

# EBIOTECH

生物通技术周刊

第46期

2008年11月6日

## [技术前沿]

优化蛋白相互作用实验（一）和（二）

定位候选克隆技术：从疾病到基因

## [新品速递]

Sigma新推快速的甲基化DNA定量技术

Bio-Rad让蛋白芯片更加标准化

病毒的快速纯化和浓缩

小巧又经济的凝胶成像系统

赛默飞世尔推出纳升级的移液吸头

Illumina新推GenomeStudio数据分析软件

GE Healthcare推出高内涵分析的最新数据管理系统

赛默飞世尔科技推出ToxSpec Analyzer—用于毒物筛选的完整液质联用方案

## [行业动态]

赛默飞世尔参加2008天津国际干细胞论坛

瑞士Tecan亚太总部落户上海

# 优化蛋白相互作用实验（一）和（二）

## 优化蛋白相互作用实验（一）

蛋白从来不会“单独行动”，因此在分子水平上利用这种相互作用关系能识别出新蛋白的功能，这对于蛋白质研究来说是令人欣喜的，不过这常常需要首先阻止蛋白与其它蛋白的相互作用。有两种技术是可以避开这个限制，在蛋白质组水平上获得蛋白相互作用的图谱，这就是酵母双杂交系统（yeast two-hybrid assays）和免疫共沉淀（coimmunoprecipitation）技术，这也是比较常用的两种方法。

其实研究蛋白相互作用的方法有很多，除了传统的生化共纯化，目前被广泛接受的还有噬菌体展示，等离子共振技术，荧光能量转移技术等等。不过由于特定蛋白的内在性质在某种程度上决定了哪种技术能有效的用于分析其蛋白相互作用，因此选择之前要下好功夫，比如如果一种相互作用可能是由于翻译后修饰介导的，因为只能在真核系统中发生，那么噬菌体展示技术就用不上了。

由于酵母双杂(Y2H)技术既是在真核系统中，又能在活细胞中研究蛋白相互作用，并且功效上能对蛋白之间微弱的、瞬间的作用也能通过报告基因的表达产物敏感地检测得到，因此被认为是一种具有高灵敏度的研究蛋白之间关系的，而且适用于蛋白质组学范围的分析技术平台。近年来许多文献表明酵母双杂交技术被广泛的应用到了蛋白研究中：可以用来研究哺乳动物基因组编码的蛋白之间的互作，也可以用来研究高等植物基因组编码的蛋白之间的互作。

不过需要指出的是，如果研究的目的蛋白以复合体的方式同时与多种 **partner** 分子相互作用，那么酵母双杂就不太适用了。而且酵母双杂要求融合蛋白是在细胞核里表达和定位的，并且也不能是膜蛋白，转录激活因子，和哺乳动物翻译后修饰的蛋白。

如果你研究的对象正好在其列，那么也许可以考虑下免疫共沉淀技术 **coIP**: 通过 **coIP** 从细胞裂解物中钓蛋白，然后利用质谱 **MS** 技术进行分析，

这样也得到活细胞中可靠的蛋白相互作用，不过这种方法也有缺陷：要求要有目的蛋白的抗体，会忽视弱的，以及低富集的蛋白相互作用，而且只能识别复合体的形式，而不是哪个蛋白与哪个蛋白结合了。

利用一些方法和手段能避免以上蛋白相互作用研究方法的短处，利用其长处，这里提及了一些著名实验室采用的方法，以及一些技术上创新的市场产品，希望能有助于您的实验研究。

### 1.如何进行蛋白复合体相互作用实验？

生物体内每个蛋白并不是独立的在细胞中完成功能，它们通常与其他蛋白质相互作用形成大的复合体，在特定的时间和空间内完成特定的功能，而且有些蛋白的功能只有在复合体形成后才能发挥出来，另一方面，某些蛋白可能参与了不止一个的复合体，简单的两两相互作用研究就不足以阐明这种更为复杂的相互作用，因此目前许多蛋白组研究需要首先搞清楚复合体之间的相互作用。

但是常规的 Y2H 只能检测两个蛋白相互作用的关系，对于复合体无能为力，而利用 **coIP/MS** 方法又常涉及到大量高质量，特异性抗体，那怎么办呢？

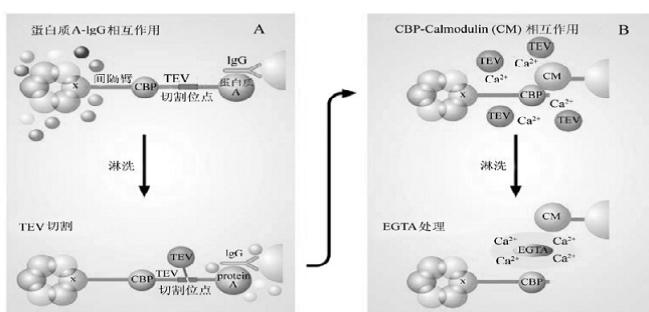
来自澳大利亚科学研究院分子医学中心的主任 **Giulio Superti-Furga** 发展了 Y2H 方法，避开了以上这些难题，并利用新方法完成了其“酵母和哺乳动物细胞中蛋白复合体图谱构建”的研究，并发

表了两篇文章 (Nature, 440:631-6. 2006; Nature Methods, 3:1013-9, 2006)。

这种方法就是串联亲和纯化 (tandem affinity purification, TAP) 法, TAP 方法是 coIP/MS 方法的“近亲”, 但是不需要蛋白质组范围内的各种不同抗体。

不同于传统的 coIP, TAP 方法可以通过两步特异性亲和纯化, 快速得到生理条件下与靶蛋白质存在真实相互作用的蛋白。即首先通过免疫球蛋白偶联磁珠 (immunoglobulin-coated beads) 进行纯化, 然后通过蛋白酶消化 (钙调蛋白偶联磁珠 (calmodulin-coated beads)), 最后通过 MS 洗涤和纯化复合体。

基本原理如下图:



(TAP 亲和层析纯化原理。图片来自“大规模蛋白质相互作用研究方法进展”)

TAP 方法的适用对象与 coIP /MS 方法相似, 不同于 Y2H (以及 LUMIER) ——因为 TAP 不能用于分析双蛋白相互作用关系, 但能揭示一些其它方法可能忽视的方面。

Superti-Furga 表示, “当标记好的蛋白离开核糖体, 就会和天然 partners 相互结合, 从而帮助 TAP 方法捕捉添加上的顺序, 即一个蛋白是一个一个结合上去的, 或者是翻译后修饰”, 这种方法“能告诉你两件事情: 特殊过程中参与的成员, 以及这些成员‘出席表’”。

但是他警告说, “需要当心的是, 也许不能确保结果是否是由于污染物造成的情况, 因为一些蛋白的浓度非常高。”

这种能快速研究体内蛋白质相互作用的新技

术最初用于酵母中, 因其具通用性、高效性、高纯度及假阳性低等特点得到了快速发展, 至今已成功运用于许多其他生物中。现在 TAP 方法还与 RNAi 技术联用在一起, 形成 iTAP 方法, 这样可以避免内源蛋白的干扰, 从高等真核细胞中分离并鉴定相应的蛋白复合体。

目前可以从欧洲基因资料中心 (European Centre for Genetic Archives, EUROSCARF) 获得 TAP 质粒和菌株, 价格约为 15—30 欧元。如果想要比较成熟的产品, 那么可以选择 Stratagene 的 InterPlay TAP 系统。

