

Illumina Protein Prep

基于NGS的解决方案，更深入地了解蛋白质组

使用SomaScan®蛋白质组学检测方法及NGS读取功能，可在单个血浆或血清样本中检测约9,500种独特的人类蛋白质

使用简便的自动化工作流程，2.5天内即可完成从样本到结果的整个流程，手动操作时间仅需4小时

通过DRAGEN™ Protein Quantification和Illumina Connected Multiomics的集成二级分析功能分析蛋白质组数据



简介

蛋白质在人类生物学中发挥着关键作用，实时反映健康和疾病状态。蛋白质组学的研究成果是基因型和表型之间的关键纽带，有助于加深对疾病机制的理解，并最终帮助预测、监测和预防疾病的恶化。基于新一代测序（Next Generation Sequencing, NGS）读取功能的高通量蛋白质组学检测可实现大规模蛋白质组学研究，并能够连接基因组和蛋白质组数据集，加速多组学研究。

Illumina Protein Prep是一种全面的高通量蛋白质组学解决方案，它将值得信赖的因美纳边合成边测序（SBS）化学技术与高度灵敏的Standard BioTools SomaScan蛋白质组学检测方法相结合。与基于抗体的方法相比，这种创新的蛋白质组学检测方法使用SOMAmer®（缓释修饰适配体）试剂捕获蛋白质，实现对目标蛋白质的高特异性捕获¹。将这一先进的蛋白质组学检测方法与基于NGS的读取功能和因美纳数据分析软件的生

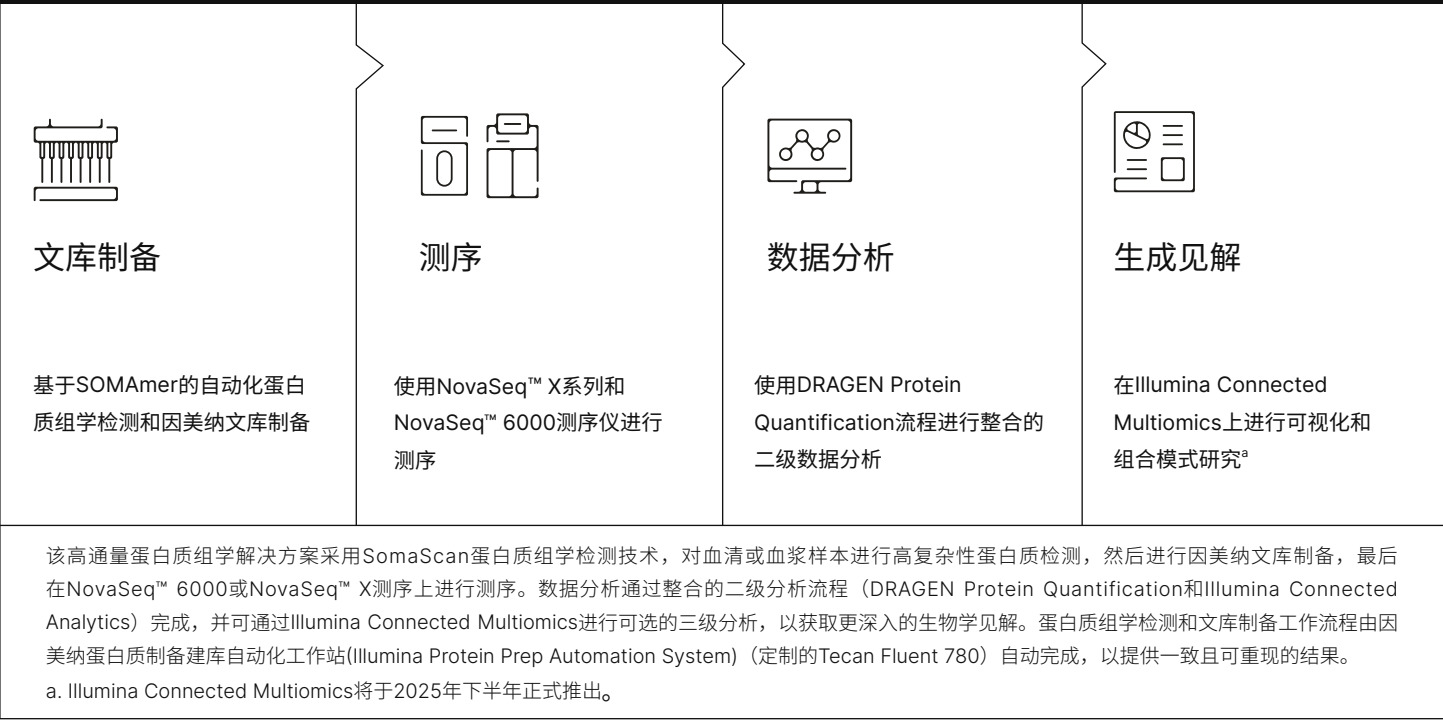
物信息学功能相结合，研究人员就能通过更加简单的、从样本到见解的解决方案，对单个血浆或血清样本中约9,500种独特的人类蛋白质进行评估（图1）。

