

## 研究报告

双重套式 PCR 对不同取样胚胎性别  
鉴定灵敏度测试\*赵学明<sup>1</sup> 朱士恩<sup>1,2\*\*</sup> 侯云鹏<sup>1</sup> 周光斌<sup>1</sup>

(1 中国农业大学动物科技学院 北京 100094 2 中国农业大学农业生物技术国家重点实验室 北京 100094)

**摘要** 目的: 测定双重套式 PCR 微量扩增体系的灵敏度, 为附植前遗传学诊断(PGD)、家畜胚胎性别鉴定等提供技术保障。方法: 以桑椹胚卵裂球为模板进行扩增, 建立昆明白小鼠特异的 SRY/ZFX 双重套式 PCR 性别鉴定体系。按卵裂球数量的不同分为五组, 对应的卵裂球个数分别为 1、2、3、4、5 及以上。根据有效扩增结果得出双重套式 PCR 的灵敏度。结果: 第 1 组(卵裂球个数为 1), 有效检出率为 85%(34/40), 污染率为 7.5%(3/40), 漏检率为 7.5%(3/40)。随着卵裂球个数的增多, 有效检出率逐渐升高, 而污染率和漏检率则呈逐渐下降趋势。第 5 组(卵裂球达到 5 及以上), 有效检出率达到 100%, 漏检率为 0。对于第 2、3、4、5 组而言, 有效检出率及漏检率各组间并无显著差异( $P > 0.05$ ); 而第一组与其它各组间, 有效检出率及漏检率存在显著差异( $P < 0.05$ )。结论: 双重套式 PCR 可以有效扩增基因组 DNA 量约为 12pg 的模板, 且扩增片段为单拷贝片段。

**关键词** 双重套式 PCR 灵敏度 胚胎性别鉴定

PCR 反应是一种灵敏性很高的 DNA 检测技术, 理论上的敏感性足以检测到 1 个靶 DNA 分子。但在实际检测中由于受特异性及其它因素的制约, 灵敏性远低于理论值<sup>[1]</sup>。套式 PCR 是通过“外”、“内”两对引物对目标区段的“外”、“内”两个区域进行扩增<sup>[2]</sup>, 与常规 PCR 相比, 具有灵敏度高、特异性强的优点, 已经成为极微量模板检测的重要手段, 广泛运用在人类胚胎植入前遗传学诊断(PGD)<sup>[3]</sup>、家畜胚胎性别鉴定<sup>[4]</sup>等各个领域。因而, 在进行极为敏感的基因检测时, 为了提高反应灵敏性和特异性, 常用套式 PCR 来代替常规 PCR 作为检测手段。由于套式 PCR 的灵敏度受诸多因素的影响, 如 Taq 酶、反应条件等, 因而在不同实验中往往差异较大。因家畜胚胎性别鉴定一般在桑椹胚及囊胚期进行, 本实验以桑椹胚卵裂球为模板进行灵敏度测定, 建立了昆明白小鼠 SRY/ZFX 双重套式 PCR 性别鉴定体系, 为家畜胚胎采用双重

套式 PCR 进行性别鉴定提供了较为可靠的参数。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

性成熟的昆明白雄、雌鼠(购自军事医学科学院实验动物中心, 合格证号: 京动许字 02001), PMSG(天津市华孚高生物新技术公司, 批号: 20040329), hCG(宁波市激素制品厂, 批号: 20040112)。TaqE(5.0U/μl)、10 × PCR Buffer(含 15mmol/L Mg<sup>2+</sup>)均购自 Promega 公司, dNTPs(10mmol/L, pH7.5)购自北京鼎国生物工程公司, SRY、ZFX 内外套引物均由上海生工合成, Marker(pBR322, Hane III)购自华美公司。

### 1.2 昆明白小鼠双重套式 PCR 性别鉴定技术体系的建立

1.2.1 引物设计与分析 从 GeneBank 中检索不同品种小鼠的 SRY、ZFX 基因序列, 运用 DNAMAN 6.0、Primer 3.0 及 Oligo 6.0 进行引物设计与分析。

