

Illumina Protein Prep

NGS-Lösung für die umfassendere Analyse des Proteoms

Erfassung von 9.500 eindeutigen Humanproteinen in einer einzigen Plasma- oder Serumprobe per NGS mit dem SomaScan®-Proteomik-Assay

Optimierter, automatisierter Workflow von der Probe bis zu den Ergebnissen in weniger als 2,5 Tagen bei nur 4 Stunden manuellem Aufwand

Analyse von Proteomikdaten anhand der integrierten Sekundäranalyse über DRAGEN™ Protein Quantification und Illumina Connected Multiomics



Einleitung

Proteine spielen eine wichtige funktionale Rolle bei der Humanbiologie, da sie einen Echtzeiteinblick in Gesundheit und Erkrankungen ermöglichen. Erkenntnisse aus der Proteomik dienen als wichtiges Bindeglied zwischen Genotyp und Phänotyp, ermöglichen ein tieferes Verständnis von Erkrankungsmechanismen und helfen letztendlich bei der Prognose, Überwachung und Prävention des Fortschreitens von Erkrankungen. Mithilfe von NGS (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) ausgewertete Hochdurchsatz-Proteomik-Assays ermöglichen umfangreiche Proteomikstudien und sorgen durch die Möglichkeit zur Verknüpfung von Genomik- und Proteomik-Datenbeständen für einen schnelleren Erkenntnisgewinn in der Multiomikforschung.

Illumina Protein Prep ist eine umfassende Hochdurchsatzlösung für die Proteomik, die die bewährte SBS-Chemie (Sequencing by Synthesis, Sequenzierung durch Synthese) von Illumina mit der hohen Sensitivität des Proteomik-Assays Standard BioTools SomaScan vereint. Dieser innovative Proteomik-Assay verwendet SOMAmer®-Reagenzien (Slow Off-Rate Modified Aptamer) für die Proteinbestimmung und bietet damit im Vergleich zu Antikörperverfahren eine hohe Spezifität in Bezug auf Zielproteine.¹ Dank der Kombination

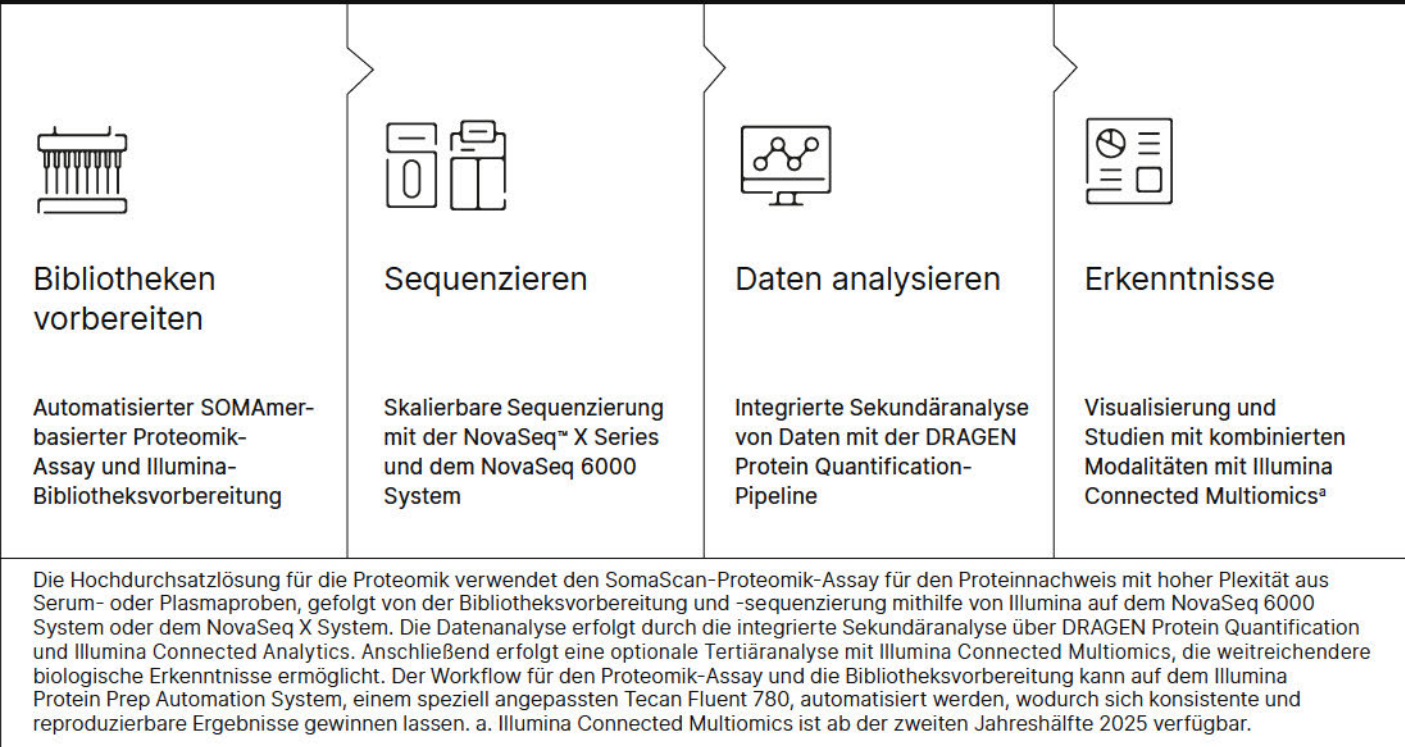
dieses fortschrittlichen Proteomik-Assays mit NGS-Auswertung und der bioinformatischen Leistung der Datenanalysesoftware von Illumina steht Forschern eine optimierte Lösung für die Auswertung von 9.500 eindeutigen Humanproteinen in einer einzigen Plasma- oder Serumprobe zur Verfügung (Abbildung 1).

