

型号与规格



Creoptix WAVE



Creoptix WAVE delta

| 参数配置 | |
|----------|--|
| 噪声 (RMS) | <0.01 pg/mm ² @ 10 Hz |
| 漂移 | <0.3 pg/mm ² /min |
| 读数频率 | 1 Hz, 10 Hz or 40 Hz |
| 结合常数范围 | $k_a = 10^3 - 5 \times 10^7 \text{ M}^{-1} \text{ sec}^{-1}$ (小分子) $k_a = 10^3 - 3 \times 10^9 \text{ M}^{-1} \text{ sec}^{-1}$ (大分子) |
| 解离常数范围 | $k_d = 10^{-5} - 5 \text{ sec}^{-1}$ |
| 分析温度范围 | 15°C – 40°C 4°C – 45°C (最高低于环境温度20°C) |
| 分子量限制 | 无最低限制 |
| 射流参数 | |
| 流道/路径 | 2通道, 平行 4通道, 平行 |
| 流道参照 | 2-1和1-2 4条流道的任意组合 |
| 流动池 | 密封并整合于外置的WAVEchip中 |
| 流速 | 1 – 400 μl/min |
| 粗样品稳定性 | 完全保证稳定性 |
| 样品处理 | |
| 样品容量 | 2个微量滴定板 (96或384孔, 标准或深孔) 或瓶架 (48个位置, 1.5ml) |
| 缓冲液 | 1种缓冲液 4种缓冲液之间的自动切换 |
| 脱气器 | 内置 |
| 注射量 | <450 μl, 一般为100 μl |
| 所需样品量 | 注射量加15-50 μl (取决于应用) |
| 样品储存温度 | 环境温度或4°C–20°C之间调节 |
| 样品回收 | 有 |
| 自动化 | 120h无人值守运转 |
| 数据处理 | |
| 提供的信息 | 动力学亲和力 (ka, kd, KD) |
| 分析图谱 | 实时传感器图、多传感器图叠加、拟合、报告点线图 |
| 数据提取 | 传感器图, ka, kd, KD表格, 图, 报告 |
| 数据分析 | 整体拟合 |
| 动力学模型 | 预先定义的模型, 包括1:1的相互作用, 包括质量传输, 异质配体, 构象变化, 二价体, 以及用户可配置的模型 |

动力学的未来

—GCI



给您带来全新的应用体验



欲了解更多详情或要求现场演示, 可访问Creoptix.com或通过下方联系方式联系, 愿WAVE助您走得更远。
或咨询WAVE中国代理: 苏州欧仪特科技仪器有限公司
公司拥有专业技术顾问和售后团队,
为您解决实验过程中的任何疑问。

www.oeta.com.cn | xiujun.huang@oeta.com.cn | 0512-67532536
www.creoptix.com | info@creoptix.com | +41 44 533 26 60



突破无标记技术的瓶颈

Creoptix™ WAVEsystem

公司简介

Creoptix总部位于瑞士的苏黎世。

拥有基于光栅耦合干涉技术（Grating-Coupled Interferometry, GCI）的光学生物传感器，以及外置的微流体和Google公司的自动化软件。

Creoptix致力于提供高质量的动力学数据，拥有业内最灵敏准确的WAVE system，使全球生物科学研究者可以做以前不可能做的事情，看到以前看不见的数据。

凭借突破性的创新，避开了SPR的局限性。突破无标记技术的局限。



基于GCI技术的 Creoptix™ WAVE system 将高信号和高时间分辨率与粗样稳定性结合起来，彻底突破了分子相互作用的研究困境，给药物创新带来全新的体验。

WAVE system 凭借其无与伦比的灵活性和业界领先的灵敏度，集合无标记分析的所有优势，革新动力学数据质量的水平。

简便的操作兼容强大的性能

WAVE system采用了最新的光栅耦合干涉技术（GCI），在最广泛的样品范围内提供高质量的数据，具有无与伦比的灵活性和无法超越的灵敏度

由仪器的三个核心属性实现：

超高灵敏度

- 市场上最灵敏的传感器系统
- 即使在非常低的信号电平下也具有高分辨率
- 低噪音，无需人工平均数据
- 精准测定低于 $1\text{pg}/\text{mm}^2$ 的动力学
- 所需配体剂量低且能够避免质量传输限制，节省了宝贵的试剂

