

研究引文集

安捷伦自动化电泳仪器用于传染病研究的精选出版物



传染病研究的客观样品质量控制

传染病由包括细菌、病毒、真菌和寄生虫在内的许多不同的生物体引起，它们可穿透身体的天然屏障导致一系列症状，轻至无法检测，重则致命。其传播特性与其生物体本身一样多种多样。有些传染病可在人与人之间传播，其他传染病则通过昆虫或动物传播。细菌和寄生虫之类的病原体可通过进食受污染的食物或水传播。有时，由于对抗生素和治疗产生耐药性或出现新变种，传染病可能成为全球威胁，需要在全球范围内进行监测和应对。疫情，特别是动物养殖业和渔业中的疫情，可能导致大量的死亡，对企业造成毁灭性经济损失。持续的微生物疾病研究对于传染病预防、检测、控制传播和治疗十分必要。

自动化电泳是分析微生物、真菌和病毒核酸的强大工具。安捷伦片段分析仪、Agilent TapeStation 和安捷伦生物分析仪系统提供了一种快速有效的样品质量控制方法，可作为基因组分析应用（如二代测序 (NGS) 或新方法开发）工作流程的一部分。此外，它们还可以为各种片段分析应用提供可靠的分子量测定，实现目标生物标志物的直接识别。生物分析仪、片段分析仪和 TapeStation 是 RNA 分析最常用的仪器。

本文集提供了九篇同行评审出版物的摘要，以说明安捷伦自动化电泳系统用于分析不同传染病的众多方法。这些电泳仪器通过分析 RNA 和 DNA，检测了新基因变异扩增子分子量差异和原核 RNA、通过 RNA 降解梳理激活的细胞宿主通路、通过酶消化谱图检测细菌、实现新检测方法开发和细菌诱导的 RNA 切割检测。查看研究人员如何使用安捷伦电泳仪器了解有关 SARS-CoV-2、人乳头瘤病毒、铜绿假单胞菌、鲑鱼立克次氏体、牡蛎疱疹病毒 1 型、舒尼病毒、马立克病毒属和流产嗜衣原体的更多信息。

目录

人类 RNA 病毒	在乌拉圭 COVID-19 疫情中发现的 SARS-CoV-2 ORF7 缺失	4
	早期核酸内切酶介导的 RNA 传感逃逸确保有效的冠状病毒复制	5
人类 DNA 病毒	HPV 插入模式作为个体化肿瘤标志物用于优化 HPV 相关癌症患者的肿瘤诊断和随访：病例报告	6
人类和动物革兰氏阴性菌	铜绿假单胞菌切割秀丽隐杆线虫核糖体的解码中心	7
贝类 DNA 病毒	一种基于单管 HNB 的环介导等温扩增用于牡蛎疱疹病毒 1 型的可靠检测	8
家畜 DNA 病毒	舒尼病毒，一种具有人畜共患潜力的新型正布尼亚病毒属病毒的反向遗传系统	9
家禽 DNA 病毒	接种马立克氏病病毒疫苗的受保护鸡与荷淋巴瘤鸡的血清外泌体的转录组和蛋白质组的比较	10
绵羊革兰氏阴性菌	衣原体发育周期中流产嗜衣原体多形外膜蛋白体外表达模式的转录分析	11
鱼类革兰氏阴性菌	通过 16S rDNA PCR-RFLP 进行用于特异性检测鲑鱼立克次氏体的基于基因组的限制性内切酶选择	12

在乌拉圭 COVID-19 疫情中发现的 SARS-CoV-2 ORF7 缺失

Transbound. Emerg. Dis., 2021, 10, 1-8

作者

Y. Panzera, N. Ramos, S. Frabasile, L. Calleros, A. Marandino, G. Tomás, C. Techera, S. Grecco, E. Fuques, N. Goñi, V. Ramos, L. Coppola, H. Chiparelli, C. Sorhouet, C. Mogdasy, J. Arbiza, A. Delfraro, R. Pérez

摘要

科学家已仔细跟踪 SARS-CoV-2 病毒的遗传多样性，以便深入了解该病毒如何出现，以及后续会如何进化。追踪病毒的遗传演化使科学家能够识别出毒性更强或更致命的毒株。迄今为止，SARS CoV-2 中最常见的遗传变异是单基因突变或点突变。此外还发现了插入缺失，尽管其频率较低，但提供了关于病毒功能稳定性的信息。乌拉圭的科学

家分析了 14 名感染患者，并在 ORF7a 附属基因中检测到 12 个核苷酸的缺失。在 5200 片段分析仪上对测序文库的质量控制和长度进行了评估。此外，Sanger 测序后使用片段分析仪和安捷伦高灵敏度 NGS 试剂盒，通过检测缺失的和野生型扩增子之间的分子量差异，也证实了缺失 (图 1)。

