

Opentrons Flex 自动化移液工作站: 高效赋能蛋白组学 PAC 前处理



作者

中国医学科学院系统医学研究院 / 苏州系统医学研究所叶子璐研究员团队

摘要

在蛋白组学研究中，样品前处理的效率与一致性直接影响后续质谱检测的准确性与重复性。复杂样品（如含脂质、多糖等杂质的生物样本）需通过严格的提取富集、变性酶解等步骤纯化蛋白质，传统手动操作不仅耗时费力，还易因人为误差导致结果波动。Opentrons Flex 作为一款高性能自动化移液工作站，凭借精准的移液控制、灵活的流程适配及稳定的批量处理能力，在蛋白组学样品前处理领域展现出巨大潜力。

本应用笔记由中国医学科学院系统医学研究院/苏州系统医学研究所叶子璐研究员团队主导，重点评估了 Opentrons Flex 自动化移液工作站在蛋白组学 PAC (Protein Aggregation Capture) 流程中的适用性，并深入探讨了其在提高实验效率与一致性方面的应用价值。

测试目的

- 评估自动化设备在蛋白组样品前处理(PAC)中的应用可行性
- 验证自动化仪器处理样品时的重复性与一致性

材料与方法

- 实验流程:

样品预处理: 向 HeLa 细胞悬液中加入裂解液 (lysis buffer)、TCEP 和 CAA，完成细胞裂解与蛋白质还原烷基化；

测定裂解液蛋白浓度;

自动化 PAC 处理: 使用 Opentrons Flex 自动化移液工作站处理48个重复样品（每个样品含约 12.5 μg 蛋白）；

PAC 核心步骤（由 Opentrons Flex 全自动完成）:

- 1、在样品中按比例加入磁珠；
- 2、添加 ACN，并在室温下震荡混合磁珠与蛋白；
- 3、通过磁吸分离，使用 ACN 洗涤磁珠去除杂质；
- 4、加入酶解缓冲液 (digestion buffer)，在 37°C 下温控震荡进行酶解；
- 5、自动转移酶解后的肽段至目标板，供后续处理。

质谱检测: 随机抽取样品，取约 100 ng 上样量进行质谱分析。

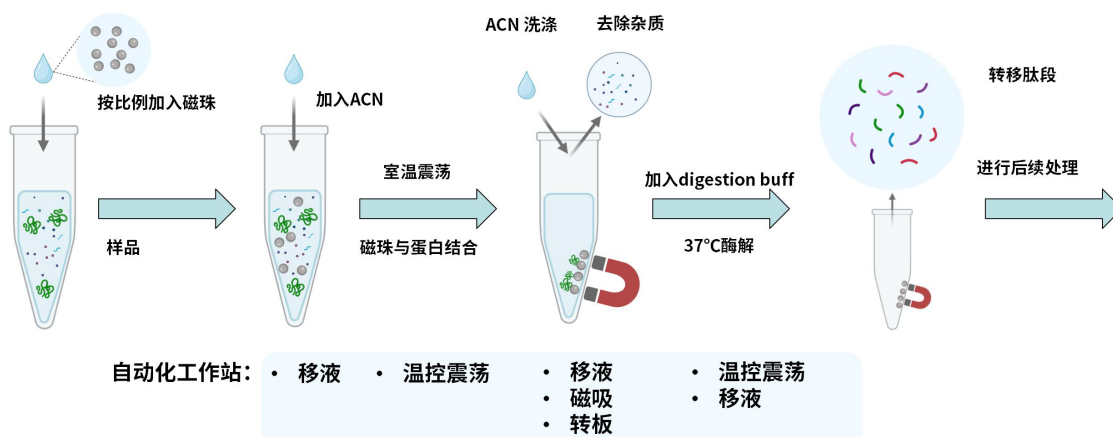
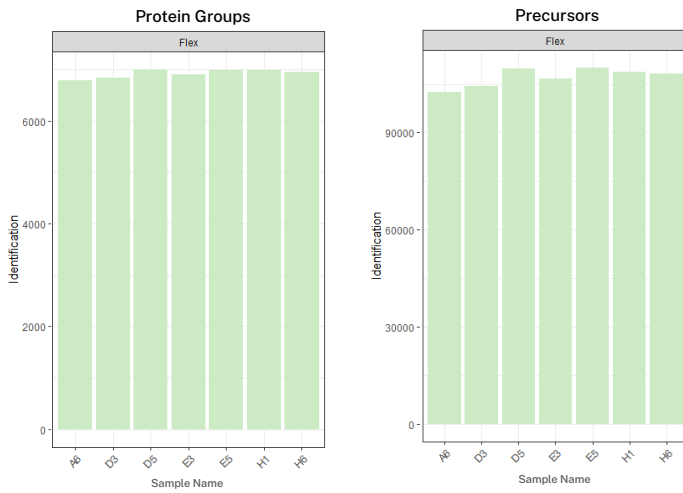