这是目前市场上唯一的应用于哺乳动物细胞的 TAP 系统, 原理就是将链亲和素结合多肽(SBP) 和钙调素结合多肽(CBP)这两个亲和标签与目的蛋白一起表达, 利用专一的亲和力 (SBP 标签-链亲和素树脂: 29M-1; CBP 标签-钙调素树脂: 19M-1) 和非常温和的生物素、EGTA 洗脱步骤, 获得融合标签表达的蛋白及其复合物。

利用 InterPlay TAP 系统提供的系列载体中, 研究人员可以选择将 SBP 和 CBP 融合标签克隆在目的片段的 N-端或 C-端, 载体有 3 种阅读框形式, 更方便进行克隆。系统中配套的纯化-洗脱缓冲液体系与克隆表达载体构成了完整的 TAP 试剂盒。TAP 的整个实验过程包括目的基因与 TAP 载体克隆, 质粒转染到宿主哺乳动物细胞, 2 步法亲和纯化等三个主要步骤, 比较于常规的蛋白相互作用方法更加简便。

目前 InterPlay™ N-Terminal Mammalian TAP System 和 InterPlay™ N-terminal Mammalian TAP Vectors 分别为人民币 16112 和 9278.5, 其实与酵母双杂系统的价格也相差不多, 可以考虑一下。

## 2. 如何对比较弱的相互作用进行研究?

生物体中有时执行细胞功能的是一些表达量低, 与其它蛋白相互作用弱的蛋白质, 要对这些相互作用进行分析, Y2H 常常不能奏效——酵母双杂是在体内进行分析, 因此对于一些低丰度, 蛋白

相互作用弱的关系就不能准确的描绘，因此需要寻找其它的一些方法。

耶鲁大学基因组与蛋白质组研究中心的 Mike Snyder 在完成他的一篇发表在《美国国家科学院院刊》(PNAS) 杂志上的文章(寻找拟南芥蛋白质组中钙调蛋白 CaM 和类钙调蛋白 CML (calmodulin-like) 直接绑定蛋白, PNAS 104:4730-5, 2007) 的时候找到了这样一种方法：蛋白芯片方法。

在这篇文章中, Snyder 教授等人表达了 1133 个植物蛋白, 并将这些蛋白及拷贝放置于硝化纤维膜包被玻片上, 进行蛋白芯片研究, 然后利用 7 种荧光标记的 CaM 和 CML 蛋白作为探针, 结果发现了 173 个蛋白伴侣。

Snyder 的实验室在蛋白芯片研究方法处于世界领先位置——曾于 2001 首次描绘了酵母蛋白质组芯片。Snyder 认为芯片实验具有几个优点, 首先由于是体外实验, 因此观察到的相互作用都是直接作用的, 有中间介导的是不会出现的; 第二, 芯片能进行结合强度的直接比较, 将相互作用强弱进行排行——这是其它方法获得的数据无法比较的; 最后由于芯片上所有蛋白都是相同的数量, 因此可以检测到拷贝数非常低的蛋白相互作用。

但另一方面, 也正是由于芯片探针是体外进行的反应, 因此结果需要在体内进行验证, 而且芯片实验可能对于一些研究人员来说确实比较贵和操作上比较繁琐。

目前商业性的蛋白芯片产品比较少, Snyder 实验室将他们的专利授权给了 Invitrogen, 由此 Invitrogen 创造出了 Protoarray 系列产品。其中 Yeast ProtoArray™ PPI (Protein-Protein Interactions) microarray 就是一种在蛋白组水平上阐明蛋白之间的相互作用的高密度蛋白微阵列。

相比较与 Y2H, ProtoArray 不需要花费数周时间, 由于所有的酵母蛋白固定在玻片上, 因此可以在一次实验, 短至 4 小时内针对酵母蛋白组筛选标记的目的蛋白, 以阐述针对超过 4000 种蛋白的

蛋白相互作用, 基本过程包括: 封闭 (1 小时), 加入生物素标记的探针; 洗涤 (10 分钟), 加入 Alexa Fluor® 647 耦联的链霉亲和素检测 (30 分钟); 洗涤、干燥和扫描 (1 小时)。

ProtoArray 的一个重要就是确保对相互作用的最大搜索, 我们都知道, 保持芯片蛋白处于有相互作用功能的状态是利用这种方法研究蛋白相互作用的重要前提, 但是要所有蛋白都保证这一点是不可能的。为了能尽可能达到这个要求, ProtoArray 在芯片波片上包被上了硝化纤维, 而已知硝化纤维与种类广泛的蛋白功能相兼容, 这一点 Invitrogen 的技术人员进行了确认 (详细内容可见 invitrogen 网站)。

而且 ProtoArray 可以在不同条件下分析蛋白相互作用, 阐述动态的相互作用, 比如使用不同蛋白修饰状态如磷酸化或者糖基化, 不同的蛋白浓度, 或者改变反应条件如离子强度, pH 值或者温度, 添加辅助因子 (cofactor) 如二价阳离子, 这些不仅可以帮助检测出各种蛋白相互作用, 而且可以更加精确地了解正在研究的相互作用的生物化学原理。

另外, 正如上文提及的, ProtoArray 是以 Snyder 实验室来源于酵母收集库的优良蛋白基础上建立的, 这个收集库是由克隆到 5'GST 融合的酵母表达载体的开放阅读框, 通过融合 GST 标签, 蛋白可以很容易地在天然状态下, 以高通量的方式快速纯化, 可以收集到更多功能蛋白。

除此之外, 针对假阳性的问题, ProtoArray 在每一个 microarray 上设立了对照, 此外还有背景、标记和检测对照也被印记到每一个玻片上。这些对照提供了额外的信息, 确保对结果的自信。

Invitrogen 目前还推出了 ProtoArray human microarray V4.1, 蛋白分析数量高达 8000 个, 是进行大规模人类蛋白相互作用分析的首选之一, 价格约为 1700 美元。

## 优化蛋白相互作用实验（二）

### 3. 如何进行信号通路蛋白作用的实验研究？

如何高效、准确地获取生物体内分子间相互作用的信息，是阐明信号转导机制的关键和基础，其中尤其重要的是蛋白之间的相互作用，但是要进行信号通路中蛋白的相互作用研究存在一些难题，比如信号通路中常常包含有膜蛋白和翻译后修饰的蛋白，这两者都不能用 Y2H 分析，而 coIP/MS 又很难检测到低丰度的蛋白。

多伦多 Mount Sinai 医院 Samuel Lunenfeld 研究中心的 Jeff Wrana 资深研究员在他的一项研究项目——“绘制哺乳动物细胞信号系统中蛋白相互作用动力学图谱”（研究成果公布在《Science》杂志上（*Science*, 307:1621-5, 2005））中提出了一种折中的办法：LUMIER (luminescence-based mammalian interactome mapping)，这是一种研究哺乳动物蛋白之间相互作用的自动高通量方法，其中也包含了 Y2H 和 coIP/MS 的高通量元素。这种方法中的 **interactome** 指的是细胞分子之间的整个分子相互作用，类似于基因组，蛋白质组的英文。

Wrana 博士解释道，“质谱分析方法中，是用诱饵蛋白进行 IP，然后寻找相关的蛋白，而 LUMIER 则相反，它完成的是一个不同的问题：A 蛋白是否与 B 蛋白相互作用，而且作用方式是不是相互有关联的？”

将诱饵蛋白（**bait**）连接上 **Renilla** 荧光素酶（**Renilla luciferase**），而“猎物”或靶蛋白（**prey or target protein**）——也可以是整个文库——则与一般表位（**generic epitope**）进行标记。在哺乳动物细胞中同时表达这两个结构，然后裂解细胞，用激活剂（比如 TGF-beta）刺激，这样通过 **anti-epitope**（具有荧光素酶活性）的免疫沉淀就可以检测出蛋白相互作用。

