

|transkript

FEBRUAR 2024

LABORWELT

LABOR- AUTOMATION

© zanzhuang/istockphoto.com

BIOCOM®

BioProfile FAST CDV™

HOCHDURCHSATZANALYSE Nova Biomedical lanciert den BioProfile FAST CDV™ für vollautomatische Bestimmung der Zellzahl, Zelldichte- und Viabilitäts-Analysen mit hohem Durchsatz.

Der neue BioProfile FAST CDV™ ist ein vollautomatisches Hochdurchsatz-Analysegerät, welches die Zellzahl, die Dichte und Lebensfähigkeit – Viabilität – von Zellen aus nur 100µL Probenvolumen analysiert. Durch die automatische OnBoard-Probenverdünnung können Proben mit einer Dichte von bis zu 140e6 vc/mL ohne externe manuelle Verdünnung analysiert werden. Ein 32-Positionen Load-and-Go-Tray oder eine innovative 96-Well-Mikrotiterplattenoption stehen für hohe Durchsätze von über 45 Proben pro Stunde zur Verfügung.

Durch den integrierten Touchscreen und die intuitive, auf Symbolen basierende Navigation ist der BioProfile FAST CDV™ äußerst einfach zu bedienen. Mehrere Vernetzungsoptionen, einschließlich



BioProfile FAST CDV™

„Wir bei Nova Biomedical freuen uns, mit dem BioProfile FAST CDV™ Analyser die nächste Ergänzung der BioProfile-Produktlinie auf den Markt zu bringen. Der neue FAST CDV bietet als Stand-alone-Lösung eine schnelle Evaluierung und Optimierung physikalisch-chemischer Parameter von Zelllinien.“

Matt McRae, Product Line Manager Biotech,
Nova Biomedical

OPC und der BioProfile Data Manager sowie die Möglichkeit, Bilder zu übertragen, runden das Profil des BioProfile FAST CDV™ ab.

Alle Aspekte der Software und der Vernetzungsoptionen entsprechen den 21 CFR Part 11-Richtlinien und erfüllen die neuesten Cybersecurity-Standards der FDA.

BioProfile FAST CDV™ nutzt die Trypanblau-Ausschlussmethode zur Bestimmung von lebenden und toten Zellen. Eine

hochauflösende Kamera zusammen mit den Algorithmen liefern präzise Daten zur Zelldichte und Viabilität. Eine nahtlose Integration in bestehende Prozessentwicklungs-, Pilot- und Produktionslabore, in denen der BioProfile FLEX2 bereits eingesetzt wird, ist ohne Korrelation möglich.

Nova Biomedical – Ihr Partner von morgen

Nova Biomedical wurde 1976 in Waltham, MA gegründet. Das Unternehmen ist inhabergeführt und weltweit führend in der Entwicklung und Herstellung von Vollblut-, Point-of-Care-, Critical-Care- und Biotech-Analysegeräten. Die BioProfile-Linie von Nova ist ein Pionier im Bereich der umfassenden Zellkulturtests und bietet Analyselösungen mit Testmenüs von über 20 relevanten Parametern für eine breite Palette von Zellkulturanwendungen.

Die eigenen zertifizierten Forschungs-, Entwicklungs- und Produktionsstätten in den USA sind Teil des Erfolgs von Nova Biomedical und ermöglichen eine stete Weiterentwicklung und Ausbau des Produktportfolios.

