

上海易算生物科技有限公司

基于质谱的单抗蛋白从头测序以及后修饰鉴定服务

marketing@omicsolution.com

OMICSOLUTION

目录

1. 服务简介.....	2
2. 抗体蛋白鉴定技术.....	2
2.1 关键技术简介.....	2
2.2 一流的技术平台.....	2
3. 分析案例展示.....	3
3.1 抗体全蛋白测序.....	3
3.2 蛋白后修饰及突变分析.....	4
3.3 亮氨酸/异亮氨酸的区分.....	5
4. 样品要求.....	5

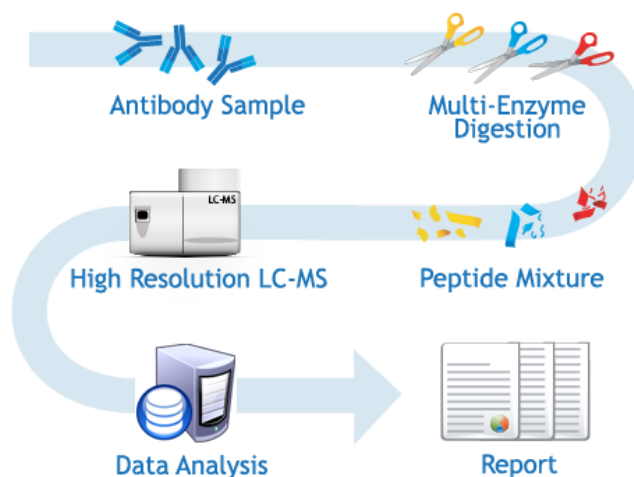
1. 服务简介

基于液相质谱分析的单抗蛋白从头测序以及后修饰鉴定服务是易算生物借助全新一代质谱平台提供的一项专业服务。该服务的核心技术源于基于质谱数据的从头测序算法以及蛋白质组数据分析软件，整合了目前世界上最先进的液相质谱技术以及质谱数据分析技术，我们的技术团队服务过来自世界各地的客户，包括世界著名的生物制药公司及研究所。丰富的案例经验保证了我们一流的服务，客户的高满意度是我们全体研究人员许下的庄严承诺。

2. 抗体蛋白鉴定技术

2.1 关键技术简介

- 双硫键分离及双链分离
- 多种酶切产生序列互补肽段
- 高通量高精度液相质谱分析
- 肽段从头测序及拼装全蛋白序列
- 全蛋白后修饰及突变分析



2.2 一流的技术平台

一流的技术是赖以生存与发展的核心竞争力。我们的技术团队始终紧跟世界一流水平的蛋白从头测序技术，蛋白质搜库鉴定技术，后修饰及突变鉴定技术，以及专门用于抗体蛋白测序的肽段拼装技术，并与世界一流水平的液相质谱技术相结合，持续提供抗体蛋白鉴定服务，与客户的频繁互动帮助我们积累了丰富的专业知识及经验。

目前我们的技术平台拥有多台 Thermo Fisher Q-Exactives, Orbitrap Fusion, 为客户提供超高分辨率和高精度的质谱解析平台。

3. 分析案例展示

3.1 抗体全蛋白测序

我们的专业服务保证 100%全序列覆盖。对于抗体的可变区每个氨基酸提供至少五张高可信质谱图鉴定结果。高通量高精度的液相质谱技术保证了高频度的覆盖以及全蛋白测序结果的精度。

