**Biacore样品分析申请表**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **一、客户基本信息** | | | |
| 姓名 | 单位 | | |
| 联系方式 | 电子邮件 | | |
| **二、实验基本信息** | | | |
| 实验目的（请在需要测试的项目打勾） | | | |
| 1. 是否有结合 | 2. 动力学信息（*Ka,Kd*） | | 3. 亲和力信息（*KD*） |
| 4. 浓度分析 | 5. 热力学信息 | |  |
| **三、样品详细信息** | | | |
| （提示：在Biacore实验中，固定于芯片的互作分子称为“配体”；流经芯片表面的互作分子称为“分析物”。下面的表格将帮助我们仔细了解待分析样品的性质，有助于成功的分析。） | | | |
| **3.1 配体信息（如配体数量超过1个，请填写后面表格）** | | | |
| 3.1.1 样品名称 | | | |
| 3.1.2 样品属种（填写鼠源、人源或其他） | | | |
| 3.1.3 样品来源（填写购买或者自制，购买请提供电子说明书） | | | |
| 3.1.4 样品类型（填写蛋白/抗体/肽段） | | | |
| 3.1.5 分子量（KDa） | | 3.1.6 聚合状态（单体、二聚或其他） | |
| 3.1.7 等电点 | | 3.1.8 纯度 | |
| 3.1.9 带有哪种标签（填写6XHis/10XHis/GST/Fc融合/生物素） | | | |
| 3.1.10 是否稳定 | | 3.1.11 样品浓度 | |
| 3.1.12 样品体积（ml） | | 3.1.13 缓冲液成分 | |
| 3.1.14 溶解度（能够彻底溶解的最高浓度） | | | |
| **3.2 分析物信息（如分析物数量超过1个，请填写后面表格）** | | | |
| 3.2.1 样品名称 | | | |
| 3.2.2 样品属种（填写鼠源、人源、合成或其他） | | | |
| 3.2.3 样品来源（填写购买或者自制，购买请提供电子说明书） | | | |
| 3.2.4 样品类型（填写蛋白/肽段/小分子） | | | |
| 3.2.5 分子量（KDa） | | 3.2.6 聚合状态（单体、二聚或其他） | |
| 3.2.7 等电点 | | 3.2.8 纯度 | |
| 3.2.9带有哪种标签（填写6XHis/10XHis/GST/Fc融合/生物素） | | | |
| 3.2.10是否稳定 | | 3.2.11样品浓度 | |
| 3.2.12样品体积（ml） | | 3.2.13缓冲液成分 | |
| 3.2.14溶解度（能够彻底溶解的最高浓度） | | | |
| 3.2.15 通过其他技术获得的亲和力的估计值或者相关之（如*IC50*等） | | | |
| **注：如配体和分析物数量超过表格限制，请复制本页并进行填写。** | | | |
| **四、实验提示（请仔细阅读）** | | | |
| 1. 通过等电聚焦或使用软件预测，确定待分析蛋白的等电点。对等电点小于3的酸性蛋白一般不推荐进行Biacore分析； | | | |
| 2. 对被固定在芯片上的配体和被测定的分析物的标准要求是纯度大于90%，最少200ug； | | | |
| 3. 采用氨基偶联方法的配体缓冲液中不能含有Tris、叠氮化钠、甘氨酸等含伯胺基团的成分； | | | |
| 4. 确保样品处于均一的、不聚集的状态，样品中没有任何沉淀、颗粒，请在样品测试前进行离心操作； | | | |
| 5. 分析物样品中不含高折光率物质，如甘油、蔗糖、咪唑、有机溶剂等； | | | |
| 6. 待测样品请尽可能更换至Hepes或者PBS溶液（建议盐浓度低于10mM）； | | | |
| 7. 溶解小分子化合物的DMSO溶液请使用高质量有机溶剂，如Sigma D8418等； | | | |
| 8. 尽可能多的提供文献报道的相关信息，并尽量提供文献原文。 | | | |