Kontakt

Nova Biomedical Schweiz GmbH
8048 Zürich | +41 41 521 66 55
ch-info@novabio.com
www.novabiomedical.com

LABORWELT

· AUTOMATION ·

- Smarte Automation ·
- Interview: Prof. Dr. Dr. Fabian Theis ·
- Robotik-Zentrifugen ·
- Lyme-Borreliose-Diagnose:
schnell, präzise und automatisiert ·

AKQUISITION

CALIBRE SCIENTIFIC ÜBERNIMMT MOBITEC

Die Calibre Scientific GmbH übernimmt die MoBiTec GmbH, einen deutschen Lieferanten für Forschungserzeugnisse. MoBiTec wird in die Tochtergesellschaft BIOZOL Diagnostica GmbH integriert, um Vertriebskapazitäten in der DACH-Region zu erweitern. Die Übernahme stärkt die Position von BIOZOL auf dem deutschen Forschungs- und Diagnostikmarkt. Calibre Scientific ist ein globaler Anbieter von biowissenschaftlichen Produkten mit Sitz in Los Angeles.

TISSUE ENGINEERING

3D-DRUCK FÜR PRÄZISE GEWEBEZÜCHTUNG

Die Technische Universität Delft präsentiert eine Methode für die Gewebezüchtung im Labor mittels 3D-Druck einer hochaufgelösten extrazellulären Matrix. Diese ermöglicht die Erforschung dreidimensionaler Zellinteraktionen und dient als Grundlage für Studien zur Anpassung von Gerüststrukturen an natürliche Vorbilder (doi: 10.1002/adhm.202000918).

339

Mio. US-Dollar soll der Bio-dekontaminationsmarkt einer MarketsandMarkets™-Studie zufolge bis 2028 erreichen.

ZELLBEOBACHTUNG

DNA-REPARATUR IM FOKUS

An der Universität Bonn beschleunigten Wissenschaftler Zellbeobachtungen um das Fünffache. Mit einem speziellen Mikroskop und der Software TARDIS markierten sie einzelne Moleküle in Zellen, verfolgten ihre Bewegungen und gewannen Einblicke in bisher unbekannte Zellabläufe, besonders in der DNA-Reparatur. TARDIS ermöglicht die gleichzeitige Untersuchung mehrerer Moleküle und verkürzt den Prozess erheblich (doi: 10.1038/s41592-023-02149-7).

KREBSFORSCHUNG

RNA-THERAPIE GEGEN BRUSTKREBS

Wissenschaftler der Universität Jena haben einen molekularen Mechanismus entschlüsselt, bei dem die nicht-codierende RNA PAPAS die Synthese ribosomaler RNA reguliert, was potentiell neue Ansätze für die Diagnose und Behandlung von Brustkrebs ermöglicht, einschließlich der Entwicklung einer RNA-Therapie zur Reduzierung einer rRNA-Synthese in Krebszellen (doi: 10.1016/j.celrep.2023.113644).

BIORESSOURCEN

MUTASYNTHESE UND BIOTRANSFORMATION

Eine neuartige Methode zur Derivatisierung von Antibiotika wurde von Forschern der Abteilung Bioressourcen für Bioökonomie und Gesundheitsforschung am Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen entwickelt. Der Ansatz kombiniert die Mutasynthese mit einem Biotransformationsprozess (doi: 10.1039/d3cb00143a).

SMARTE AUTOMATION

War der 5 Mrd. US-Dollar schwere Markt der Laborautomation lange vom Liquid Handling dominiert, rückt nun die automatisierte Datenauswertung/Mustererkennung immer stärker in den Fokus.



KI-Algorithmen wie scPoli erleichtern zunehmend die Mustererkennung in Sequenzdaten oder das virtuelle Screening.

Automationspezialisten wie der langjährige Sequenzierungsweltmarktführer Illumina oder PacBio hinterließen auf der J.P. Morgan Healthcare-Konferenz einen höchst unterschiedlichen Eindruck. „2023 hat unsere Erwartungen absolut übertroffen“, tönte Christian Henry, Präsident und CEO von Pacific Biosciences. Das im vorigen Jahr eingeführte und 174mal ausgelieferte Long-Read-Sequencing-System Revio bediene die komplexe Krankheitsforschung perfekt, so der Firmenchef. Komplementär dazu sei das Short-Read-System Onso für die Liquid Biopsy gut gelaufen. Henry sieht für die Zukunft eine Marktteilung voraus: Während Onso für die diagnostische Liquid Biopsy und viele Applikationen vollständig ausreiche, seien Ganzgenomsequenzierungen etwa der DNA-Methylierung oder snRNA-Bereich klar der exakteren Long-Read-Technologie vorbehalten.