全面的内容

Illumina Protein Prep检测方法使用10,000多种SOMAmer试剂以发现和定量血浆或血清样本中的约9,500种独特的人类蛋白质。该检测方法包含的目标蛋白更全面*，以人类蛋白质为靶标，涵盖各种病理生理过程，包括癌症、炎症、免疫学和心脏代谢功能。内容涵盖主要的分子靶点，包括受体、激酶、生长因子和激素，涉及200多种生物通路的分泌蛋白、胞内蛋白及胞外蛋白。

* 完整的蛋白质检测清单可根据要求提供。

图1: Illumina Protein Prep解决方案概览



Illumina Protein Prep中使用的所有SOMAmer试剂都经过了严格的表征，SOMAmer试剂对其同源蛋白的特异性已通过质谱和酶联免疫吸附测定法（ELISA）等正交方法得到证实。¹ 超过7,400种SOMAmer试剂至少有一种额外的正交验证形式。借助Illumina Protein Prep解决方案所包含的内容，研究人员可以进一步探索蛋白质组学领域，从而发现新型生物标志物、药物靶点并深入了解疾病机制。

灵敏、精确的蛋白质检测

Illumina Protein Prep使用创新的缓释修饰适配体（slow off-rate modified aptamers，SOMAmer）作为目标蛋白质的亲和分子，在更宽的动态范围内实现出色的蛋白质检测灵敏度和特异性²。这些适配体是带有疏水修饰的单链DNA短片段，与蛋白质靶标的形状高度匹配，可以区分几乎相同的蛋白质。多克隆抗体在结构和性能上可能存在差异，而SOMAmer试剂则不同，它基于结合动力学，具有fM级灵敏度²和出色的可重现性，中位变异系数（CV）低至约5.5%[†]（表1）。

[†] 使用来自健康供体的样本计算的预期中位CV。

表1: 预期性能指标概览 ^a				
样本	运行内CV 中位数	运行间CV 中位数	总运行CV 中位数	总CV第90 百分位数
血浆	4.7%	5.3%	5.8%	8.7%
血清	4.7%	5.0%	5.0%	7.4%
a. 使用来自健康供体的样本计算的预期中位CV。				