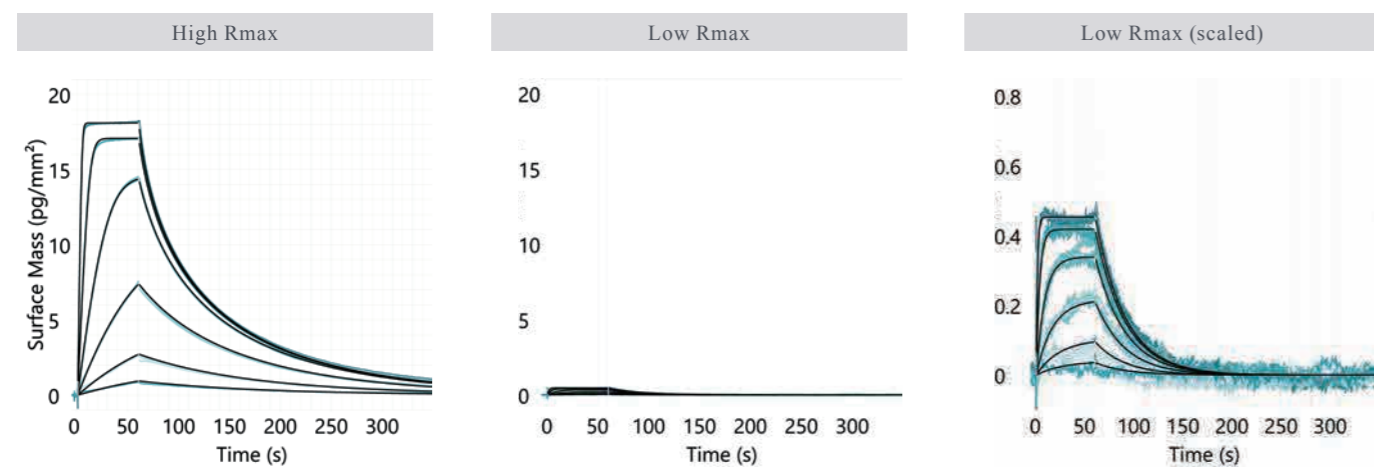
更广泛的动力学范围

- 150ms 的超快过渡时间
- 准确地确定 5s^{-1} 和更快的解离率，轻松筛选弱结合分析物的解离率
- 稳定测量结合紧密结合的动力学的解离率

保证粗样品稳定性

- 创新性的将微流体传感器外置在芯片中
- 独特的无堵塞微流体设计，最大限度地减少了停机时间
- 可兼容粗样品，包括：
 - 100%血清或血浆
 - 原膜提取物
 - 病毒样颗粒（VLPs）、病毒或脂质体

小分子无所遁形



配体：两种不同固定水平的碳酸酐酶II（29 kDa）
分析物：乙酰唑胺（抑制剂，222.25 Da）

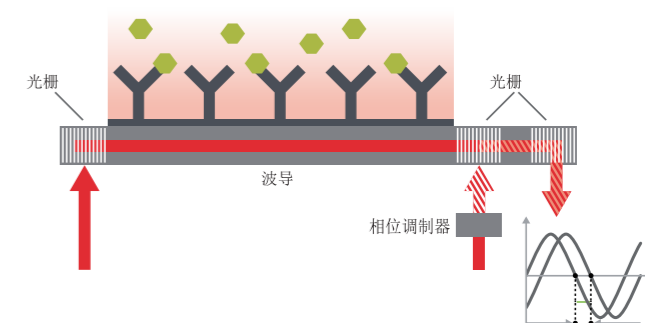
凭借业界最快的动力学和超高灵敏度，WAVE system可提供以前无法想象的高质量数据

告别粗糙的药物筛选

Creoptix WAVE system带您进入更极限的粗样品的亲和力测量范围，使动力学分析就在你的指尖。该系统极高的数据质量、灵活性和快速的报告时间，极大促进药物研发的工作效率。