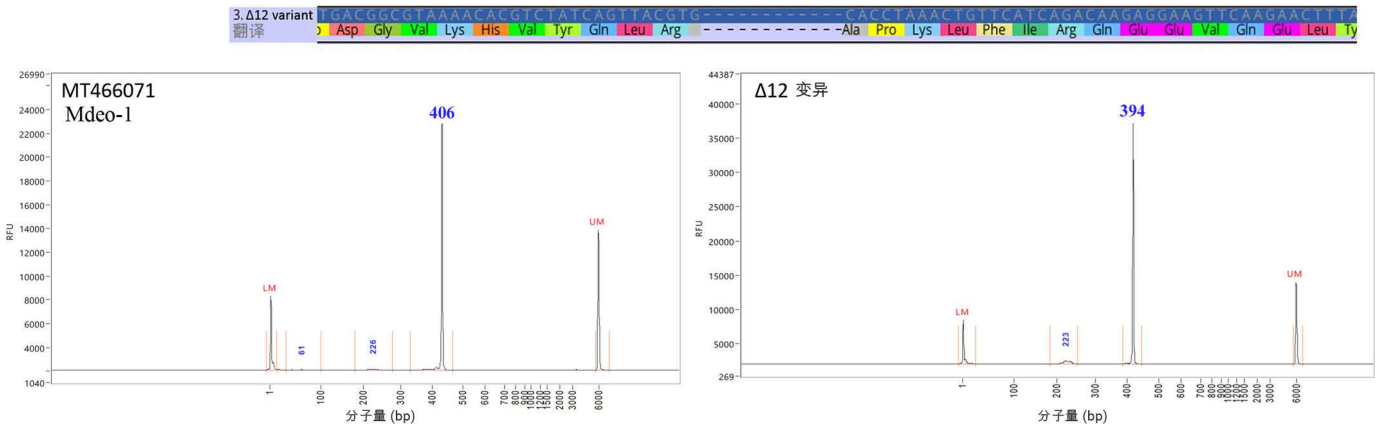


图 1. 扩增子毛细管电泳分析。分别使用 Mdeo-1 参考序列 (MT466071, 左) 和 Δ12 变体 (右) 的信号峰。此图摘自 Panzera 等

作为 COVID-19 公共卫生应急响应的一部分，本文章可通过 PubMed Central 免费获取。在突发公共卫生紧急事件期间，在注明原始来源的情况下，可以任何形式或任何方式用于任何研究性使用和分析。Panzera Y, Ramos N, Frabasile S, et al. A deletion in SARS-CoV-2 ORF7 identified in COVID-19 outbreak in Uruguay [published online ahead of print, 2021 Jan 27]. *Transbound Emerg Dis.* 2021;10.1111/tbed.14002. [A deletion in SARS-CoV-2 ORF7 identified in COVID-19 outbreak in Uruguay - PubMed \(nih.gov\)](https://doi.org/10.1111/tbed.14002)

早期核酸内切酶介导的 RNA 传感逃逸确保有效的冠状病毒复制

PLOS Pathog., 2017; 13(2):e1006195

作者

E. Kindler, C. Gil-Cruz, J. Spanier, Y. Li, J. Wilhelm, H.H. Rabouw, R. Züst, M. Hwang, P. V'kovski, H. Stalder, S. Marti, M. Habjan, L. Cervantes-Barragan, R. Elliot, N. Karl, C. Gaughan, F.J.M. van Kuppeveld, R.H. Silverman, M. Keller, B. Ludewig, C.C. Bergmann, J. Ziebuhr, S.R. Weiss, U. Kalinke, V. Thiel

摘要

众所周知，冠状病毒可以有效地逃逸限制病毒复制和传播的早期先天免疫反应。在可逃逸多种脊椎动物宿主免疫反应的病毒中，单链和双链 RNA 上具有高度保守的冠状病毒核酸内切活性 (EndoU)。它与其他关键复制蛋白共表达，但对病毒 RNA 合成并非必需。评估人冠状病毒 229E (HCoV-229E) 和小鼠肝炎病毒 (MHV) 的 EndoU 缺陷型突变

体的复制滴度和激活的宿主通路。使用安捷伦标准灵敏度 RNA 试剂盒 (15 nt) 在片段分析仪系统上评估了 RNA 完整性，并确定了核糖体 RNA 的降解 (图 5) 作为宿主通路参与的标志物。通过片段分析仪监测宿主 dsRNA 反应，确定冠状病毒 EndoU 活性是防止早期诱导负责感知病毒感染的多个宿主细胞 dsRNA 传感器的关键。