Umfassende Inhalte

Der Illumina Protein Prep-Assay ermöglicht mithilfe von 10.326 SOMAmer-Reagenzien den Nachweis und die Quantifizierung von 9.464 eindeutigen Humanproteinen in Plasma- oder Serumproben. Dieser umfassende Inhalt* zielt auf Humanproteine in einer Vielzahl pathophysiologischer Prozesse ab, beispielsweise Krebs, Entzündungen, Immunologie und kardiometabolische Funktion. Der Inhalt umfasst wichtige molekulare Targets, darunter Rezeptoren, Kinasen, Wachstumsfaktoren und Hormone, die sezernierte, intrazelluläre und extrazelluläre Proteine für mehr als 200 biologische Signalwege umfassen.

* Vollständige Liste der Proteine auf Anfrage erhältlich.

Abbildung 1: Überblick über die Illumina Protein Prep-Lösung



Sämtliche in Illumina Protein Prep verwendeten SOMAmer-Reagenzien wurden nach strengen Kriterien charakterisiert. Die Spezifität des SOMAmer-Reagenzes für das entsprechende Protein wurde durch orthogonale Verfahren wie Massenspektroskopie und ELISA (Enzyme-Linked Immunosorbent Assay) bestätigt.¹ Über 7.400 SOMAmer-Reagenzien wurden über mindestens ein zusätzliches Verfahren orthogonal validiert. Der Inhalt der Illumina Protein Prep-Lösung eröffnet Forschern weitreichende Einblicke in die Proteomiklandschaft, was die Entdeckung neuartiger Biomarker und Wirkstoffziele sowie Erkenntnisse über Krankheitsmechanismen ermöglicht.

Sensitiver und präziser Proteinnachweis

Illumina Protein Prep verwendet sogenannte SOMAmer-Reagenzien (Slow Off-rate Modified Aptamers) als Proteinaffinitätsmoleküle, wodurch sich eine herausragende Sensitivität und Spezifität für den Proteinnachweis über einen breiten Dynamikbereich ergeben.² Diese Aptamere, bei denen es sich um kurze Abschnitte einsträngiger DNA mit hydrophoben Modifikationen handelt, bieten einen hohen Grad an Passung in Bezug auf das Protein-Target und ermöglichen die Unterscheidung zwischen nahezu identischen Proteinen. Im Gegensatz zu polyklonalen Antikörpern basieren SOMAmer-Reagenzien, bei denen Struktur und Performance variieren können, auf Bindungskinetik und bieten Sensitivität auf femtomolarer Ebene² sowie herausragende Reproduzierbarkeit mit einem niedrigen medianen Varianzkoeffizienten (CV, Coefficient of Variance) von ca. 5,5 %[†] (Tabelle 1).