LUMIER 可以用于哺乳动物细胞，能检测到生长因子依赖性蛋白相互作用，由于 LUMIER 不需要功能性的 **readout**，因此可以“更加不局限的检测相互作用”，Wrana 说，不同于 Y2H，“细胞中任何

地方都有可能出现相互作用，这种方法对于分析膜蛋白，表达量低的蛋白，或者比较大，多聚体的蛋白十分有效。”

如果想进行这方面的实验，可以向 Wrana 实验室询要 LUMIER 载体，另外其中提及的一个重要的报告基因——**Renilla** 荧光素酶是海洋生物 **Renilla reniformis** 等中分离得到的生物荧光素，是一种具有绿色荧光的黄色染料，分子式为 C20H12O5，不溶于水、苯和氯仿，溶于冰醋酸等。

比较于细菌荧光素酶和萤火虫荧光素酶，**Renilla** 荧光素酶可以催化肠腔素(**coelenterazine**)氧化，产物可透过生物膜，可能是最适用于活细胞的报告分子。

在荧光素酶产品方面做的颇为出色的 Promega 公司有一款 **Renilla** 荧光素酶分析系统——这也是唯一的海肾荧光素酶检测试剂盒，这个系统可方便地替代萤火虫报告基因系统，得到可靠的、线性范围超过 7 个数量级酶浓度的结果。

而且与其它试剂相比，获得专利的海肾荧光素酶检测系统组分配方显著降低了腔肠素(**coelenterazine**)的自发荧光影响，比已发表的方法灵敏度高几个数量级，这些都是对于信号通路研究而言是求之不得的优点。

这个试剂盒包括海肾裂解液，海肾荧光素酶检测试缓冲液和海肾荧光素酶检测底物，大约为 523 美元（1000 assays）。

#### 4. 如何完成膜蛋白相互作用实验?

不消说，做过 Y2H 实验的人都知道，酵母双杂的一个硬伤就是膜蛋白的分析研究，但是对于具有很多重要生物学功能的细胞膜来说，其功能大多数是由膜蛋白执行的。

为了解决这个难题，加拿大多伦多大学 Donnelly 细胞和生物分子研究中心的 Igor Stagljar 教授提出了一种称为膜酵母双杂交 (membrane yeast twohybrid, MY TH, 生物通译) 的方法，并将这种方法应用到了他的研究中，完成了“完整膜蛋白的相互作用蛋白质组学研究” (PNAS 94:5187-92. 1998)。

Stagljar 教授在进行现存的生化及遗传学方法分析时，发现这些方法或者不能配合酵母双杂——Y2H 不能用于膜蛋白，或者会破坏蛋白复合体——不适用于 colP/MS，因此不得不另想它法。

他发展得到的 MY TH 方法吸取了 Y2H 的优点：简便的遗传学操作和适合高通量分析，适用于细胞质中的完整的膜蛋白研究，以及出现在任何细胞位置的膜（比如内质网，高尔基体，和线粒体）结构上的相互作用。Stagljar 认为，“这是至今为止，唯一的一种证明能用于研究全长，完整膜蛋白相互作用的筛选系统。”

MYTH 原理十分巧妙，应用到了分离泛素系统 (split-ubiquitin)：将诱饵(bait)即一个完整的膜蛋白，融合到泛素的 C 末端（这个泛素与一个转录激活因子相连），而“猎物”或靶蛋白 (prey or target protein) 则融合在泛素的另一半上，bait 和 prey 的相互作用就会让重新构成泛素，从而被一种特异性的蛋白酶（泛素专一性蛋白酶，UBPs）剪切，释放出转录激活因子，这个转录激活因此转移到细胞核上，开启报告基因的表达。

这样双杂交过程就不一定要在细胞核内完成，便于针对那些需要定位到膜上之后才能表现正常

生物功能的蛋白质。不过这一方法对于研究哺乳动物蛋白可能比较困难，因为靶标常常需要翻译后修饰，这在酵母中不能实现。

Stagljar 的 MY TH 技术已由瑞士的 DualSystems Biotech 公司商品化了，这家公司成立于 2000 年，是从瑞士苏黎世大学独立出来具有自主产权的生物公司。公司的主要业务领域集中在蛋白组学领域产品，包括通过酵母系统进行蛋白质间相互作用研究的产品和服务，cDNA 文库构建试剂和服务，在酵母中或 E. Coli 中进行重组蛋白的制备和纯化，以及一系列相关的试剂和抗体。

这个试剂盒 (The DUAL membrane kit 3) 既可以用于全长完整的膜蛋白的筛选，也可以进行 cDNA 文库识别与目的蛋白有相互作用的新蛋白。其特点包括：

- 可以进行体内全长完整蛋白相互作用分析；
- 检测到的蛋白相互作用是在细胞膜生理条件下获得的；
- 通过筛选 cDNA 文库可以找到新的相互关系；
- 利用 sfi I 技术可以简便的完成全长 cDNA 插入的亚克隆 (sfi I 为稀有酶切位点)；
- 报告菌株 NMY51 减少了假阳性的出现。

这个 NMY51 菌株是 DualSystems Biotech 开发的一种改良的酵母菌株，有三个独立的报告基因：HIS3, ADE2 和 lacZ，第一步通过营养缺陷型报告基因 (HIS3, ADE2) 进行选择性生长筛选，进一步通过 LacZ 报告基因进行 β-半乳糖分析显色的定量或半定量筛选。由于含有三个独立的报告基因，因此受不同启动子的调控，降低假阳性几率。

这个试剂盒目前价格为 3900 美元，有兴趣的可以询问一下达科为，目前达科为是其在中国的独家代理商。

## Tips:

### 1.至少采用两种互补的方法

最好能通过一些可选择的方法获得不同的相互作用结果数据，然后选取其中的子集来分析，尤其是对于那些在正常水平下体内表达的内源性蛋白——这是因为有时某些相互作用会被误认为是过量表达的蛋白。当然选择方法也不能胡乱选择，专家的意见是：如果你首先选了一种体外的方法，那么第二种方法最好是体内方法。

### 2.利用旁系数据系统进行交叉检查

如果两个蛋白能相互作用，它们应该是存在于同一个地方，并且也应该具有相同的敲除表型，如果不能获得这样的数据，那么至少要与 localization，或者（和）RNAi 数据进行比对。比如说，如果发现一个能与某个受体相互作用的蛋白，那么你必须证明这个蛋白并不是仅存在于细胞核中，如果那样，则暗示这个相互作用也许不是生理性相关的。

### 3.定量

一些相互作用的方法只能回答 yes 或者 no，而采用另外一些方法则能得到定量的数据。如果可能的话，应该尽可能的在选择的方法中采用一种定量的方法，保存一些数据，因为说不定什么时候就

用得上。像是蛋白芯片的方法，由于点样的时候量是相同的，因此不难获得绑定强度的大小区别。

### 4.生物信息学分析

生物信息学分析无需具体的实验操作，往往是在整个基因组规模上进行研究，可获得较大的信息量。但是这些方法以基因的同源性为前提，若数据库中没有同源基因则无法比较。目前大规模研究产生的数据都没有达到饱和，整合所有的研究数据而不是分析单一的实验结果，才能得到更加清晰有用的生物学信息。值得一提的是，在细胞中有些蛋白质的相互作用是瞬时的、不稳定的，以实验为基础的研究方法很难捕捉到这种相互作用，而基于生物信息学的分析则能弥补这一不足。

比较有名的三个数据库是 BioGRID ([www.thebiogrid.org](http://www.thebiogrid.org))，the Database of Interacting Proteins (DIP, <http://dip.doe-mbi.ucla.edu/>)，以及The MIPS Mammalian Protein-Protein Interaction Database (<http://mips.gsf.de/proj/ppi/>)。其它网站还有：

