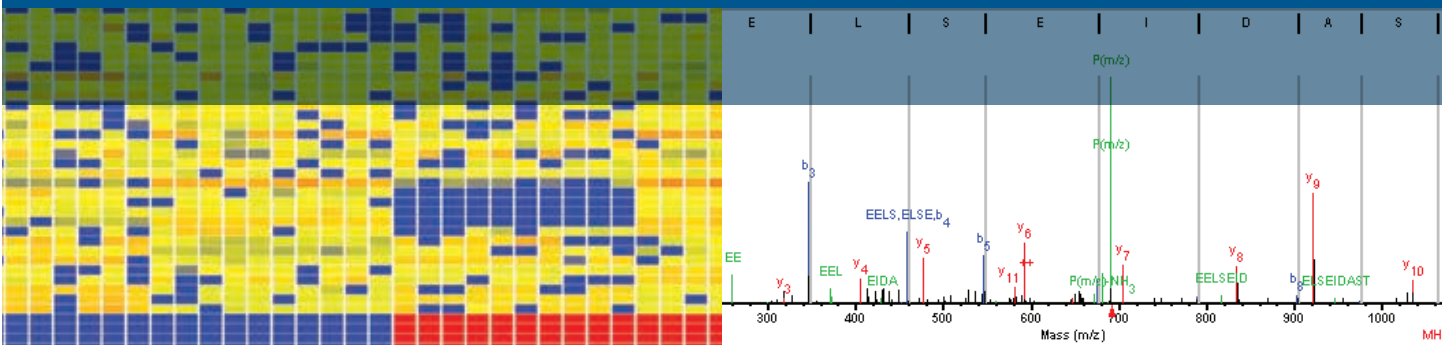


Migliora la tua ricerca nel campo del proteoma

Proteomica Agilent



Soluzioni di proteomica per la tua applicazione

La proteomica è uno strumento chiave applicabile a quesiti biologici in un'ampia gamma di discipline e aree di studio. Qualsiasi sia il settore in cui le proteine rivestano un determinato ruolo, la proteomica fornisce quelle conoscenze che spesso non possono essere acquisite in altro modo.



Ricerca di base e clinica

Identifica e verifica marker biologici delle proteine/dei peptidi che forniscono informazioni fondamentali sulla biologia.

Agricoltura e ottimizzazione delle colture

Identifica e comprendi i pathway proteici per ottimizzare lo sviluppo delle colture, aumentare la resa e migliorare la resistenza ai pesticidi/agli erbicidi.

Analisi di alimenti

Identifica le proteine che sono correlate ai principali tratti quali qualità alimentare, autenticità, immunogenicità, gusto e valore nutrizionale.

Sviluppo farmaceutico

Identifica le proteine come marcatori di tossicità indotta da farmaci durante lo sviluppo e la ricerca degli stessi.

Biocombustibili e biologia di sintesi

Verifica la sintesi proteica al fine di massimizzare i risultati del prodotto finale desiderato.

Strumenti essenziali per la proteomica di ricerca e mirata

Il campo della proteomica si è sviluppato per abbracciare ogni aspetto della ricerca delle proteine, dall'identificazione alla caratterizzazione di modificazioni post-traduzionali, alla scoperta e quantificazione dei marker biologici. Poiché l'analisi proteomica presenta numerose criticità, le tue esigenze di ricerca devono essere soddisfatte da flussi di lavoro completi, ottimizzati e pratici per garantire risultati accurati e riproducibili.

È possibile classificare gli studi sulla proteomica come segue:

