

Illumina Protein Prep

단백체에 관한 더 깊은 통찰력을 제공하는 NGS 기반 솔루션

NGS 리드아웃과 SomaScan® proteomics assay를 활용해 하나의 혈장 또는 혈청 샘플 내 9,500개가 넘는 인간 고유 단백질 측정 가능

간소화된 자동 워크플로우를 통해 샘플 준비부터 결과 보고까지 2.5일 이내 완료(수작업 단 4시간)

DRAGEN™ Protein Quantification 및 Illumina Connected Multiomics로 통합 2차 분석을 실행해 단백질 데이터 분석



소개

단백질은 인간의 생명 활동에 중요한 기능적인 역할을 수행하며 실시간으로 건강과 질병 상태에 관한 단편적인 정보를 제공합니다. 단백질체학(Proteomics) 연구를 통해 얻은 통찰력은 유전형(genotype)과 표현형(phenotype) 간에 중요한 연결고리가 되며, 질병의 메커니즘에 대한 이해의 폭을 넓혀 주고, 궁극적으로는 질병 악화의 예측, 모니터링 및 예방에도 도움을 줄 수 있습니다. 차세대 시퀀싱(Next-generation sequencing, NGS) 기반의 리드아웃(readout)과 대용량 proteomics assay를 활용하면 대규모 단백질체학 연구를 수행할 수 있으며, 유전체(genome) 데이터 세트와 단백질체(proteome) 데이터 세트를 연결해 멀티오믹스(multiomics) 연구를 가속화할 수 있습니다.

Illumina Protein Prep은 신뢰할 수 있는 Illumina의 sequencing by synthesis(SBS) chemistry와 높은 분석 민감도(sensitivity)를 제공하는 Standard BioTools의 SomaScan proteomics assay를 결합한 종합적인 대용량 단백질 분석 솔루션입니다. 이 혁신적인 proteomics assay는 단백질 캡처에 SOMAmer®(Slow Off-Rate Modified Aptamer, 저속 오프-레이트 변형 압타머) 시약을 사용해 항체 기반 방법보다 높은 표적 단백질 분석 특이도(specificity)를

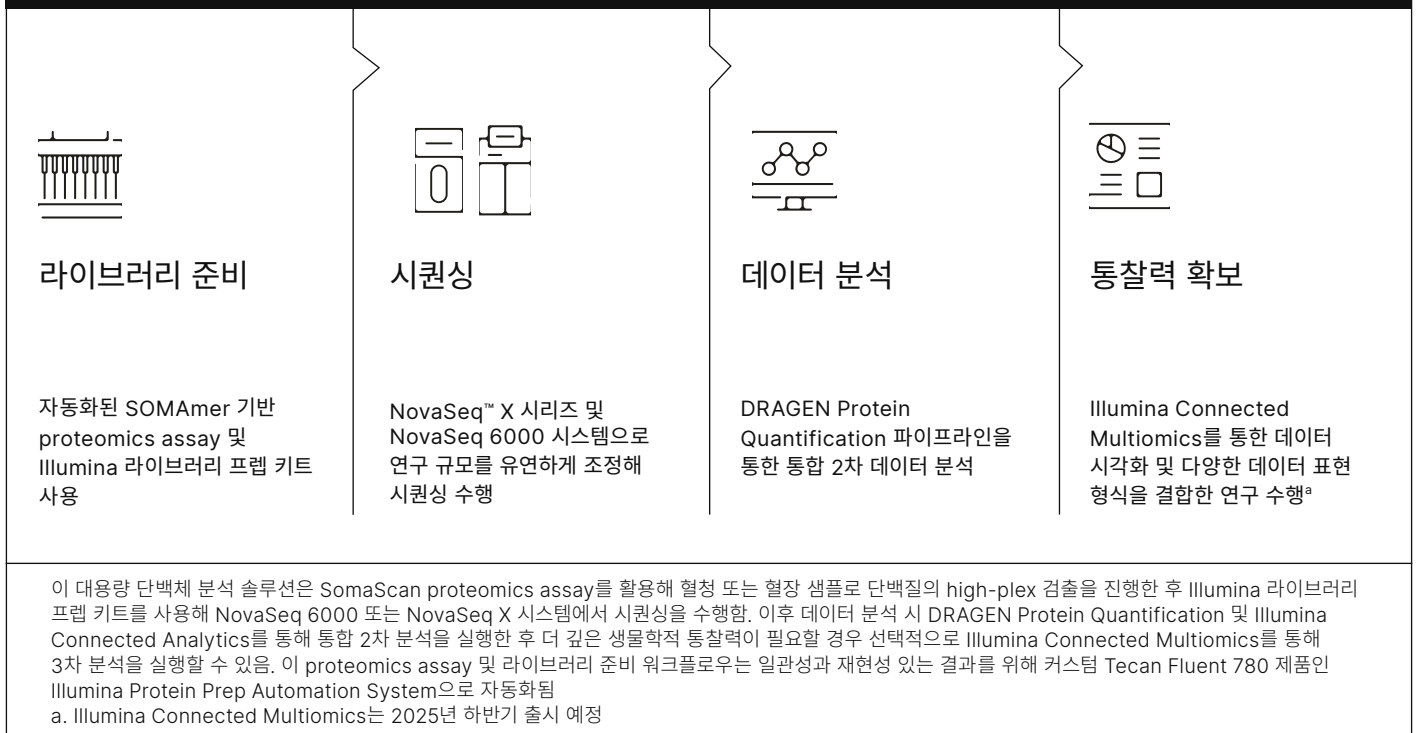
구현합니다.¹ 이렇게 진보된 proteomics assay와 NGS 기반의 리드아웃 및 Illumina 데이터 분석 소프트웨어의 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 기술의 결합으로 연구자들은 샘플 준비로 시작해 통찰력 확보로 끝나는 간소화된 솔루션을 통해 하나의 혈장 또는 혈청 샘플에서 9,500개가 넘는 인간 고유 단백질을 측정할 수 있습니다(그림 1).