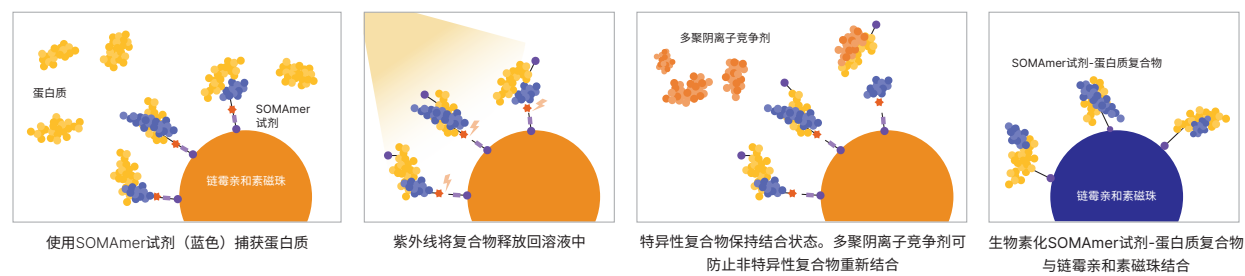
基于杂交的NGS检测

Illumina Protein Prep工作流程的第一步是SomaScan检测，它将生物样本中的蛋白质表达水平转化为基于SOMAmer试剂的特定DNA信号³。初始的SOMAmer试剂-蛋白质结合步骤之后将进行一系列磁珠捕获和清洗操作，将相对蛋白质浓度转换为SOMAmer试剂丰度（图2）。接下来，SOMAmer试剂通过基于杂交的方法转化为用于条形码测序的文库（图3）。在过夜孵育时，成对的探针与SOMAmer试剂杂交，随后被磁珠捕获，每种SOMAmer试剂都有一对独特的探针，其中一个带有与特定SOMAmer试剂相对应的条形码。未结合的探针会被清洗掉，以确保SOMAmer试剂的相对丰度转换成条形码探针的丰度。将标签PCR引物添加到用于测序的样本标签中，并进行扩增，以创建单标签条形码文库。整个Illumina Protein Prep检测可在一个平台上实现自动化，即因美纳蛋白质制备建库自动化工作站(Illumina Protein Prep Automation System)。样本混合后在NovaSeq™ 6000或NovaSeq™ X测序仪上测序。

可扩展、一体化的工作流程

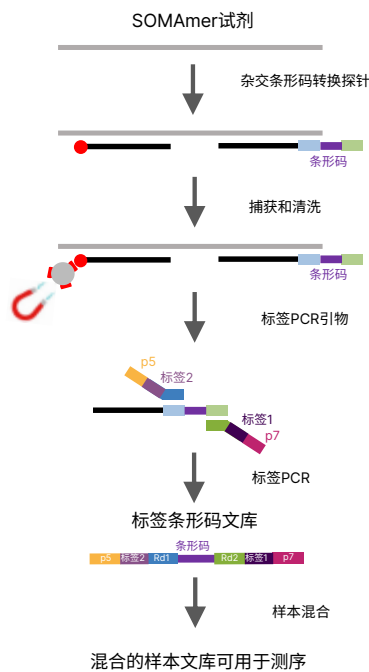
Illumina Protein Prep解决方案采用简化的端到端工作流程（图1），首先采集人类血浆或血清样本，然后使用创新的SOMAmer试剂进行高度灵敏的蛋白质捕获，并进行因美纳文库制备。整个工作流程由因美纳蛋白质制备建库自动化工作站自动完成，实验室只需执行约4个小时的手动操作，就能在2.5天内完成从样本到结果的整个过程（表2）。文库在NovaSeq™ 6000测序仪（S4流动槽）或NovaSeq™ X测序仪（10B流动槽）上测序，每次运行170个样本和22个对照。NovaSeq™ X系列25B流动槽每次运行可容纳340个样本和44个对照。

图2：使用SOMAScan检测法捕获蛋白质



SOMAmer试剂（蓝色）含有可光解接头和生物素。SOMAmer试剂与链霉素亲和素磁珠结合可用于从血清或血浆中复杂的蛋白质混合物中捕获特定蛋白质（黄色）。未结合的蛋白质被清洗掉，结合的蛋白质被生物素标记。然后，使用紫外线破坏可光解接头，将SOMAmer-蛋白质复合物释放回溶液中。在孵育步骤中，非特异性复合物解离，而特异性复合物保持结合状态。在孵育步骤中加入多聚阴离子竞争剂可防止已解离蛋白质发生非特异性重新结合。特异性蛋白质-SOMAmer试剂复合物被新的链霉素亲和素磁珠捕获，洗脱后，利用NGS进行相对定量。

