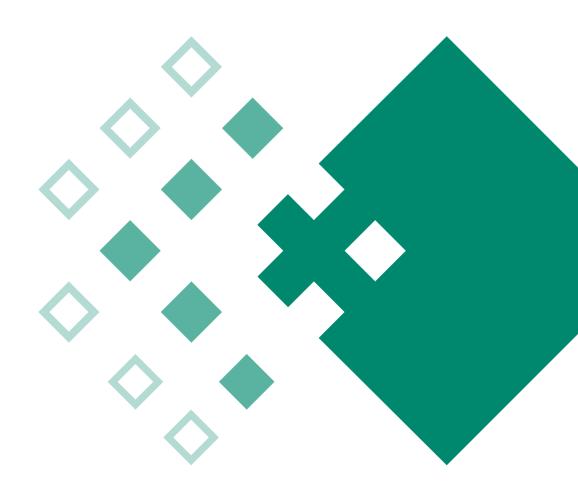


Biacore™ 8K 检测蛋白 与小分子相互作用

操作指南



目录

01	实验目的	03
02	注释	03
03	实验使用机型、试剂和耗材	03
04	实验步骤	04
	(一)仪器准备	04
	(二)配体偶联	06
	(三)样品检测过程	11
	(四)实验结果分析	15

Biacore™ 8K 检测蛋白与小分子结合操作指南

一、实验目的

利用 Biacore™ 8K 系统和 S 系列 CM5 芯片检测小分子与蛋白结合的动力学和亲和力数据。本实验使用的小分子分子量为 400 Da,蛋白分子量为 20kD。若蛋白与小分子的分子量比大于100 kD,换用 S 系列 CM7 芯片。

二、注释

注意事项:实验前请详细阅读该指南,并准备好相应实验用品。该指南仅供类似实验参考,用户须根据实际样品来源、条件、目的调整各项实验参数。对于水溶性好的小分子,无需按照本指南进行溶剂校正操作。

三、实验使用机型、试剂和耗材

- 1、本实验所用机型: Biacore™ 8K ,若为其他机型,请按照对应机型的操作说明进行调整,或咨询 Biacore 产品专家。
- 2、S 系列 CM5 芯片。货号: 29-1049-88(一片装), BR-1005-30(三片装), 29-1496-03 (十片装), 厂家为 Cytiva。
- 3、氨基偶联试剂盒。货号: BR-1000-50, 厂家为 Cytiva。
- 4、偶联缓冲液: 10mM 醋酸钠 pH4.0(货号: BR-1003-49),或10mM 醋酸钠 pH4.5(货号: BR-1003-50),厂家为 Cytiva。
- 5、缓冲液: 10 x PBS-P+ (货号: 28-9950-84) , 厂家为 Cytiva。

(也可扫描下方的二维码选择含上述 2/3/4 或 2/3/4/5 所有耗材的套餐)



含 S 系列 CM5 芯片套餐



含 S 系列 CM7 芯片套餐

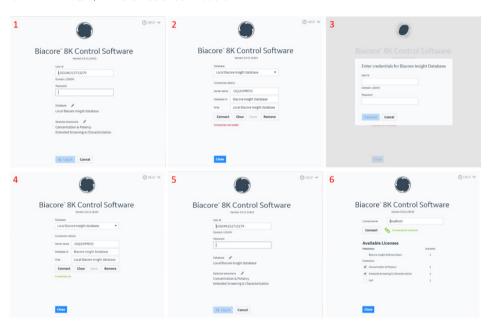
- 6、分析纯 DMSO, 去离子水 0.22 μm 膜过滤(若纯水仪已含该滤芯,可无需再次过滤直接使用)。
- 7、蛋白: 尽量现制现用或现买现用,浓度一般需大于 500 μg/ml。溶解液尽量不含 Tris 等带有伯氨基团的成分。
- 8、小分子 LMW: 母液浓度建议大于 10 mM, 体积在 50 μl 以上, 纯度>90%, 溶在 100%DMSO里。溶液中不要含有咪唑、蔗糖、甘油等高折光率物质。
- 9、其他耗材: 96 孔微孔板(250μl)(货号: BR100503), 96孔板封口膜(货号: 28975816), 厂家为 Cytiva。