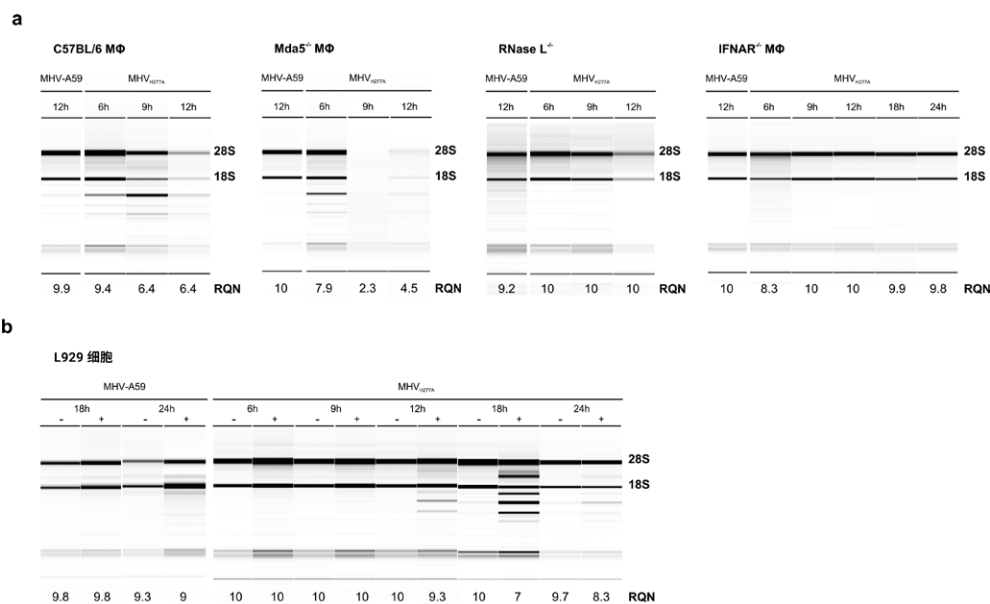


图 5. EndoU 缺陷型 MHV 诱导 OAS-RNA 酶 L 通路激活，导致核糖体 RNA 的早期分解。(a) 分析感染 MHV-A59 和 MHV_{H277A} (MOI=1) 后，来自野生型 C57BL/6, Mda5^{-/-}, RNA 酶 L^{-/-} 和 IFNAR^{-/-} 小鼠的骨髓来源巨噬细胞的 rRNA 完整性。在指定的时间点分离总 RNA，并使用片段分析仪评估作为 RNA 酶 L 通路激活标志物的核糖体 RNA 降解。显示了 18S 和 28S 核糖体 RNA 的代表性图片和迁移。同时显示了 RNA 质量值 (RQN)。(b) 来自 MHV-A59 和 MHV_{H277A} 感染 (MOI=1) 的 L929 细胞的 rRNA 完整性，包括是否使用 IFN-I 预处理 (感染前 16 h 为 12.5 U)。如图 (a) 进行了分析，此处展示了一张代表性图像。此图转载自 Kindler 等

HPV 插入模式作为个体化肿瘤标志物用于优化 HPV 相关癌症患者的肿瘤诊断和随访：病例报告

BMC Cancer **2019**, 19(277)

作者

Alexandre Harlé, Julie Guillet, Jacques Thomas, Jessica Demange, Gilles Dolivet, Didier Peiffert, Agnès Leroux, Xavier Sastre-Garau

摘要

人乳头瘤病毒 (HPV) 的特定基因型与肛门生殖器、头颈部的多种癌症相关。已有研究建议将是否存在 HPV 作为宫颈癌、头颈部癌的预后指标。HPV 标志物开发的缺乏限制了 HPV DNA 序列的分子表征。基于捕获的二代测序 (NGS) (CaptHPV) 测定旨在提供 HPV DNA 序列的全面分子表征, 包括鉴定标本中 245 种不同 HPV 基因型的物理状态、病毒载量、插入位点以及存在的基因组改变。出于研究目的,

使用 HPV16、HPV18 特异性引物和 GP5/GP6 共有序列引物, 对舌和肛管两处的肿瘤进行了 CaptHPV 分析。随后使用片段分析系统进行片段分析, 在两个肿瘤标本中检测到 HPV16 DNA 序列 (图 3)。进一步的 CaptHPV 分析在两个肿瘤中发现了相同的 HPV16 DNA 序列和整合模式。HPV 序列和整合模式的 CaptHPV 分析可以帮助确定肿瘤 的独立性或转移。