外套 SRY、ZFX 引物: SRY 引物扩增产物 250bp, ZFX 引物扩增产物 550bp

收稿日期: 2005-01-14 修回日期: 2005-01-27

\* 北京市科委重点项目(H022020060420), 科技部农业成果转化基金资助项目(03EFN211300026)

\*\* 通讯作者, 电子信箱: zhushien@cau.edu.cn

SRY250U 5'-CTT TTT CCA GGA GGC ACA GA-  
3'

SRY250L 5'-GAC AGG CTG CCA ATA AAA  
GC-3'

ZFX550U 5'-GCA CAT GCG AAT CCA TAC TG-  
3'

ZFX550L 5'-TGA TAC ACT TTC CGG CCA CT-  
3'

内套 SRY、ZFX 引物: SRY 引物扩增产物  
187bp, ZFX 引物扩增产物 399bp

SRY187U 5'-AGG AGG CAC AGA GAT TGA  
AG-3'

SRY187L 5'-GGT GTG CAG CTC TAC TCC A-  
3'

ZFX399U 5'-AAG AGA TGC CAT TCA AGT  
GTG A-3'

ZFX399L 5'-GCT CAC TTT GTT GCC GAA AT-  
3'

1.2.2 实验扩增体系和循环参数设定 经过优化  
及预实验,确定了本实验扩增体系和循环参数。

(1) 外套 SRY、ZFX 扩增体系 ddH<sub>2</sub>O 为  
8.25μl, 10 × Buffer 为 2.5μl, dNTPs 为 2.0μl, 引物  
SRY250 为 PF、PR 各 1.0μl, 引物 ZFX550 为 PF、PR  
各 1.5μl, TaqE 为 0.25μl, 模板为 7μl (5μl TE + 样  
品)。总体积: 25μl。循环参数为: 预变性: 94℃,  
5min; 变性: 94℃, 30s, 退火: 65℃, 35s; 延伸: 72℃,  
40s, 共 30 个循环; 72℃, 10 min, 4℃。

(2) 内套 SRY、ZFX 扩增体系 ddH<sub>2</sub>O 为  
11.25μl, 10 × Buffer 为 2.5μl, dNTPs 为 2.0μl, 引物  
SRY250 为 PF、PR 各 1.0μl, 引物 ZFX550 为 PF、PR  
各 1.0μl, TaqE 为 0.25μl, 模板为 5μl (外套扩增产  
物)。总体积: 25μl。循环参数为: 预变性: 94℃,  
5min; 变性: 94℃, 30s, 退火: 67℃, 35s; 延伸: 72℃,  
40s, 共 30 个循环; 72℃, 10 min, 4℃。

1.2.3 内、外套引物准确性检验

(1) 昆明白雌、雄鼠基因组 DNA 的制备 取昆  
明白小鼠肝脏组织, 根据《分子克隆实验指南》中哺  
乳动物 DNA 抽提方法提取基因组 DNA, 加 TE (Tris  
• EDTA) 溶解, 电泳检测后-20℃保存备用。

(2) PCR 产物回收、测序及同源性分析 分别  
用雄、雌基因组 DNA 为模板来检测内、外套 SRY、  
ZFX 扩增体系的准确性。收集扩增产物, 由北京博

雅生物工程有限公司测序, 同源性分析 (alignment)  
采用 DNAMAN 6.0。

### 1.3 双重套式 PCR 灵敏度的测定

1.3.1 附植前胚胎采集 饲养于控光条件 (光照:  
黑暗 = 14h: 10h) 下的 5~8 周龄昆明白系雌性小  
鼠, 隔日腹腔注射 PMSG 和 hCG 各 10IU/只, 注射  
hCG 后与同品系的性成熟小鼠 1:1 合笼, 次日早晨  
检查雌鼠阴道栓。有栓雌鼠于注射 hCG 后 78~  
82h 脱颈椎致死, 摘取子宫, 用 mPBS 冲取桑椹胚。

