



细胞分离与系统分析

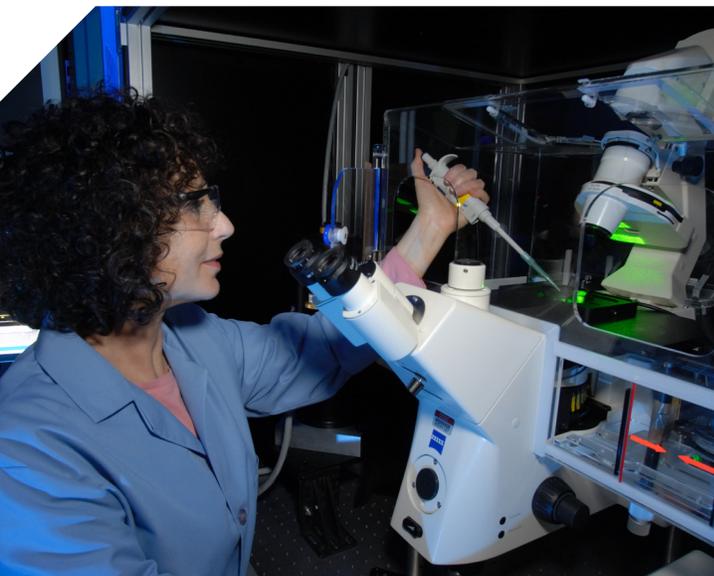
细胞分离与系统分析设备是 EMSL 科研设备的重要组成部分，这些先进的科研设备支持集实验和计算为一体的综合性科研活动。细胞分离和系统分析设备为综合利用基因学、转录组学、蛋白组学、新陈代谢学和成像等科研方法创造了条件，从而极大地促进了系统生物学和系统微生物学研究的进步。细胞分离和系统分析设备支撑 EMSL 在地球化学/生物地球化学与近地表科学以及界面现象科研主题方向的前沿基础科学研究，EMSL 在这些研究领域的主要课题包括：

- ▶ 生物质能与生物燃料—推动基于微生物学和植物生态系统学的替代能源研究
- ▶ 生态治理—理解和调控生物系统，发展以科学为基础的生态治理方案，从而使受污染区域回归天然状态
- ▶ 网络和群落科学——了解蛋白的动态结构与功能之间的相互作用的信息，进而研究人类、动物、植物、微生物细胞、细胞体系乃至整个有机生物体系中的蛋白体系
- ▶ 高通量的数据分析—采用先进的数据存储、同化和可视化等工具，从组学数据库中得出有效的科研结论。

EMSL 科研资源详述

EMSL 为用户提供：

- ▶ 支持大规模并行、全新代谢组转录分析的应用生物系统 SOLiD™ 平台
- ▶ EMSL 的配套辅助科研设备和技术，如质谱分析设备用于蛋白质组学研究和核磁共振和电子顺磁共振技术用于代谢组学研究
- ▶ 具有多个独立控制培养室的细胞培养用微型生物反应器
- ▶ 激光捕获显微解剖镜、自由流电泳以及专用于微生物细胞分析的汇集-流式细胞仪/细胞分选机
- ▶ 用于深入分析活体细胞的荧光显微镜/光谱分析工具，包括无缝集成非线性双光子激发的多光子显微镜，激光扫描共聚焦显微镜，以及一个完全自动化的荧光寿命成像垂直系统
- ▶ 尖端高分辨率的透射和扫描电子显微镜，例如低温透射电子显微镜和双光束粒子显微镜/扫描式电子显微镜



为何选择使用 EMSL 的细胞分离与系统分析科研资源？

- ▶ 在细胞分离与系统分析领域，EMSL 先进、多元的科研资源为用户提供了进行生物学研究的综合性科研环境。
- ▶ EMSL 自行研制的科研设备与先进的技术储备确立了其在组学研究与高时间分辨率、高空间分辨率显微技术研究领域的领先地位。
- ▶ EMSL 拥有尖端的数据分析资源。用户可以通过联合利用多个分析系统的数据，如组学数据、显微数据与分子模型数据，并采用综合性的数据分析方法来开展以数据为基础的组学研究。EMSL 为用户取得突出的科研成果提供了坚实的数据分析基础。

关于 EMSL

EMSL 隶属于美国西北太平洋国家实验室，它是一所由美国能源部建立的国家级科研资源共享中心。EMSL 拥有丰富的集实验与计算为一体的科研资源，能够对环境分子科学领域的科技创新提供配套支持。

EMSL 不但强调不同学科之间的相互协作，而且非常重视实验与计算能力的优化整合，从而为用户提供了一个稳定而高效的科研环境。通过引进世界上最优秀的科学家和最先进的科研设备，EMSL 已成功地帮助数以千计的科研人员通过跨学科的合作实现了能源与环境科学领域上的一些重大突破。欲了解更多有关 EMSL 的科学成就、EMSL 为用户提供的设备和技术支持等信息，请登陆 EMSL 的网页 www.emsl.pnl.gov。