四、实验步骤

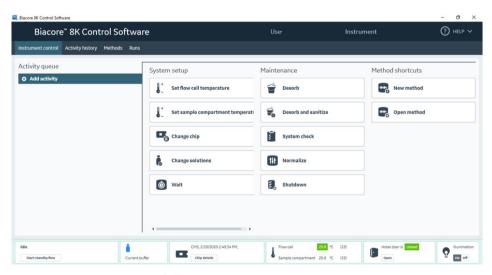
(一) 仪器准备

1、开机操作

- 1) 打开 Biacore™ 8K 系统和电脑的电源开关。Biacore™ 8K 的电源开关位于系统背面的左下角。 开机自检通过后,即可操作。
- 2) 打开 Biacore™ 8K 控制软件,先点击 Database 后的 ✓ ,再点击 Connect,输入用户名和密码(与电脑登录的用户名和密码一致),点击 Connect,确保 database已经连接,点击 close,回到登录主界面,点击 Selected extensions 后的,再点击 Connect,勾选下面的 extension module,点击 close,回到登录主界面,最后再输入密码,点击 Log in),运行后软件程序会自动和主机系统建立连接,显示控制软件主界面。

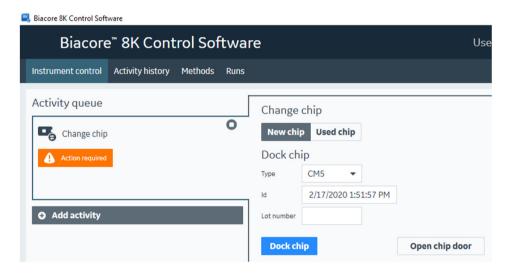


Biacore™ 8K Control Software 登录界面

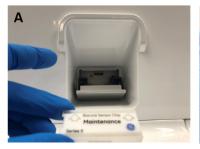


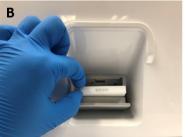
Biacore™ 8K Control Software 主界面

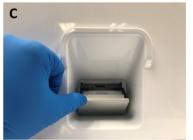
- 3) 准备运行缓冲液。量取 100 mL 10 x PBS-P+buffer、900 mL 去离子水(已经 0.22 μ m 膜过滤),混匀后放入1000 mL 缓冲液瓶。
- 4) 设备开机后,即可使用,无需等待。
- 2、缓冲液的放置
- 1) 将已经配制好的缓冲液放在 Biacore™ 8K 系统右侧的桌面上,并将标记 buffer 的进液管 A 插入至缓冲液瓶底部。
- 2) 取 2 L 去离子水装入 2 L 缓冲液瓶,同样放置在右侧桌面上,并将标注有 Water 和 Reagent 的进液管插入至纯水瓶底部,用于清洗进样针。(Reagent 管路用于实验中大量溶液进液,无需使用时放入纯水瓶)
- 3) 将废液桶放置在 Biacore™ 8K 系统下方,将废液管连接到废液桶上。
- 3、芯片的放置
- 1) 点击控制软件主界面第一列的 Change chip , 再 Undock chip 点击 , 稍等 1 分钟 , 自动打开芯片舱门。
- 2) 如果使用的是新芯片,选择 New Chip。在 Type 的下拉菜单中选择对应的芯片种类,在 Id 中填入和芯片相关的实验信息,Lot No. 中可填入芯片批号(选填)。如果是已经使用过的芯片,请选择 Used Chip,直接选择芯片信息。