1.3.2 卵裂球分离 选取形态正常的桑椹胚, 放入  
mPBS (- BSA) 中洗涤几次, 移入 0.5% 胰链蛋白酶中  
3~5min 消化透明带直至脱落 (图 1)。而后移入  
mPBS (无 Ca<sup>2+</sup>、Mg<sup>2+</sup>) 溶液中, 用吸管吹打至单个卵  
裂球 (图 2)。根据实验设计吸取相应的卵裂球个数,  
放入含有 5μl TE 的 PCR 管中, 零度暂时保存。

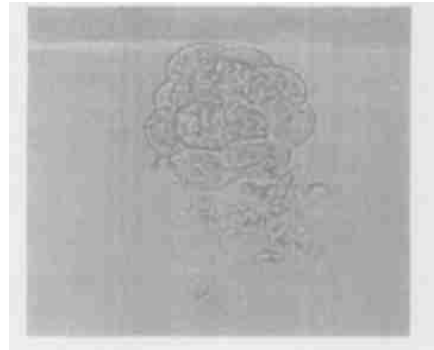


图 1 桑椹胚在 0.5% 胰链蛋白酶中处理  
3~5min 去掉透明带

Fig. 1 Morula disposed to 0.5% Pronase for 3~5min  
to remove zona pellucida

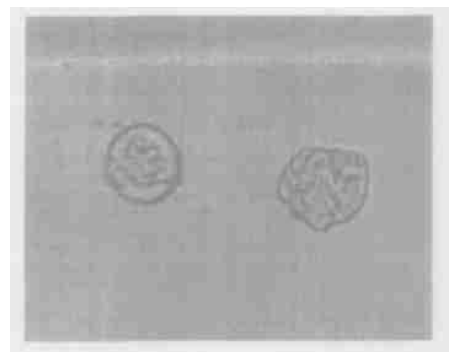


图 2 分离出的单个卵裂球

Fig. 2 Single blastomere separated

1.3.3 卵裂球 DNA 的提取 将 PCR 管从零度取出,  
98℃处理 5min, 稍加离心 (转速升至 5 000r/min 即可停  
止)。按 1.2.2 设定的双重套式 PCR 实验参数进行性

别鉴定。每吸取一次卵裂球须更换新的吸管。

1.4 电泳检测

取 10μl PCR 产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳 30min, 电压 5V/cm, EB 染色检测(图 3, 图 4)。

1.5 判定标准

由于桑椹胚的处理效果不同, 桑椹胚所能提供

的卵裂球个数也不同。根据来源于同一胚胎的卵裂球数量不同进行分组, 每组中包含 2~ 10 个重复。每组中扩增效果一致(扩增失败除外)且对照正常, 视为有效扩增, 否则为扩增失败。

1.6 统计数据

采用 SAS 软件进行  $\chi^2$  分析。

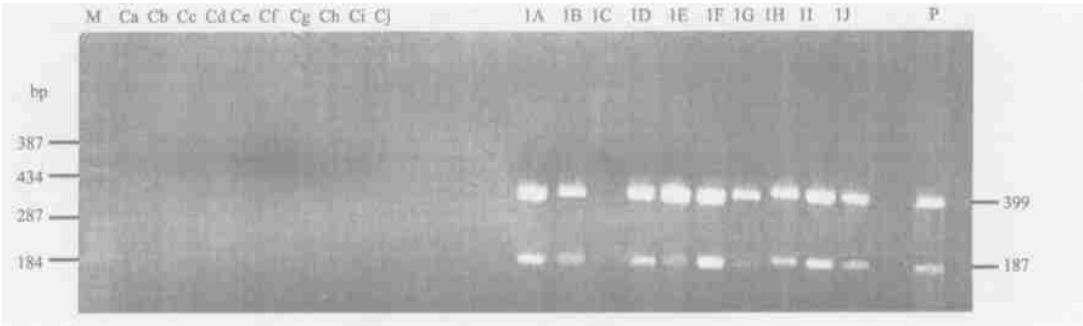


图 3 第 1 组(卵裂球个数为 1)部分扩增产物的琼脂糖凝胶检测图

M: DNA marker (pBR322, Hane III); Cr Cj: 1A- 1J 相应的对照; 1A- 1J: 来源于同一桑椹胚 1 个卵裂球扩增产物; P: 雄鼠基因组 DNA 对照