Ganz im Gegensatz zu Henry präsentierte sich der neue Illumina-Chef Jacob Thaysen trotz Verkaufsrekords (352mal) seiner NovSeq X-Instrumentenplattform eher zurückhaltend.

Nach dem Weggang seines charismatischen Vorgängers Francis de Souza im vergangenen Juni gilt es, den kartellrechtlich nicht genehmigten Kauf des Krebsfrüherkennungsspezialisten GRAIL, der offenbar nicht mehr Marktführer in der Früherkennung von Krebs ist (siehe Interview LABORWELT 4/2023), „voraussichtlich bis zum Q2/ 2024“ wieder rückgängig zu machen, um milliardenschwere Strafzahlungen abzuwenden. Darüber hinaus möchte sich der neue CEO eher um die Nutzung der um 2.000 Sequenzer gewachsenen 25.000 Bestandskunden weltweit sowie um den Ausbau fortgeschrittener Analysetools kümmern. Zum Beispiel den mit Janssen Pharma

derzeit automatisierten Molecular residual disease (MRD)-Assay, der die schnelle Identifikation und Analyse von zirkulierender Tumor-DNA in Blut verbessern soll. Zudem wolle man in der unlängst gegründeten Alliance for Genomic Discovery (AGD) zusammen mit AbbVie, Amgen, AstraZeneca, Bayer und MSD sowie Bristol Myers Squibb, GSK und Novo Nordisk 250 vollständige Genome sequenzieren und die Daten für das Drug Discovery einsetzen.

KI-TOOLS IMMER WICHTIGER

Neben der automatisierten Hardware und dem Umsatz mit darauf laufenden Kits wird demnach die funktionelle Datenanalyse immer wichtiger für Automationsanbieter. Dass KI für die Vorhersage der 3D-Proteinstruktur (vgl. |transkript 4/2022) und der Folgen von Missense-Mutationen |transkript 4/2023) immer wichtiger wird, hatte das Google-Spin-out Deepmind Ltd. eindrucksvoll belegt. Auch bei der Durchmusterung von Gewebeschnitten oder der Herzinfarkt-Diagnose sind die Algorithmen immer wichtiger geworden, wie Unternehmensberichte der Grazer RobotDreams GmbH und britischer Kardiologen (10.1038/s41591-023-02325-4) belegen. Daneben werden KI-Werkzeuge zunehmend wichtig für die Bioprozessentwicklung, auch in der Lebensmittelbranche – und dort – vor allem zur Steuerung und Optimierung von Fermentationsprozessen, wie jüngste Kooperationen japanischer Food-Tech-Unternehmen zeigen. 

Neues KI-Tool für Zellatlanten

Zellatlanten gewähren einen immer besseren Einblick in das Zellgeschehen, auch bei Organpathologien. Die Integration der in Kohortenstudien erhobenen Patientendaten, Proben und Einzelzellanalysen fiel bislang schwer. LABORWELT sprach mit Prof. Dr. Dr. Fabian Theis darüber, wie das KI-Werkzeug scPoli hilft.

transkript. Wo sehen Sie den Einsatzbereich von sogenannten Zellatlanten in der biomedizinischen Forschung?