图1. PAC (Protein Aggregation Capture) 流程

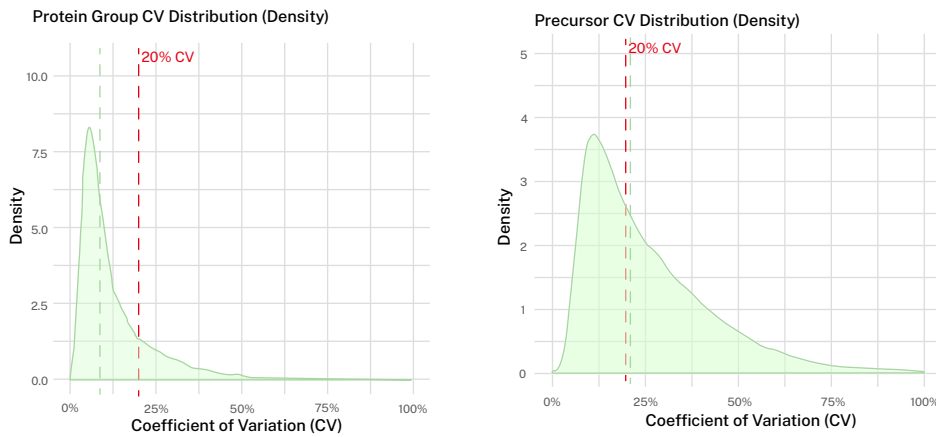
材料与方法

1. 鉴定量



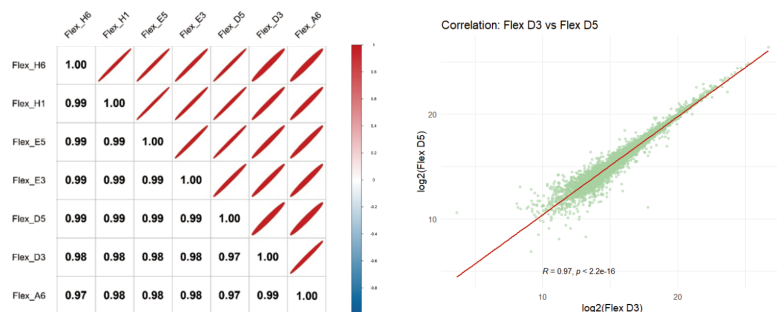
经 Opentrons Flex 处理后的不同样本蛋白和肽段鉴定量显示出高度一致性，且鉴定深度良好。

2. 重复性



实验结果表明，Opentrons Flex 处理样本的 CV 值集中，整体稳定性优异，即使在批量处理重复样品时，仍能保证结果的均一性，降低人为操作导致的误差。

3. 相关性



不同样本之间的相关性热图显示出样本之间的高相关性，散点图展示了高水平的组内一致性和可靠的实验结果。

结论

Flex 全自动移液工作站完美适配蛋白组学样品的 PAC 前处理流程，展现出良好的一致性与高效的样本处理能力。该自动化方案显著减少了手动操作时间，试剂准备和耗材装载时间仅需不到 10 分钟，大大节省了实验台时间，为批量、标准化的蛋白组学研究提供了可靠且高效的工具支持。