

just in time-Selection: Entwicklung eines halbautomatisierten SELEX-Verfahrens für die zeitnahe Generierung von Aptameren

Hünniger, Tim; Wessels, Hauke; Fischer, Christin; Herrmann, Luise; Fischer, Markus HAMBURG SCHOOL OF FOOD SCIENCE, Institut für Lebensmittelchemie, Universität Hamburg, www.hsfs.org, www.chemie.uni-hamburg.de/lc Ansprechpartner: Tim.Huenniger@chemie.uni-hamburg.de

Einführung und Zielsetzung

ш C Z

Ш

C

ഗ

0

0

ш

0

0

S

(1)

2

Ω

 \geq

⋖

I

SELEX-Prozess Kombinatorische Nukleotid-Bibliothek mit einer Diversität von 1015 ssDNA-Moleküler konstanter Bereich konstanter Bereich randomisierter Bereich Inkubation ssDNA + Zielmolekül Entfernung ungebun. ssDNA Hitzeelution Amplifikation (PCR) Strangtrennung dsDNA Klonierung/ Sequenzierung

Der SELEX-Prozess ist gekennzeichnet durch eine iterative Abfolge von Selektion und Amplifikation. wodurch die Affinität des Aptamerpools gegenüber dem Target sukzessive gesteigert wird. Grund hierfür ist die mit steigender Zyklenzahl erhöhte Stringenz, welche durch zusätzliche Waschschritte und Vergrößerung der eingesetzten Volumina

Die Durchführung des klassischen SELEX-Prozesses ist mit einem hohen personellen und materiellen Aufwand verbunden. Dieser nimmt darüber hinaus zumeist 3 - 6 Monate in Anspruch.

Fishing

Das Fishing beinhaltet die SELEX-Teilschritte Inkubation, Entfernung der ungebundenen ssDNA sowieHitzeelution und kann für bis zu 12 Fragestellungen parallel durchgeführt werden. Die entsprechenden Waschlösungen, Aptamerlösungen und SELEX-Puffer werden in DeepWell-Plates vorgelegt, wodurch die kovalent an magnetische Partikel gebundenen Targets durch einen magnetischen Separator (KingFisher Thermo Fisher Scientific Inc.) automatisch in die entsprechenden Lösungen transportiert werden können. Die Volumina und Inkubationszeiten sind variabel, sodass mit fortschreitender SELEX-Zyklenzahl Stringenzsteigerung möglich ist. Final erfolgt die Elution der gebundenen Aptamere durch Temperaturerhöhung damit die Lösungen direkt als Templat für das folgende BEAMing eingesetzt werden können.

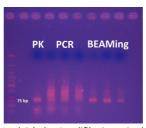


KingFisher™, Thermo Thermo Fisher Scientific Inc.



Magnetischer Kamm

Schematische Darstellung des BEAMings



Vergleich der Amplifikation mittels konventioneller PCR und BEAMing

BEAMing

Das BEAMing (Beads, Emulsion, Amplification, Magnetic) stellt eine optimale Amplifikationsmethode für die Vervielfältigung der selektierten Aptamere im Rahmen des SELEX-Prozesses dar. Durch die Verwendung einer Wasser-in-Öl-Emulsion werden durch Kompartimentierung Vielzahl separater Reaktionsräume eine geschaffen, die trotz einer hohen Templatdiversität im Gegensatz zur konventionellen PCR nur wenige Nebenprodukte bilden und dadurch entsprechende Aufreinigungsschritte wie bspw. Gelextraktionen nicht durchgeführt werden

Darüber hinaus wird der Reverse-Primer an magnetische Partikel gebunden, wodurch die gebildeten BEAMing-Produkte an den Beads immobilisiert vorliegen und isoliert werden können[3]. Anschließend erfolgt die magnetische Separation der selektierten Aptamere von den immobilisierten Komplementärsträngen mittels Hitzedenaturierung. Die dadurch vervielfältigten Aptamere können für die folgenden SELEX-Runden (Fishing) verwendet werden.

Der iterative SELEX-Prozess als kombinierte Durchführung von Fishing und BEAMing bietet gegenüber dem konventionellen Ablauf vor allem einen zeitlichen Vorteil, da 12 parallele Aptamerselektionen halbautomatisch im Mitteldurchsatz binnen 10 Tagen möglich sind. Des Weiteren ist die SELEX-Effizienz durch die Anwendung des BEAMings aufgrund der geringeren Nebenproduktbildung während der Amplifikation deutlich verbessert, wodurch in kurzer Zeit und mit höherer Zuverlässigkeit Aptamere für unterschiedlichste Fragestellungen generiert werden können.

[1] McKeague, M., et al., Advances in aptamer based biosensors for food safety, Environmental Biosensors, Prof. Vernon Somerset (Ed.), 2011, [2] Schütze, T., et al., A streamlined protocol for emulsion polymerase chain reaction and subsequent purification. Anal Biochem, 410(1): p. 155-7, 2011, [3] Diehl, F., et al., BEAMing: single-molecule PCR on microparticles in water-in-oil emulsions. Nat Methods, 3(7): p. 551-9, 2006.

Diese Arbeit ist Teil des Projektes "Affinitätsanreicherung von Sporen von Alicyclobacillus acidoterrestris, A. acidiphilus und A. herbarius aus wirtschaftlich relevanten Säften und Saftkonzentraten für die Qualitätskontrolle im Routinebetrieb" in Kooperation mit der Universität München, Lehrstuhl für Hygiene und Technologie der Milch, Oberschleißheim, sowie dem Verband der deutschen Fruchtsaft-Industrie (VdF) e.V., Bonn. Das Forschungsvorhaben (AiF 17245 N) wird im "Programm zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (iGF)" vom Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (via AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert

science for food www.hsfs.org