4) 手持芯片, 有字的一面朝上。按照芯片上的箭头方向, 将芯片轻轻推入卡槽, 最后合上芯片舱的舱门。



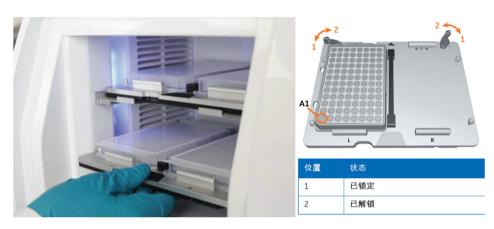




- 5) 点击 Dock Chip 按钮,芯片置入后系统将自动转入待机(Standby)状态。
- 6) 点击控制软件主界面第一列的 **L** Change solutions 命令,点击Ready to start。缓冲液会以较高的流速冲洗整个内部的流路系统,整个过程耗时 6-7 分钟。结束后,系统自动转入待机(Standby)状态。注意:当系统更换缓冲液后,必须运行 Change solutions 程序。Change solutions 时缓冲液会冲洗整个流路系统,为下一步的实验做好准备。

4、放置样品盘

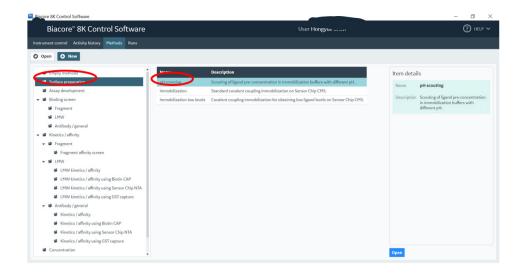
- 1) 点击控制软件主界面右下方 📵 🚾 的 open 按钮,样品舱舱门会自动打开,此时主界面右下方显示变为 📵 🚾 ,注意 open 和 close 的颜色变化。
- 2) 如下图所示,取放样品盘和 96/384 孔板,解锁孔板(1→2),并放入新配置的 96/384 孔板,锁定(2→1),然后再放入样品舱,注意样品盘要正确放入对应卡槽中,关上舱门,此时主界面右下方显示变为 → 表明舱门已关。(注意,Biacore™ 8K 配有 2 块样品盘,Biacore™ 8K+ 配有 6 块样品盘,实验中取放其他样品盘,可照此操作)



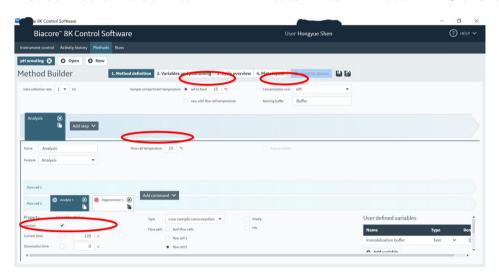
样品架的取出方式

(二)配体偶联

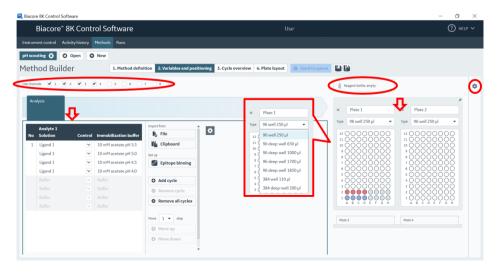
- 1、配体偶联预富集条件摸索
- 1)蛋白用 pH5.5, 5.0, 4.5, 4.0 的醋酸钠分别稀释至10 μ g/ml(至少 5 倍稀释比),各100 μ L 备用。
- 2)在打开的 Biacore™ 8K Control Software 点击主界面右上方的 Methods,单击 ♥ New ,选择 Surface preparation 菜单中的 pH Scouting 模板,双击打开。



3)在全新的模板界面上,在 1.Method definition 选项卡中,样品舱温度选择为 set to fixed 25℃,浓度单位选择对应的单位。将 Contact time 保持默认的 180s 或改为 120s,其余不变。