Theis. Der Einsatz liegt derzeit vor allem in der Grundlagenforschung, kann aber schnell translational werden. Einzelzellanalysen gibt es seit Beginn der Zellbiologie, zum Beispiel mit dem Mikroskop. Der Unterschied zu heute ist, dass wir es at scale machen mit molekularer Auflösung, zum Beispiel in Omics-Analysen. Das berührt Anwendungsbereiche von der Entwicklungsbiologie über die vergleichende Biologie bis hin zur Genetik von Krankheiten. Bislang hat man bei der Untersuchung von Krankheiten auf zellu-



PROF. DR. DR. FABIAN THEIS

Leiter des Computational Health Center, Helmholtz Munich

lärer Ebene mit Mittelwerten gearbeitet und wusste deshalb nicht exakt, was auf

molekularer Ebene geschieht oder wo es herkommt. Zum Beispiel wusste man, dass zwei Faktoren die Expression eines Proteins steuern. Was wir heute können ist, uns dies in allen Zellen auf einmal anzuschauen und das Geschehen zu lokalisieren. Ziel des Human Cell Atlas-Projektes ist es ja gerade, alle Zellen eines Gewebes bzw. Organs und deren Zustand zu erfassen.

transkript. Was tun Sie und Ihre Kollegen denn nun, zum Beispiel mit Ihrem Mitte Januar vorgestellten neuen KI-Analyse-Werkzeug scPoli?

Theis. Es gibt zwei Dinge. Das erste ist Atlanten bauen – wir wollen beschreiben,

Robotic-Zentrifuge

Roboterbedienbare Zentrifuge für die automatisierte Probenvorbereitung

Präzise Positionierung von Ausschwing- und Festwinkelrotoren

Be- und Entladung durch den Roboter



Herolab GmbH Laborgeräte

Ludwig-Wagner-Str. 12 | D-69168 Wiesloch

www.herolab.de | Tel.: 06222-5802-0 | E-Mail: info@herolab.de

was im gesunden Gewebe passiert und was im kranken beziehungsweise was bei den verschiedenen Krankheiten schiefeht – und zwar auf zellulärer Ebene und auch multimodal. Wir sehen, dass so viele multidimensionale Daten generiert werden, dass man mit einer einfachen statistischen linearen Analyse nicht mehr weiterkommt. Die komplexen Abhängigkeitsmuster in dem 25.000-dimensionalen Raum aller Genexpressionen mit 40 Millionen Datenpunkten sind so komplex, dass man Computermodelle braucht, um diese zu verstehen – vor allem, wenn Gruppen ähnlicher Daten geclustert werden, zum Beispiel Pankreaszellaten aus zwei verschiedenen Studien, braucht es eine gewisse Datenintegration. Denn die Daten passen etwa wegen Artefakten, auch biologischen, nicht genau aufeinander. Genau das tut unser Tool scPoli, wie bei zwei verschiedenen gezeichneten Stadtplänen legt sie die Informationen so übereinander, dass es passt – nur, dass die Zahl der Datenpunkte

viel viel größer ist. Durch die Datenintegration entsteht aus den vielen Datenpunkten ein Modell, zum Beispiel von krank und gesund sowie den an diesem Zustand beteiligten Zellgruppen. Zum Beispiel haben wir mit scPoli die Daten von 15 Laboren zu acht Millionen Blutzellen integriert – der größte Blutzellatlas weltweit. Der zweite Aspekt ist, dass nun andere Gruppen dazukommen und fragen, kann ich meinen Datensatz darauf projizieren?

transkript. Heißt das, Sie können Probanden aus der UK Biobank holen, die zum Beispiel 324mal eine bestimmte Krankheit entwickelt haben und fragen, was ist das Charakteristische?

Theis. Genau. Wir haben eine Multiskalendarstellung. Pro Proband haben wir tausende von Zellen. Die Gesamtheit der Zellen ergibt dann einen Punkt, der charakteristisch für eine Krankheit ist. An genau solchen Blutproben aus der UK

Biobank arbeiten wir mit Kollegen am Sanger-Institut.

transkript. Was kann Ihr Tool scPoli, was andere KI-Tools nicht schaffen?