高灵敏度

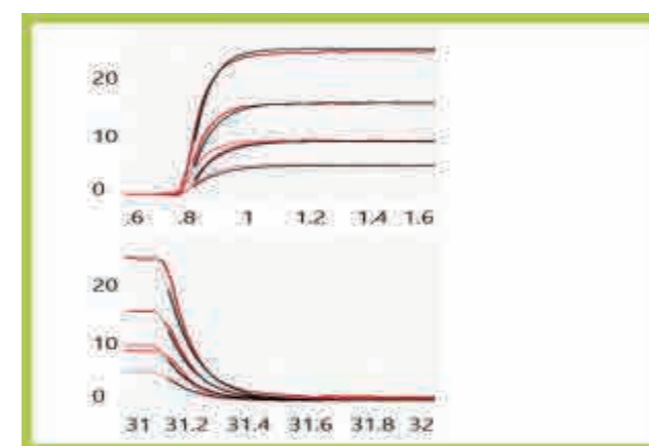
- 专有的光栅耦合干涉测量（GCI）技术，增强了波导干涉测量的内在优势，使其超过表面等离子体共振（SPR）的灵敏度。
- 与SPR（100nm）相比，GCI延长光与样品相互作用的长度（2mm），实现优越的信噪比（ $<0.015\text{pg}/\text{mm}^2$ ）。



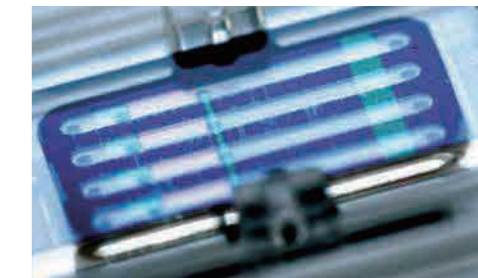
在GCI中，传感器表面的折射率变化转化为时间依赖的相移信号，其高信噪比得益于波导光与样品之间长时间的相互作用。



动力学



Target:(Ligand):AmyloidfibrilDrug: $K_a:1.48 \times 10^5 \text{M}^{-1}\text{s}^{-1}$
(Analyte):THT(smallmolecule) $k_d:10.7\text{s}^{-1}$
Chip:PCZ(zwitterionic surface) $KD:72.3\mu\text{M}$



- 快速动力学（150ms过渡时间）有助于精确分析 5s^{-1} 的解离率，可对弱结合物的动力学进行准确测定。
- 所有流道上快速、同步、平行注射，以便精确参考。

创新性微流体

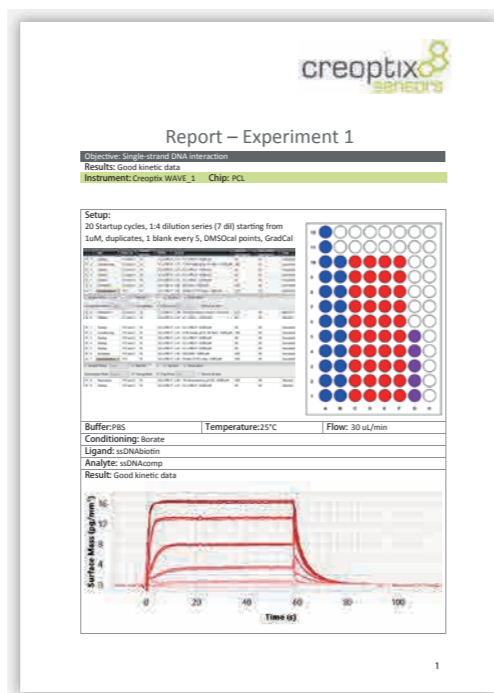
- 独特的外置微流体设计保护传感器表面不受污染或损坏，可在几秒钟内更换，无需现场服务工程师进行更换。
- 无微流阀：
 - 消除其他系统存在的阻塞问题，最大限度地减少停机时间。
 - 可对低活性样品（如膜蛋白）进行研究，无需消耗大量时间纯化样品。
 - 在生理相关条件下测量动力学（例如100%血清或血浆）。
 - 提供可靠解决方案测量大颗粒的动力学（如病毒样颗粒）。
- 可提供多种芯片



WAVE取样器-容纳768个样品。

Wavecontrol Software

- 现代化、直观的界面反映您的工作流程，让您更轻松、更高效。
- 功能强大且可自定义的工具提供了前所未有的灵活性，可简易地进行以下操作：
 - 在运行中进行调整和更改，甚至中途停止和重新启动实验。
 - 使用内置向导快速设置实验，或从以前的实验中复制已建立的方法。
 - 导入和导出Excel和其他格式数据。
 - 可将XML格式文件（与Genedata Screener兼容）的数据整合到现有的LIMS中。
 - 使用已配置的或自定义的评估模型进行动力学拟合。
 - 通过自动报告生成器快速生成报告和可编辑的Word文件。



