

上海易算生物科技有限公司

# HRM 超反应监测介绍

[marketing@omicsolution.com](mailto:marketing@omicsolution.com)

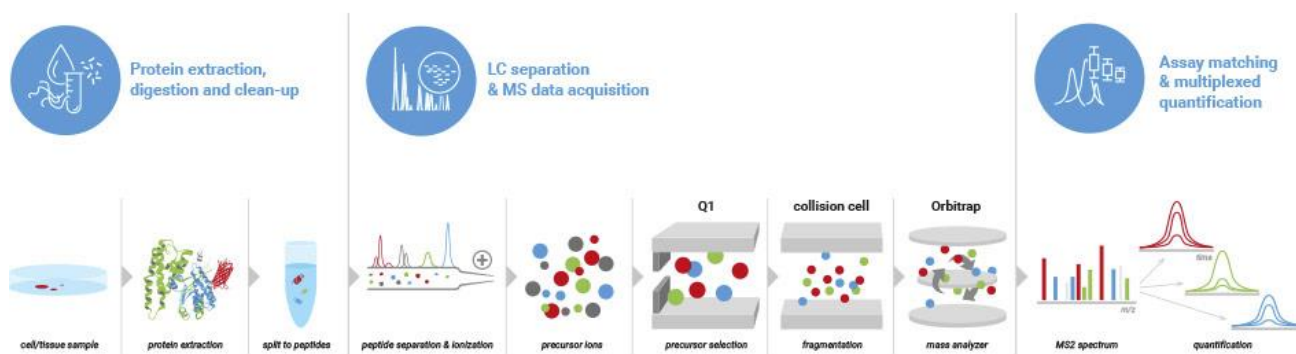
**OMIC**SOLUTION

## 目录

1. HRM 简介.....	2
2. HRM 实验流程.....	2

## 1. HRM 简介

超反应监测 (HRM, Hyper Reaction Monitoring) 是发现式蛋白质组学中最新的一类技术。它能够提供无与伦比的蛋白质组覆盖,同时实现每个样品 9000 种蛋白质(人类细胞)的精确、高度可重复的定量。HRM 流程提供一个理想的差异表达蛋白质组定性分析或海量样品的蛋白质组定量平台。



## 2. HRM 实验流程

HRM 流程基于三个必要步骤:

- **构建谱图库**: 图库收集了样本所有可检测的非冗余的高质量肽段信息(MS/MS 谱图),用于后续数据分析的肽段鉴定模板。其中包含描述肽段谱峰特性的碎片离子强度和保留时间(iRT)。谱图库通过对感兴趣的样品进行 data dependent acquisition (DDA)检测采集。
- **DIA 模式下获取大量样本数据**: Data independent acquisition (DIA, 又称 SWATH)模式利用最新的高分辨质谱实现在质量数和保留时间上同时采集肽段离子特征。与传统的提取单一离子进行碎裂分析的方法相比,DIA 模式下质谱被设定为宽母离子窗口循环采集并同时碎裂多种肽段离子的分析方式。实现了将样品中所有可检测的蛋白谱峰信息完整采集,从而能够高重复性的分析大量样本。
- **数据分析**: 在基于 DIA 的发现式的蛋白质组研究中,如何更好地进行蛋白检测和定量目前依然是个巨大的挑战。采集自肽段的信息虽然十分完整,但发生高度卷积。我们可以利用高质量谱图库中的肽段谱峰进行进行分析,但在统计分析和定量前,必须首先进行有效地去卷积。而这一步操作目前完成的最好的软件即为 Spectronaut。

HRM 之于常规“shotgun”蛋白质组技术的优势在于可以在单次检测实验中对所有可检测的肽段进行高灵敏高精度的进行定量。HRM 实验结果是一个简单而完整的数据矩阵,包含了各个样品中各蛋白的精确定量信息,从而各种背景的研究者都能直接用其进行深度解析而不需要质谱专家的辅助。HRM 进一步能够将一个物理样品转换成数字化蛋白质信息库,这意味着在之后的研究中,我们可以随时对数据进行回溯和重新解析,而不需要再次对其进行数据采集。

#### 技术服务

- 差异定量蛋白质组服务  
ITRAQ/TMT  
DDA/DIA LFQ
- 靶向定量蛋白质组  
基于 MRM/PRM 技术的  
相对/绝对定量
- 其他蛋白质组实验  
多肽组学定量、De Novo  
翻译后修饰组学  
未知蛋白表征  
蛋白相互作用
- 数据分析  
蛋白质组数据质控及挖掘  
IPA 生物信息学分析

OmicSolution 成员来自于复旦大学、上海交大、中科院、二军大的蛋白质组、代谢组专业实验室，配备本领域广受好评及最新型号质谱、最权威且版本最新的分析软件，为您提供蛋白质组学、代谢组学的实验、软件销售、数据分析和应用培训等服务。

更多蛋白质组学技术信息请参阅：

[www.omicsolution.com](http://www.omicsolution.com)

若有任何疑问，欢迎来电或邮件咨询：

Phone: 18516591405

Email: [support@omicsolution.com](mailto:support@omicsolution.com)

[marketing@omicsolution.com](mailto:marketing@omicsolution.com)