Theis. Machine Learning gibt es in diesem Feld schon länger. Als die Datenmengen größer wurden, hat man mit den beschriebenen Datenintegrationsmethoden angefangen. Frühere Tools hatten verschiedene Probleme, zum Beispiel konnte man nicht verstehen, wie diese Integration über die unterschiedlichen Batches und Probanden funktionierte. Also was da korreliert worden war. Unsere Methode visualisiert dagegen, welche Zellen und welche Probanden sich ähnlich waren und korreliert wurden, um diese Karte zu machen. Das heißt, die Integration ist nachvollziehbarer und wir haben eine Multiskalendarstellung: Zellen und Probanden. Das war das erste. Die zweite Verbesserung war, dass wir dies mit Vorinformationen

Mikrogen CLIA-Automation: Build around you!

- **Mehr Potential**
Vollautomat mit minimaler hands-on Time & Schulungszeit
- **Mehr Flexibilität**
Proben- und Reagenzien-Management für den individuellen Workflow
- **Mehr Intuition**
Einfache Steuerung der Assays über intelligente Software und leicht verständliche Benutzeroberfläche

Ihre nächste Generation des vollautomatischen Random-Access-CLIA-Immunanalysers

Erfahren Sie mehr über unsere Innovationen für Ihre Laborautomatisierung, wir freuen uns auf Ihre Anfrage!



MIKROGEN
DIAGNOSTIK

- Infektiologie
- SARS-CoV-2
- Immunologie und
- Autoimmunerkrankungen
- Alzheimer
- Diabetes und Stoffwechselerkrankungen
- Herz-Kreislauf-Erkrankungen
- Onkologie
- Nierenerkrankungen
- Sepsis und Entzündung
- Fertilität und Endokrinologie

○ Weitere Infektionsparameter

Kontaktinformation

MIKROGEN GmbH • Produktmanagement • Tel. +49 89 54801-0 • mikrogen@mikrogen.de • www.mikrogen.de

kombinieren konnten. Das Schöne an der Biologie ist, – anders als etwa in Googles Advertising Business – dass es viel Prior Knowledge also Expertenwissen gibt. Wir wissen schon, was es für Zelltypen gibt und wie sich diese beschreiben lassen. Das heißt, wir haben Informationen über Zelltypen integriert, so dass der Kern des selbstlernenden Systems automatisch erkennt, um welchen Zelltyp es sich handelt. Neue, ungelabelte Zellen werden also integriert und annotiert.

transkript. Was können Sie denn mit scPoli analysieren?

Theis. Unsere Tools stellen wir öffentlich bereit und haben Downloadzahlen bis in den Millionenbereich. In unserem Paper haben wir Blut, also PBMCs, bei COVID-19-Patienten und Kontrollen untersucht, für Lungenzellen haben wir COVID-19 und Krebs untersucht. Wir benutzen aber alle möglichen Atlanten.

Der humane Zellatlas ist ein riesiges internationales Projekt, an dem weltweit rund 3.000 Wissenschaftler arbeiten; wir haben dafür den Lungenatlas erstellt. Jetzt machen wir Blut, Darm und Pankreas. Unsere Methode wird vergleichend eingesetzt, also um gesund und krank zu unterscheiden. Natürlich möchte man das Ganze erweitern. Es gibt dabei zwei Ziele: erstens multimodal werden bezüglich der untersuchten Moleküle, zweitens den Output verbessern. Damit verbunden ist die Frage, wie können wir denn krank von gesund in einer bestimmten Subpopulation unterscheiden – zum Beispiel anhand von Unterschieden in den residenten Makrophagen bei verschiedenen Verläufen von COVID-19. Ein Problem bei der multimodalen Untersuchung von Molekülen sind die zur Verfügung stehenden Assays. Bei Proteomics etwa gibt es zwar ein paar Koryphäen wie Matthias Mann, die das können, aber so richtig at scale geht es auf Einzelzellebene noch nicht, im Gegensatz

zur Untersuchung epigenetischer Unterschiede.

transkript. Das heißt, Sie kommen weg von den aktuell recht primitiven Einzelbiomarkern?