Auf Hybridisierung basierender NGS-Assay

Beim ersten Schritt des Illumina Protein Prep-Workflows handelt es sich um den SomaScan-Assay, durch den die in einer biologischen Probe verfügbaren Protein-Epitope in ein spezifisches DNA-Signal auf SOMAmer-Reagenzbasis umgewandelt werden.³ Auf den anfänglichen SOMAmer-Reagenz-Protein-Bindungsschritt folgt eine Reihe von Bead-Capture- und Wasch-Schritten, durch die relative Proteinkonzentrationen in SOMAmer-Reagenz-Abundanzen konvertiert werden (Abbildung 2). Anschließend werden die SOMAmer-Reagenzien mithilfe eines auf Hybridisierung basierenden Verfahrens in mit Barcode versehene Sequenzierungsbibliotheken konvertiert (Abbildung 3). Sondenpaare werden in einem Inkubationsschritt über Nacht an SOMAmer-Reagenzien hybridisiert und anschließend auf magnetischen Beads erfasst. Jedes SOMAmer-Reagenz verfügt über ein eindeutiges Sondenpaar, von dem eine Sonde einen Barcode enthält, der einem bestimmten SOMAmer-Reagenz entspricht. Ungebundene Sonden werden ausgewaschen, um sicherzustellen, dass die relative Abundanz der SOMAmer-Reagenzien in die Abundanz der Barcode-Sonde konvertiert wird. Zur Anfügung von Probenindizes werden Index-PCR-Primer hinzugegeben und amplifiziert, um einzeln indizierte, mit Barcodes versehene Bibliotheken zu erstellen. Der gesamte Illumina Protein Prep-Assay erfolgt automatisiert auf einer einzigen Plattform, dem Illumina Protein Prep Automation System. Die Proben werden gepoolt und auf dem NovaSeq™ 6000 System oder dem NovaSeq X System sequenziert.

Skalierbarer, optimierter Workflow

Bei der Illumina Protein Prep-Lösung kommt ein rationalisierter umfassender Workflow (Abbildung 1) zum Einsatz, dem Humanplasma- oder Humanserumproben zugrunde liegen. Anschließend erfolgen die hochsensitive Proteinerfassung mit innovativen SOMAmer-Reagenzien und Illumina-Bibliotheksvorbereitung. Der gesamte Workflow erfolgt automatisiert auf dem Illumina Protein Prep Automation System, sodass Labore in weniger als 2,5 Tagen mit ca. 4 Stunden manuellem Aufwand von den Proben zu den Ergebnissen gelangen (Tabelle 2). Bibliotheken werden auf dem NovaSeq 6000 System (S4-Fließzelle) oder dem NovaSeq X System (10B-Fließzelle) mit 170 Proben und 22 Kontrollproben pro Lauf sequenziert. Die NovaSeq X Series 25B-Fließzelle kann 340 Proben und 44 Kontrollproben pro Lauf aufnehmen.