网站	资源类型	网址
DIP	蛋白质相互作用	<a href="http://dip.doe-mbi.ucla.edu">http://dip.doe-mbi.ucla.edu</a>
INTERACT	蛋白质相互作用	<a href="http://bioinf.man.ac.uk/interactpr.htm">http://bioinf.man.ac.uk/interactpr.htm</a>
ProNet	蛋白质相互作用	<a href="http://pronet.doubletwist.com/">http://pronet.doubletwist.com/</a>
MIPS	蛋白质相互作用	<a href="http://www.mips.biochem.mpg.de/proj/yeast/tables/interaction/index.htm">http://www.mips.biochem.mpg.de/proj/yeast/tables/interaction/index.htm</a>
Proteome	蛋白质相互作用	<a href="http://www.proteome.com">http://www.proteome.com</a>
Bind	蛋白质相互作用	<a href="http://www.binddb.org">http://www.binddb.org</a>
String	基因共定位	<a href="http://www.bork.embl-heidelberg.de/string/">http://www.bork.embl-heidelberg.de/string/</a>
CoGs	种系发生谱	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/CoG/">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/CoG/</a>

(生物通：张迪)

# 定位候选克隆技术：从疾病到基因

如何将疾病这种表型与基因关联起来呢？1986年剑桥大学的 Alan Coulson 首先提出了定位克隆 (position cloning) 的概念。根据功能基因在基因组中都有相对较稳定的基因座，利用连锁分析将基因定位到染色体的某个具体位置，再通过构建高密度的分子连锁图，找到与目的基因紧密连锁的分子标记，不断缩小候选区域进而克隆该基因，并阐明其功能和疾病的生化机理。不过，定位克隆也存在一定的局限：需要构建跨叠克隆群和精细遗传图谱，耗费大量的人力、物力和时间。因此，人们也试图不断改进它。

定位候选克隆 (positional candidate cloning) 就是定位克隆的一种改进方法，被认为是目前最有发展前途的基因定位策略。它克服了经典的定位克隆纯粹依靠连锁分析进行染色体定位的繁琐而缓慢的弊端，大大加快了克隆工作的进程，而且它也不仅仅局限于遗传病，现在已更多地运用于肿瘤易感基因的克隆。

此法是将图谱的一系列标记与连锁分析相结合，把与遗传病有关的基因定位到图谱的某一区域，然后，利用已有数据查找到定位于此区域的所有已克隆的基因或 cDNA，快速筛选染色体上与致病基因相关的可能位置，从中克隆出相关的致病基因，再对这些编码的蛋白质进行功能分析并与相应的疗程及症状做比较，找到最可能的候选致病基因，对患者的染色体进行细胞学检查，利用突变基因动物模型与疾病的一致性，最终确定该候选基因是否是致病基因。

定位候选克隆包括三个基本步骤：染色体区域定位、候选 cDNA(或 EST) 获得、全长 cDNA 及基因结构功能分析和鉴定。

## 1、染色体区域定位

定位候选克隆的基因区域定位多采用 PCR 法、FISH 技术、染色体显微切割和辐射图谱等方

法筛选致病基因(包括肿瘤易感基因)的基因组杂合性丢失(loss of heterozygosity, LOH)的高频率区，从而对致病基因进行定位候选克隆。

所谓杂合性缺失即染色体某一基因座上的等位基因之一出现缺失或突变，使同源染色体相同位置上的基因呈杂合状态。杂合性缺失是肿瘤细胞中一种常见的染色体变异，往往丢失的片段中包含着与肿瘤相关的基因。其中，抑癌基因杂合缺失是导致肿瘤产生的一个主要因素，通常在杂合性缺失的高频区域含有一个或多个抑癌基因，利用图谱上的各种标记(如 STS、MS 等)，通过 PCR 等方法检测肿瘤样本中染色体的杂合缺失情况，杂合性缺失的高频区域即是基因的候选位置，通过指示标记定位疾病基因。荧光原位杂交(FISH)可对染色体的易位缺失等变异进行高灵敏度检测。

## 2、致病基因的候选 cDNA 筛选

在致病基因被介定于狭窄的 DNA 重叠克隆区域的基础上，对该区域中的基因位点进行测序，将变异位点的核苷酸序列与正常序列进行比较，可确定致病基因的位置。随着区域性 基因图谱的构建和标记位点的增多，从相互重叠的克隆群中筛选候选 cDNA 即筛选致病基因的表达序列和基因定位的步伐会大大加快。目前 cDNA 筛选策略主要有以下三种：

第一是依赖 cDNA 文库的方法，包括直接筛选法 (directed selection) 和 cDNA 选择法 (cDNA selection)。①直接筛选法是用基因组 DNA 直接从 cDNA 文库中通过杂交筛选位于该基因组片段内的 cDNA。②cDNA 选择法恰恰与直接筛选法相反，它把基因组的 DNA 固定在膜上，用总 cDNA 与之杂交，用 PCR 从中收集与基因组片段结合的 cDNA 片段。直接筛选法的优点在于避免了对候选区域大片段地亚克隆操作，且在单一的筛选中可以获得多个转录子的信息，但大片段的纯化、标记较困难。cDNA 选择法的最大优越性就在于 PCR 的介入，大大提高了选择的灵敏度，可以检测到一些稀有转录子。

第二是依赖特征序列的方法。依据转录子内部及其两侧的序列特征直接从基因组 DNA 中分离 cDNA 片段，主要有 CpG 岛搜寻法、外显子捕获法、交叉物种序列同源性比较法和直接序列分析法等。

第三是表达依赖法，即 Northern 杂交分析法。用候选区域基因组 DNA 作为探针与总 RNA 进行

杂交，切下阳性条带，反转录成 cDNA 并克隆，即可获得位于此基因组片段中的转录子。

### 3、全长 cDNA 及基因结构与功能分析和鉴定

获得了大量的候选 cDNA 后，通过筛选 cDNA 文库或采用 cDNA 末端快速扩增(RACE)等方法克隆全长基因。确定其中致病基因的重要环节是对定位候选克隆进行功能分析，这需要对患病家系中的可能致病基因进行检测。

中国科学院遗传与发育生物研究所李巍研究员长期从事囊泡运输与细胞器发生的分子细胞生物学机制研究。具有代表性的囊泡运输障碍性疾病是 Hermansky-Pudlak 综合征(HPS)。他已经利用定位候选克隆技术鉴定了 16 个小鼠和 8 个人的 HPS 基因。已知这些 HPS 蛋白之间可形成不同的复合体(AP-3, HOPS, BLOC-1, BLOC-2, BLOC-3 等) 和互作网络，参与囊泡运输过程。今年 9 月，他还利用这项技术发现了白化病的 4 个关键基因。

如果大家想了解定位候选克隆技术的更详细过程，不妨参看李巍研究员的论文。

# 逆转录酶“快”乐体验



## QuantiTect Reverse Transcription Kit

- 全程只需 20min
- 带有 Oligo-dT 和随机引物
- 双重逆转录酶混合物，cDNA 产量高
- 5' 端的片段也可以得到高效逆转录
- 独特 buffer，2 分钟去除 gDNA 污染

加量  
20%

凡订购 QuantiTect RT kit, 即加送 20% 试剂

精品  
推荐奖

如果您还向朋友推荐了此 kit, 每成功推荐一次,  
您可获得“精品推荐奖”一份

货号	205311	205313
目录价	¥2,690	¥9,160

### 备注:

1. 活动有效期：2008 年 9 月 1 日 -11 月 30 日。依据下订单的时间为准。“每成功推荐一次”是指您订购了而且您的朋友也订购了 QuantiTect RT kit, 数量、包装不限。
2. 奖品为价值 100 元的 U 盘、哈根达斯冰淇淋券、电影券（限上海客户）、上海书城购书券（限上海客户），任选其中的一份。
3. 奖品领取方式：须填写下面的《精品推荐奖领取表格》，经 QIAGEN 核实有效后于活动结束时统一寄送奖品。
4. 凯杰生物技术（上海）有限公司保留此次活动最终解释权。