Theis. Ich würde es als kontextspezifische Biomarker bezeichnen. Das heißt etwa, wir haben eine Kombination an Transkripten, aber auch die Information darüber, in welchen Zelltypen das Expressionsmuster krankheitsspezifische Veränderungen zeigt. Dazu integrieren wir sogenannte Attention-Mechanismen, vergleichbar mit den Large Language-Modellen, die man zum Beispiel in Chat-GPT findet. Dies ermöglicht es zu erkennen, wo ist eine Änderung wichtig – ähnlich wie Sprachmodelle erkennen, in welchem Kontext ein Wort welche Bedeutung hat.

transkript. Wo steht scPoli in der translationalen Medizin und wo wollen Sie hin?

bio·techne®

Stellen Sie Therapien schnell, sicher und effizient für Patienten bereit

Bei Bio-Techne stehen wir Ihnen in jeder Phase als engagierte Partner zur Seite. Unser gesamtes Portfolio von analytischen Produkten und Dienstleistungen wird strengen Qualitätssicherungsmaßnahmen unterzogen.



Simple Western™
Automatisierte Analyse
mehrerer Merkmale viraler
und nicht-viraler Vektoren.



Ella™
Bestimmen Sie bis zu 8
Analyten gleichzeitig in
weniger als 90 Minuten.



Maurice™
Ein Gerät für cIEF- und CE-
SDS-Analytik.



Luminex®
Multiplex-Verfahren für bis zu
50 Analyten in einer Probe.



Erfahren Sie mehr unter

[www.bio-techne.com/research-areas/
cell-and-gene-therapy/analytical-solutions](http://www.bio-techne.com/research-areas/cell-and-gene-therapy/analytical-solutions)

Theis. Zum einen lässt sich ein Zustand beschreiben und damit diagnostisch nutzen, aber auch untersuchen, was bei einer Intervention passiert. Der heilige Gral in der Computational Biology ist es, regulatorische Aktivität zu verstehen, denn das ermöglicht einen Einblick in Krankheitsursachen und deren Folgen. Selbst wenn nur RNA-Daten zur Verfügung stehen, lassen sich daraus eine Signalkaskade oder ein Transkriptionsfaktor erschließen. Dann hat man schon richtig viel verstanden. Die erstellten Zellatlanten bieten bereits Informationen zu mehr als 100 Erkrankungen – teils raum aufgelöst, teils auf Einzelzellebene – über neurodegenerative Erkrankungen oder Lungenleiden. Wir untersuchen Diabetes Typ I und II, schauen also auf Pankreaszellebene, was passiert mit den Beta-Zellen. Das ist für die Grundlagenforschung interessant. Für Unternehmen dagegen ist es interessant, diese Informationen im Zusammenhang mit Interventionen, also gewollt herbeigeführten

Änderungen zu nutzen. Wenn ich einen für die Krankheit kausalen Zustand beschreiben kann, ist möglich zu testen, was passieren muss, um den gesunden Zustand wiederherzustellen. Zum Beispiel im Rahmen eines Drug Screenings, nur dass unsere Modelle darauf hoffen lassen, dass wesentlich weniger Wirkstoffkandidaten getestet werden müssen, weil man den Rest mit Hilfe von generativer KI schätzen oder modellieren kann. Des Weiteren können wir in einer Zellart beobachtete Wirkungen eines Arzneimittelkandidaten mittels generativer KI in anderen Zellarten abschätzen. Das ist die Anwendung der Zellatlanten in der Pharmaforschung. Wir arbeiten bereits mit einer ganzen Reihe an Unternehmen, darunter auch Big Pharma, zusammen. Seit wir einige Paper dazu veröffentlicht haben, ist das Interesse sehr groß.

transkript. Wie geht denn nun künftig Ihre Arbeit mit dem neuen KI-Tool weiter?