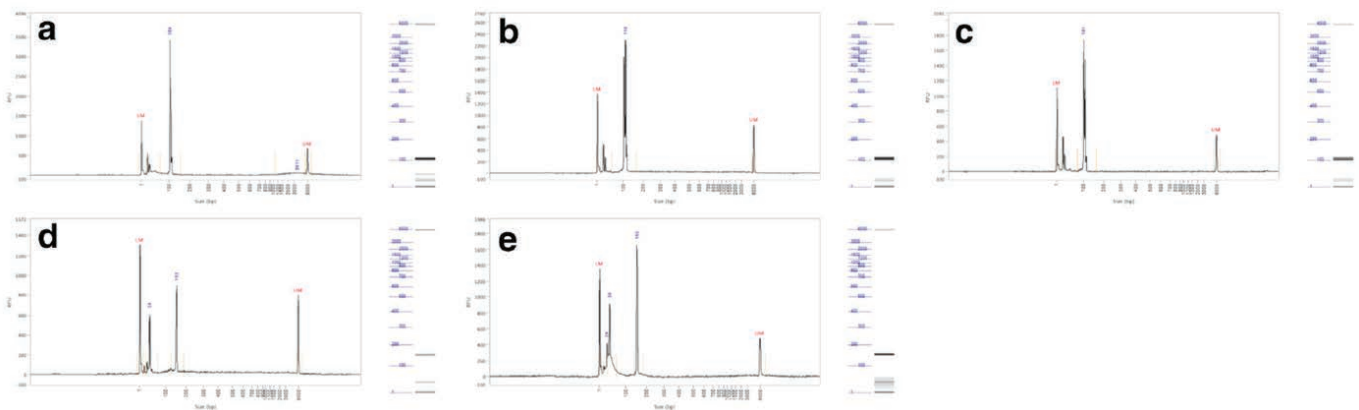


图 3. 使用片段分析仪得到的 PCR 迁移特征。在舌侧肿瘤和肛门肿瘤中均发现了 HPV16 扩增, (a) 舌侧肿瘤、肛门肿瘤 (b) 和阳性对照 (c) 的相对荧光强度单位 (RFU) 分别为 3411, 2298 和 1740, 仅在肛门癌相对荧光检测中发现 HPV 共有序列扩增, 肛门癌 (d) 和阳性对照 (e) 的 RFU 分别为 901 和 1654。LM: 下位内标; UM: 上位内标。此图转载自 Harlé 等

铜绿假单胞菌切割秀丽隐杆线虫核糖体的解码中心

PLOS Biol., 2020, 18(12): e3000969

作者

Alejandro Vasquez-Rifo, Emiliano P. Ricci, Victor Ambros

摘要

铜绿假单胞菌是一种变形杆菌，可感染包括人类在内的多种动物宿主。秀丽隐杆线虫和铜绿假单胞菌菌株 PA14 之间的相互作用是一种经过充分研究的模型宿主-病原体相互作用。细菌利用秀丽隐杆线虫宿主的其中一种方式是通过外毒素 A 蛋白的抑制翻译，但可能涉及多个通路。使用 5300 片段分析仪系统和标准灵敏度 RNA 试剂盒 (15 nt) 研究了铜绿假单胞菌菌株 PA14 对秀丽隐杆线虫核糖体的影响。片段分析仪电泳图显示，在发生铜绿假单胞菌 PA14 暴露后，秀丽隐杆线虫总 RNA 在 1100 和 2300 nt 处显示

出两个额外的峰，在饲喂大肠杆菌 HB101 的线虫中未观察到此现象（图 1A）。这些峰经测序鉴定为 26S rRNA 的片段，在高度保守的 H69 环中切割。片段分析仪还用于监测两个 26S 片段相对于总 26S rRNA 库的积累。暴露 24 小时后，平均 25% 的线虫 26S rRNA 为切割的片段。此外，片段分析仪用于确定应激条件或其他细菌是否诱导秀丽隐杆线虫中 26S rRNA 的切割。尚无其他应激源或细菌诱导的 rRNA 切割（见论文图 S1A）。

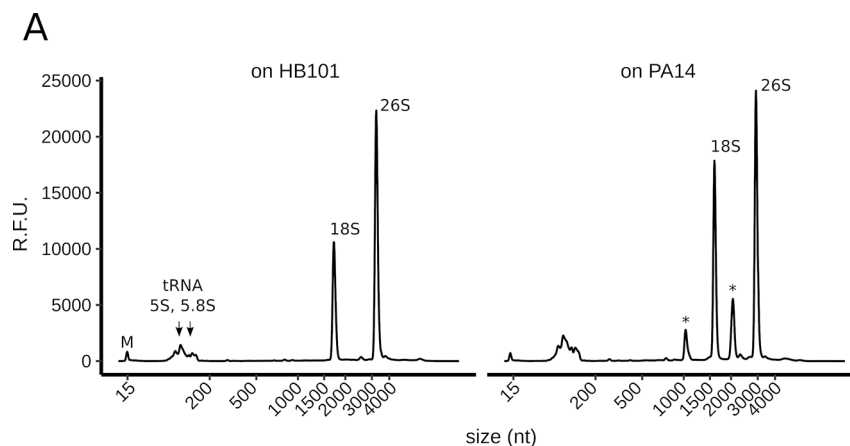


图 1. 铜绿假单胞菌 PA14 对秀丽隐杆线虫 rRNA 的影响。(A) 暴露于铜绿假单胞菌 24 h 的成虫的总 RNA 谱。PA14（右图）或大肠杆菌 HB101（左图）。星号表示 PA14 暴露时出现的 2 个丰度最高的条带。“M”表示电泳分离系统中使用的 15 nt 标志物。此图摘自 Vasquez-Rifo 等

一种基于单管 HNB 的环介导等温扩增用于牡蛎疱疹病毒 1 型的可靠检测

Int. J. MOL. Sci., 2020, 21(18), 6605

作者

Maja A. Zaczek-Moczydlowska, Letitia Mohamed-Smith, Anna Toldrà, Chantelle Hooper, Mònica Campàs, M. Dolors Furones, Tim P. Bean, Katrina Campbell