备注：打 \*\*\* 号的为必填项目。填写完整后将以上两个表格以 email 或传真的方式发送至 QIAGEN，或者直接在生物通网站上填写。  
E-mail 发送至：Cindy.Cao@qiagen.com； 传真：021-38653965。 凯杰生物技术（上海）有限公司保留此次活动最终解释权。

# Sigma 新推快速的甲基化 DNA 定量技术

Sigma-Aldrich 公司近日推出 Imprint Methylated DNA Quantification Kit (MDQ1)，用于表观遗传学研究。Imprint Methylated DNA Quantification Kit 利用类似 ELISA 的步骤，无需放射性同位素或层析，能在不到四小时内检测整体的甲基化情况。这个试剂盒只需要 5ng 的甲基化 DNA，分析形式为灵活的 8 孔分析胶条，能够对培养的细胞、组织、血浆和其他体液样品的 DNA 进行高通量或手工分析。Imprint MDQ 技术让科学家迅速确定生物样品中的整体甲基化状态，为改变甲基化状态的条件以及更深入的疾病研究打下基础。

目前的甲基化定量研究主要采取反向 HPLC、MALDI-TOF-MS 、甲基化敏感内切酶指纹法、DNA 甲基化酶分析、免疫组化染色和点杂交等方法。MDQ1 试剂盒为研究人员提供了一种新的选择。MDQ1 试剂盒中包含了所有必需的试剂，能让实验室自行筛选样品，而无需将样品送出去分析。

Sigma-Aldrich 的销售经理 Tim Fleming 表示：“我们的 Imprint Methylated DNA Quantification Kit 为整体 DNA 甲基化定量提供了快速而完整的解决方案。这项激动人心的技术添加到我们的表观遗传学研究产品中，反映出 Sigma-Aldrich 开发可靠的平台来支持表观遗传学研究的承诺。”

Sigma-Aldrich 是从 Epigentek 集团获得 MDQ 技术的许可。Imprint Methylated DNA Quantification Kit 是 Sigma 在生命科学领域的表观遗传学研究产品线的补充，它还包括 Imprint DNA Modification Kit 和 Imprint ChIP Kit，以及 DNA 纯化、qPCR、测序和反应后纯化等产品。

Epigentek 的首席科技官 Adam Li 表示：“我们非常高兴 Sigma-Aldrich 选择与 Epigentek 在表观遗传学领域合作。这次协议强调了 Epigentek 在

表观遗传学方面的地位，巩固了我们的策略和产品，两家公司有望合作开发新的表观遗传学技术和产品。”

关于 Imprint Methylated DNA Quantification Kit 以及 Sigma-Aldrich 表观遗传学研究产品组合的更多信息，请访问 <http://www.sigma-aldrich.com/epigenetics>。

## 关于 Sigma-Aldrich

Sigma-Aldrich 是一个领先的生命科学和高科技公司。它的生化和有机化学产品和试剂盒广泛应用于基因组学研究、生物技术、药物研发和疾病诊断，并成为药物及其他高科技生产的关键组分。该公司的客户遍布生命科学公司、大学和政府研究院、医院和工业。超过百万科学家和技术人员使用其产品。Sigma-Aldrich 致力于通过在生命科学的领导地位、高科技和服务来加速客户的成功。如需 Sigma-Aldrich 的更详细信息，请访问其屡获大奖的网站 [www.sigma-aldrich.com](http://www.sigma-aldrich.com)。

(生物通 余亮)

# Bio-Rad 让蛋白芯片更加标准化

Bio-Rad 公司近日推出了 ProteinChip SELDI Standardization Suite，能使 ProteinChip SELDI 系统超越时间、空间和操作员的限制，产生始终如一的可重复结果。

无论是学术、临床、医学还是工业研发，研究人员们都希望获得一致的可重复结果。与复杂的质谱仪不同，ProteinChip SELDI Standardization Suite 简单易用，还能使研究人员对结果更自信。

ProteinChip SELDI Standardization Suite 包含了不同的产品和服务，它们分别是：

## # ProteinChip System Starter Kit

完整的培训工具，内含试剂和视频教程，用户可以根据逐步的操作指南，学习如何读取蛋白芯片、人血清图谱分析、结果的重复性分析以及峰值计算。该试剂盒还提供了数据评估工具，以及如何获得理想结果的建议和提示。

## # ProteinChip Data Manager Software 3.5

改进了软件的打印功能；新界面节约了数据分析和注解的时间。该软件还附带了更新的安装程序，方便与数据库连接。

## # ProteinChip OQ Kit

研究人员可以利用这个试剂盒来进行探测器校准和生成报告，以反映 ProteinChip SELDI 系统读板机在灵敏度、分辨率和质量准确度方面的 9 项参数。一个试剂盒可以提供 3 个月的探测器校准和遵从报告。

## # ProteinChip System Check Kit

进行探测器校准并生成报告，以反应 ProteinChip SELDI 系统读板机在灵敏度和分辨率

方面的 4 项参数。

## # ProteinChip Detector Calibration Kit

为 ProteinChip SELDI 系统读板机提供数据来自动调整探测器电压。这些调整帮助维持均匀的输出，稳定探测器的输出功率。

## # ProteinChip Peptide Mass Calibration Kit

该试剂盒能在 10 分钟的时间内进行外部的质量校准。另外还带有一张迷你 CD，附有讲解校准步骤的视频教程。

## # ProteinChip SELDI System Components Upgrade

这项服务包含完整的系统评估、部件安装、校准和优化。

## 关于 Bio-Rad

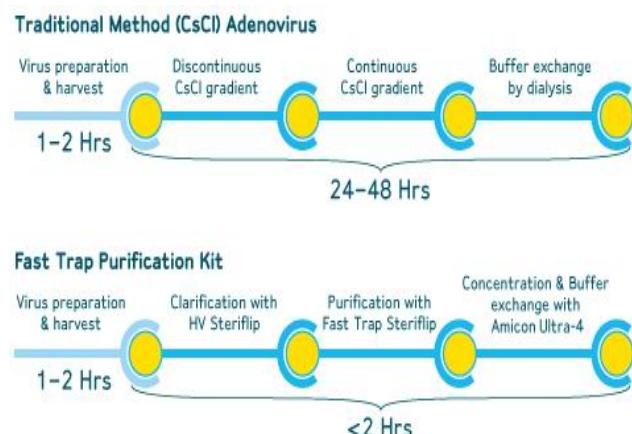
Bio-Rad 公司（美国证券交易所代码：BIO & BIOb）50 多年来一直致力于生产和销售生命科学的研究和临床诊断系列产品，在科学探索领域保持领先地位。该公司的产品质量与客户服务在世界各地的医院、大学、主要研究机构、生物技术公司及药厂中都有口皆碑。1952 年，Bio-Rad 成立于美国加州的 Hercules，为全球市场 85,000 多名科研和工业客户提供服务。这家公司全球雇员超过 6300 名，2007 年收入接近 15 亿美金。更详细的信息请访问 [www.bio-rad.com](http://www.bio-rad.com)。