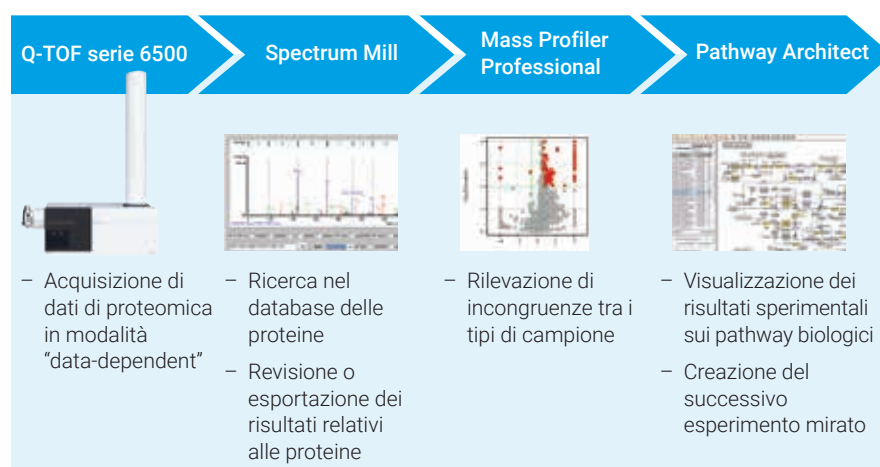
Proteomica di ricerca

Identificazione di proteine senza alcuna conoscenza preventiva di quali proteine possano essere presenti. A tale scopo è necessario cercare gli spettri MS/MS in un database di proteine. La proteomica di ricerca può inoltre essere impiegata per rilevare eventuali incongruenze tra i vari tipi di campione, ovvero differenza tra campioni trattati e non trattati.

Proteomica mirata

Conferma di proteine in base a conoscenze pregresse quali letteratura, studi sulla genomica o analisi delle vie metaboliche. La proteomica mirata può inoltre prevedere una quantificazione accurata delle proteine di interesse.

Agilent fornisce gli strumenti necessari per la ricerca nel campo del proteoma mirata e non mirata, con un portfolio di prodotti in grado di supportare la HPLC a nanoflussi e a flussi standard e spettrometri di massa che consentono una identificazione e quantificazione accurata delle proteine.



Proteomica di ricerca



La proteomica mirata utilizza le indicazioni concernenti il percorso per fornire informazioni sull'esperimento successivo

Proteomica di ricerca

L'abbondanza di proteine in un campione di interesse può variare di vari ordini di grandezza e spesso le proteine più interessanti sono presenti a concentrazioni molto basse. La proteomica di ricerca richiede dei requisiti particolarmente severi in termini di separazione, sensibilità analitica e informatica.

I campioni proteici vengono solitamente analizzati da LC-MS/MS in modalità data-dependent, pertanto un algoritmo data-dependent ben progettato (DDE) rappresenta una caratteristica essenziale dello strumento MS. Se eseguito correttamente, tale approccio offre spettri MS/MS peptidici di alta qualità portando all'identificazione di più peptidi e alla definizione di un quadro più completo delle proteine presenti nel campione.

L'efficacia del DDE dipende dall'algoritmo di selezione degli ioni per scegliere gli ioni precursori, che probabilmente saranno dei peptidi, ed ottenere spettri MS/MS di alta qualità. Nel grafico sottostante sono riportate le problematiche riguardo l'effettiva selezione degli ioni dei peptidi.

Il sistema Agilent 6550 iFunnel Q-TOF LC/MS incrementa notevolmente la sensibilità analitica, migliorando la rivelazione di peptidi a bassa concentrazione.

Comprende inoltre un algoritmo DDE avanzato che incorpora tutti gli elementi per la selezione degli ioni, assicurando un'identificazione delle proteine più affidabile. Per un'analisi più completa, la modalità di acquisizione MS/MS iterativa completamente automatizzata esegue iniezioni sequenziali con esclusione automatica di precursori precedentemente selezionati.

La capacità di un HPLC di separare i peptidi può produrre effetti significativi sui risultati della proteomica di ricerca. Una migliore separazione permette di ottenere picchi più definiti semplificando il compito del DDE e comportando un'individuazione più chiara delle proteine.



Logica data-dependent utilizzata per massimizzare l'identificazione delle proteine.