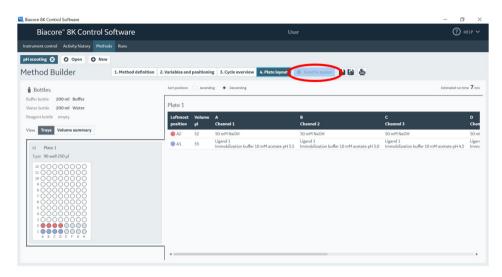


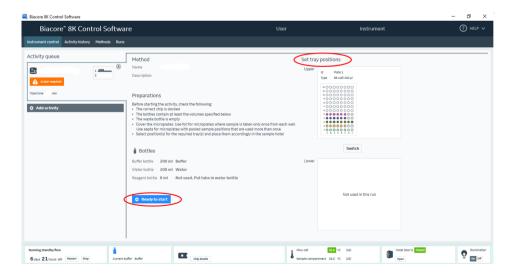
4)在 2.Variables and positioning 界面中,在 Use Channels 中选择 1-4 进行勾选(本实验只有一个样品四个 pH,选择四个通道即可),在表格的 Solution 栏下填蛋白的名称,在右方根据样品体积在 Type 中选择 96/384 孔板类型,并设置与更改样品位置。



若需要合并相同的溶液或者将溶液合并到同一块 plate 上,可以点击屏幕最右侧的 ❖ 图标,勾选相应的 pooling 或用鼠标将溶液拖动到同一 plate 上。若需使用到大体积溶液可将其用鼠标拖动到 Reagent bottle。

- 5) 在 3.Cycle overview 界面中,检测各项是否填写错误或漏填,若漏填,系统会在相应位置红色提醒。
- 6)在 4. Plate layout 界面中,将蛋白样品使用不同pH 醋酸钠进行稀释,根据屏幕显示准备样品并放置在相应位置(放入样品体积略大于显示体积即可,若实验设计中包含空孔,必须使用buffer以相同样品体积加满)。

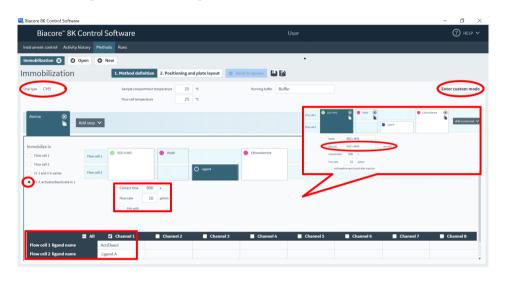




8) 运行结束后,用 Biacore™ 8K evaluation Software 打开运行结果文件(如下图),选择能达到目标偶联量,并且条件最温和的那个 pH 的醋酸钠进行后续偶联。

2、配体偶联

- 1) 打开 Biacore™ 8K Control Software,点击上方任务栏中的 Methods,单击 ◆ New ,选择 Surface preparation 菜单中的 Immobilization 模板,双击打开。
- 2)如下图设置好参数,偶联方式(flow cell1 只做活化-封闭,flow cell 2 通道做活化-偶联蛋白-封闭,如图红圈标注。若只偶联 flow cell1 或 2,或同时偶联两个 flow cell,则选择红圈上面的对应选项)。偶联时间根据样品情况所定(小分子实验尽量选择饱和偶联),速度 10μl/min。下方只勾选实验通道 Channel 1(若 Channel 1 已用,可使用其他任意 Channel);Channel 1 中 Flow cell 2 ligand name 改为 Ligand A。

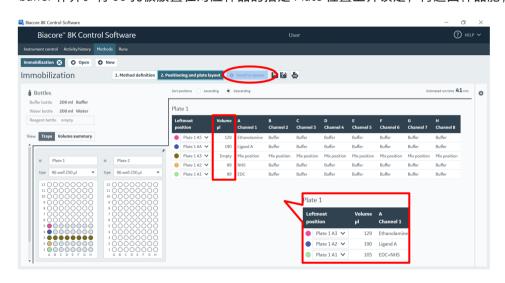


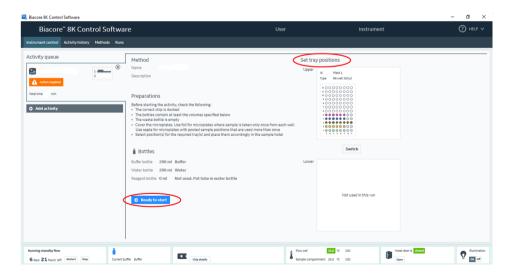
程序默认 EDC+NHS 通过仪器混合,但为了节省时间,我们可以设置手动预混。点击 Enter custom mode 进入个性化定制程序,在 EDC+NHS 选项卡中,去除 mix with 前方的勾选,并将 Solutin 名称改为 EDC+NHS,其余不变,即可在手动预混后进行实验。

