiziert. Die datenunabhängige Analyse kann entweder die All Ions-MS/MS-Methodik oder die Breitbandisolierung verwenden. All Ions MS/MS verwendet keine Quadrupol-Isolierung und fragmentiert Ionen in der Kollisionszelle mit zwei oder mehr Kollisionsenergien. Die Breitbandisolierung reduziert die Datenkomplexität durch die Isolierung und Fragmentierung einer Reihe von engen Massenbereichen (~10 Da). Diese datenunabhängigen Analyseansätze sind nur aufgrund der hohen Massengenauigkeit des Agilent 6550 iFunnel Q-TOF möglich. Akkurate-Masse-Peptid-MS- und -MS/MS-Spektren reduzieren zufällige Fehlübereinstimmungen beim Screening einer Peptid-Spektralbibliothek drastisch.

Der andere Ansatz für die gezielte Proteomik ist die quantitative Analyse bekannter Proteine. Q-TOF ist ein sehr flexibles und vielseitiges Instrument, das auch für die quantitative Proteomik eingesetzt werden kann. Die meisten Wissenschaftler verwenden jedoch die Triple-Quadrupol-Massenspektrometrie für die routinemäßige quantitative Analyse aufgrund ihrer überlegenen analytischen Empfindlichkeit und ihres Dynamikbereichs.

Unabhängig von Ihrem Ansatz sind Daten nur der Anfang – eine ausgereifte Analysesoftware ist entscheidend, um das maximale Wissen aus Ihren experimentellen Ergebnissen zu gewinnen.



Datenunabhängige Workflows für eine gezielte Proteomik.

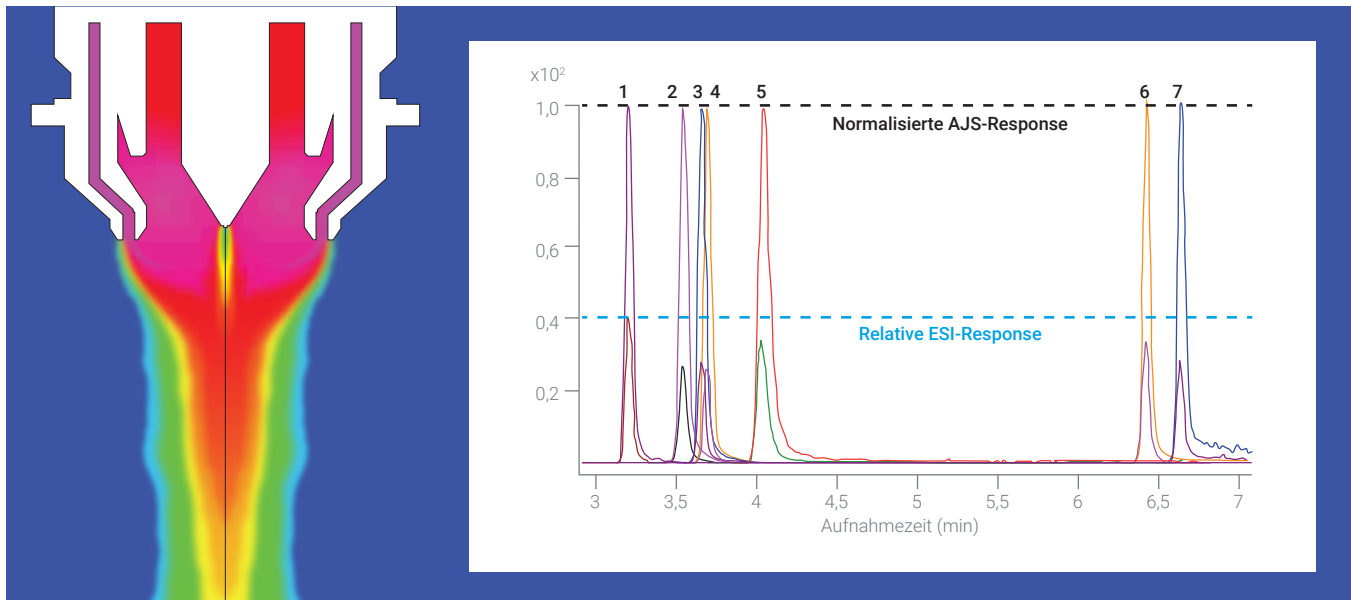
Jet Stream-Proteomik

Es ist nun möglich, UHPLC für die hochdurchsatzfähige, robuste und reproduzierbare LC/MS-Analyse komplexer Proteomikproben sowohl für Forschungs- als auch für gezielte Workflows einzusetzen. Im Mittelpunkt dieser Option steht die einzigartige Agilent Jet Stream-Quellentechologie.