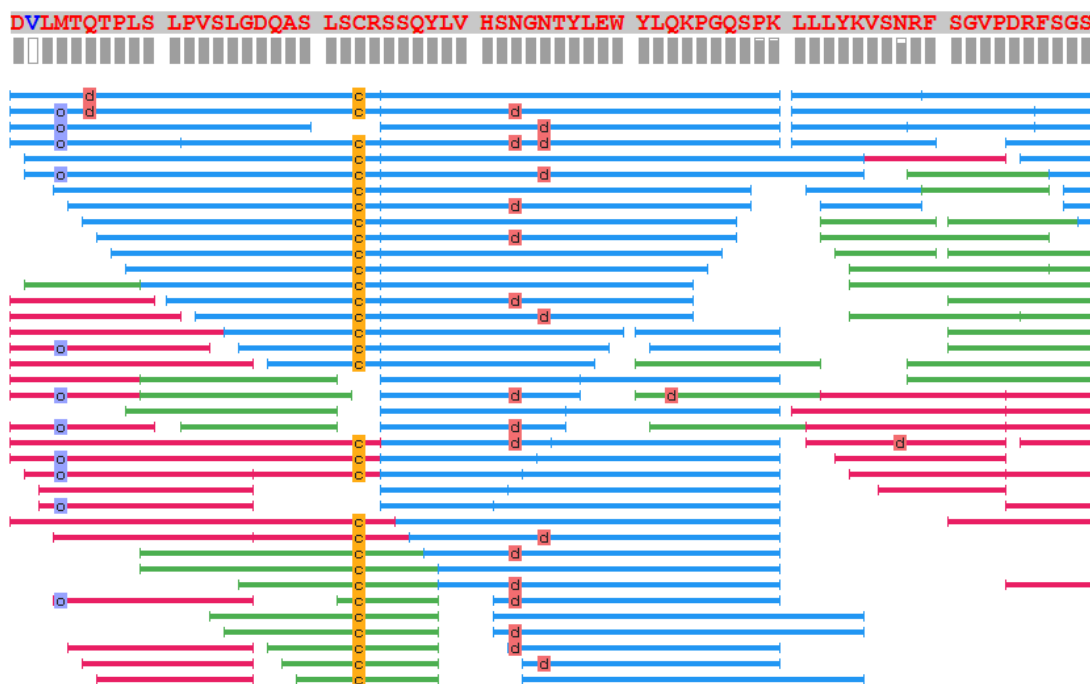


图 1. 0.1% FDR 标准下的肽段-谱图覆盖情况

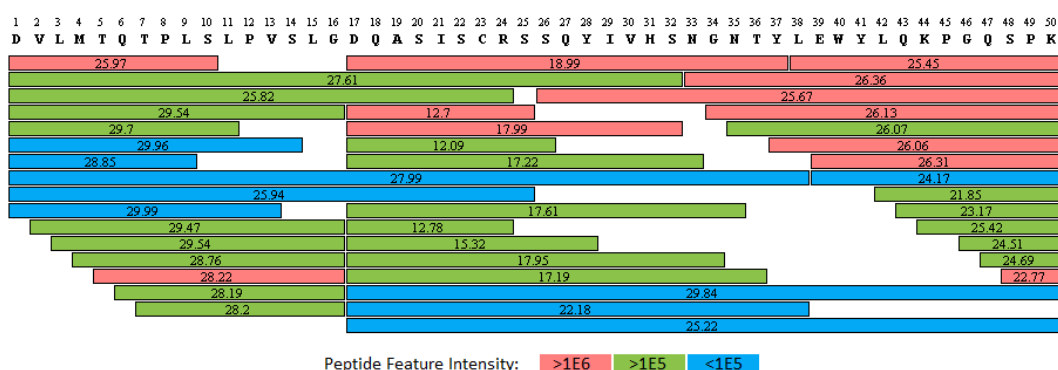


图 2. 抗体轻链序列覆盖情况

3.2 蛋白后修饰及突变分析

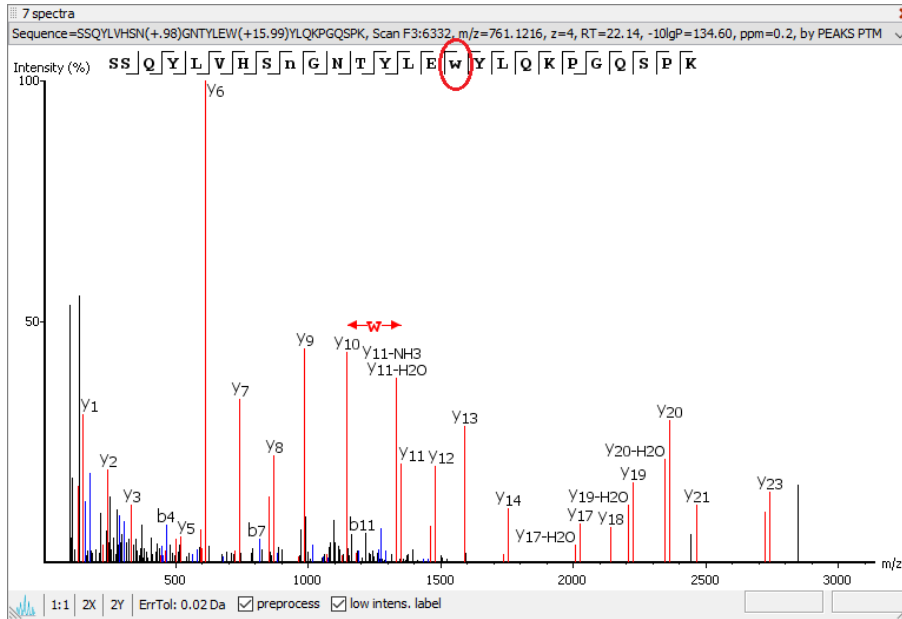


图 3. 蛋白后修饰定性分析

基于先进的 PEAKS PTM 和 SPIDER 算法，我们提供蛋白后修饰以及突变分析。PEAKS PTM 算法专注于蛋白后修饰的测定，该算法自动搜索 Unimod 数据库收录的蛋白后修饰并通过精准的打分方法和正反库搜索方法保证后修饰测定的敏感度和准确性。SPIDER 算法则通过对比从头测序产生肽段和蛋白库收录的序列来发现蛋白序列中的突变。PEAKS PTM 和 SPIDER 算法均于多年前发表在著名生物学期刊上。在测定后修饰和突变后，我们提供相应的定量服务。