表一 偶联量与配体工作浓度、进样时间及芯片类型对照表

分子量比 (蛋白/小分子)	≤50	50~100	> 100	
芯片类型	S seri	S series CM5		
目标偶联量	~8000 RU	~15000 RU	>20000 RU	
配体工作浓度	20μg/mL	40 μg/mL	50 μg/mL	
contact time	600s	900s	900s	

3)在 2.Positioning and plate layout 界面中,检查屏幕上显示的 Bottles 中的溶液体积是否足够,再按照屏幕显示的样品位置信息,准备足够体积的样品,并放入对应 Trays 的 Plate 上的指定位置(放入样品体积略大于显示体积即可)。以下图为例,89 μl 的EDC放入 Plate1 A1,89 μl 的NHS 放入 Plate1 A2(若选择手动预混则如右下图所示,将105μl手动预混后的 EDC+NHS放入相应板位)129 μl 乙醇胺放入 Plate1 A5,190μl以pH4.0 的醋酸钠稀释至 50 μg/mL 的样品(或按上表配制相应浓度)放入 Plate1 A4,其他显示 Buffer 的区域用 1 x PBS-P+/PBS-P +5%DMSO buffer 补齐。将 96 孔板放置在对应样品的指定 Plate 位置上并锁定,再送回样品舱,合上舱门。





- 5) 偶联结束后, 软件自动生成并显示偶联结果。
- 6) 偶联结束后,即可进入下一步实验,无需等待基线平衡。

(三)样品检测过程

1、配置运行缓冲液和溶剂校正曲线

小分子样品的运行缓冲液选用含 5%DMSO 的 1×PBS-P+(视样品溶解性可调整 DMSO 含量,最高不超过 10%)

取 105 mL 10×PBS-P+ 用去离子水稀释到 1L,配成1.05×PBS-P+。并按照下表,加入 DMSO ,配置 5%DMSO 运行缓冲液和 4.5%、5.8% 溶剂校正母液(running buffer 中 DMSO 浓度并非绝对 5%,可视小分子样品溶解度情况而定,0-10% 均可。若 running buffer 中 DMSO 浓度变化,则溶剂校正母液也相应变化,只要 cover running buffer 中 DMSO 浓度即可)。

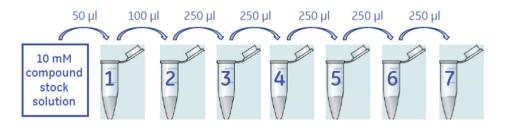
4.5% DMSO		5.8% DMSO	5.0% DMSO running buffer	
1.05 x PBS-P+	9.5 ml	9.5 ml	950 ml	
100 % DMSO	0.45 ml	0.58 ml	50 ml	
Final volume	~10 ml	~10 ml	1000	

按照下表混合 4.5% 和 5.8% 母液配置 5%DMSO 浓度校正曲线(DMSO 标准液的数量并非一定要 8 个,通常 4-8 个均可。总体积也并非一定要 1.4ml,这些均可根据实际情况自行调整)

Buffer/Vial	1	2	3	4	5	6	7	8
4.5% DMSO	0	200	400	600	800	1000	1200	1400
5.8% DMSO	1400	1200	1000	800	600	400	200	0