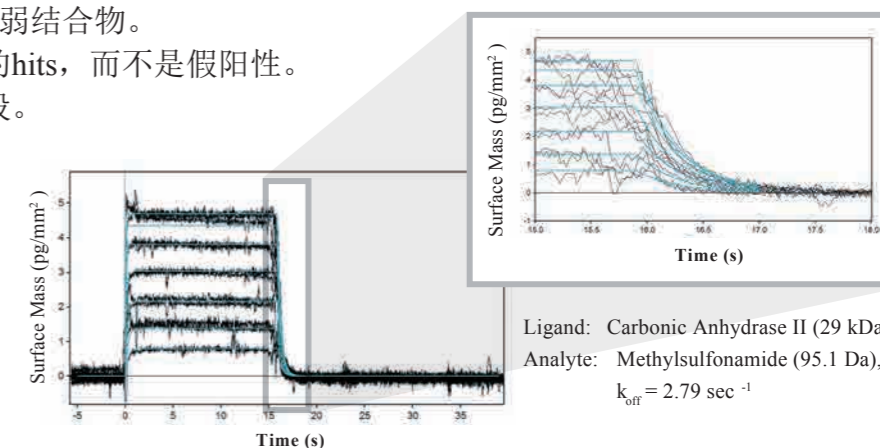
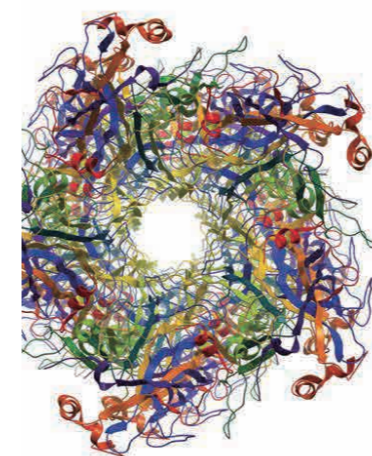
拥有更强的创新，更广泛的应用

WAVE system专为广泛的无标记相互作用分析而设计，其超高的灵敏度即使在低信号水平下仍具有的高分辨率，非常适用活性低，结合弱，响应性低的应用，包括：

基于片段的药物发现(FBDD)

凭借其无与伦比的灵敏度和时间分辨率，WAVE system支持并简化了基于片段的筛选

- 即使是大药物靶点，也能展现高重现性和高准确性。
- 可精准地测量解离率快至 $5s^{-1}$ 的弱结合物。
- 能够在药物研发阶段筛选真正的hits，而不是假阳性。
- 8小时内高质量的筛选384个片段。



大药物靶点

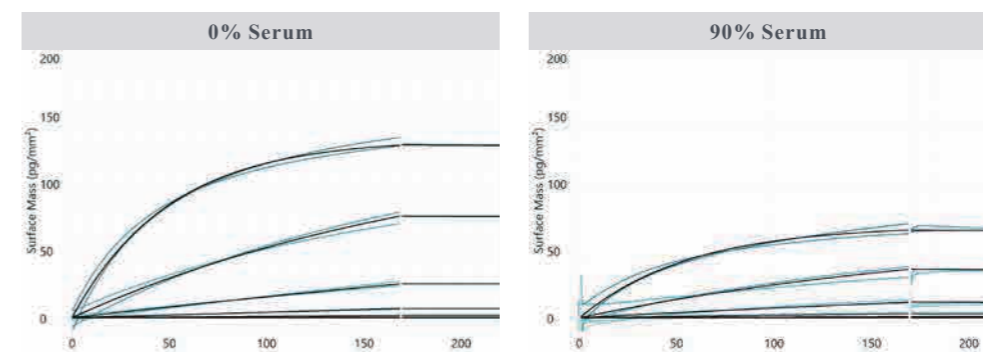
WAVE system具有史以来最高灵敏度，能够在非常低的信号水平下研究相互作用。