Proteomica mirata

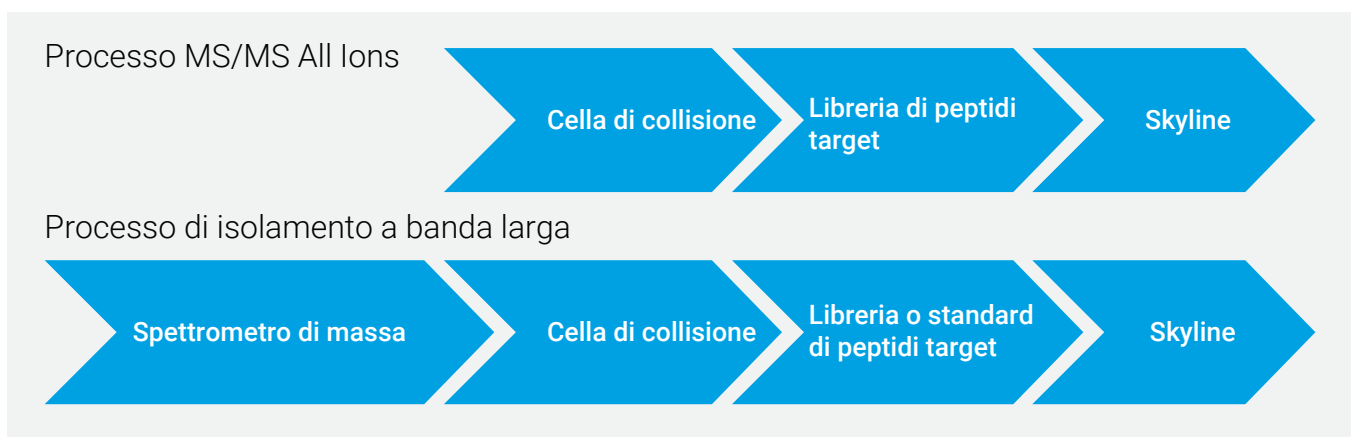
La proteomica mirata differisce dalla proteomica di ricerca in quanto esegue lo screening dei peptidi nelle proteine che dovrebbero essere presenti in base a delle conoscenze pregresse, quali letteratura, studi sulla genomica o analisi delle vie metaboliche.

Gli strumenti in massa accurata a quadrupolo tempo di volo (Q-TOF) sono i mezzi da scegliere per eseguire lo screening di un gran numero di proteine contemporaneamente. La proteomica mirata Q-TOF acquisisce gli spettri MS/MS di peptidi in modalità di acquisizione data-independent (DIA). I peptidi di specifiche proteine di interesse vengono identificati attraverso uno screening degli spettri MS/MS di peptidi acquisiti rispetto ad una libreria MS/MS.

Le analisi data-independent possono essere eseguite in modalità MS/MS All Ions o l'isolamento a banda larga. MS/MS All Ions non utilizza l'isolamento del quadrupolo e frammenta gli ioni nella cella di collisione con due o più energie di collisione. L'isolamento a banda larga riduce la complessità dei dati isolando e frammentando una serie di intervalli di massa ristretti (~10 Da). Tali approcci di analisi data-independent sono possibili grazie alle misure in elevata accuratezza di massa dell'Agilent 6550 iFunnel Q-TOF LC/MS. Gli spettri MS/MS e MS di peptidi in massa accurata riducono drasticamente eventuali corrispondenze errate durante lo screening con una libreria spettrale di peptidi.

L'altro approccio di cui si serve la proteomica mirata è l'analisi quantitativa di proteine note. Il Q-TOF è uno strumento piuttosto flessibile e versatile che può essere utilizzato anche per la proteomica quantitativa. La maggior parte degli scienziati, tuttavia, utilizza la spettrometria di massa a triplo quadrupolo per analisi quantitative di routine data la sensibilità analitica superiore e il range dinamico che la caratterizza.

Indipendentemente dall'approccio che si desidera adottare, i dati rappresentano soltanto l'inizio: un sofisticato software di analisi è fondamentale per ricavare quante più informazioni possibili sui risultati sperimentali.



Flussi di lavoro indipendenti dai dati per la proteomica mirata.