Fig.3 Agarose gel image of part nested PCR product of the first group

M:DNA marker (pBR322,Hane III); Cr Cj:The corresponding control of 1A- 1J; 1A- 1J:The nested PCR product of 1 blastomere from the same embryo; P:The positive control



图 4 第 2、3、4、5 组(卵裂球个数为 2、3、4、5 及以上)部分扩增产物的琼脂糖凝胶检测图

M: DNA marker (pBR322,Hane III); C2 C5: 第 2 到第 5 组相应的对照;

2a 2d, 3a 3d, 4a 4c, 5a 5c: 第 2 到第 5 组扩增产物; P: 雄鼠基因组 DNA 对照

Fig.4 Agarose gelimage of part nested PCR products of the second, third, fourth and fifth group

M: DNA marker (pBR322,Hane III); C2 C5:The according control of No. 2 No. 5 group;

2a 2d, 3a 3d, 4a 4c, 5a 5c:The nested PCR product of No. 2 No. 5 group; P:The positive control

2 实验结果

2.1 PCR 扩增准确率

4 条 PCR 产物测序结果与各自模板的同源性比较(对应模板序列在 1.2.1 中已经得到), 同源性均在 98% 以上, 说明 PCR 扩增产物是目的片段, 双重套式 PCR 扩增体系的扩增结果是准确的。

2.2 电泳结果

图 3 为第 1 组(卵裂球个数为 1)部分扩增产物的琼脂糖凝胶检测图, 最具微量模板扩增代表性。因单个卵裂球的扩增极易出现污染, 故该组实验每 1 个样品都特别设有对应的对照。每个样品出现 2 条扩增带(左起第 3 个样品除外)。空白对照组都无条带出现, 表明此组实验中无污染情况发生。第 1 条带为 ZFX399, 为 X 染色体上 ZFX 基因长度为

399bp 的基因片段, 雄、雌胚胎都应出现此条带, 为“内标条带”。第 2 条带为 SRY187, 为 Y 染色体上 SRY 基因长度为 187bp 的基因片段, 只有雄胚胎才会出现此条带, 为“判断条带”。图中, 样品组中第 3 个泳道中无任何条带, 其原因可能为双重套式 PCR 不能有效检测, 也可能是卵裂球在转移过程中丢失, 讨论中有相关论述。其它的 9 条均有 2 条带出现, 说明所扩增卵裂球鉴定结果一致, 均为雄性。

图 4 为第 2、3、4、5 组(卵裂球个数为 2、3、4、5 及以上)部分扩增产物的琼脂糖凝胶检测图。其中, 第 2、3 组和第 4、5 组样品各自来自同一胚胎。如图所示, 各组均无污染。第 2 和 3 组鉴定结果一致, 其胚胎为雌性, 第 4 和 5 组鉴定结果一致, 其胚

胎为雌性。

### 2.3 双重套式 PCR 灵敏度的检测

表 1 表明, 当双重套式 PCR 扩增的卵裂球个数为 1 时, 有效检出率为 85% (34/40), 污染率为 7.5% (3/40), 漏检率为 7.5% (3/40)。随着卵裂球个数的增多, 有效检出率逐渐升高, 而污染率和漏检率则呈逐渐下降趋势。卵裂球达到 5 个以上时, 有效检出率已达到了 100%, 漏检率为 0。卵裂球为 2、3、4、5 及以上时, 有效检出率及漏检率各组间并无显著差异( $P > 0.05$ ); 而卵裂球为 1 时, 有效检出率及漏检率与其它各组间显著差异( $P < 0.05$ )。