Historisch gesehen hatten die Proteomik-Forscher Schwierigkeiten, niedrig konzentrierte Proteine mithilfe der konventionellen Flusschromatographie nachzuweisen. Aufgrund seiner erhöhten analytischen Empfindlichkeit hat sich LC/MS-Nanoflow durchgesetzt und wird routinemäßig eingesetzt; die erhöhte analytische Empfindlichkeit dieser Methode geht jedoch mit dem Nachteil einer geringeren Robustheit, Reproduzierbarkeit und Benutzerfreundlichkeit einher.

Mit der innovativen Agilent iFunnel-Technologie, zu der auch die Agilent Jet Stream-Ionenquelle gehört, können Sie mit konventioneller HPLC eine analytische Empfindlichkeit erreichen, die der Nanoflow-HPLC nahe kommt. Die Jet Stream-Proteomiklösung bietet höhere Geschwindigkeit, größere Robustheit und bessere Reproduzierbarkeit für die Proteomanalyse.

Wenn die Probenmenge kein Problem darstellt, bietet Jet Stream-Proteomik das Beste aus beiden Welten – analytische Empfindlichkeit und Datenqualität.



Agilent Jet Stream bietet eine 3-5-fache Erhöhung des Signals für Peptide im Vergleich zur Elektrospray-Ionisation.

Nanoflow-Proteomik

Wenn höchste analytische Empfindlichkeit erforderlich ist, liefert LC/MS-Nanoflow mit Säulen mit sehr geringem Durchmesser und Nano-Elektrospray (nanoES) die besten Ergebnisse. Agilent bietet eine flexible nanoESI-Quelle und ein Nanodaptor-Kit an, um die Nanoflow-Chromatographie mit einem Agilent 1290 Infinity II-System zu ermöglichen.

Agilent nanoESI

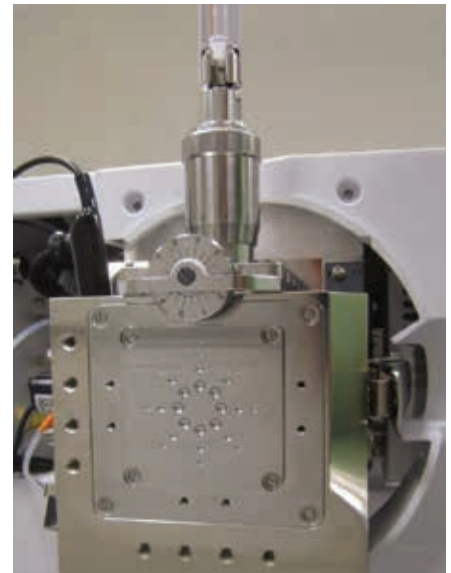
Die flexible, einfach zu konfigurierende Agilent G1992A nanoESI-Quelle wurde entwickelt, um erfahrenen Anwendern höchste Flexibilität zu bieten. Das Design ermöglicht den einfachen Anschluss von Säulen unterschiedlicher Längen und Innendurchmesser sowie mehrdimensionale chromatographische Konfigurationen, um eine optimale Leistung für eine große Bandbreite an Proben zu ermöglichen. Die enthaltene Quelle erhöht die Sicherheit und reduziert die Untergrundkontamination im analytischen Labor. Die Agilent nanoESI-Quelle kann für Offline- oder Online-NanoES verwendet werden und bietet einfache Verbindungen für Nanosäulen mit integrierten (gezogenen Spitzen) oder separaten Emittlern.