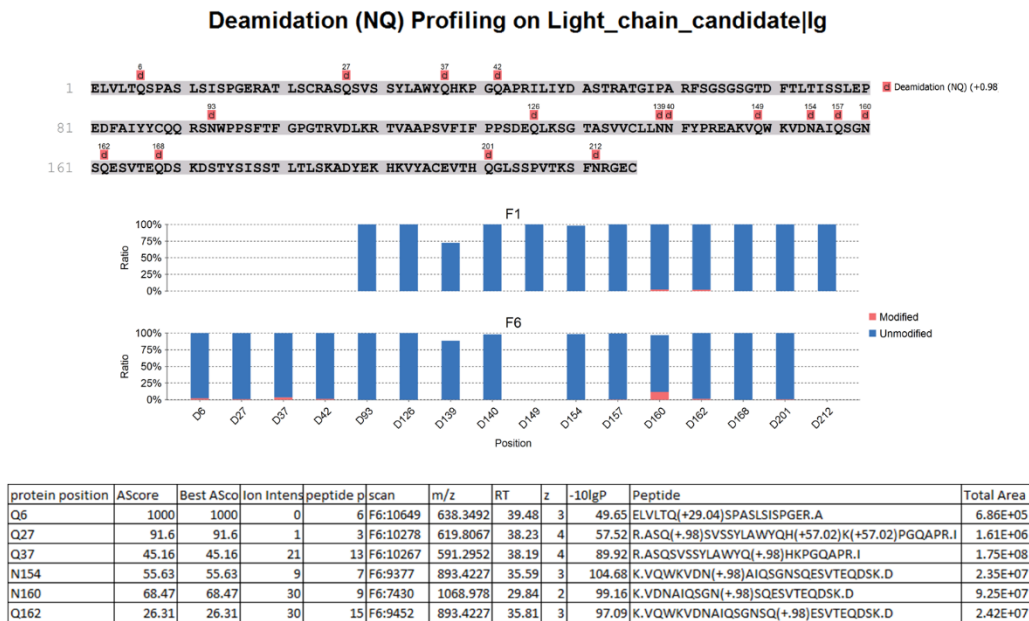


图 4. 蛋白后修饰及突变定量分析

3.3 亮氨酸/异亮氨酸的区分

基于先进的高通量高精度质谱分析技术，鉴定质量差异微小的氨基酸已经相当普遍，但是对于亮氨酸和异亮氨酸仅仅通过质谱数据中确定的氨基酸质量是无法区分的。对此 PEAKS AB 服务采用了多种方法联合精确地区分两种氨基酸，我们采用的方法包括选择特异性水解酶和多维质谱技术。

4. 样品要求

- 单抗样品建议纯度大于 95%
- 样品 50-100 μg 即可，200 μg 样品结果会更好。

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

若有任何疑问，欢迎来电或邮件咨询：

Phone: 18516591405

Email: support@omicsolution.com
marketing@omicsolution.com