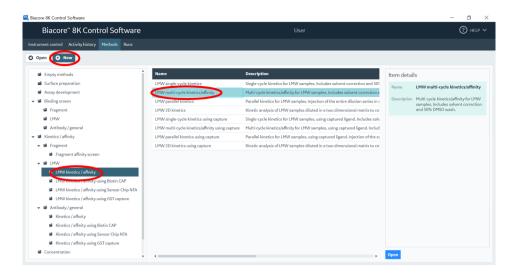
2、小分子样品准备

用不含 DMSO 的 1.05×PBS-P+ 缓冲液稀释 10 mM 小分子母液 20 倍,得到 500 μM 含 5% DMSO 的 1×PBS-P+ 中的小分子,再用配好的含 5% DMSO 的 Running Buffer 将分析物浓度稀释到100 μM 作为最高进样浓度,向下对半稀释至少 5 个浓度梯度,例如 100 μM, 50 μM, 25 μM, 12.5 μM, 6.25 μM, 3.125 μM(根据实际样品亲和力强弱进行浓度梯度调整)。间隔设置一个重复浓度,增加一个0浓度。

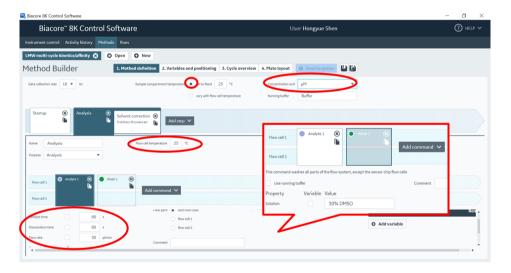


1.05×PBS-P+ buffer	950 µl	-	-	-	-	-	-
Running buffer	-	400 µl	250 µl				
Compound conc. (µM)	500	100	50	25	12.5	6.25	3.12

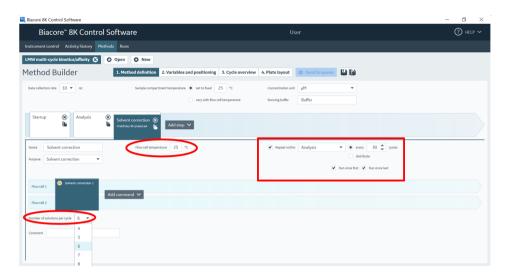
(注意: 图中 1.05×PBS-P+ buffer 不含 DMSO, running buffer 含 5% DMSO)



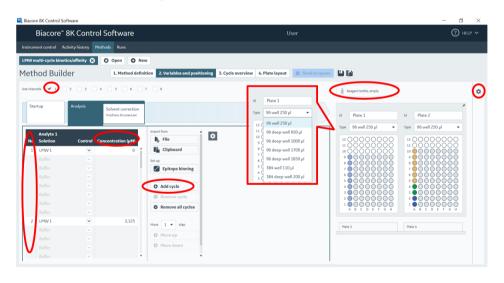
4、在 1.Method definition 界面中,样品舱温度选择为 set to fixed 25℃,浓度单位选择对应的单位,其他不变。下面的 Analysis 窗口中,分析温度填写默认的 25℃,Contact time 为 60s,Dissociation time 为 60s(小分子通常无需再生), Flow rate 为 30 μl/min。在 Startup 中的各项填上与 Analysis 窗口一样的数字(或者按照系统默认的值不变)。(注意,无论是 Startup 或者 Analysis 选项卡中 Wash 选项均使用 50%DMSO)



5、在 1.Method definition 界面中,选择 Solvent correction 选项卡,调整溶剂矫正参数。通常设置检测开始时一次,结束时一次,每隔 30 cycle 一次。检测温度默认 25 °C,也可根据需要进行修改。根据配置的标准溶液浓度数量,在 Number of solutions per cycle 设置 4-8 个浓度进行溶剂矫正。