포괄적인 연구용 콘텐츠

Illumina Protein Prep assay는 10,326개의 SOMAmer 시약을 사용해 혈장 또는 혈청 샘플에서 9,464개의 인간 고유 단백질을 발견하고 정량할 때 사용할 수 있습니다. 이러한 포괄적인 콘텐츠*는 암, 염증, 면역, 심장 대사 기능 등 다양한 병태생리학적 과정에 걸쳐 인간 단백질을 표적으로 합니다. 이 콘텐츠는 수용체, 키나아제, 성장 인자, 호르몬과 같은 주요 분자 표적을 포함하고, 200가지가 넘는 생물학적 경로를 통해 분비되는 세포 내 및 세포 외 단백질을 아우릅니다.

* 전체 단백질 콘텐츠 메뉴는 요청 시 제공 가능

그림 1: Illumina Protein Prep 솔루션의 개요



Illumina Protein Prep에 적용된 모든 SOMAmer 시약은 엄격한 특성 분석을 거쳤으며 SOMAmer 시약의 동족(cognate) 단백질에 대한 특이도는 질량 분석(mass spectroscopy), 효소 결합 면역 흡착 분석(enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA)과 같은 직교 분석을 통해 확인되었습니다.¹ SOMAmer 시약 중 7,400개 이상이 최소 한 가지의 추가적인 직교 검증을 거쳤습니다. 연구자는 Illumina Protein Prep 솔루션에 포함된 콘텐츠를 이용해 단백질체학적 지형에 대한 이해의 폭을 넓힘으로써 새로운 바이오마커(biomarker)와 약물 표적(drug target)을 발견하고 질병 메커니즘에 대한 통찰력을 얻을 수 있습니다.

민감도 및 정밀도 높은 단백질 검출

Illumina Protein Prep은 혁신적인 저속 오프-레이트 변형 압타머인 SOMAmer 시약을 단백질 친화성 분자(protein affinity molecule)로 사용해 넓은 동적 범위에서 매우 높은 민감도와 특이도로 단백질을 검출합니다.² 이 압타머는 소수성 변형(hydrophobic modification)이 있는 작은 단일 가닥(single-stranded) DNA 조각으로, 단백질 표적과 높은 수준의 형태 매칭 결과를 제공하여 거의 동일한 단백질의 구별을 가능케 합니다. 또한 SOMAmer 시약은 다양한 구조와 성능을 가지고 있는 다클론 항체(polyclonal antibody)와는 달리 결합 속도(binding kinetics)를 기반으로 하므로 펨토몰라(femtomolar) 수준의 민감도와 우수한 재현성을 제공하며, 약 5.5%의 낮은 변동계수(coefficient of variance, CV) 중앙값을 보입니다[†]([표 1](#)).

† 건강한 공여자의 샘플을 사용해 계산한 예상 CV 중앙값

표 1: 예상 성능 메트릭스의 요약^a

샘플	런(Run) 내 CV 중앙값	런 간 CV 중앙값	전체 런 CV 중앙값	전체 런 CV 90번째 백분위수
혈장	4.7%	5.3%	5.8%	8.7%
혈청	4.7%	5.0%	5.0%	7.4%