表 1 双重套式 PCR 灵敏度检测结果

Table 1 The results of the measurement of sensitivity of duplex nested PCR

卵裂球个数	重复次数	耗费胚胎	有效检出率(%)	污染率(%)	漏检率(%)
1	40	7	85% (34/40)*	7.5% (3/40)	7.5% (3/40)*
2	36	10	91.7% (33/36)	2.8% (1/36)	5.6% (2/36)
3	38	13	94.7% (36/38)	0	5.3% (2/38)
4	42	17	95.2% (40/42)	2.5% (1/40)	2.5% (1/40)
5 及以上	40	20	100% (40/40)	0	0

\* 与其它各组间差异显著 ( $P < 0.05$ )

\* Significant difference from other group ( $P < 0.05$ )

### 3 讨论

本实验结果表明, 双重套式 PCR 对 2 个及以上的卵裂球可有效检出(有效检出率  $> 90\%$ )。而小鼠胚胎每个卵裂球的 DNA 量相当于约 6pg 基因组 DNA 量<sup>[5,6]</sup>, 为此本实验采用 1 个卵裂球的有效检出率较低(85%)。由此可以推断出, 在 25μl 体系条件下, 双重套式 PCR 可以有效扩增基因组 DNA 量约为 12pg 的模板, 且扩增片段为单拷贝片段。本实验结果与 Kunieda 等<sup>[7]</sup> (1992) 报道的 0.01ng (10pg) 相近, 而对于水牛而言, 2 个卵裂球(约 50pg 基因组 DNA) 就满足双重套式 PCR 有效扩增特异重复片段的要求<sup>[4]</sup>。

污染一直是干扰该类实验的关键问题。在本实验中, 采取了严格的防污染措施, 即在实验前, 对实验场合紫外灯照射 30min, 而后进行 75% 酒精消毒。所用一次性器材均为经过灭菌消毒。本实验证明, 采用的溶液, 如 PBS(-BSA)、PBS(无  $Ca^{2+}$ 、 $Mg^{2+}$ )、0.5% 胰凝乳蛋白酶, 对实验没有影响。另外, 为了避免交叉污染, 每吸取 1 次卵裂球须更

换新的吸管。尽管采取了上述措施, 实验中仍出现了污染问题。经分析, 其主要原因是, 与常规 PCR 相比, 双重套式 PCR 的灵敏度要高 3 个数量级<sup>[7]</sup>, 所以在操作中, 外界环境有微量污染, 双重套式 PCR 也会受到影响。因此在使用双重套式 PCR 时一定要时时注意严格控制环境, 以防污染。

另外, 在实验中, 模板量极少时会出现较高的漏检率。分析其原因, 主要有以下几个方面: (1) 所取的细胞可能并不代表胚胎中最终发育成胎儿的细胞的核型<sup>[8]</sup>; (2) 所取的细胞可能染色体形态异常, 也可能是极体<sup>[9-11]</sup>; (3) 所用的胚胎为单倍体、双倍体嵌合体, 这种情况在牛胚胎中出现率是比较高的<sup>[12]</sup>。(4) 在进行分析之前, DNA 可能已经发生降解了。任何提取 DNA 的方法都会对 DNA 造成损伤, 模板上的任何破损都会使扩增无法进行。如果 PCR 扩增片段为多拷贝, 可能受的影响少些。但对于单拷贝片段而言, 受的影响就更大; (5) 卵裂球在移入离心管的过程中丢失。

用于检测的模板 DNA 质量对扩增效率有比较大的影响。提取单细胞 DNA 常用的主要有 3 种方

式,分别为:纯水法、冻融法、碱法。本实验采用的为冻融法。有实验表明<sup>[13]</sup>,纯水法提取效果不如其它2种方法。在保证扩增效果的前提下,为了减少实验复杂性,缩短耗费时间,提高实验效率,常常采用冻融法来进行单细胞DNA的提取。