- 检测配体和分子比极高（1000:1）的动力学。
- 真实反映 R_{max} 低于 1 pg/mm^2 的动力学。

上清液、血清和血浆

WAVE创新性的微流体技术消除了其他技术的堵塞问题，扩展了仪器的分析能力，包括：

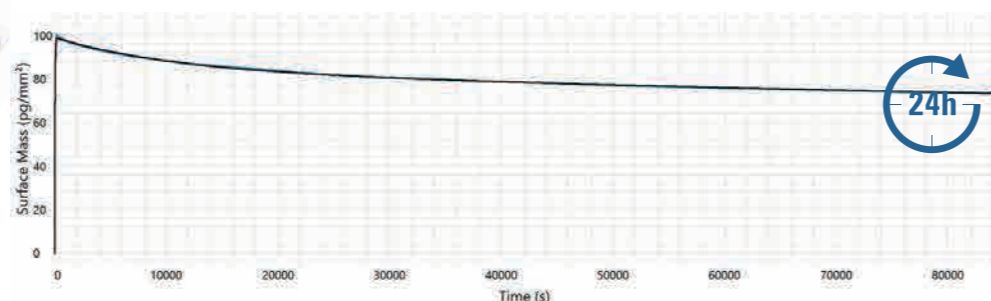
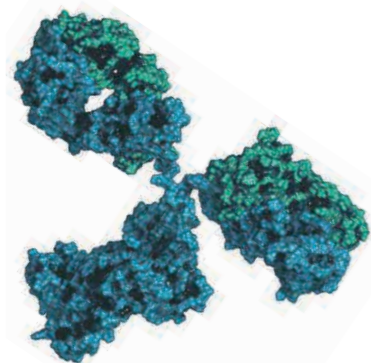
- 粗样品和未纯化样品
- 100%血清或血浆
- 细胞提取物
- 细胞培养上清液



抗体特性

WAVE system的粗样稳定性使其能够在先导物优化和药理学领域进行准确的抗体表征，包括：

- 高亲和力的相互作用的结合和解离
- 检测低 (ng/ml) 范围内的抗药物抗体 (ADA)