Theis. Vieles hängt davon ab, was wir messen können. Es gibt oft keine guten Assays, um Signalling zu messen. Vielversprechend sind Ansätze, die Einzelzellanalysen mit Funktionsassays, wie etwa Patch clamp, kombinieren, um die Aktivität von Neuronen messen zu können. Das bringt die Zellfunktion mit dem molekularen Readout zusammen. Das übergeordnete Ziel bleibt jedoch, einen Zellatlas des menschlichen Körpers zu bauen. Unsere Methoden ermöglichen einen ersten flüchtigen Blick darauf, was über die Einzelzelle hinaus im Gewebe passiert. Es ist technisch herausfordernd. Aber mein Traum bleibt es, Modelle von gesundem und von krankem Gewebe zu haben, an denen man Interventionen durchführen kann. Das Machine-Learning-Feld schreitet sehr schnell voran und die Anwendung findet bereits aktuell in mehreren Biotech-Start-ups statt – zum Beispiel in der Targetfindung oder dem in silico Drug Screening. TC



Pull-down assays with MagStrep® Strep-Tactin® XT Beads



- > High specificity - low unspecific background
- > Fast and easy purification - conserves even weak protein interaction partners

Discover how to improve yield and optimize protocol

ROBOTIC-ZENTRIFUGEN

Schnelldrehende Festwinkelrotoren stoppen in der Zentrifuge RobotCen präzise auf den Punkt. Damit sind Zentrifugationen, bei denen hohe g-Werte vonnöten sind, automatisierbar. Die bahnbrechende Technik entwickelten Ingenieure von Herolab.

von Iris Sauer, Vertrieb + Marketing, Herolab GmbH Laborgeräte

„Herolab ist bekannt für innovative und flexible Lösungen und reagiert, wenn immer möglich, auf die Anfragen von Kundenseite.“ Diesen Leitsatz des Firmengründers Erhard Knorr hat der seit Mitte 2022 tätige Geschäftsführer Jan Celinšek gerne übernommen, und er setzt ihn weiterhin um.

Das in den vergangenen Jahrzehnten steigende Probenaufkommen in der Industrie und der Forschung fand bei den Laborgeräteherstellern zunächst Niederschlag im Angebot von Pipettierrobotern. Bald darauf entwickelte sich der Bedarf an Automatisierungslösungen in der Zentrifugation.

Von Herolab wurden die ersten Robotic-Zentrifugen bereits vor vielen Jahren an Kunden in der Life-Science-Branche geliefert. Die Zentrifugen werden extern gesteuert, die Steuerbefehle über eine serielle Schnittstelle an die Zentrifuge gegeben – öffnen der Luke, drehen des Rotors, anfahren definierter Positionen ... Ein Roboter befüllt den Rotor und entnimmt die Proben. Diese 24/7-Zentrifugen überzeugten und überzeugen noch heute durch ihre Zuverlässigkeit.

INNOVATIVE AUTOMATION

Die ersten Maschinen konnten jedoch nur mit Ausschwingrotoren betrieben werden. Immer mehr Kunden fragten nach höheren g-Werten (RZB) für die automatisierte Zentrifugation. Das Be- und Entladen eines Rotors durch einen



Die RobotCen positioniert Ausschwingrotoren und Festwinkelrotoren präzise.

Roboter erscheint einfach. Tatsächlich ist das Greifen eines Röhrchens nicht die große Herausforderung für den Roboterarm. Für den Rotor aber heißt es, präzise zu stoppen, damit der Roboter die Proben gezielt entnehmen kann. Für die Ausschwingrotoren ist das Stoppen des Rotors in Position relativ einfach. Aber wie schnell-drehende Festwinkelrotoren stoppen und das präzise auf den Punkt?