a. 건강한 공여자의 샘플을 사용해 계산한 예상 CV 중앙값

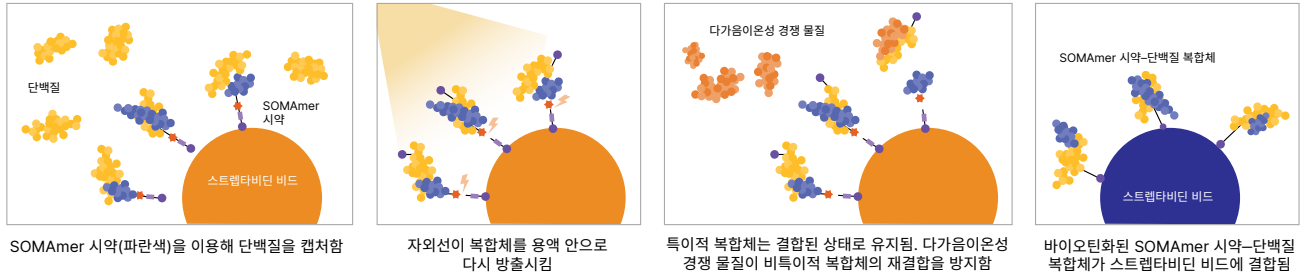
하이브리드화 기반 NGS Assay

Illumina Protein Prep 워크플로우의 첫 단계에서는 SomaScan assay로 생물학적 샘플 내 단백질 에피토프 가용성(epitope availability)을 정량적으로 특이적인 SOMAmer 시약 기반 DNA 시그널로 변환합니다.³ 첫 SOMAmer 시약-단백질 결합 단계가 끝나면, 상대적 단백질 농도(relative protein concentration)를 SOMAmer 시약 풍부도(abundance)로 변환하는 일련의 비드 캡처 및 워시 단계가 진행됩니다([그림 2](#)). 다음 단계에서는 하이브리드화(hybridization) 기반 방법을 통해 SOMAmer 시약이 바코드화된 시퀀싱 라이브러리로 변환됩니다([그림 3](#)). 프로브(Probe) 페어는 밤사이 배양(overnight incubation)을 거쳐 SOMAmer 시약에 하이브리드화된 후 마그네틱 비드(magnetic bead)에 캡처됩니다. 각각의 SOMAmer 시약에는 하나의 특수한 프로브 페어가 있는데, 프로브 페어마다 특정 SOMAmer 시약에 반응하는 바코드를 가지고 있습니다. 결합되지 않은 프로브는 워시 중 씻겨나가, SOMAmer 시약의 상대적 풍부도가 바코드화된 프로브의 풍부도로 변환됩니다. 시퀀싱에 필요한 샘플 인덱스의 부착을 위해 인덱스 PCR 프라이머가 추가된 후 증폭되면, 개별적으로 바코드화 및 인덱싱된 라이브러리가 생성됩니다. 전체 Illumina Protein Prep assay 단계는 Illumina Protein Prep Automation System이라는 하나의 플랫폼으로 자동화됩니다. 마지막으로 샘플은 풀링된 후 NovaSeq 6000 또는 NovaSeq X 시스템에서 시퀀싱됩니다.

연구 규모 조정이 가능한 간소화된 워크플로우

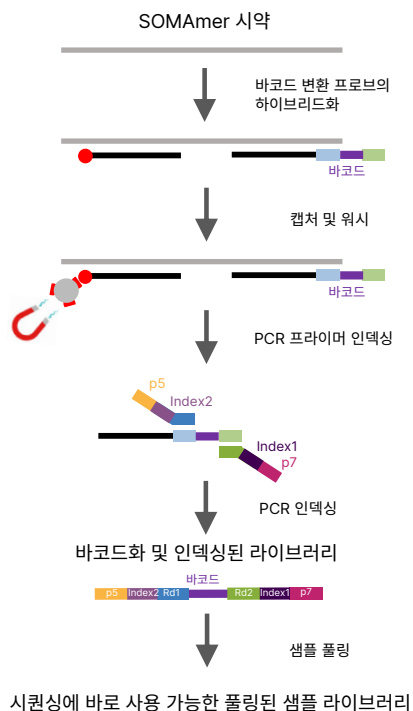
Illumina Protein Prep 솔루션은 인간 혈장 또는 혈청 샘플 준비 단계로 시작해 혁신적인 SOMAmer 시약 및 Illumina 라이브러리 프렙 키트를 이용하는 민감도 높은 단백질 캡처 단계로 이어지는 간소화된 엔드투엔드 워크플로우([그림 1](#))를 사용합니다. 전체 워크플로우가 Illumina Protein Prep Automation System으로 자동화되므로 랩은 샘플 준비부터 결과 보고까지 전 단계를 2.5일(약 4시간의 수작업 포함) 내에 완료할 수 있습니다([표 2](#)). 라이브러리는 NovaSeq 6000 시스템(NovaSeq 6000 S4 Flow Cell 사용) 또는 NovaSeq X 시스템(NovaSeq X Series 10B Flow Cell 사용)에서 시퀀싱되며, 런당 170개의 샘플과 22개의 대조물질이 사용됩니다. NovaSeq X Series 25B Flow Cell 사용 시 런당 340개의 샘플과 44개의 대조물질의 사용이 지원됩니다.

