博奥晶典
CapitalBio Technology

蛋白质组学研究解决方案

北京博奥晶典生物技术有限公司

蛋白质组学

蛋白质组（Proteome）是指由一个基因组（Genome），或一个细胞、组织表达的所有蛋白质（protein）。蛋白质组学则是通过高通量的检测方法对蛋白质的特征进行研究，包括蛋白质的表达水平、翻译后修饰、蛋白间相互作用等。蛋白质作为整个细胞的结构基础，是生物体新陈代谢过程及调控机制的主要承担者，是生理功能的执行者和生命现象的直接体现者，其功能改变与表型息息相关。对于基因组、转录组难以解释清楚的复杂生命表型，蛋白质组则可提供更为直接的证据。因此，开展蛋白质组学研究不仅有助于更好的理解生命活动规律，也能为多种疾病机理的阐明提供理论依据。

疾病研究

- 致病机制
- 分子标志物
- 疾病分型
- 预后效果

药物

- 药用靶点
- 药物作用机制
- 药物毒理研究

微生物

- 致病机理
- 耐药机制

食品

- 成分鉴定
- 过敏原检测

农业

- 抗性机制
- 发育机制
- 植物保护

博奥晶典基于高通量 LC-MS/MS 质谱平台和十余载蛋白组学服务积累的项目经验，可为您提供涵盖蛋白定性、定量及蛋白修饰的蛋白质组学全面检测方案，满足不同层次的科研需求。

定性蛋白质组

- 胶点 / 胶条鉴定
- 蛋白全谱分析

定量蛋白质组学

- TMT/iTRAQ 标记定量
- Label-free 非标定量
- PRM 靶向验证

蛋白质修饰组学

- 磷酸化修饰
- 乙酰化修饰
- 泛素化修饰

定性蛋白质组学

产品简介

通过液质联用技术（LC-MS/MS），既可对 IP、Co-IP、Pull-down 等纯化样本进行检测，以鉴定目的蛋白及其相互作用蛋白；还可对其他类型样本中的蛋白混合物进行鉴定，以了解特定环境下蛋白质种类情况。按研究对象和内容的不同，蛋白质定性分析可分为蛋白全谱分析和胶点 / 胶条鉴定。

实验流程

定量蛋白质组学

TMT/iTRAQ 标记定量蛋白质组

产品简介

iTRAQ (Isobaric Tag for Relative Absolute Quantitation) 和 TMT (Tandem Mass Tags) 技术是分别由美国 AB Sciex 公司和 Thermo 公司研发的多肽体外标记定量技术，采用 8 种或 10 种同位素标签，利用相同的反应原理特异性标记多肽的氨基酸基团，可实现一次上机同时检测多达 10 种不同样本中蛋白质的相对定量检测。

实验流程

蛋白提取 → 蛋白酶解 → 肽段标记样本混合 → HPLC 分离 → LC-MS/MS 质谱检测 → 数据分析

Label-free 定量蛋白质组

产品简介

非标记（label-free）定量蛋白质组是一种不依赖于稳定同位素标记的蛋白定量技术，只需通过液质联用对蛋白质酶解的肽段进行质谱检测，分析大规模鉴定蛋白质时所产生的质谱数据，比较不同样品中相应肽段的信号强度，即可对肽段对应的蛋白质进行相对定量。

实验流程

蛋白提取 → 蛋白酶解 → LC-MS/MS 质谱检测 → 数据分析

PRM 靶向蛋白质组

产品简介

PRM（平行反应监测，Parallel Reaction Monitoring）是一种基于高分辨、高精度质谱的靶向蛋白质组学技术，能够对目标蛋白质 / 肽段进行选择性检测，从而实现对目标蛋白质 / 肽段进行相对或绝对定量。与经典的 Western blot 和 ELISA 相比，PRM 技术不受抗体种类限制，可广泛应用于定量蛋白质组学结果的验证，是目前靶向蛋白质组学数据采集的主流方法。

实验流程

目标蛋白质 → PRM 方法建立 → 样本制备 → PRM 检测 → 数据分析

蛋白质修饰组学

产品简介

翻译后修饰（PTM，Post-Translational Modification）是指对翻译后的蛋白质进行共价加工的过程，通过在一个或多个氨基酸残基加上修饰基团，改变蛋白质的理化性质，进而影响蛋白质的空间构象和活性状态、亚细胞定位、折叠及其稳定性和蛋白间相互作用。

生物体中许多至关重要的生命进程不仅由蛋白质的相对丰度控制，更重要的是被时空特异分布的、可逆的翻译后修饰所调控。因此，揭示翻译后修饰发生规律是解析蛋白质复杂生物功能的一个重要前提。常见的修饰类型包括磷酸化、乙酰化、泛素化等。

修饰类型	修饰位点	富集方法	参与生物学过程
磷酸化	Ser, Thr, Tyr	TiO_2 / IMAC	信号转导，细胞周期，细胞增值、发育、分化、凋亡，基因调控，新陈代谢及肿瘤发生等
乙酰化	Lys	特异抗体	基因转录调控，细胞凋亡，蛋白质折叠，自噬和能量代谢等
泛素化	Lys	特异抗体	蛋白降解，细胞周期，细胞凋亡，转录调控，信号传递和免疫应答等