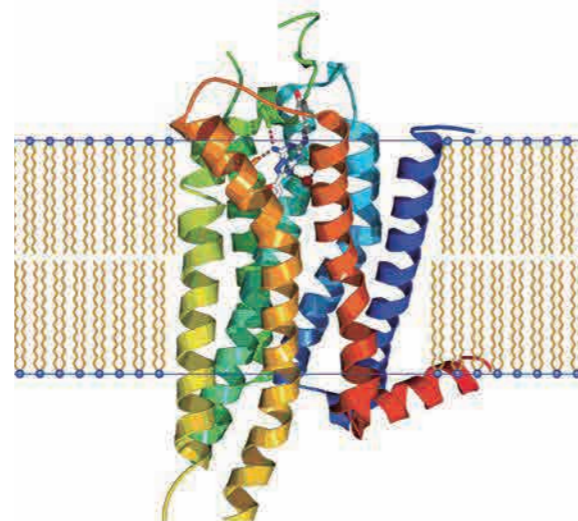


高亲和力抗体24小时解离动力学分析

膜蛋白

凭借稳定、无堵塞的微流体，膜蛋白可在完整膜、囊泡或VLPs中通过WAVE system进行分析，无需预先纯化，这对药物研发至关重要。这一独特的功能为您提供：

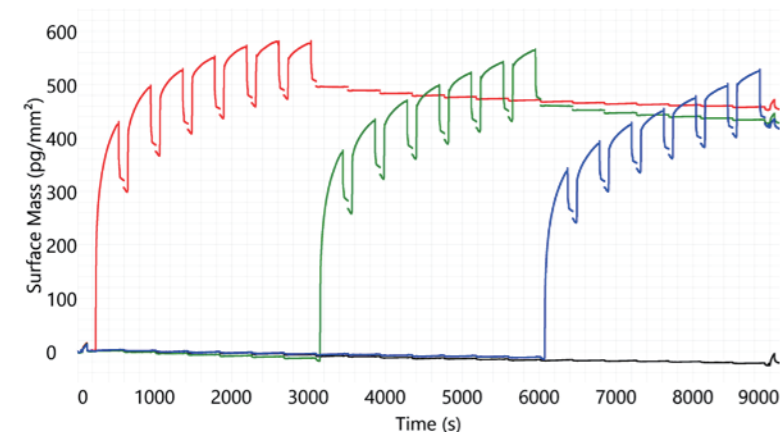
- 更具生理相关性的环境。
- 更多原生膜蛋白，获得更可靠的结果。



三种不同细胞系原膜粗提物的固定化。



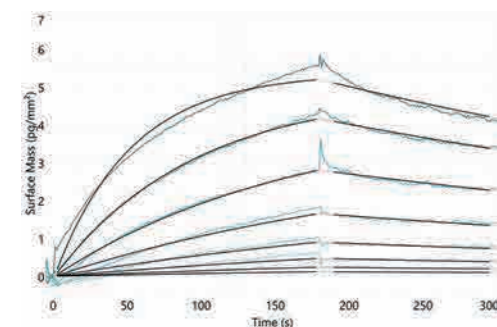
了解
更多
应用
程序



病毒、脂质体和VLPs

直径大于100nm的大颗粒易于阻塞其他系统。但在WAVE system上可重复运行，而不会影响其性能或灵敏度。独特的外置传感器芯片设计和稳定的微流体技术结合到完全密封的灌注器中，可以：

- 消除堵塞、交叉污染的风险
- 防止用户接触有害样品
- 传感器不直接接触样品，从而确保更可数据的准确性



Ligand: CXC4 - VLP
Analyte: anti-CXC4 antibody

先人一步了解冠状病毒

Creoptix™ WAVEsystem

安全处理有害物质的 外置性生物传感器芯片



新型冠状病毒的爆发限制了我们的出行，威胁着我们的健康，对全球经济造成了巨大冲击。

而Creoptix WAVE system为病毒蛋白和抗体的结合动力学研究提供了平台。

凭借无堵塞的外置微流体传感器芯片，WAVE system能够对小分子和生物制剂进行稳定的动力学表征。

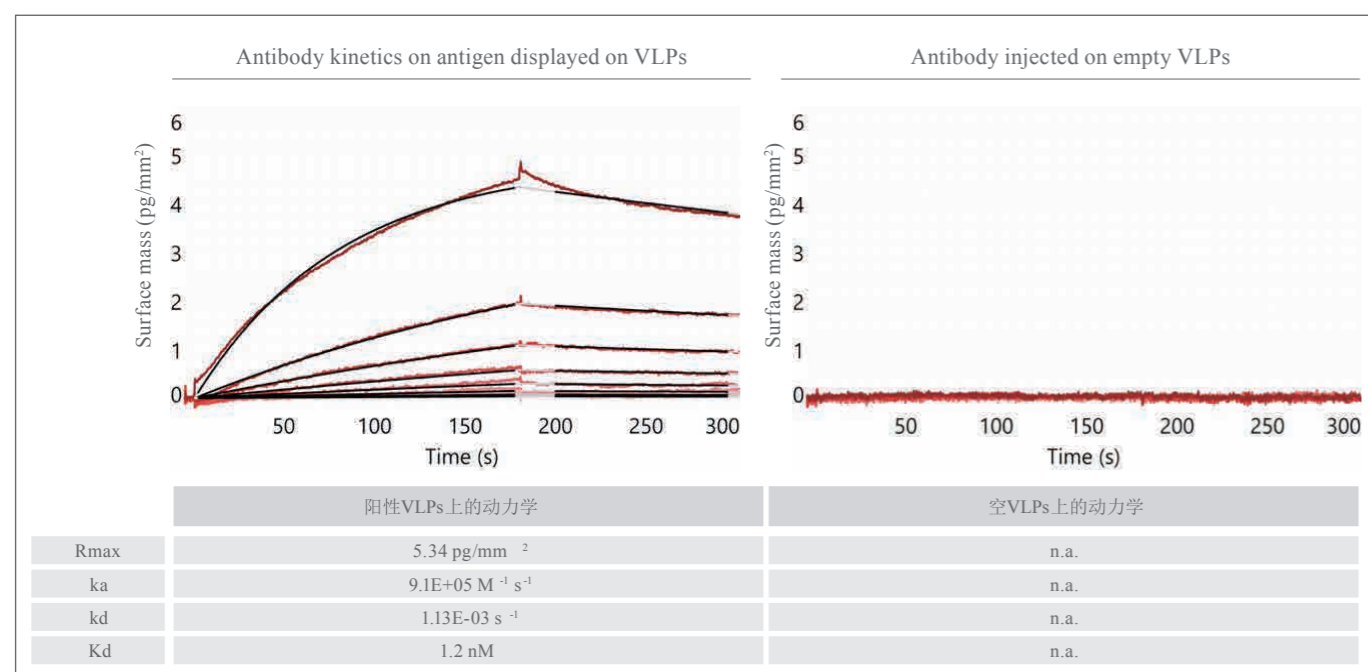
创新的外置微流体避免了堵塞带来的时间成本和维护成本，同时防止用户接触有害样品，加速疫苗的开发和研究。