除了模板的质量之外, $Mg^{2+}$ 浓度、dNTPs、反应体系都对双重套式PCR有影响。相对而言,Taq DNA聚合酶对双重套式PCR灵敏度影响更大。有研究表明,在标准化相同的PCR条件下,不同来源的Taq DNA在热稳定性、扩增效率、扩增片段的长度和保真度上都有差异。在使用双重套式PCR进行微量扩增时,由于模板量很少且基因组易降解,只有使用高质量、高纯度、热稳定性好、效率高的酶,才能取得较为理想的扩增效果<sup>[1]</sup>。本研究采用的Promega公司的Taq酶,具有高保真、高纯度、稳定性好、效率高等优点,保证了实验结果的可靠性。

对于双重套式PCR而言,当模板量较少时,有时会出现只有1条目标带出现,或别的目标带模糊,出现无法判别的情况。出现此情况,主要是因为在外套引物进行扩增时,有1对引物扩增失败,或扩增效果不好,进而在相应内套引物进行扩增时,由于模板量少或质量不好,导致上述结果。因而,在设计引物时,2对引物的 $T_m$ 一定要相近、长度相差不大,尽量避免不同引物碱基之间的配对等。还要对反应体系进行严格的优化,确保各对引物获得足够的反应原料,避免竞争性反应的出现<sup>[14]</sup>。

### 参考文献

- [1] 萨姆布鲁克 J, 拉塞尔 D W. 黄培堂等译. 分子克隆实验指南, 第3版. 北京: 科学出版社, 2002. 611~618  
Sambrook J, Russell D W. Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 3 ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001. 8. 18~8. 24
- [2] Mulis K B, Faloona F A. Specific synthesis of DNA *in vitro* via a polymerase catalyzed chain reaction. *Meth Enzymol*, 1987, 185: 335

- ~ 350
- [3] Joyce A, Harper C. Preimplantation diagnosis of inherited disease by embryo biopsy: an update of the word figures. *J Assist Reprod Genet*, 1996, 13: 90~95
- [4] Appa Rao K B C, Totey S M. Cloning and sequencing of buffalo male specific repetitive DNA: Sexing of *in vitro* developed buffalo embryos using multiple and nested polymerase chain reaction. *Theriogenology*, 1999, 51: 785~797
- [5] 纳吉 A, 格斯腾斯坦 M, 文特斯腾 K, 等. 小鼠胚胎操作实验指南(影印版). 北京: 科学出版社, 2004. 4~5  
A. N., M. G., K. V., et al. Manipulating the Mouse Embryo: A Laboratory Manual. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2003. 4~5
- [6] 李汶, 陆长富, 卢光. 运用 PCR 对小鼠植入前胚胎进行性别诊断. *生命科学研究*, 2001, 5(1): 48~51  
Li W, Lu CH F, Lu G X. *Life Science Research*, 2001, 5(1): 48~51
- [7] Kunieda T, Xian M W, Imamichi T, et al. Sexing of mouse preimplantation embryos by detection of Y chromosome specific sequence using polymerase chain reaction. *Biology of Reproduction*, 1992, 46: 692~697
- [8] Bredbacka P. Progress on methods of gene detection in preimplantation embryos. *Theriogenology*, 2001, 55: 23~34
- [9] Dodland M, Duijndam W A, Kruip T A, et al. Cytogenetic analysis of day 7 bovine embryos by cytophotometric DNA measurements. *J Reprod Fertil*, 1993, 99: 681~688
- [10] Jamieson M E, Coutts J R, Connor J M. The chromosome constitution of human preimplantation embryos fertilized *in vitro*. *Hum Reprod*, 1994, 9: 709~715
- [11] Ocana Quero JM, Pineda Merlin M, Moreno Mallan M. Cytogenetic study of *in vitro* derived bovine embryos. *Vet J*, 1999, 158: 228~233
- [12] Yoshizawa M, Komno H, Zhu S, et al. Chromosomal diagnosis in each individual blastomere of 5 to 10 cell bovine embryos derived from *in vitro* fertilization. *Theriogenology*, 1999, 51: 1239~1250
- [13] 焦泽旭, 庄广伦, 周灿权, 等. 应用巢式 PCR 对单细胞进行性别诊断的研究. *中华医学遗传学杂志*, 2003, 20(1): 64~65  
Jiao Z X, Zhong G L, Zhou C Q, et al. *Chin J Med Genet*, 2003, 20(1): 64~65
- [14] Ponce M R, Robles P, Micol J L. High throughput genetic mapping in *Arabidopsis thaliana*. *Mol Genet*, 1999, 261: 408~415