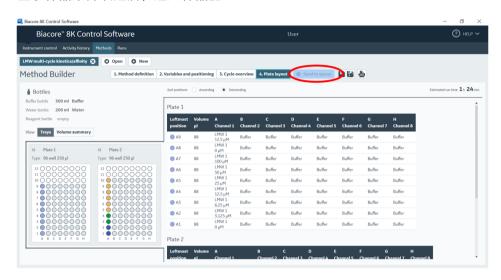


6、在 2. Variables and positioning 界面中,在 Use channels,只对 1进行勾选(2-7 未偶联配体,本次实验不使用)。在 Startup 选项卡 Add Cycle 增加至三个循环,在 Analysis 选项卡,在跳出的表格的 solution 填写样品名称,点击 Add Cycle 增加至九个循环,第一个循环 Concentration为 0 nM,样品浓度由低到高填写(注意要设置重复浓度和零浓度),在右方根据样品体积在Type中选择 96/384 孔板类型,并设置与更改样品位置。具体填写如下:

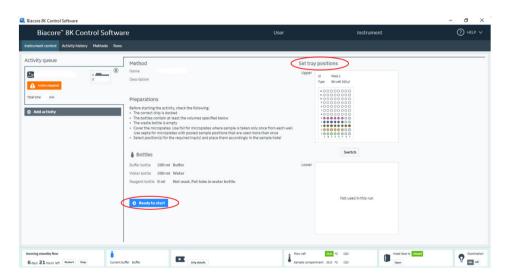


若需要合并相同的溶液或者将溶液合并到同一块 plate 上,可以点击屏幕最右侧的 🌣 图标,勾选相应的 pooling 或用鼠标将溶液拖动到同一 plate 上。若需使用到大体积溶液可将其用鼠标拖动到 Reagent bottle。

- 7、点击 3. Cycle overview, 检测各项是否填写错误或漏填,若漏填,系统会在相应位置红色提醒。
- 8、在 4. Plate layout 界面,按照右边表格所示准备相当体积的样品(样品B使用 1 x PBS-P/1 x PBS-P+5%DMSO buffer 稀释),并按照左边96孔板指示位置,将样品加入其中(该实验中推荐先使用 buffer 将其他空格补足,再进行加样),随即使用 96 孔板封板膜将 96 孔板封闭。将 96 孔板置于样品架并锁定后,送入样品舱。

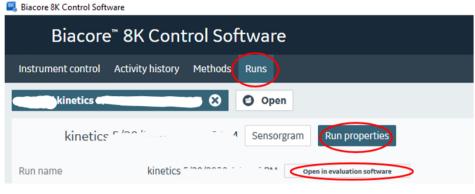


9、点击上方的文件保存图标,将方法文件保存在相应路径中,(这样系统会自动保存该文件,后续有类似操作时,可直接调用该文件)。再点击 ② Send to queue ,系统会自动跳转到新的界面,确认屏幕显示各项是否放置正确,确保 tray 和 plate 位置和显示一致。然后再点击下方 ② Ready to start 。在跳出的窗口中保存 result 文件到对应路径。系统正式自动运行程序。(Method 及 result 文件名均需要保持英文,且字符数不宜过长)

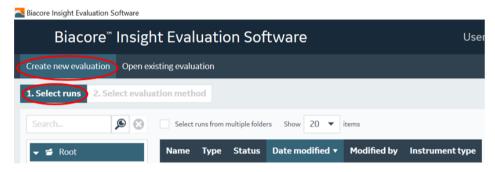


(四)实验结果分析

1) 点击 Biacore™ 8K Control Software 主界面上方的 Runs,找到结果文件,双击打开。然后,选择 Run properties,点击 Open in evaluation software,界面跳转到 Biacore Insight Evaluation Software。 或打开打开数据分析软件 Biacore™ 8K Insight Evaluation,打开方式如 Biacore Control Software 进行登录。选择 Create new evaluation(如果是以前分析好的数据,选择 open existing method,直接打开即可),点击 1. Select runs,找到结果文件,双击打开。