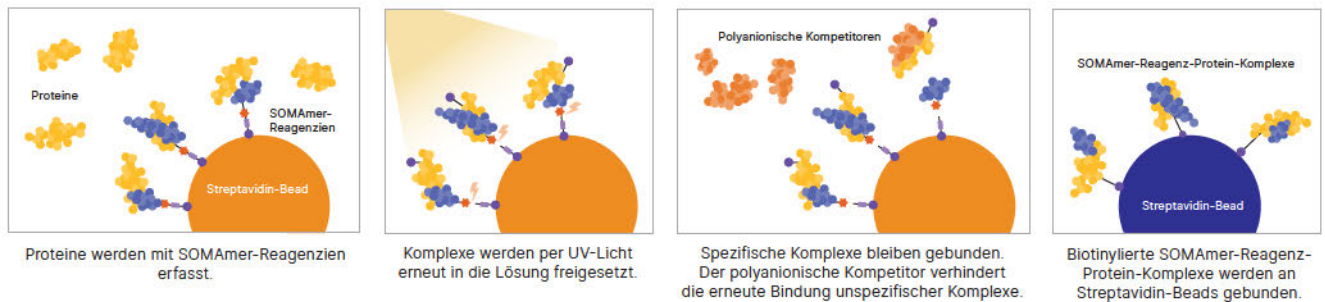
[†] Anhand von Proben gesunder Spender berechneter erwarteter medianer CV.

Tabelle 1: Zusammenfassung der voraussichtlichen Performancemetriken^a

Probe	Medianer CV (laufintern)	Medianer CV (zwischen Läufen)	Medianer CV (Gesamtlauf)	90. Perzentil des CV (Gesamtlauf)
Plasma	4,7 %	5,3 %	5,8 %	8,7 %
Serum	4,7 %	5,0 %	5,0 %	7,4 %

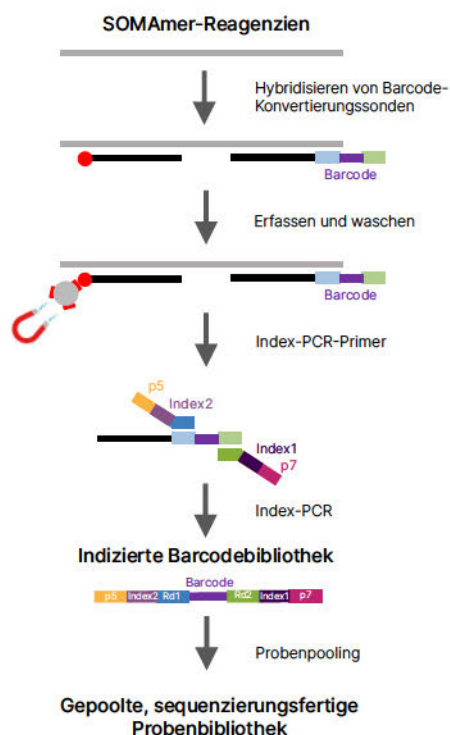
a. Anhand von Proben gesunder Spender berechneter erwarteter medianer CV.

Abbildung 2: Proteinnachweis mit dem SOMAScan-Assay



Die SOMAmer-Reagenzien (blau) enthalten einen photospaltbaren Linker und Biotin. An Streptavidin-Beads gebundene SOMAmer-Reagenzien dienen dem Nachweis spezifischer Proteine (gelb) in komplexen Proteingemischen in Serum oder Plasma. Ungebundene Proteine werden ausgewaschen. Gebundene Proteine werden mit Biotin markiert. Im nächsten Schritt wird der Linker mithilfe von UV-Licht abgespalten, sodass die SOMAmer-Proteinkomplexe wieder in die Lösung gelangen. Im Inkubationsschritt dissoziieren unspezifische Komplexe, während die Bindung bei spezifischen Komplexen erhalten bleibt. Die Einbeziehung polyanionischer Kompetitoren in den Inkubationsschritt verhindert eine unspezifische Neubindung dissoziierter Proteine. Spezifische Protein-SOMAmer-Reagenzkomplexe werden mithilfe neuer Streptavidin-Beads erfasst und zur relativen Quantifizierung per NGS eluiert.

Abbildung 3: Illumina Protein Prep-NGS-Konvertierungsschemie



Im Anschluss an den SomaScan-Assay werden SOMAmer-Reagenzabundanzdaten mithilfe eines auf Hybridisierung basierenden Verfahrens in sequenzierungsfähige Bibliotheken mit Barcode konvertiert.