Die Techniker von Herolab machten sich Gedanken, fragten bei vielen Firmen nach Bauteilen und hatten schließlich die bahnbrechende Lösung!

Nun können Festwinkelrotoren mit 8 x 50 ml-Röhrchen, die eine Beschleunigung von über 20.000 x g erfahren, oder 6 x 250 ml-Flaschen mit 10.000 x g positionsgenau gestoppt werden. Dabei sind viele individu-

elle Konfigurationen möglich. Die Optionen mit Ausschwingrotor für 4 x 500 ml oder Mikrotiterplatten werden weiterhin angeboten.

Für Arbeiten mit entzündlichen Lösungsmitteln bietet Herolab ein Stickstoffspülsystem für die RobotCen an. Ein Überdruckkapselungssystem und eine Sauerstoffsonde sorgen für absolute Sicherheit. Um die technische Herausforderung zu lösen, betrat Herolab wiederum Neuland und bietet auch hier als einzige Firma die Einbindung des Systems an.

Jan Celinšek freut sich, den Kundenanfragen mit diesen individuellen Angeboten gerecht werden zu können, die Kunden sind zufrieden mit den angebotenen Gesamtlösungen – die Nachfrage rollt.

LYME-BORRELIOSE

PRÄZISE, SCHNELL UND AUTOMATISIERT

von Anja Maria Limmer, Produktmanagement, Mikrogen GmbH

Je milder der Winter, desto früher und stärker startet die Zeckensaison. Ein gehäuftes Auftreten von Borreliose-Erkrankungen und die damit verbundenen Anforderungen an die Labore zur Diagnostik sind nur eine Frage der Zeit.

DIE ZWEI-STUFEN-DIAGNOSTIK

Seit Jahren etabliert: einem sensitiven Suchtest (Enzymimmunoassay) folgt ein spezifischer Bestätigungstest (Immunoblot). Leistungsfähige und zuverlässige Antikörpertests für Borrelien-Infektionen sind dafür essentiell.



Die Herausforderungen im modernen Diagnostiklabor sind geprägt durch Fachkräftemangel, Kosten- und Zeitdruck. Innovative, intelligente und intuitive Test- und Automationslösungen leisten daher ihren Beitrag, Labore bei

gleichbleibend höchstem Anspruch an die Diagnostik zu entlasten.

CLIA: GROSSES POTENTIAL

Die Abarbeitung von CLIA-Assays in vollautomatisierten Random-Access-Analysern bietet neue Perspektiven im Hinblick auf Leistung und Effizienz. Der automatisierte Workflow erweitert die Flexibilität der Analysen und vereinfacht den Laboralltag.

VIelfÄLTIG UND EFFIZIENT

Für die Bestätigung von Lyme-Borreliose bietet Mikrogen seit bereits 35 Jahren hochqualitative Assays. Aktuell ist das breite Portfolio mit ELISA-Suchtesten sowie den Bestätigungstesten (Immunoblot und Luminex®-Bead) um die Chemilumineszenz (CLIA)-Technologie für das Screening erweitert.

Mikrogen CLIA-Automation „Build around you!“. Informationen dazu auf www.mikrogen.de

Bildnachweis: © Shutterstock / Christian Horz

Entdecken Sie die passende IVD-Lösung für Ihr Labor

AltoStar® Molecular Diagnostic Workflow

Automatisiert und flexibel - von der Probe bis zur PCR-Analyse

- Breites Assay-Portfolio
- Verwendbar mit diversen Probenmaterialien
- Optimierte Nukleinsäure-Extraktion
- LDT-Implementierung möglich
- KI-basierte automatische Ergebnisinterpretation (coming soon)
- **Vollblut-Extraktionsprotokoll jetzt verfügbar**
- **Alle Komponenten CE-IVD-markiert**

altona
DIAGNOSTICS



Besuchen Sie
unsere Website!