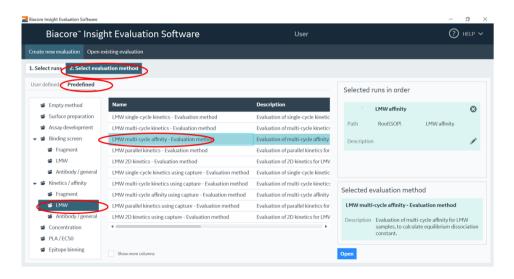


Biacore™ 8K Control软件打开结果文件



Biacore™ 8K Insight Evalution软件打开结果文件

2) 选择 2. Select evaluation method (若从 Control 软件跳转过来,直接进入该页面),点击 Predefined,再选择 Kinetics/affinity 下方的 LMW,选择右侧分析具体方法 LMW multi-cycle affinity- Evaluation method (同实验方法对应),双击,分析软件自动进行拟合,输出结果。



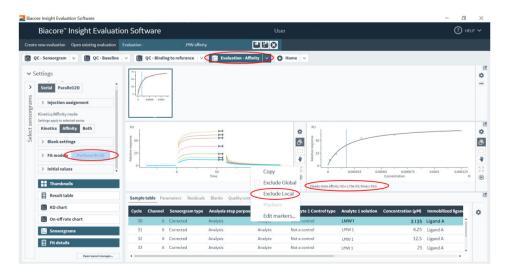
3) 在 Solvent correction 界面,观察溶剂矫正结果。溶剂校正曲线一般要求落在 -500 到+1000RU,拟合的 Chi2 小于 2。观察并确定所有竖线均落在矫正曲线范围内,确保所有数据有正有负,即可点击 Apply and close,接受溶剂矫正结果。



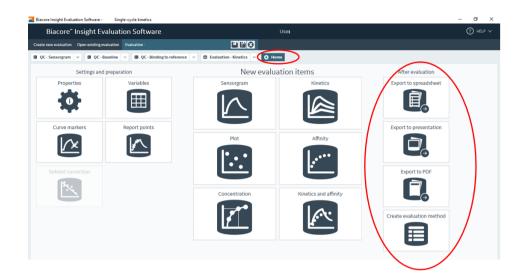
4) 点击上方 QC-Binding to reference, 检查各个点是否小于 Evaluation-affinity 传感图中中对应响应值的 20%。如是,直接跳到下一步。注:若 Binding to reference 各个点的响应值大于 Evaluation-Affinity 传感图中对应响应值的 20%,即存在非特异性结合。此时可尝试降低流动相样品浓度。



4) 点击 Evaluation-Affinity,自动拟合后的传感图下方显示,亲和力: KD = 1.70×10-5 M。点击下方 Sample table,选择对应浓度组,右击鼠标选择 Exclude local,删除异常或不需要的浓度组。删除数据后,需重新点击左侧 Perform fit 按钮,得到拟合数据。



5) 将鼠标放在图上,点击右键可以直接 copy graph 或者 copy small/ medium/ large image)用于文章发表,也可以右键点击 export curve,导出txt文本后自行用第三方软件作图。或者,点击右上方 Home 按钮,根据实际需要,选择主界面右侧结果输出模式(包括 Excel, PPT, PDF格式)。



如有问题,请拨打免费技术热线 请拨 400-810-9118

关于 Cytiva 思拓凡

Cytiva (思拓凡) 是全球生命科学领域的先行者,是 Danaher (丹纳赫集团)旗下独立运营公司。作为值得信赖的合作伙伴,Cytiva 积极携手学术及转化医学领域的研究人员、生物技术开发者和制造商,专注于生物药物、细胞与基因疗法以及以 mRNA 为代表的一系列创新技术的研究,通过提升药物研发和生物工艺的能力、速度、效率和灵活性,为惠及全球患者开发和生产变革性药物和疗法。欢迎访问 cytiva.com.cn 获取更多信息。

智荟专线: 400-810-9118

官微订阅号: Cytiva

官微服务号: CytivaChina

cytiva.com.cn

Cytiva 和 Drop 标识是 Global Life Sciences IP Holdco LLC 或其附属公司的注册商标。 © 2023 Cytiva

所有商品和服务的销售需遵守在 Cytiva 运营之供应商公司的销售条款和条件。 如需查看当地办公室的联系信息,请访问 : cytiva.com.cn/contact。