Proteomica Jet Stream

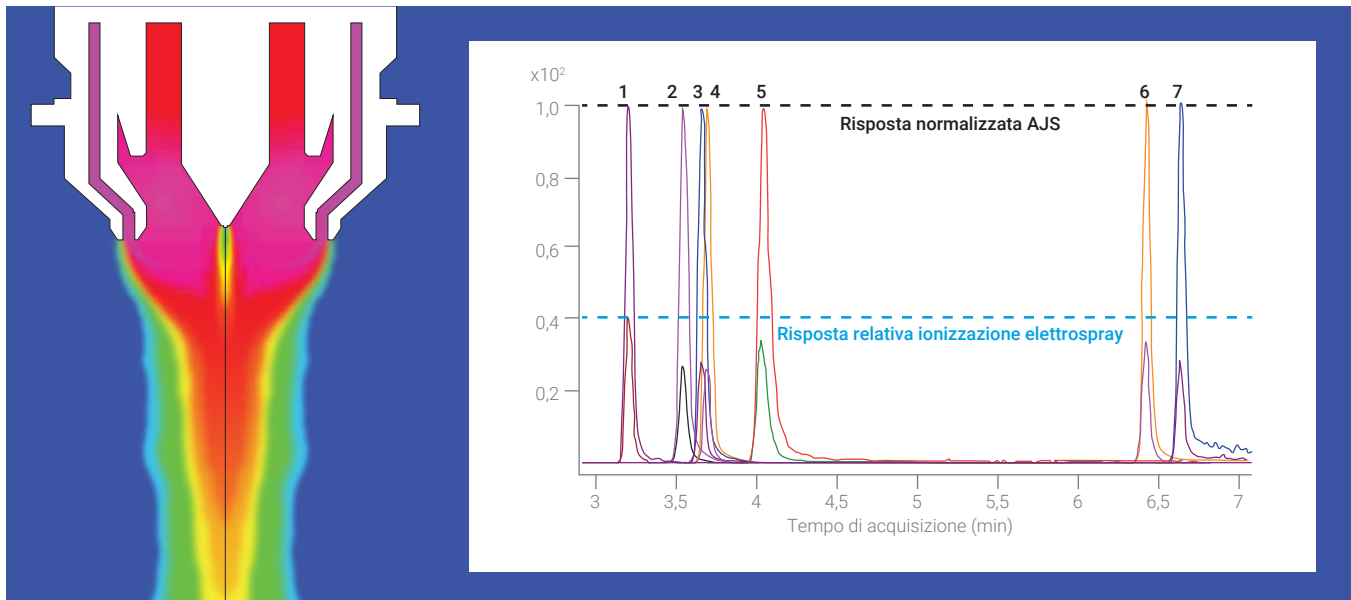
Ora è possibile utilizzare UHPLC per analisi LC/MS ad alta produttività, solide e riproducibili di campioni complessi di proteomica sia per flussi di lavoro mirati che di ricerca. L'esclusiva tecnologia della sorgente Agilent Jet Stream è al centro di questa opzione.

Storicamente i ricercatori del settore della proteomica hanno incontrato delle difficoltà nel rilevare proteine a bassi livelli utilizzando la cromatografia tradizionale a flusso. Grazie all'avanzata sensibilità analitica, la nano LC/MS è stata ampiamente accettata e viene impiegata regolarmente; tuttavia la maggiore sensibilità analitica di tale metodo comporta costi in termini di robustezza, riproducibilità e facilità d'uso ridotte.

Con l'innovativa tecnologia iFunnel, che comprende la sorgente ionica Agilent Jet Stream, è possibile ottenere una sensibilità analitica simile alla cromatografia liquida ad alte prestazioni nano LC utilizzando l'HPLC a flusso standard.

La soluzione in proteomica Jet Stream offre velocità e robustezza maggiori nonché una migliore riproducibilità per l'analisi proteomica.

Quando la quantità di campione non rappresenta un problema, la proteomica Jet Stream offre il meglio in ogni ambito: sensibilità analitica e qualità dei dati.



Agilent Jet Stream aumenta di 3-5 volte il segnale per i peptidi rispetto all'elettrospray.

Proteomica nano LC

Laddove venga richiesta la massima sensibilità analitica, la cromatografia liquida/spettrometria di massa nano LC fornisce i risultati migliori utilizzando delle colonne con un diametro più piccolo e il nanoelettrospray (nanoES). Agilent offre una sorgente nanoESI flessibile e un kit di nano-adattatori per garantire una cromatografia nano LC servendosi di un sistema Agilent 1290 Infinity II.