Infinity UHPLC-Nanodapter

Wenn die Probenmenge begrenzt ist, ist LC/MS-Nanoflow die bevorzugte Option. Der Agilent Infinity UHPLC-Nanodapter modifiziert eine 1290 Infinity II Hochgeschwindigkeitspumpe, um optimale Flussraten für LC Nanoflow-Trennungen zur Verfügung zu stellen. Die Kombination des Nanodapters mit einer 1290 Infinity II Hochgeschwindigkeitspumpe liefert präzise optimale Flussraten von 100 bis 900 nL/min für Trennungen mit Säulen mit Innendurchmessern von 75 bis 150 µm bei Drücken bis 1300 bar. Diese Lösung ist mit einer Vielzahl von nanoLC-Säulen kompatibel, die mit der Agilent nanoESI-Quelle gekoppelt sind, sodass Sie je nach Probenverfügbarkeit zwischen Standardfluss Agilent Jet Stream und LC/MS-Nanoflow wechseln können.

Agilent Nanoflow-Lösungen

Wenn höchste analytische Empfindlichkeit für probenbeschränkte Analysen erforderlich ist, bietet Agilent eine flexible Nanoflow-Lösung an:



Agilent nanoESI-Quelle

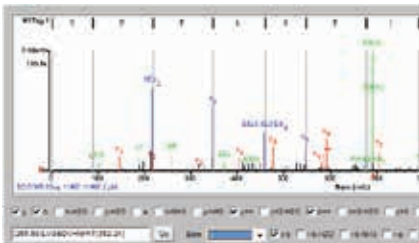


Agilent Infinity UHPLC-Nanodapter

Software-Tools, die Ihren Einblick maximieren

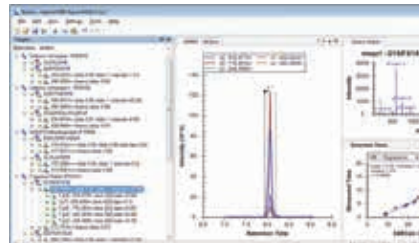
Agilent bietet ein umfassendes Portfolio an Software-Tools, die sowohl Forschungs- als auch gezielte Arbeitsabläufe im Bereich der Proteomik unterstützen.

Agilent Spectrum Mill



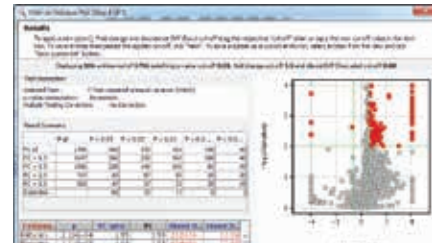
Schnelle Identifizierung von Proteinen und Peptiden durch schnelle Datenbankrecherchen mit automatischer oder manueller Bestätigung von Übereinstimmungen. Erweiterte Algorithmen minimieren fälschliche Übereinstimmungen und berechnen eine Falscherkennungsrate. Sie können auch benutzerdefinierte Bibliotheken für Skyline-Software (aus der MacCoss-Gruppe der University of Washington) für die gezielte Proteomik erstellen.

Skyline



Die speziell für Proteomik-Forscher entwickelte Skyline (von der MacCoss-Gruppe an der University of Washington) führt Sie vom Protein über Peptide zu Vorstufen und Produkten. Die enge Integration zwischen Agilent und Skyline ermöglicht eine nahtlose Benutzerfahrung. Skyline kann für die Q-TOF-Analyse im datenunabhängigen Erfassungsmodus für die gezielte Proteomik eingesetzt werden. Peptide werden durch das Mining aufgenommener MS/MS-Spektren gegen eine öffentliche oder kundenspezifische Peptid-MS/MS-Bibliothek identifiziert.

Agilent Mass Profiler Professional (MPP)



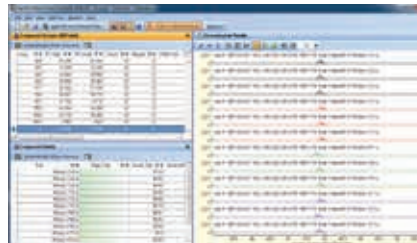
Als Mitglied der GeneSpring Suite, die speziell für MS-Daten entwickelt wurde, analysiert und vergleicht MPP effektiv Proteine oder Peptide aus mehreren Proben mit einfachen oder hochentwickelten Werkzeugen zur statistischen Analyse und Visualisierung. MPP ermöglicht eine integrierte Biologieanalyse, indem es Ergebnisse aus Genomik-, Transkriptomik-, Proteomik- und Metabolomik-Experimenten nahtlos kombiniert.