# 病毒的快速纯化和浓缩

Millipore 公司近日推出全新的 Fast-Trap 病毒纯化和浓缩试剂盒，用于慢病毒、腺病毒和腺相关病毒（AAV）的快速纯化与浓缩。

重组的 AAV 是基因治疗和疫苗开发中的首选病毒载体。近来，改进的重组 AAV 载体在基因治疗上迅速流行，因为它们没有免疫原性，宿主范围广，并可实现长期的转基因表达。

在宿主细胞扩增之后的病毒纯化是一个关键的步骤。传统的 AAV 纯化方法如氯化铯超速离心，是非常耗时耗力的。而且这种方法的质量不稳定，导致感染效力很低。全新的 Fast-Trap AAV 方法则能实现高质量的纯化，整个过程却不超过 2 小时。Fast-Trap 试剂盒还有腺病毒和慢病毒版本。所有的 Fast-Trap 病毒纯化和浓缩试剂盒包含了全部必需的试剂盒装置，能完成整个病毒纯化流程。



Fast-Trap 的优势包括：

- △ 省时：整个过程可在 2 小时内完成
- △ 更高产量：能回收超过 70% 的病毒颗粒
- △ 可靠：简单的流程确保质量结果
- △ 简单：Steriflip 过滤柱避免了棘手的纯化步骤和昂贵的设备
- △ 安全：封闭的真空装置避免可能发生的病毒溢出

关于 Millipore

Millipore (纽约证券交易所代码: MIL)是一个为生命科学研究和生物药品制造提供最先进的技术、工具和服务的供应商。作为战略伙伴，我们与客户合作迎接人类健康问题的挑战。从研究到开发到生产，我们的专业知识和创新解决方案能帮助客户解决最复杂的问题，达成他们的目标。

Millipore 公司是 S&P 500 公司之一，在全世界的 47 个国家拥有超过 6100 名雇员。更多关于 Millipore 公司的信息请访问：[www.millipore.com](http://www.millipore.com)。

(生物通 余亮)

# 小巧又经济的凝胶成像系统

世界领先的凝胶成像供应商 Alpha Innotech 公司近日推出一款小巧又经济的凝胶成像系统——Alphalmager Mini。Alphalmager Mini 有着科研级的摄像头，能用于下游定量分析，既满足了用户的需求，又无需花销太多经费。

Alphalmager Mini 科研级的 130 万像素摄像头，能带来很好的分辨率和动态范围，还带有 USB2.0 接口让数据转移更快速。变焦镜头能让使用者能灵活控制。研究人员还能通过 AlphaSnap 软件自定义曝光时间，打印他们的图像，并以多种方式保存图像以便下游的加工和分析。

Alphalmager Mini 的上市带来了 Alpha Innotech 最新的箱式设计。小巧的箱子提供了屏蔽紫外的视口，能在紫外光开启的时候观察样品。Alphalmager Mini 体型小巧，占地空间仅为 11×14 英寸（约 30×36 cm）。

用户可以利用 Alphalmager Mini 分析各种染料如 EB、SYBR Green、SYBR Safe 和 Hoechst Blue 染色的 DNA 和蛋白凝胶。在添加一块白光照明台后，用户还可以进行白光成像分析，如考马斯

蓝和银染蛋白凝胶的分析。图像可以直接打印，或通过独立的 AlphaView 分析软件（不包括在内）输出并进行分析。

## 关于 Alpha Innotech 公司

成立于 1992 年的Alpha Innotech公司，是开发、制造和销售电子成像和分析系统的领先者，已有在生命科学的研究和药物开发市场上出售了超过 1 万台产品。我们的目标是结合仪器、试剂和生物信息学软件，为功能基因组学、蛋白质组学和细胞分析提供综合的技术平台。我们的客户包括全球的制药及生物科技公司，以及大学、医院和政府研究机构。有关Alpha Innotech的更多信息，请访问：  
[www.alphainnotech.com](http://www.alphainnotech.com)。

(生物通 余亮)

# 赛默飞世尔推出纳升级的移液吸头

赛默飞世尔科技公司最近推出了全新的 Thermo Scientific PocketTip D.A.R.T.s 吸头，可以在 Matrix 自动化系统上实现纳升 (nL) 级的移液。该吸头能将 50-500 nL 悬浮在 DMSO 中的浓缩样品化合物直接转移至分析平板中，节省时间、试剂和实验室耗材，并通过吸头内 (in-tip) 混匀改进了数据质量。

PocketTip D.A.R.T.s 吸头开创了简单、低风险而又可靠的方法，来改变目前的仪器在移液操作时的方法。通过吸取，毛细管囊充满了指定量的化合物溶液，并进行样品和分析试剂的温和混匀，省去了中间的稀释步骤，并为现有仪器增加了新功能。另外，D.A.R.T.s 吸头独特的端面密封使吸头与吸头之间的高度差异最小化。这种创新的移液方法使它能更快完成分析，降低试剂成本，并预防化合物沉淀，得到更精确的结果。

全新的PocketTip D.A.R.T.s吸头是所有次级化合物筛选的理想选择，例如选择性分析、药效测定、细胞和酶的分析、PCR引物稀释等。更多的信息，请访问[www.thermo.com/matrix](http://www.thermo.com/matrix)。

关于赛默飞世尔科技 (Thermo Fisher Scientific)

Thermo Fisher Scientific(赛默飞世尔科技) (纽约证交所代码：TMO) 是全球科学服务领域的领导者，致力于帮助客户使世界更健康、更清洁、

更安全。公司年销售额超过 100 亿美元，拥有员工约 33,000 人，在全球范围内服务超过 350,000 家客户。主要客户类型包括：医药和生物公司，医院和临床诊断实验室，大学、科研院所和政府机构，以及环境与工业过程控制装备制造商等。公司借助于Thermo Scientific和Fisher Scientific这两个主要的品牌，帮助客户解决在分析化学领域从常规的测试到复杂的研发项目中所遇到的各种挑战。Thermo Scientific能够为客户提供一整套包括高端分析仪器、实验室装备、软件、服务、耗材和试剂在内的实验室综合解决方案。Fisher Scientific 为卫生保健，科学研究，以及安全和教育领域的客户提供一系列的实验室装备、化学药品以及其他用品和服务。赛默飞世尔科技将努力为客户提供最为便捷的采购方案，为科研的飞速发展不断地改进工艺技术，提升客户价值，帮助股东提高收益，为员工创造良好的发展空间。欲获取更多信息，请浏览公司的网站：[www.thermo.com.cn](http://www.thermo.com.cn)。

(生物通 余亮)

# Illumina 新推 GenomeStudio 数据分析软件

Illumina 公司近日推出 GenomeStudio 软件，可以分析微阵列和测序产生的数据。对于研究人员来说，GenomeStudio 软件能够实现多种应用中的生物变异关联，并将结果以图形显示。该软件的灵活性让研究人员能与第三方的软件整合起来，用于高级的下游分析。

根据一项早期的使用计划，Illumina 已经向全球部分的科研研究院和基因组中心的客户提供了 GenomeStudio 软件。他们分别是国立遗传研究中心（NCGR）、加利福尼亚大学、斯坦福大学、加州技术研究院和剑桥癌症研究院。

NCGR 基因组中心的主管 Greg May 博士表示：“从样品制备到观察外显子水平的基因表达，这个速度让我们震惊。GenomeStudio 软件让我们看到了 RNA 加工的有意义的变化，并协助我们进一步揭示了复杂环境如精神分裂症和败血症中的转录调节的复杂性。”

GenomeStudio 软件除了有拷贝数变异检测、单核苷酸多态性引入和差异分析的算法外，还包括可视化测序数据的工具。一个称为 CASAVA（序列和变异的一致性评估）的新处理模块能够让使用者检测一台或多台 Genome Analyzer 测序仪运行得到的序列差异。这些新特点使研究人员能立即将获得的片段与加工过的 RNA 序列进行比对，从而鉴定并确定基因、外显子和剪接位点的数量。结果会直接导入 GenomeStudio 软件，用于可视化和图形分析。