Agilent nanoESI

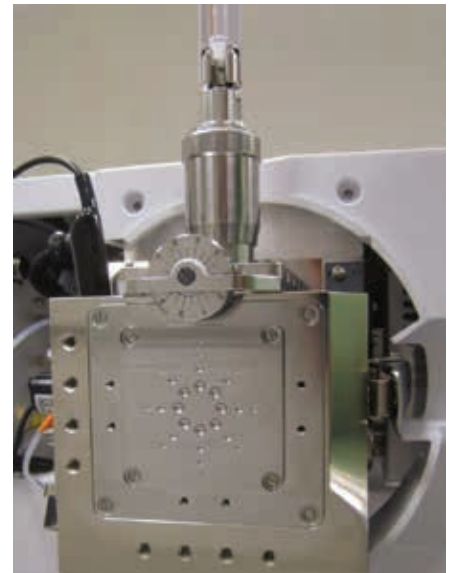
La sorgente Agilent G1992A nanoESI flessibile e facile da configurare è progettata per offrire, agli utilizzatori esperti, la massima flessibilità. Il design può ospitare facilmente colonne di diverse lunghezze e diametri interni, nonché configurazioni cromatografiche multidimensionali in grado di favorire prestazioni ottimali per un'ampia varietà di campioni. La sorgente inclusa migliora la sicurezza e riduce la contaminazione all'interno del laboratorio analitico. La sorgente nanoESI Agilent può essere utilizzata per nanoES, sia offline che online, e assicura un facile accesso alle colonne per nanoflussi con emettitori integrati (puntali rimossi) o separati.

Infinity UHPLC Nanodapter

Nel caso in cui la quantità di campione fosse limitata, la cromatografia liquida/spettrometria di massa nano LC risulta essere l'opzione preferita. L'Agilent Infinity UHPLC Nanodapter converte una pompa High Speed 1290 Infinity II al fine di fornire un flusso ottimizzato per la separazione nano LC. La combinazione tra il nanodapter e la pompa High Speed 1290 Infinity II permette di erogare in modo preciso un flusso ottimale da 100 a 900 nL/min per le separazioni, utilizzando colonne con un diametro interno da 75 a 150 μm a pressioni fino a 1.300 bar. Questa soluzione è compatibile con una vasta gamma di colonne nano LC abbinata alla sorgente Agilent nanoESI e offre la flessibilità necessaria per passare da un flusso standard Agilent Jet Stream ad una cromatografia liquida/spettrometria di massa nano LC in base al campione disponibile.

Soluzioni di nanoflusso Agilent

Nel momento in cui si richiede la massima sensibilità analitica per analisi limitate al campione, Agilent offre una soluzione di nanoflusso flessibile:



Sorgente Agilent nanoESI

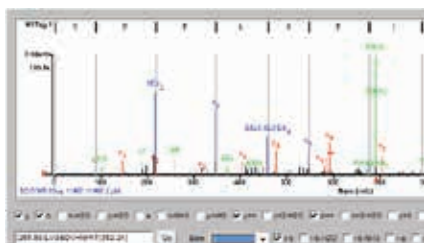


Agilent Infinity UHPLC Nanodapter

Strumenti software che massimizzano i tuoi risultati operativi

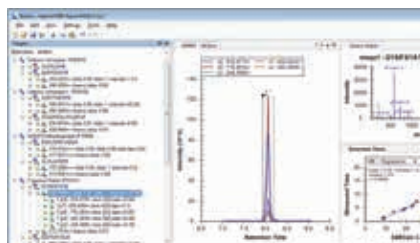
Agilent offre una gamma completa di strumenti software che supportano sia i flussi di lavoro di proteomica mirata che quelli di ricerca.

Agilent Spectrum Mill



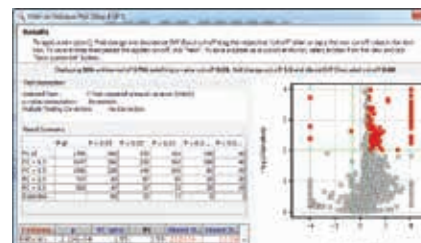
Identifica rapidamente proteine e peptidi attraverso rapide ricerche nel database con conferma automatica o manuale della corrispondenza. Gli algoritmi avanzati riducono al minimo le corrispondenze errate e calcolano il tasso di false identificazioni. È possibile inoltre creare delle librerie personalizzate per il software Skyline (del MacCoss Group dell'Università di Washington) destinato alla proteomica mirata.

