

AGILENT BRAVO 成功案例

高效处理更多的样品

BRAVO 平台帮助转录组实验室
满足不断增长的需求



Yannick Lippi

业务经理

GeT-TRiX 转录组研究机构

法国图卢兹国家农业研究院

当科学家试图获得答案时，他们会对细节深入探究。以生物学家为例，他们深入基本生命构成要素并对其进行研究，比如转录组，即在某给定时刻研究对象表达的基因列表。

转录组学（也称为表达谱分析）非常有用。例如，它能够告诉研究人员某种条件或处理手段是否触发了研究对象免疫系统的响应。

这就是科学家们将血液和组织样品带到法国图卢兹 GeT-TRiX 机构的众多原因之一。他们希望看到基因列表；他们希望了解是哪些基因被开启或关闭；他们希望了解在研究对象中发挥作用的生物学过程。

找到答案

GeT-TRiX 是法国声誉颇高的国家农业研究院的转录组研究机构，可为学术研究人员和私立实验室处理样品并提供详细分析。此机构隶属于 TOXALIM 食品毒理学研究中心，该中心致力于研究农业投入化学品、真菌毒素、包装材料和其他食品污染物等毒性化合物对人体和动物健康的长期影响。

“需求正在高速增长。”该机构的业务经理 Yannick Lippi 说，“在机构开始运行的第一年 2011 年，我们分析了不到 100 个样品。现在我们一年能够分析大约 1500 个样品。”



Agilent Technologies

AGILENT BRAVO 成功案例

“Bravo 对我们来说是一个很好的平台，它非常快速、精确并且稳定耐用。它不仅能提高分析通量，同时还可确保结果的重现性。”

YANNICK LIPPI



他说，从调查食品污染物的影响到肥胖对动物或人类健康的影响，项目涵盖的领域多种多样。

“我们需要回答的问题取决于样品和生物组。” Yannick 说，“比如，有人会带来健康个体和糖尿病个体的肝脏样品，他们想要了解两种样品间受到调控的基因是什么，以及在病理过程或疾病治疗中都涉及到哪些生物学功能。转录组学还可以鉴定与病理学有关的潜在生物标记物，随后即可将这些生物标记物用于诊断研究。”

提高分析效率

在 GeT-TRI-X，Yannick 与他的同事采用 384 孔板 qPCR 以及安捷伦基因表达微阵列芯片处理样品，他们还通过添加安捷伦的 Bravo 自动化液体处理平台提高了分析效率。

“我们有许多项目需要处理大量样品，过去甚至一度无法跟上需求的增长脚步，但是由于这个解决方案的推出，我们的分析通量得到了大大的提高。” Yannick 说，“在使用 Bravo 之前，我们的手动操作最多可以平行处理 48 个样品。现在我们可以在更短的时间内对 96 个样品进行平行分析。”

这样不仅能够增加分析通量，还可以减少操作误差和技术上的变异性。

Yannick 注意到，他可以在 RNA 样品标记、纯化和 cRNA 裂解过程中利用 Bravo 平台自动运行其中的关键步骤。而且，他还利用 R 脚本和 Bioconductor 程序包开发出了一套用于安捷伦微阵列数据分析的生物信息学/生物统计学流程。

“我们已经对通过该流程得出的数据进行了检验，它可以与现有微阵列流程产生的数据以及 RNA 测序数据相媲美。” Yannick 说。

这个新流程能够在一周内处理多达 384 个样品，意味着实验室能够响应更多研究人员的需求，并在时间紧迫时向他们提供准确的分析数据。

“Bravo 对我们来说是一个很好的平台，它非常快速、精确并且稳定耐用。” Yannick 说，“它不仅能提高分析通量，同时还可确保结果的重现性。”

如需了解更多有关安捷伦 Bravo 平台以及其他研究人员如何使用这一平台的信息，请访问 www.agilent.com/lifesciences/Bravo

仅限研究使用。
不可用于诊断。
本文中的信息、说明和性能指标如有变更，恕不另行通知。

© 安捷伦科技（中国）有限公司，2014
2014 年 10 月 15 日，中国出版
5991-5251CHCN



Agilent Technologies