图3：Illumina Protein Prep NGS转换化学方法



在SomaScan检测之后，使用基于杂交的方法将SOMAmer试剂丰度转换为可用于条形码测序的文库。

测序完成后，DRAGEN Protein Quantification流程会自动启动，生成归一化的蛋白质表达计数和质量控制报告。这些输出文件可利用三级分析平台（包括Illumina Connected Multiomics）轻松进行分析，从而更深入地了解蛋白质组。

整合数据分析

实验室可使用完全集成的蛋白质组二级数据分析流程轻松分析数据，该流程包括NGS和蛋白质组检测特定的归一化方法。测序完成后，DRAGEN Protein Quantification流程将通过Illumina Connected Analytics自动启动，这是一个安全、精简的云端平台，可扩展二级分析规模并减少手动操作。与Illumina Connected Multiomics平台的整合简化了数据可视化，并实现了组合模式研究。

阅读[Illumina Protein Prep数据归一化技术说明](#)，了解更多信息。

总结

Illumina Protein Prep解决方案是一种全面的端到端蛋白质组学工作流程，具有NGS读取功能，适用于大规模蛋白质组研究。这种高性能的检测方法利用创新的SOMAmer试剂从单一血浆或血清样本中检测出约9,500种独特的人类蛋白质，具有fM级灵敏度和出色的可重现性。Illumina Protein Prep的全面内容包含经过严格验证的蛋白亲和试剂，涵盖癌症、炎症、免疫、心脏代谢功能等关键生物过程。通过将这种高通量蛋白质组学检测与NGS读取功能相结合，Illumina Protein Prep解决方案实现了蛋白质组数据与基因组和转录组数据的整合，为高影响力的多组学研究铺平了道路。

表2: Illumina Protein Prep规格	
参数	规格/描述
样本类型	血浆或血清
起始量	55 µL
SOMAmer试剂总数	>10,000
靶向的人类蛋白质数量	约9,500种独特的人类蛋白质
动态范围	>10-log (fM至mM)
通量	每周最多384次反应： - 在NovaSeq™ 6000 S4或NovaSeq™ X 10B流动槽上每次运行170个样本+22个对照 - 在NovaSeq™ X 25B流动槽上每次运行340个样本+44个对照
总工作流程时间	2.5天
手动操作时间	约4个小时

了解更多 →

- Illumina Protein Prep
- 基于NGS的蛋白质组学
- NovaSeq™ 6000测序仪
- NovaSeq™ X系列测序仪
- DRAGEN二级分析
- Illumina Connected Analytics

参考文献

1. SomaLogic. SomaScan platform. somalogic.com/somascanplatform. Updated December 2023.Accessed January 2, 2024.

2. SomaLogic.SomaScan 7K Assay v4.1 technical note. somalogic.com/wp-content/uploads/2023/01/Rev4_2022-01_SomaScan_Assay_v4.11.pdf.Updated January 2022.Accessed January 2, 2024.

3. Gold L, Ayers D, Bertino J, et al. [Aptamer-based multiplexed proteomic technology for biomarker discovery](#). *PLoS One*.2010;5(12):e15004. doi:10.1371/journal.pone.0015004.

订购信息	
产品	货号
Illumina Protein Prep 9.5K Plasma (96样本)	20137827
Illumina Protein Prep 9.5K Serum (96样本)	20137828
因美纳蛋白质制备建库自动化工作站	20116818

Illumina中国

上海办公室 • 电话 (021) 6032-1066 • 传真 (021) 6090-6279
北京办公室 • 电话 (010) 8441-6900 • 传真 (010) 8455-4855
技术支持热线 400-066-5835 • chinasupport@illumina.com
市场销售热线 400-066-5875 • china_info@illumina.com • www.illumina.com.cn

© 2025 Illumina, Inc. 保留所有权利。所有商标均为因美纳公司或其各自所有者的财产。
关于具体的商标信息，请访问www.illumina.com.cn/company/legal.html。
M-GL-02533 v3.0