Skyline



Progettato appositamente per i ricercatori del settore della proteomica, l'interfaccia Skyline (del MacCoss Group dell'Università di Washington) ti porta dalla proteina ai peptidi, fino ai precursori e agli ioni prodotto. Una solida integrazione tra Agilent e Skyline offre all'utente prestazioni senza eguali. Skyline può essere utilizzato per l'analisi Q-TOF in modalità di acquisizione data-independent per la proteomica mirata. I peptidi vengono identificati estraendo gli spettri MS/MS acquisiti rispetto ad una libreria MS/MS di peptidi pubblica o personalizzata.

Agilent Mass Profiler Professional (MPP)



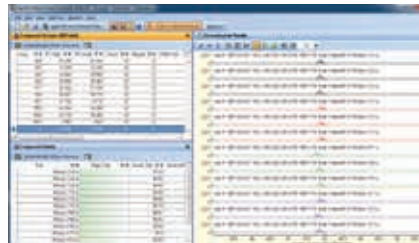
MPP, un membro del GeneSpring Suite realizzato specificatamente per dati MS, analizza e confronta in modo efficace proteine o peptidi da diversi campioni con analisi statistiche semplici o avanzate e strumenti di visualizzazione. L'MPP facilita l'analisi in biologia integrata combinando in modo uniforme i risultati di esperimenti di genomica, trascrittomica, proteomica e metabolomica.

Agilent Pathway Architect



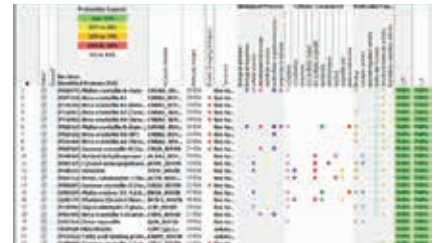
Il modulo opzionale MPP Pathway Architect offre una piattaforma continua per ottenere informazioni più approfondite sui dati. Permette di utilizzare i risultati di esperimenti singoli o multi-omici mappandoli sui pathway biologici per la loro visualizzazione ed interpretazione. Questo flusso di lavoro incentrato sui pathway accelera il lavoro che porta dalla scoperta e dall'approfondimento alla valutazione, consentendo di pianificare e svolgere con efficienza la serie successiva di esperimenti.

Agilent Profinder



Estrae rapidamente le tracce dei peptidi o delle proteine da dati MS senza etichetta e consente, in due passaggi, l'estrazione automatica di caratteristiche in lotti da grandi insiemi di dati complessi. Profinder utilizza le informazioni ottenute da un ampio lotto di campioni al fine di ottenere caratteristiche estratte affidabili per analisi statistiche di alta qualità. I risultati dell'elaborazione dei dati di Profinder possono essere facilmente trasferiti al software di analisi statistiche, Agilent Mass Profiler Professional.

Scaffold



Utilizza i file di output di uno o più motori di ricerca delle proteine MS/MS (incluso Spectrum Mill) per valutare, organizzare e interpretare i risultati della ricerca in spettrometria di massa. Il software Scaffold (del software Proteome) consente di gestire in modo più semplice grandi quantità di dati e confrontare campioni o risultati di più motori di ricerca.

Strumenti per cromatografia liquida/spettrometria di massa e proteomica

Separazione cromatografica

Sistema Agilent 1290 Infinity II

Offre le migliori prestazioni e flessibilità cromatografiche del settore. Il sistema 1290 consente un'eccezionale separazione cromatografica di campioni proteici complessi sfruttando appieno il moderno materiale di impaccamento inferiore ai 2 µm. Insieme alla tecnologia Agilent Jet Stream, offre risultati proteici rapidi, riproducibili e sensibili.

Agilent Infinity UHPLC Nanodapter

Passare da un flusso standard ad un nano LC non è mai stato così facile. L'impiego del nanodapter Agilent Infinity UHPLC consente di modificare una pompa High Speed 1290 Infinity II al fine di erogare con precisione flussi da 100 a 900 nL/min, offrendo in tal modo una soluzione di cromatografia liquida/spettrometria di massa nano LC per la proteomica efficiente e facile da usare.

Preparazione del campione

Agilent AssayMAP Bravo Platform

Automatizza i flussi di lavoro relativi alla purificazione di proteine/peptidi, alla digestione di proteine e alla purificazione per affinità. È progettato per garantire la facilità d'uso aumentando sistematicamente la riproducibilità e la produttività.