Agilent Pathway Architect



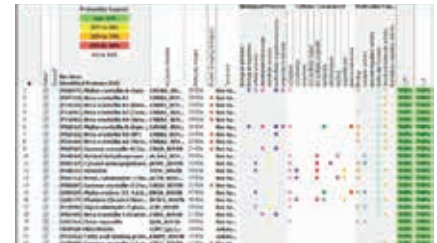
Das optionale MPP Pathway Architect-Modul bietet eine nahtlose Plattform, um tiefere Einblicke in die Daten zu gewinnen. Es erlaubt dem Anwender, die Ergebnisse aus einzelnen „Omik“- oder „Multi-Omik“-Experimenten den bekannten biologischen Signal- oder Stoffwechselwegen zuzuordnen und die Informationen über die jeweiligen Wege gleichzeitig zu analysieren, darzustellen und zu interpretieren. Dieser an Signal- und Stoffwechselwegen orientierte Arbeitsablauf beschleunigt den Weg von der Entdeckung und Erkenntnis bis zur Auswertung und ermöglicht eine effiziente Planung und Durchführung der nächsten Experimentserie.

Agilent Profinder



Extrahiert schnell Peptid- oder Proteinsignaturen aus markierungsfreien Nur-MS-Daten und ermöglicht die automatisierte Batch-Merkmalsextrahierung mit zwei Durchläufen aus großen komplexen Datensätzen. Profinder verwendet die Informationen aus einer großen Anzahl von Proben, um zuverlässige extrahierte Merkmale für hochwertige statistische Analysen zu erhalten. Die Ergebnisse der Profinder-Datenverarbeitung können einfach an die statistische Analysesoftware Agilent Mass Profiler Professional übertragen werden.

Scaffold



Verwendet Ausgabedateien von einer oder mehreren MS/MS-Protein-Suchmaschinen (einschließlich Spectrum Mill), um Suchergebnisse der Massenspektrometrie auszuwerten, zu organisieren und zu interpretieren. Die Scaffold-Software (von Proteome Software) ermöglicht es Ihnen, große Datenmengen einfacher zu handhaben und Proben oder Ergebnisse aus mehreren Suchmaschinen zu vergleichen.

LC/MS-Geräte und -Tools für die Proteomik

Chromatographische Trennung

Agilent 1290 Infinity II-System

Bietet die branchenweit beste chromatographische Leistung und Flexibilität. Das 1290 nutzt die Vorteile des modernen Sub-2- μm -Packungsmaterials und ermöglicht eine hervorragende chromatographische Trennung komplexer Proteinproben. Zusammen mit der Agilent Jet Stream-Technologie liefert es schnelle, reproduzierbare und empfindliche Proteinergebnisse.

Agilent Infinity UHPLC-Nanodapter

Die Umstellung zwischen Standardfluss und LC-Nanoflow war noch nie so einfach. Die Verwendung des Agilent Infinity UHPLC-Nanoadapters zur Modifikation einer Agilent 1290 Infinity II Hochgeschwindigkeitspumpe zur präzisen Bereitstellung von Flussraten von 100 bis 900 nl/min bietet eine robuste und einfach zu bedienende LC/MS-Nanoflow-Lösung für die Proteomik.

Probenvorbereitung

Agilent AssayMAP Bravo Plattform

Automatisiert die Arbeitsabläufe von Protein-/Peptid-Aufreinigung, Proteinverdau und Affinitätsreinigung. Sie ist auf Benutzerfreundlichkeit ausgelegt und erhöht systematisch die Reproduzierbarkeit und den Durchsatz.

Agilent Multiple Affinity Removal System

Entwickelt, um bis zu 99 % der Top 1–14 hoch abundanten Proteine effektiv aus humanen oder Mausserumproben zu entfernen. Es ist in wiederverwendbaren HPLC- und Spin-Filter-Formaten erhältlich.