摘要

牡蛎疱疹病毒 1 型 (OsHV-1) 已被全球认定为造成贝类养殖中重大疾病暴发和损失的罪魁祸首。人们需要一种反应速度快、设备要求简单的现场筛查方法，以便及早发现和预防疾病的发作和传播。研究开发了一种用羟基萘酚蓝 (HNB) 进行的简单比色环介导等温扩增 (LAMP) 测定法，用于检测 OsHV-1 及其感染长牡蛎 (*Crassostrea gigas*) 的变体。LAMP 引物的优化测定在 TapeStation 系统上显示

扩增产物范围为 90 至 1000 bp，而阴性对照 (NTC) 未检测到扩增峰。比色检测与 TapeStation 相关，紫色表示阴性对照，蓝色表示 OsHV-1 扩增产物。在检测方法开发的每一步都使用了 TapeStation 系统，“因为它可以有效地分析 LAMP 产物的最佳试剂浓度、引物二聚体的形成，以及分析通过标准电泳方法在凝胶上不易检测或显示的伪影”。

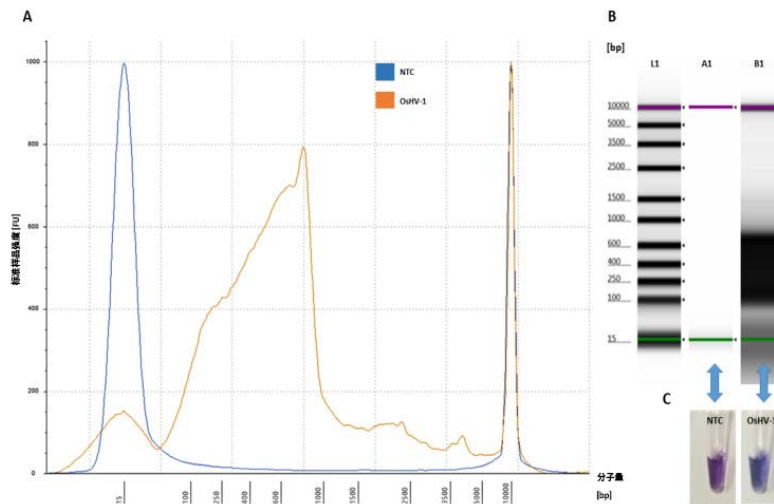


图 3. 通过 LAMP 测定 OsHV-1 扩增：(A) 比较使用 TapeStation 分析软件 A.02.02 分析得到的 NTC (蓝色) 和阳性样品 (OsHV-1 DNA 质粒) (橙色) 的电泳图谱，扩增的 LAMP 产物逐渐增加，显示出 90–1000 bp 的分子量偏移；(B) 凝胶图像图谱比较：(L1) 一分子量标准品 15–5000 bp，(A1) 一 NTC 和 (B1) 一阳性样品显示使用 TapeStation 分析软件 A.02.02 可视化的扩增 LAMP 产物的单一高分子条带弥散样谱图 (90–1000 bp)；以及使用 HNB 可视化的 (C) NC (紫色) 和阳性样品 (OsHV-1 DNA 质粒) (蓝色)。此图转载自 Zaczek-Moczydlowska 等

被许可方 MDPI, Basel, Switzerland. 本文章可免费获取，并依据知识共享署名 (CC BY) 许可 (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>) 条款进行分发。
Zaczek-Moczydlowska MA, Mohamed-Smith L, Toldrà A, et al. A Single-Tube HNB-Based Loop-Mediated Isothermal Amplification for the Robust Detection of the *Ostreid herpesvirus 1*. *Int J Mol Sci.* 2020;21(18):6605. Published 2020 Sep 9. <https://doi.org/10.3390/ijms21186605>

舒尼病毒，一种具有人畜共患潜力的新型正布尼亚病毒属病毒的反向遗传系统

Viruses, 2020, 12(4), 455

作者

Judith Oymans, Paul J. Wichgers Schreur, Sophie van Oort, Rianka Vloet, Marietjie Venter, Gorben P. Pijlman, Monique M. van Oers, Jeroen Kortekaas

摘要

正布尼亚病毒属由 170 种不同的蚊和蠓传播病毒组成，其中几种会在动物和人类中引起严重疾病。他们的三段基因组（L、M 和 S）能够与相关病毒重排，具有产生新型病毒的可能性，就像 2011 年影响欧洲西北部奶牛的施马伦贝格病毒 (SBV) 那样。舒尼病毒 (SHUV) 与施马伦贝格病毒有关，已发现可通过蠓和蚊感染牛、马、绵羊和山羊。研究人员针对 SHUV 开发了一种反向遗传系统，以评

估 SBV 和 SHUV 之间重排的可行性。为确认重组野生型和重排病毒识别结果，使用不同的引物进行 PCR，并使用 TapeStation 系统和 Agilent D1000 ScreenTape 分析法进行分析（图 2）。使用 TapeStation 系统进行可视化证实成功生成了一种包含 SBV-L、-S 和 SHUV-M 片段的病毒，这表明此种重排可能会在自然界出现。