实验流程

蛋白提取 → 蛋白酶解 → 修饰肽段富集 → LC-MS/MS 质谱检测 → 数据分析

数据分析结果展示

差异表达蛋白分析

差异蛋白火山图

差异蛋白聚类热图

KEGG 富集通路图

COG 注释分析

修饰分析

motif 分析

亚细胞结构定位分类

蛋白质组学平台优势

灵敏度高	采用 LC-MS/MS 平台，分级分离，降低样品复杂度，可检测较低丰度蛋白
结果可靠	实验室平台具有 CNAS 认证，为客户提供可靠的检测结果
产品覆盖全	不同的蛋白定性、定量、验证及修饰检测方案，满足客户的科研需求
特色分析	数据分析团队经验丰富，除提供丰富的蛋白分析结果外，还可进行多组学关联分析
经验丰富	国内首家完成蛋白全谱检测的科研服务机构，具有十余载蛋白服务项目经验，支持发表文章 150 余篇，累计影响因子超过 570 分

研究案例

糖尿病蛋白组学研究 [1]

发表杂志：*Cell Metabolism* (IF: 22.415)

发表时间：2020 年 2 月

检测技术：定量蛋白质组

样本类型：细胞因子（白介素 -1β 和干扰素 -γ）处理及未经处理的人胰岛组织

研究结论：a. 经白介素 -1β（IL-1β）和干扰素 -γ（IF-γ）两种细胞因子共同处理的胰岛组织中 387 种蛋白的表达发生明显变化，其中生长分化因子 -15（GDF15）在处理后被显著抑制；

b.GDF15 蛋白的翻译在炎症过程中受阻，并在 I 型糖尿病患者的胰岛中被耗尽；

c. 外源添加 GDF15 可抑制 IL-1β + IF-γ 诱导的人胰岛细胞凋亡；

d. 给予非肥胖型糖尿病（NOD）模型小鼠 GDF15，发现 NOD 模型小鼠糖尿病发病率降低 53% 。

功能富集分析网络图

GDF15 为 I 型糖尿病干预的靶标

阿尔兹海默症蛋白组学研究 [2]

发表杂志：*Nature Medicine* (IF: 30.641)

发表时间：2020 年 4 月

检测技术：定量蛋白质组、PRM 靶向蛋白质组

样本类型：阿尔兹海默症患者、其他神经退行性疾病患者和正常对照的脑组织、脑脊液样本

研究结论：a. 加权相关网络分析（WGCNA）生成了 13 个蛋白共表达网络；

b. 与糖代谢相关的 M4 蛋白网络模块显示出与 AD 病理和认知障碍最显著的关联性；

c. 在 AD 发病早期，M4 蛋白网络模块中的一些蛋白在脑脊液中的表达量便已升高 。

蛋白质组学研究示意图

蛋白质共表达网络分析

寨卡病毒致病机制的蛋白组学及蛋白修饰组学研究 [3]

发表杂志：*Nature* (IF: 43.07)

发表时间：2018 年 9 月

检测技术：定性蛋白质组、定量蛋白质组、磷酸化蛋白质组

样本类型：病毒感染前后及正常分化的神经元祖细胞

研究结论：a. 利用亲和标记纯化结合质谱技术鉴定出386种与寨卡病毒（ZIKV）相互作用的蛋白，并绘制了神经元细胞中ZIKV蛋白-宿主蛋白互作网络；

b. 蛋白质组数据分析发现 ZIKV 侵染后与神经元分化过程相关的蛋白下调表达；

c. 磷酸化蛋白质组鉴定到 ZIKV 侵染后发生特异性变化的 1216 个磷酸化位点，分析发现 ZIKV 侵染会影响磷酸化信号转导，且部分信号转导途径与神经发育相关；

d. 功能实验证实敲低 CEND1，CLN6，CHP1，LMOD3，TMEM41b 或 BSG 会导致 ZIKV 复制受到抑制 。

386 种与 ZIKV 相互作用蛋白

ZIKV 病毒侵染影响磷酸化信号转导

参考文献

[1] Nakayasu Ernesto S,Syed Farooq,Tersey Sarah A et al. Comprehensive Proteomics Analysis of Stressed Human Islets Identifies GDF15 as a Target for Type 1 Diabetes Intervention.[J] .*Cell Metabolism*, 2020, 31: 363-374.e6.

[2] Johnson Erik C B,Dammer Eric B,Duong Duc M et al. Large-scale proteomic analysis of Alzheimer's disease brain and cerebrospinal fluid reveals early changes in energy metabolism associated with microglia and astrocyte activation.[J]. *Nature Medicine*, 2020, published on line.

[3] Scaturro Pietro,Stukalov Alexey,Haas Darya A et al. An orthogonal proteomic survey uncovers novel Zika virus host factors.[J] .*Nature*, 2018, 561: 253-257.

KYFW-2020-006 V1.0

©2020 CapitalBio Technology. All rights reserved.

博奥晶典控股成员

博奥检验 CapitalBio MedLab　博奥木华基因 CapitalBio Genomics　博奥新景 CapitalBioDx　博奥颐和 CapitalBio eHealth

北京博奥晶典生物技术有限公司

地址：北京市经济技术开发区科创六街生物医药园 C 座　邮编：101111　电话：010-69002900　传真：010-69002988　客服：400-9968-999
http://www.capitalbiotech.com