Illumina 的首席信息官 Scott Kahn 表示：“Illumina 技术的灵活性让科学家能进行许多基因

组范围的研究应用。在开发 GenomeStudio 软件时，我们注重于整体的整合和易用性。研究人员需要可视化的结果来解释多种应用中的数据。该软件的性能优化让我们用一台简单的便携式或台式系统就能解决问题，而之前可能需要许多信息专家和大型的计算硬件才行。”

GenomeStudio 软件将于 2008 年 11 月全球上市。

## 关于 Illumina

Illumina 公司 ([www.illumina.com](http://www.illumina.com)) 是全球领先的新一代生命科学工具的开发和生产者，并开发大规模分析遗传变异和生物功能的集成工具。我们利用专利技术，为测序、基因分型和基因表达提供全面的产品和服务，还将进入分子诊断市场。我们的客户包含一流的基因研究中心、药厂、研究院、临床研究机构和生物公司。我们的工具有足够的表现力、通量、成本效益和灵活性，使全世界的研究者能通过遗传实验来得到有价值的信息。我们相信这个信息能使研究者把遗传变异与生物功能关联起来，从而加大药物开发和临床研究，让疾病能更早地检测出来，为患者提供更好的药物。

(生物通 余亮)

# GE Healthcare 推出高内涵分析的最新数据管理系统

通用电气医疗集团近日推出 IN Cell Miner High-Content Manager (HCM)，用于有效管理高内涵筛选和分析系统中所产生的复杂数据。这个基于客户端的系统能处理 IN Cell Analyzer 成像系统产生的数据，并提供可升级的数据管理方案。有了它，科学家能始终如一地获取、管理、分享和存档高内涵分析数据，进而提高研究效率，数据安全性和规范性。

新的 IN Cell Miner HCM 与 IN Cell Analyzer 高通量分析系统和 IN Cell Investigator 图像分析软件完全匹配。它简化了步骤、图像和分析结果的数据流，将数据放置在容易查找的环境中。IN Cell Miner HCM 提供以下优势，增加科学家的工作效率：

- ◆ 灵活输入新的或已经存在的 IN Cell Analyzer 数据
- ◆ 功能涵盖从平板到孔到细胞的数据的查看并提取
- ◆ 方便项目注解的工具

## ◆ 查找向导，让数据提取更轻松

IN Cell Miner HCM 内涵管理系统超越了传统的数据管理系统，利用了由行业专家 EMC Documentum 提供的最新内涵管理平台。通用电气医疗集团通过将 EMC Documentum 内涵服务器与开放标准的数据模型和 IN Cell Analyzer 整合起来，提供了让科学家更有效管理数据，并将能力最大化的单个平台。

关于IN Cell Miner HCM的更多信息，请访问  
[www.gelifesciences.com/incell](http://www.gelifesciences.com/incell)。

(生物通 余亮)

# 赛默飞世尔科技推出 ToxSpec Analyzer- 用于毒物筛选的完整液质联用方案

加利福利亚圣约瑟 (2008 年 10 月 27 日) - 今天, 全球科学服务领域的领导者赛默飞世尔科技公司为临床毒理-毒物筛选实验推出了完整、使用简单、液质溶剂低消耗的液质联用分析系统- Thermo Scientific ToxSpec™ Analyzer。ToxSpec Analyzer 将硬件、软件和分析方法整合于一体, 通过自动化毒物筛选显著地简化了毒理工作方案, 增加了鉴定的可信度并且能让新手得出可信的结果。

赛默飞世尔科技有限公司液相色谱质谱联用临床毒理学方案部总监 Jeff Zonderman 说: “ToxSpec Analyzer 是赛默飞世尔的又一个例子, 它运用了一度仅限于实验室研究中的高效技术, 并作为一个完整成熟的解决方案使高效技术得以进入应用市场。”“即使你的实验室从来没用过 LC/MS/MS, 但是这个系统的设计使得你的起步和运行一切都变得简单。”由于其高灵敏度、高选择性、使用简单的软件和方法以及极有竞争力的价格使得 ToxSpec Analyzer 成为业界领先的设备。Bio-Rad 的光谱药物系统就是一个伟大的例子: 这个解决方案就是 ToxSpec Analyzer 非常不错的替代了 Bio-Rad 的光谱药物系统在药物筛选中的应用。

ToxSpec Analyzer 包含筛选方案方法的测试, 其中包括了筛选的每个阶段, 从样品的制备到分析、数据的采集、报告的输出。ToxSpec Analyzer CD 包括:

固相萃取样品方法的制备

LC-MS 数据采集方法

化合物谱库

ToxID 软件配置

推荐消耗品名单

美国联邦航空管理局民用航空医学研究所化

学研究员, 罗伯特约翰逊博士在过去的八个月成功使用 ToxID 1.0 (ToxSpec Analyzer 产品的一部分) 成功地筛选出未知物。

约翰逊博士说: “赛默飞世尔科技 ToxID 软件设计良好, 界面友好, 并且使我们使用 LC-MS 筛选未知物的实验目标成为可能。”

The ToxSpec 分析仪每一方面的设计都是为了确保最大程度的易用性和灵活性。该 ToxID 软件, 只需要一个初始配置; 然后在幕后集成, 通过数据采集软件自动实施化合物的鉴定和报告的产生。根据实验的需要, ToxID 软件能生成摘要, 并且数据预览报告可以以 PDF 或者 EXCEL 的格式生成。

尽管操作简单, 但是 ToxSpec Analyzer 也满足了最严格的实验室性能标准。赛默飞世尔科技在尿样基质中成功地筛选了谱库和分析物列表中的所有化合物, 同时给出了检测限。

与传统的方法相比, 将 ToxSpec Analyzer LC-MS 联用方法应用于毒物筛选能为研究人员提供更多的灵活性。使用 ToxSpec Analyzer, 研究人员可以根据实验的需要应用新的化合物, 一个新药的发现随之而来的是巨大的经济效益。

欲获取更多有关 Thermo Scientific ToxSpec™ Analyzer 和赛默飞世尔科技的其他产品, 浏览[www.thermo.com](http://www.thermo.com)

Thermo Scientific 是 Thermo Fisher Scientific 的一部分，是全球科学服务领域的领导者。

#### 关于赛默飞世尔科技 (Thermo Fisher Scientific)

**Thermo Fisher Scientific** (赛默飞世尔科技) (纽约证交所代码: TMO) 是全球科学服务领域的领导者,致力于帮助客户使世界更健康、更清洁、更安全。公司年销售额超过 100 亿美元, 拥有员工约 33,000 人, 在全球范围内服务超过 350,000 家客户。主要客户类型包括: 医药和生物公司, 医院和临床诊断实验室, 大学、科研院所和政府机构, 以及环境与工业过程控制装备制造商等。公司借助

于 Thermo Scientific 和 Fisher Scientific 这两个主要的品牌, 帮助客户解决在分析化学领域从常规的测试到复杂的研发项目中所遇到的各种挑战。 Thermo Scientific 能够为客户提供一整套包括高端分析仪器、实验室装备、软件、服务、耗材和试剂在内的实验室综合解决方案。Fisher Scientific 为卫生保健, 科学研究, 以及安全和教育领域的客户提供一系列的实验室装备、化学药品以及其他用品和服务。赛默飞世尔科技将努力为客户提供最为便捷的采购方案, 为科研的飞速发展不断地改进工艺技术, 提升客户价值, 帮助股东提高收益, 为员工创造良好的发展空间。欲了解更多信息, 请登陆: [www.thermofisher.com](http://www.thermofisher.com)