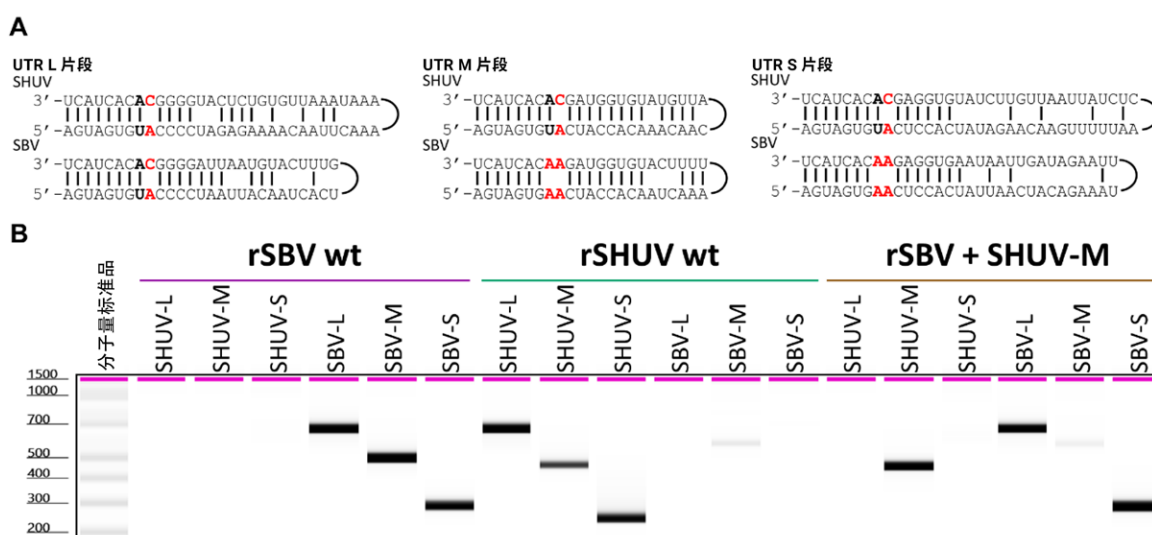


图 2. 施马伦贝格病毒 (SBV)-(SHUV) 重排的特征。(A) 匹配 SBV 和 SHUV 的 UTR。SHUV 在位置 9 处包含单个错配，而 SBV 在 M 和 S 段的 UTR 中的位置 8 和 9（以红色表示）包含两处错配。(B) 使用特异性识别 SBV 或 SHUV L、M 或 S 片段的引物通过 PCR 确认了识别的重排。使用 TapeStation 系统分析 PCR 产物。此图转载自 Oymans 等

接种马立克氏病病毒疫苗的受保护鸡与荷淋巴瘤鸡的血清外泌体的转录组和蛋白质组的比较

Genes (Basel) **2019**, 10(2), 116

作者

Sabari Nath Neerukonda, Phaedra Tavlarides-Hontz, Fiona McCarthy, Kenneth Pendarvis, Mark S. Parcels

摘要

鸡马立克氏病由马立克氏病病毒 (MDV) 引起, 病理表现复杂, 包括瘫痪、免疫抑制和发生 T 细胞淋巴瘤。通过在卵子阶段或孵化时接种疫苗来控制马立克氏病, 这可以保护鸡避免形成淋巴瘤, 但无法防止 MDV 野生型菌株的二重感染。疫苗可诱导体液免疫和细胞介导的免疫。然而, 引发全身性保护的机制尚不清楚。该研究证明了血清外泌体作为全身免疫和肿瘤形成指标的作用。使用生物分析仪系统分析从外泌体中分离的 RNA, 证明存在的 RNA 具有典型外泌体样品的预期产量、分子量分布和特征 (图 2)。此外, 生物分析仪证实了核糖体 RNA 的缺失。随后的小 RNA 测序分析揭示了接种疫苗的鸡和荷瘤鸡的显著基因表达特征。

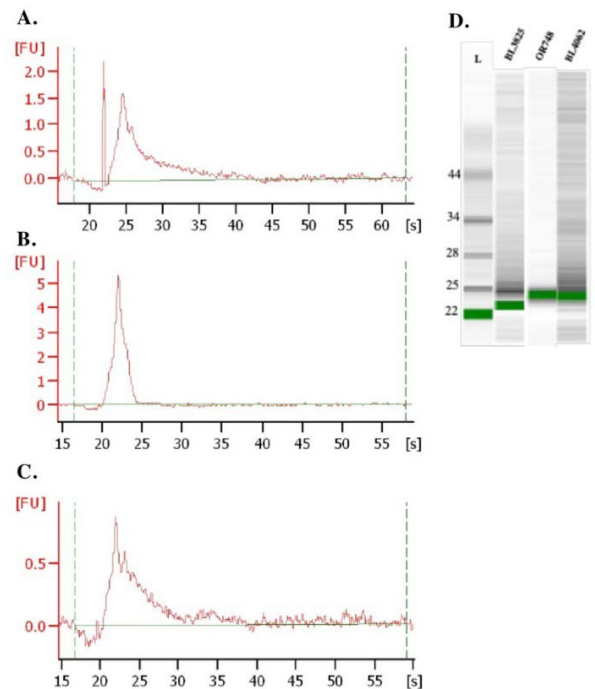


图 2. 外泌体 RNA 的分子量分布。图 (A-C) 显示了由 Agilent RNA Pico 芯片测定的外泌体 RNA 的荧光谱图。图 (A) 显示了接种疫苗的来亨鸡 (VEX), 未接种的荷瘤来亨鸡 (TEX) (B) 和肉鸡 TEX (C) 的外泌体 RNA 的荧光谱图。图 (D) 显示了纯化外泌体 RNA 的 RNA 芯片分析。此图转载自 Neerukonda 等