EMSL 用户申请指南

EMSL 欢迎科研人员向 EMSL 提出用户申请。EMSL 的用户申请由业内知名专家进行评审。入选用户不但可以使用其世界一流的科研设备，而且有机会与世界知名专家合作。用户申请人可登陆 EMSL 网页 (www.emsl.pnl.gov) 点击 User Access 窗口，并完成其所列的五个步骤来提交申请。EMSL 会在每年春季公布其一年一度的“用户申请项目建议书征集”的有关细则，EMSL 鼓励现有用户和希望成为 EMSL 用户的科研人员在截止日期前提出申请。此外，不在征集书指定范围内的有新意的申请可以在任何时候提交而不受限制。

EMSL 鼓励申请人在其用户申请项目建议书中强调联合使用 EMSL 的计算与实验设备。大多数的入选项目用户可以免费使用 EMSL 的设备来进行“开放式的科研活动”。开放式的科研活动是指在科学界公开发表并共享其科研成果的科研活动。

GALYA ORR, Ph.D.

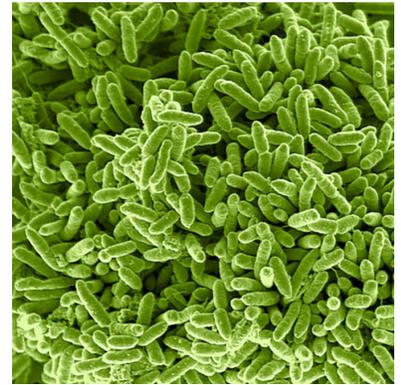
细胞分离与系统分析设备负责人
galya.orr@pnl.gov
509-371-6127

PNNL-SA-70680

细胞分离与系统分析主要研究成果

小细菌之大功效

一篇发表在《美国科学院院志》中的论文详尽介绍了 EMSL 的科研资源帮助用户揭示了综合性组学研究的重要性，《自然》杂志对此研究发现也有相关报道。通过运用 EMSL 的设备，科研人员对 10 个紧密关联的希瓦氏细菌株的完整基因序列、蛋白质组成和生理数据进行了详尽分析，其科研结论揭示了比以往任何相关研究结论都更为深入的基因型与表型之间的关系。该研究团队的分析为科学界提供了定义细菌种类和属的新角度。研究表明希瓦氏菌基因组和蛋白质组多样性比预期的要强；某些基因组和蛋白质组的差异与这些组的环境适应性和环境特异性有关，而且有些环境特异性可以在很短的时间内完成。另外，这些科研人员同 EMSL 的有关专家合作，利用 EMSL 的设备并采取极其复杂的工艺，成功地将基因组和蛋白组的生态影响和进化影响分离，并对有关生态影响和进化影响分别进行了分析。



高分辨率显微镜图片清晰显示希瓦氏菌的染色体组与蛋白质组的多样性

EMSL 用户：乔治亚理工学院，比较分子生物学和进化学约瑟芬贝保罗中心，美国西北太平洋国家实验室，德克萨斯大学，密歇根州立大学，南加州大学，阿贡国家实验室

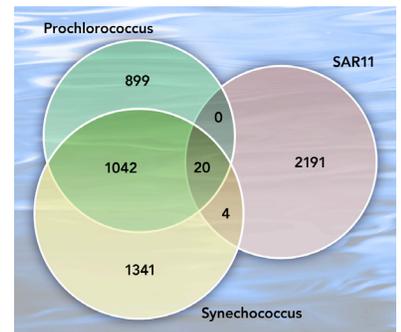
Konstantinidis *et al.* 2009. PNAS 106(37):15909-15914.

生存模式

微生物群落对生物地球化学循环有着深刻影响。微生物群落对诸如碳等元素的浓度产生影响，继而影响到大气、水及土壤中的温室气体，即二氧化碳的含量。运用 EMSL 的数据分析和质谱分析设备，研究者开展了首例对马尾藻海细菌群落蛋白质表达的定量分析。该科研小组发现这些生物体得以在严酷的环境中生存，是因为他们能够积极地摄取溶解在它们所在的水中有限的营养物质。诸如此类的科研项目具备将微生物群落蛋白组的研究应用于解决全球性环境问题的潜力。

EMSL 用户：俄勒冈州立大学、美国西北太平洋国家实验室、加州大学索厄尔分校

Sowell *et al.* 2009. ISME Journal 3:93-105.



取自马尾藻海的样品中检测到了大量的多肽，这些多肽独特于原绿球藻、聚球藻以及地球上最丰富的有机体——SAR 11 细菌 (*Pelagobacter ubique*)。