## Measurement of the Sensitivity of Diplex Nested-PCR for Sexing Embryos of Different Biopsy Amount

ZHAO Xue-ming<sup>1</sup> ZHU Shi-en<sup>1,2</sup> HOU Yur-peng<sup>1</sup> ZHOU Guang-bin<sup>1</sup>

(1 College of Animal Science and Technology, China Agricultural University Beijing 100094, China)

(2 State key Laboratory for Agrobiotechnology, China Agricultural University Beijing 100094, China)

**Abstract** Objective: The sensitivity of diplex, nested-PCR was measured in order to provide technological support for molecular technologies, such as PGD and animal embryo sexing. Methods: The SRY/ZFX diplex and nested-PCR embryo sexing technological system specific for mouse was established. The sensitivity of diplex and nested-PCR was measured according to the efficient detection rate of amplifying blastomeres varying from 1 to 5 or above, and five groups were made accordingly. Results: In the first group, the efficient detection rate, contamination rate and failure rate was 85% (34/40), 7.5% (3/40) and 7.5% (3/40), respectively. With the increase of blastomeres, the contamination rate and failure rate both decreased accordingly, contrast to the efficient detection rate. In the fifth group, the efficient detection rate and failure rate reached 100%, 0, respectively. The efficient detection rate and failure rate of the first group were significantly different with those of the other groups ( $P < 0.05$ ), but they showed no difference ( $P > 0.05$ ) between the other groups. Conclusion: Diplex and nested-PCR can detect efficiently about 12 pg genome DNA, and the target fragment is of single copy.

**Key words** Diplex nested-PCR Sensitivity Embryo sexing

## 安捷伦科技推出芯片 HPLC/MS 系统

安捷伦科技公司日前宣布推出用于蛋白质鉴定的第一个高性能液相色谱芯片-HPLC/质谱仪(MS)系统。预计这种基于微流控的液质联用突破技术将明显提高蛋白质研究的速度、简便性和生产效率。

许多生物医学研究人员通过蛋白质组学研究,系统地分析蛋白质的表达、结构和功能,研究复杂疾病的起因。传统技术如纳流液相色谱,要求复杂地组合连接设备,以改善分离能力,同时消耗的样品量相对较大。安捷伦科技通过把多种功能的附件整合到一个微流控芯片上,简化了液质联用系统,提高了分离能力和灵敏度,降低了待分析的样品需要量。

与纳流液质联用系统相比,安捷伦蛋白质鉴定HPLC芯片(G4240A)提高了肽的覆盖率,提高了蛋白质的鉴定能力。这种独特的HPLC芯片尺寸比信用卡还要小,它把纳流LC系统的样品浓缩和分离功能与电喷雾质谱仪中使用的复杂连接和喷雾器无缝地整合在一起。与液质联用系统中一般要求的附件和连接相比,这种技术减少了50%的配件和连接,大幅度降低了泄漏和系统无效体积,明显简化了工作流程,提高了分析的灵敏度和可靠性。

芯片HPLC/质谱仪系统的第二个组件是HPLC芯片/质谱仪接口,安装在安捷伦纳流蛋白质解决方案XCT+ Ion Trap质谱仪上。该装置可以自动对准垂直喷雾器与质谱仪的入口,以实现最大灵敏度和耐用性,另外,芯片的自动加载和密封也全自动化,建立高压、不泄漏的流路连接。

安捷伦公司表示,HPLC芯片虽然是面向蛋白组学研究应用,但该技术将有望扩展到液质联用系统各种其它应用,包括药物开发和生产、组合化学、化合物分析、食品安全、环境监测和国家安全等。