被许可方 MDPI, Basel, Switzerland. 本文章可免费获取, 并依据知识共享署名 (CC BY) 许可 (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>) 条款进行分发。Neerukonda SN, Tavlarides-Hontz P, McCarthy F, Pendarvis K, Parcels MS. Comparison of the Transcriptomes and Proteomes of Serum Exosomes from Marek's Disease Virus-Vaccinated and Protected and Lymphoma-Bearing Chickens. *Genes (Basel)*. **2019**;10(2):116. Published 2019 Feb 5. doi:[10.3390/genes10020116](https://doi.org/10.3390/genes10020116)

衣原体发育周期中流产嗜衣原体多形外膜蛋白体外表达模式的转录分析

Vet. Res. 2009, 40(5), 47

作者

Nicholas Wheelhouse, Kevin Aitchison, Lucy Spalding, Morag Livingstone, David Longbottom

摘要

牛地方流行性流产的最常见病因是流产嗜衣原体。它也是世界上大多数养羊地区羔羊死亡的常见原因。流产嗜衣原体的多形膜蛋白 (Pmp) 在衣原体发病机制中起着重要作用。在这项研究中, McCoy 细胞感染了流产嗜衣原体, 然后在不同的时间点进行了总 RNA 分离和基因表达分析。使用生物分析仪系统检测宿主真核 RNA 和流产嗜衣原体原核 RNA 表达 (图 1)。真核 RNA 具有典型的 RNA 谱, 有两个主峰, 18S 和 28S rRNA。在感染流产嗜衣原体 48 小时后, 从宿主细胞中提取的 RNA 谱显示具有四个 rRNA 峰, 代表真核和原核 rRNA 的混合物。在流产嗜衣原体发育周期中编码不同 Pmp 的 mRNA 的差异表达模式, 表明了一些 Pmp 在衣原体发病机制的抗原变异中的作用。

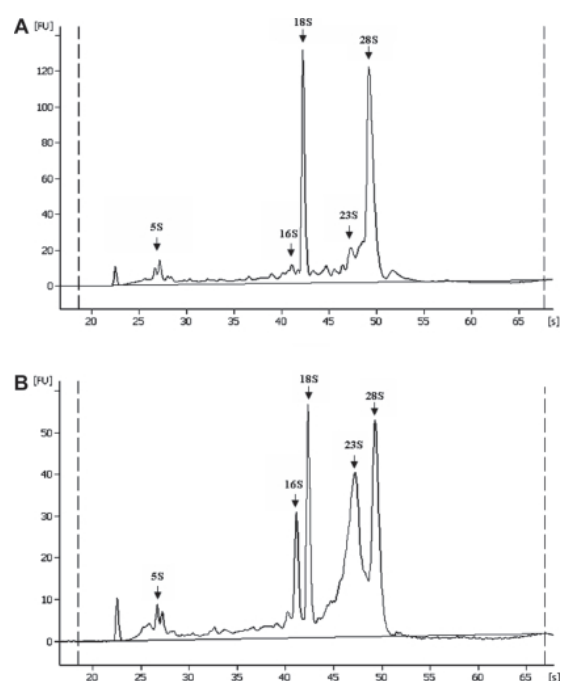


图 1. 在衣原体发育周期的两个时间点从流产嗜衣原体感染的 McCoy 细胞中分离出的总 RNA 的电泳图。真核 (28S, 18S, 5S) 和原核 (衣原体) (23S, 16S, 5S) RNA 的存在情况见 24 h p.i. (A) 和 48 h p.i. (B)。此图转载自 Wheelhouse 等

被许可方 MDPI, Basel, Switzerland. 本文章可免费获取, 并依据知识共享署名 (CC BY) 许可 (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>) 条款进行分发。

Wheelhouse N, Aitchison K, Spalding L, Livingstone M, Longbottom D. Transcriptional analysis of in vitro expression patterns of *Chlamydia abortus* polymorphic outer membrane proteins during the chlamydial developmental cycle. Vet Res. 2009;40(5):47. doi:10.1051/vetres/2009030

通过 16S rDNA PCR-RFLP 进行用于特异性检测鲑鱼立克次氏体的基于基因组的限制性内切酶选择

Front. Microbiol., 2016, 7, 643

作者

Dinka Mandakovic, Benjamín Glasner, Jonathan Maldonado, Pamela Aravena, Mauricio González, Verónica Cambiazo, Rodrigo Pulgar