Agilent 1290 Infinity II LC-System



Agilent AssayMAP Bravo Plattform

LC/MS-Analyse

Agilent Triple Quadrupol LC/MS der Serie 6400

Die bewährte Wahl für quantitative Anwendungen, die eine überlegene analytische Empfindlichkeit, Zuverlässigkeit und allgemeine Robustheit des Systems erfordern. Der 6495 mit iFunnel-Technologie mit der Agilent Jet Stream-Quelle erhöht die Ionenerfassung drastisch, was zu niedrigeren Nachweisgrenzen führt. Wenn die Probenmenge keinen limitierenden Faktor darstellt, bietet die Jet Stream-Proteomik die beste Kombination aus analytischer Empfindlichkeit, Reproduzierbarkeit und Durchsatz für die Quantifizierung von Peptiden.

Agilent Q-TOF LC/MS der Serie 6500

Eine vielseitige Wahl für die qualitative oder quantitative Proteomik. Diese Geräte liefern exakte Massenbestimmungen mit einem breiten linearen dynamischen Bereich und ermöglichen die gleichzeitige Detektion von hoch oder niedrig konzentrierten Peptiden in komplexen Mischungen. Mit der Agilent iFunnel-Technologie bietet der 6550 Q-TOF die niedrigsten Nachweisgrenzen aller LC/MS/MS-Geräte für exakte Massenbestimmungen.



Agilent Triple Quadrupol LC/MS der Serie 6400

Ionenquellen für die Proteomik

Agilent Jet Stream-Technologie

Verwendet die Thermal Gradient Focusing-Technologie mit überhitztem Stickstoff-Sheathgas für ein stärkeres Peptidsignal bei reduziertem Rauschen. Die Agilent Jet Stream-Technologie ist für die Standardfluss-UHPLC-Trennung ausgelegt und verbessert die Peptidempfindlichkeit um das 3-5-Fache im Vergleich zu herkömmlichen ESI-Quellen.

Agilent nanoESI-Quelle

Eine Nanoflow-ESI-Quelle, die erfahrenen Anwendern maximale Flexibilität bietet. Das Design ermöglicht den einfachen Anschluss von Säulen unterschiedlicher Längen und Innendurchmesser und ermöglicht so eine optimale Leistung für eine Vielzahl von Proteomikproben.



Agilent Quadrupol Time-of-Flight LC/MS der Serie 6500

LC/MS-Standards

MRM-Kits

Diese von MRM Proteomics entwickelten und von den Cambridge Isotope Laboratories erhältlichen Kits wurden entwickelt, um die Geräteleistung für die quantitative Plasmaproteomik zu bewerten. Kits enthalten tryptisch verdaute Plasmaproben, die mit isotopenmarkierten Standardpeptiden in bekannten Konzentrationen versehen sind; verwenden Sie sie zur Standardisierung des Arbeitsablaufs für die Probenvorbereitung oder zur Bewertung der täglichen Geräteleistung, um sicherzustellen, dass Sie über mehrtägige Experimente hinweg konsistente Ergebnisse erzielen. PeptiQuant-Kits sind auch für die Quantifizierung großer Proteinpanels in experimentellen Proben zur Identifizierung und Bewertung von Biomarkern erhältlich.

Agilent Complex Proteomik-Standard-Kit

Dieses Kit enthält einen Extrakt aus Proteinen von Pfu (*Pyrococcus furiosus*). Der Standard wird für massenspektrometrie-basierte Proteomik-Anwendungen verwendet, um die Arbeitsablauf-Leistung zu benchmarken oder zu bewerten und den Vergleich von experiment-, geräte- oder laborübergreifenden Daten zu erleichtern.

Mehr Infos:

www.agilent.com/chem/proteomics

Online-Store:

www.agilent.com/chem/store

Hier finden Sie ein Agilent Kundeninformationszentrum
in Ihrem Land:

www.agilent.com/chem/contactus

Deutschland

0800-603 1000

CustomerCare_Germany@agilent.com

Europa

info_agilent@agilent.com

Asien und Pazifik

inquiry_lsca@agilent.com

Ausschließlich zu Forschungszwecken.
Nicht für Diagnoseverfahren geeignet.
Änderungen vorbehalten.

© Agilent Technologies, Inc. 2019
Veröffentlicht in den USA, 1. Oktober 2019
5991-5249DEE