当前COVID-19带来的威胁需要我们立即展开研究，并迅速开发疫苗和新型抗病毒治疗方案。病毒进入细胞并被免疫系统识别的过程均基于生物分子的相互作用，而详细描述这些相互作用是控制当前COVID-19疫情以及预防未来再爆发的关键。凭借专有的光栅耦合干涉GCI技术和外置无堵塞微流体，WAVE system 为测量广泛生物分子相互作用动力学数据提供了解决方案，包括：

- ✔ 研究中和抗体与病毒蛋白的结合
- ✔ 病毒表位的表征
- ✔ 血清中和抗体滴度的测定
- ✔ 重组疫苗生产的批量监测

WAVE system系统将高信号和高时间的分辨率与Elisa(酶联免疫吸附测定)才能实现的样品稳定性结合起来。实时分析广泛的生物流体样品的相互作用，提供完整的动力学数据，包括亲和力和高精度的结合和解离常数。由于整个微流体都包含在外置的传感器芯片WAVEchip中，可将实验中交叉污染的风险降至最低。

WAVE system 可用于表征病毒样颗粒 (VLPs) 的动力学，为研发疫苗的诱导免疫反应提供一个有效的平台。下图示例了一种单克隆抗体结合嵌入VLPs中的蛋白质。



VLPs上的抗原 (蛋白) 与抗体结合的全动力学表征

由于可以显示多种病毒表位，能更好地模拟原生病毒颗粒，VLPs 在重组疫苗的开发领域中得到了广泛的应用。本例中，展示了抗体与VLPs上的抗原结合的全动力学。方法是将小麦胚芽凝集素 (WGA) 嵌入抗原的VLPs以及阴性空VLPs (均来自原VLPs粗样) 捕获到WAVEchip的传感器表面，以多种浓度注射抗体，调整后的结合曲线与1:1 Langmuir模型整体拟合。

利用噬菌体展示技术发现抗TNF α -mAb的CLIPSTM

Michael Goldflam¹, Peter Timmerman¹, Bradley T. Messmer², Fabio M. Spiga³
 1. Pepsan Presto, Zuidersluisweg 2, 8243 RC Lelystad, The Netherlands
 2. Abreos Biosciences, 3550 GeneralAtomics Ct, Bldg G02, RM 137, San Diego, USA
 3. Creoptix AG, Zugstrasse 76, 8820 Wädenswil, Switzerland

简介

从组合肽库中筛选的模拟肽可作为治疗性单克隆抗体 (mAbs) 免疫检测的捕获试剂。7aa和12aa 线性肽以及C7C 和7C7C7 SS环状肽库中在ELISA中没有得到可重现的结合。单环噬菌体库由完全随机的侧链含有两个半胱氨酸的 10-肽序列组成，两个半胱氨酸通过CLIPSTM支架 (ACT2XXXXXXXXXXCT2G) 连接，以确定与英夫利昔单抗 (商品名RemicadeTM) 的结合肽，英夫利昔单抗是一种治疗性单克隆抗体，用于治疗自身免疫性疾病，如类风湿性关节炎 (RA) 和克罗恩病。

CLIPSTM化学支架²

方法: 噬菌体展示筛选

靶点结合位点

最佳传导肽

ELISA 结合数据

EC₅₀ 35 ng/mL
Specificity > 10000

GCI 结合数据

kinetics:
k_a = 8.5x10⁴ M⁻¹ s⁻¹
k_d = 5.7x10⁻² s⁻¹
K_d = 670 nM

| Sequence* | EC ₅₀ (ng/mL) |
|-----------------|--------------------------|
| Lead (T2-13) | 35 |
| Linear/SS-loop | >1000 |
| Scrambled-1/2/3 | >1000 |
| Lead (T2-42/57) | >1000 |

*出于保密原因，序列不能公开

结论: 成功识别英夫利昔单抗的nM CLIPS结合物，而其他技术均失败。
参考文献: 1. Ruff LE et al., Sci. Rep. 2018, 8, 14473;
 2. Timmerman Pet et al. Chem-Biochem 2005, 6, 821-4;
 3. Liang SY et al. J. Biol. Chem. 2013, 288, 13799-807.