Nach Abschluss der Sequenzierung wird die DRAGEN Protein Quantification-Pipeline automatisch gestartet und es werden normalisierte Proteinexpressionszählungen sowie Qualitätssicherungsberichte generiert. Diese Ausgabedateien lassen sich einfach mit Tertiäranalyseplattformen wie Illumina Connected Multiomics analysieren, was weitreichendere biologische Erkenntnisse über das Proteom ermöglicht.

Integrierte Datenanalyse

Labore können Daten einfach anhand einer vollständig integrierten Proteomik-Pipeline für die Sekundärdatenanalyse analysieren, die NGS- und Proteomik-Assay-spezifische Normalisierungsmethoden umfasst. Im Anschluss an die Sequenzierung wird die DRAGEN Protein Quantification-Pipeline über Illumina Connected Analytics, eine sichere, optimierte Cloudplattform, automatisch gestartet. Dies optimiert die Sekundäranalyse und reduziert die Anzahl manueller Schritte. Die Integration in die Illumina Connected Multiomics-Plattform vereinfacht die Datenvisualisierung und ermöglicht Studien mit kombinierten Modalitäten.

Im [technischen Hinweis zur Datennormalisierung bei Illumina Protein Prep](#) finden Sie weitere Informationen.

Zusammenfassung

Die Illumina Protein Prep-Lösung ermöglicht einen umfassenden, durchgängigen Proteomik-Workflow mit NGS-Auswertung für große Proteinstudien. Dieser Hochleistungs-Assay nutzt innovative SOMAmer-Reagenzien für den Nachweis von 9.500 eindeutigen Humanproteinen anhand einer einzigen Plasma- oder Serumprobe mit Sensitivität auf femtomolarer Ebene und herausragender Reproduzierbarkeit. Der umfassende Inhalt von Illumina Protein Prep enthält nach strengen Kriterien validierte Proteinaffinitätsreagenzien, die wichtige biologische Prozesse wie Krebs, Entzündungen, Immunität, kardiometabolische Funktion und vieles mehr abdecken. Durch die Kombination dieses High-Plex-Proteomik-Assays mit NGS-Auswertung ermöglicht die Illumina Protein Prep-Lösung die Zusammenführung von Proteomik-, Genomik- und Transkriptomikdaten, was den Weg für die High-Impact-Multiomikforschung ebnet.

Weitere Informationen →

- [Illumina Protein Prep](#)
- [NGS-basierte Proteomik](#)
- [NovaSeq 6000 System](#)
- [NovaSeq X Series](#)
- [DRAGEN-Sekundäranalyse](#)
- [Illumina Connected Analytics](#)

Quellen

1. SomaLogic. SomaScan platform. somalogic.com/somascanplatform. Aktualisiert im Dezember 2023. Aufgerufen am 2. Januar 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. Aktualisiert im Januar 2022. Aufgerufen am 2. Januar 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.

Tabelle 2: Illumina Protein Prep – Spezifikationen	
Parameter	Spezifikation
Probentyp	Plasma oder Serum
Zugabevolumen	55 µl
Gesamtzahl der SOMAmer-Reagenzien	10.326
Anzahl der Humanprotein-Targets	9.464 eindeutige Humanproteine
Dynamikbereich	> 10-log (fM bis mM)
Durchsatz	Bis zu 384 Reaktionen/Woche: <ul style="list-style-type: none">• 170 Proben + 22 Kontrollproben pro Lauf auf der NovaSeq 6000 S4- oder der NovaSeq X 10B-Fließzelle• 340 Proben + 44 Kontrollproben pro Lauf auf der NovaSeq X 25B-Fließzelle
Gesamtdauer des Workflows	2,5 Tage
Manueller Aufwand	ca. 4 Stunden

Bestellinformationen	
Produkt	Katalog-Nr.
Illumina Protein Prep 9.5K Plasma (96 samples)	20137827
Illumina Protein Prep 9.5K Serum (96 samples)	20137828
Illumina Protein Prep Automation System	20116818



1 800 8094566 (USA, gebührenfrei) | +1 858 2024566 (Tel. außerhalb der USA)
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-02533 DEU v3.0