# 赛默飞世尔参加 2008 天津国际干细胞论坛

2008 年 10 月 15 日-18 日，赛默飞世尔科技实验室产品部参加了由国家自然科学基金委和中国医学科学院联合主办的 2008 天津国际干细胞论坛，参展并举办了“天津国际干细胞研讨会 ThermoFisher Scientific 技术讲座”。本次赛默飞世尔科技主要展示了在干细胞研究领域相关的仪器和耗材，为客户打造干细胞研究的整体解决方案。

本次展出的仪器包括程序降温仪、Barnstead 超纯水系统、Nunc Opticell 系列细胞培养、细胞冻存及细胞工厂耗材以及全自动磁珠纯化系统等产品。Thermo scientific 展台因其丰富的资料、众多的 DEMO 机器及强大的专业技术解说团队而得到与会师生的青睐和欢迎，众多与会代表前来参观展台，领取资料，并和 Thermo Scientific 的工作人员交流干细胞研究中出现的各种问题和解决方案以及最新的行业信息，成为展会最受欢迎展台。

与此同时，赛默飞世尔科技在 10 月 17 日晚上在大会主会场主办了“天津国际干细胞研讨会 ThermoFisher Scientific 技术讲座”，赛默飞世尔科技实验室产品部中国区产品经理朱延文，细胞成像亚太区经理 Blake Cesarin 分别做了“ThermoFisher 干细胞研究全面解决方案”和“Accelerating Stem Cell Research with High Content Analysis: A Case Study”的技术报告，报告得到大家的积极响应，很多与会者就程序降温仪，细胞培养纯水，细胞样品如何安全保存等问题展开热烈讨论；而细胞成像亚太区经理 Blake 关于细胞高内涵筛选在干细胞研究中的应用报告成为大家关注的焦点，来自中科院，重庆，吉林及血研所等的老师参与了高内涵筛选系统在干细胞领域应用范围，细胞种类，样品制备等问题的讨论和交流，并希望能有机会进一步了解高内涵筛选系统。本次参展得到主办方和与会代表的极大关注和参

与，获得大家的认可和支持，全面展示 Thermo Scientific 在干细胞研究行业整体解决方案。

这些分析仪器和解决方案包括：

- 广泛用于干细胞储存前处理的 CytoMed 程序降温仪。由于其高性能、安全可靠的温变速率可调的冷冻系统而被广泛用于干细胞、淋巴细胞、骨髓细胞、肿瘤细胞、心肌细胞、动物细胞和植物细胞等的冻存。

- 用于各种血清学分析、生长因子、细胞因子、细胞毒性和细胞增值分析的 Multiskan FC 最新型酶标仪。广泛用于各种细胞生物学的分析。

- 满足实验室细胞培养要求的 Barnstead 超纯水系统。作为全球最早生产纯水系统的 Barnstead，拥有 100 多年专业与实验室用水解决方案的能力和历史。

- Nunc 和 Nalgene 细胞培养系列产品和冷冻保存系列产品。尤其是 NUNC 的 Opticell 系列提供顶级一次性塑料实验器具，包括各种细胞培养耗材，细胞冻存耗材、细胞工厂等；而 Nalgene 提供大量高品质的离心耗材、实验台器具等产品。

- 可轻轻松松从样品中高通量分离 DNA/RNA，蛋白质和细胞的 KingFisher Flex 全自动磁珠提取纯化系统，拥有独特的专利技术，转移磁珠而非转移液体，极大提高磁珠回收率。



赛默飞世尔科技的展位



细胞成像产品亚太区经理 Blake 先生在天津国际干细胞研讨会赛默飞世尔技术讲座现场

## 关于赛默飞世尔科技 (Thermo Fisher Scientific)

赛默飞世尔科技 (Thermo Fisher Scientific) (纽约证交所代码: TMO) 是全球科学服务领域的领导者,致力于帮助客户使世界更健康、更清洁、更安全。公司年销售额超过 100 亿美元,拥有员工约 33,000 人,在全球范围内服务超过 350,000 家客户。主要客户类型包括:医药和生物公司,医院和临床诊断实验室,大学、科研院所和政府机构,以及环境与工业过程控制装备制造商等。公司借助于 Thermo Scientific 和 Fisher Scientific 这两个主要的品牌,帮助客户解决在分析化学领域从常规的测试到复杂的研发项目中所遇到的各种挑战。Thermo Scientific 能够为客户提供一整套包括高端分析仪器、实验室装备、软件、服务、耗材和试剂在内的实验室综合解决方案。Fisher Scientific 为卫生保健,科学研究,以及安全和教育领域的客户提供一系列的实验室装备、化学药品以及其他用品和服务。赛默飞世尔科技将努力为客户提供最为便捷的采购方案,为科研的飞速发展不断地改进工艺技术,提升客户价值,帮助股东提高收益,为员工创造良好的发展空间。欲获取更多信息,请浏览公司的网站: [www.thermo.com](http://www.thermo.com) (英文), [www.thermo.com.cn](http://www.thermo.com.cn) (中文)。

# 瑞士 Tecan 亚太总部落户上海

瑞士帝肯 (Tecan) 集团公司在上海建立了新的亚太地区总部—帝肯 (上海) 贸易有限公司。亚太总部的成立，标志着瑞士帝肯公司在中国和亚太地区的重大发展，显示了 Tecan 对中国乃至整个亚太地区市场的关注，这将有利于提高对终端客户及销售合作伙伴的技术服务与支持。

2008 年 10 月 28 日，帝肯 (上海) 贸易有限公司在上海浦东张江高科技园区的德国中心，举办了开业庆典仪式。庆典仪式由 Tecan 集团首席执行官 Thomas Bachmann 主持。出席庆典仪式的贵宾有来自中国、日本、新加坡、澳大利亚的客户代表、Tecan 经销商和奥地利驻中国大使馆官员等。在首席执行官的诚挚邀请下，客人们饶有兴趣地参观了上海办公室，随后出席了极具中国特色的开业典礼及庆典晚宴。

帝肯 (上海) 贸易有限公司，作为新的亚太地区总部，将更加直接地服务于众多跨国生物技术公司、跨国制药公司和临床诊断公司。已建立多时的 Tecan 北京代表处也将继续保持与中国区客户的密切关系；在中国已经构建并运转良好的经销网络将被进一步开发以全面覆盖亚太地区，包括大力增强售后客户支持力量。Tecan 还将从细化培训、建立零配件库和强化服务几方面加大对经销商的支持。

Bachmann 先生说：“我们很高兴在今天生命

科学领域发展最快的地区之一做出这个积极的举措。通过加强根基，建设新的设施，我们能够扩大销售的覆盖面，进一步提高面向整个亚太地区所有客户及合作伙伴的服务和支持。”

## 关于 Tecan

Tecan 是全球领先的实验室仪器及生物制药、刑侦科学和临床诊断行业解决方案的供应商。公司专业从事生物科学实验室自动化解决方案的开发、生产和销售。其子公司 REMP 的并入，使 Tecan 成为市场领先的自动化实验室存储和管理系统供应商。Tecan 的客户包括制药和生物技术公司、科研院所、法医、医院、血站系统和疾病控制中心 (CDC) 等。公司于 1980 年建于瑞士，在北美和欧洲均有生产和研发基地，销售网络遍布世界 52 个国家。2007 年，Tecan 的销售额达到 4.144 亿瑞士法郎 (3.453 亿美元；2.527 亿欧元)。Tecan 集团股票可在 SWX 瑞士证券交易所进行交易。(TK: TECN/Reuters: TECZn.S/Valor: 1210019)。