Sistema Agilent Multiple Removal Affinity

Progettato per rimuovere efficacemente fino al 99% delle prime 14 proteine in eccesso dai campioni di siero umano o di topo. È disponibile in formati riutilizzabili HPLC e filtro rotativo.



Sistema LC Agilent 1290 Infinity II



Agilent AssayMAP Bravo Platform

Analisi LC/MS

LC/MS Agilent serie 6400 a triplo quadrupolo

Sistema di prima scelta per applicazioni quantitative che richiedono maggiore sensibilità analitica, affidabilità e robustezza complessiva. Il sistema 6495 con tecnologia iFunnel che incorpora la sorgente Agilent Jet Stream aumenta notevolmente il campionamento degli ioni, con conseguente riduzione dei limiti di rilevabilità. Se la quantità di campione non è limitante, Jet Stream Proteomics offre la migliore combinazione di sensibilità analitica, riproducibilità e capacità di elaborazione per la quantificazione dei peptidi.

Sistema Accurate-Mass Q-TOF serie 6500 Agilent a quadrupolo tempo di volo LC/MS

Una scelta versatile per la proteomica qualitativa o quantitativa. Questi strumenti forniscono misure accurate della massa con un ampio range dinamico lineare, consentendo la rivelazione simultanea di peptidi sia di alto che di basso livello di concentrazione in miscele complesse. Con tecnologia iFunnel, l'Agilent 6550 iFunnel Q-TOF LC/MS offre i più bassi limiti di rilevazione di qualsiasi strumento di massa accurata LC/MS/MS.



LC/MS Agilent serie 6400 a triplo quadrupolo

Sorgenti ioniche per la proteomica

Tecnologia Jet Stream

Utilizza la tecnologia di focalizzazione a gradiente termico con sheath gas (azoto) surriscaldato per un maggiore segnale dei peptidi con minore rumorosità. La tecnologia Jet Stream è progettata per una separazione UHPLC a flusso standard e migliora la sensibilità dei peptidi di 3-5 volte rispetto alle sorgenti ESI convenzionali.

Sorgente Agilent nanoESI

Una sorgente nano LC ESI che fornisce agli utenti esperti la massima flessibilità. Il design può ospitare facilmente colonne di diverse lunghezze e diametri interni, favorendo prestazioni ottimali per un'ampia gamma di campioni di proteomica.



Serie Agilent 6500 a quadrupolo tempo di volo LC/MS

Standard di cromatografia liquida/spettrometria di massa

Kit di monitoraggio di reazioni multiple

Sviluppati da MRM Proteomics e disponibili presso la Cambridge Isotope Laboratories, questi kit sono progettati per valutare le prestazioni dello strumento per la proteomica plasmatica quantitativa. I kit contengono campioni di digerito triptico di plasma con aggiunta di peptidi standard marcati con isotopi a concentrazioni note; vengono usati per standardizzare il flusso di lavoro nella preparazione dei campioni o per valutare periodicamente le prestazioni dello strumento in modo da garantire risultati coerenti attraverso esperimenti di più giorni. Sono inoltre disponibili kit PeptiQuant per la quantificazione di grandi pannelli di proteine in campioni sperimentali per la scoperta e la valutazione di marker biologici.

Kit standard Agilent Complex Proteomics

Questo kit fornisce un estratto di proteine di Pfu (*Pyrococcus furiosus*). La versione standard è utilizzata per le applicazioni di proteomica basate sulla spettrometria di massa per eseguire confronti con un riferimento o valutare le prestazioni del flusso di lavoro e facilitare il confronto di dati tra esperimenti incrociati, strumenti incrociati o tra laboratori.

Maggiori informazioni:

www.agilent.com/chem/proteomics

Per acquistare online:

www.agilent.com/chem/store

Trova un centro assistenza clienti Agilent locale
nel tuo paese:

www.agilent.com/chem/contactus

Italia

numero verde 800 012 575

customercare_italy@agilent.com

Europa

info_agilent@agilent.com

Asia Pacifico

inquiry_lsca@agilent.com

Solo per scopi di ricerca. Non utilizzabile per procedure diagnostiche.
Le informazioni fornite possono variare senza preavviso.

© Agilent Technologies, Inc. 2019
Pubblicato negli USA, 1 ottobre 2019
5991-5249ITE