摘要

鲑鱼立克次氏体是一种革兰氏阴性菌，可在多种鱼类中感染、复制和增殖，导致鲑鱼立克次氏体败血症 (SRS)。尽管采取了接种疫苗和抗生素治疗措施，但仍会在全球范围内爆发疫情，给全球鲑鱼养殖业造成巨大的经济损失。需要一种灵敏度更高的优化诊断方法来检测鲑鱼立克次氏体，将它与共存的其他污染样品的细菌区分开来。研究发现了限制性内切酶可产生独特的鲑鱼立克次氏体 16S rDNA (重组 DNA) 条带谱图，用于新的 PCR-RFLP 测定。使用 TapeStation 系统确定，鲑鱼立克次氏体 16S rDNA 的 *PmaCI* 条带谱图是否可以与样品中通常合并感染或污染的 11 种其他细菌区分开来。将 TapeStation 的结果 (图 2C) 与预期的消化条带谱图 (图 2A) 以及凝胶电泳图 (图 2B) 进行比较，两种方法都显示出相同的鲑鱼立克次氏体特异性 *PmaCI* 消化条带谱图。此外，使用 TapeStation 系统评估 *PmaCI* PCR-RFLP 测定的检测限 (见论文补充图 3)。与琼脂糖凝胶 (250 ng) 相比，TapeStation 的检测限 (0.25 ng) 较低。作者指出，“使用 ScreenTape 技术和 2200 TapeStation 系统，可视化方面有广泛改善 (0.25 ng, 1000 倍的提升) ...此外，高灵敏度 D5000 ScreenTape 测定有望进一步将该检测限提高到 0.01 ng，这将使所有基于 PCR 的方法具有极高灵敏度”。通过使用 TapeStation 软件进行可视化，还确定了当与不同比例的鳎弧菌共同感染时，可以检测到相同的鲑鱼立克次氏体消化谱图 (见论文图 4)。这种限制性酶切方法提供了比目前可用的鲑鱼立克次氏体检测方法更具特异性、更快、更经济的测定方法。

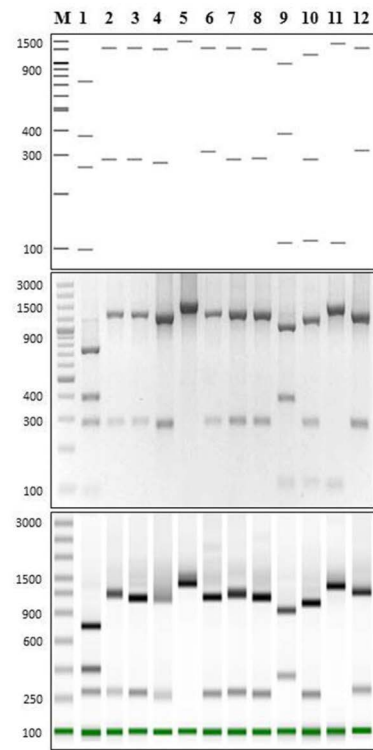


图 2. 使用 *PmaCI* 限制性内切酶对鲑鱼立克次氏体和共存菌株进行 PCR-RFLP。(上图) 对于本研究中使用的所有菌株，使用 NEBcutter 网页工具预测的 16S rDNA 的消化谱图。(中图) 对于本研究中使用的所有菌株，显示 PCR-RFLP 消化谱图 (使用引物 27F/1492R 进行 16SrDNA 扩增) 的 2% 凝胶电泳。(下图) TapeStation 2200 筛选 B 中样品的 PCR-RFLP 消化谱图。所有图中：1、鲑鱼立克次氏体 LF-89；2、鳎弧菌 INTA11；3、杀鲑气单胞菌 INTA1；4、嗜冷性黄杆菌 INTA9；5、鲑鱼肾杆菌 INTA10；6、冷海希瓦氏菌 INTA2；7、明亮发光杆菌 INTA3；8、海雪嗜冷杆菌 INTA4；9、氧化节杆菌 INTA5；10、腐生葡萄球菌 INTA6；11、湖泊微杆菌 INTA7；12、大肠杆菌 INTA8。M: O'GeneRuler 100 bp DNA 分子量标准品 Plus (bp)。此图转载自 Mandakovic 等

了解更多信息：

www.agilent.com/genomics/automated-electrophoresis

www.agilent.com/en/solutions/infectious-disease

安捷伦客户服务中心：

免费专线：800-820-3278

400-820-3278（手机用户）

联系我们：

LSCA-China_800@agilent.com

在线询价：

www.agilent.com/chem/erfq-cn

安捷伦产品未获得批准用于新型冠状病毒肺炎 (COVID-19) 检测、
诊断、治疗或缓解。安捷伦产品尚未得到验证可用于新型冠状病毒
检测。

仅供科研使用。不用于临床诊断用途。

PR7000-8146

本文中的信息、说明和指标如有变更，恕不另行通知。

© 安捷伦科技（中国）有限公司，2021

2021年8月20日，中国出版

5994-3942ZHCN