그림 2: SomaScan assay를 이용한 단백질 캡처



SOMAmer 시약(파란색)은 광절단 가능한 링커(photocleavable linker)와 바이오틴(biotin)을 포함하고 있음. 스트렙타비딘 비드(Streptavidin bead)에 결합된 SOMAmer 시약을 사용해 혈청 또는 혈장 내 복합적인 단백질 혼합물에서 특정 단백질(노란색)이 캡처됨. 결합되지 않은 단백질은 워시 중 씻겨나가고 결합된 단백질에만 바이오틴 태그가 부착됨. 그 다음 자외선이 광절단 가능한 링커를 절단하고 SOMAmer-단백질 복합체를 다시 용액 안으로 방출시킴. 배양 중 비특이적 복합체는 해리되고 특이적 복합체는 결합된 상태로 유지됨. 다가음이온성 경쟁 물질(Polyanionic competitor)을 배양 과정에 포함시켜 해리된 단백질의 비특이적 재결합을 방지함. 특이적인 단백질 SOMAmer 시약 복합체는 새로운 스트렙타비딘 비드에 캡처된 후 NGS를 통한 상대 정량을 위해 용출됨

그림 3: Illumina Protein Prep의 NGS 변환 chemistry



SomaScan assay 단계 이후 하이브리드화 기반 방법을 통해 SOMAmer 시약 풍부도가 시퀀싱에 바로 사용할 수 있는 바코드화된 라이브러리로 변환됨

시퀀싱이 완료되면, DRAGEN Protein Quantification 파이프라인이 자동으로 실행되어 정규화된 단백질 발현량 (normalized protein expression count) 및 품질 관리 (quality control, QC) 보고서를 생성합니다. 이러한 결과 파일은 Illumina Connected Multiomics와 같은 3차 분석 플랫폼을 통해 손쉽게 분석할 수 있으므로 단백질에 관한 더 심층적인 생물학적 이해가 가능해집니다.

통합 데이터 분석

랩은 NGS 및 proteomics assay별 정규화 방법이 포함되어 있는 완전한 통합형 2차 단백질 데이터 분석 파이프라인을 사용해 손쉽게 데이터를 분석할 수 있습니다. 시퀀싱 완료 후 2차 분석의 규모를 확장하고 수동적인 터치포인트를 줄여 주는 안전하고 간소화된 클라우드 기반의 플랫폼인 Illumina Connected Analytics를 통해 DRAGEN Protein Quantification이 자동으로 실행됩니다. Illumina Connected Multiomics 플랫폼과의 통합으로 데이터 시각화 작업이 간소화되며 다양한 데이터 표현 형식을 결합한 연구를 수행할 수 있습니다.

자세한 내용은 [Illumina Protein Prep 데이터 정규화 Technical Note](#)에서 확인하실 수 있습니다.

요약

Illumina Protein Prep 솔루션은 대규모 단백질체학 연구를 위한 NGS 리드아웃을 포함하는 포괄적인 엔드투엔드 단백질체 분석 워크플로우입니다. 이 고성능 assay는 혁신적인 SOMAmer 시약을 활용해 하나의 혈장 또는 혈청 샘플에서 9,500개가 넘는 인간 고유 단백질을 검출하는 펩토몰라 수준의 분석 민감도와 우수한 재현성을 제공합니다. Illumina Protein Prep의 포괄적인 콘텐츠는 암, 염증, 면역, 심장 대사 기능 등 주요 생물학적 과정을 아우르는 엄격한 검증을 거친 단백질 친화성 시약을 포함합니다. Illumina Protein Prep 솔루션은 이 high-plex proteomics assay와 NGS 리드아웃을 결합함으로써 단백질 데이터와 유전체 및 전사체 데이터의 통합을 지원하며, 영향력 있는 멀티오믹스 연구를 위한 길을 열어줍니다.

표 2: Illumina Protein Prep의 사양

파라미터	사양
샘플 종류	혈장 또는 혈청
사용량	55 µl
총 SOMAmer 시약 개수	10,326개
표적 인간 단백질 개수	9,464개의 인간 고유 단백질
동적 범위	> 10로그(fM~mM)
처리량	주간 최대 384번의 반응 처리: - NovaSeq 6000 S4 Flow Cell 또는 NovaSeq X Series 10B Flow Cell 사용 시 런당 170개의 샘플과 22개의 대조물질 - NovaSeq X Series 25B Flow Cell 사용 시 런당 340개의 샘플과 44개의 대조물질
워크플로우 소요 시간	2.5일
수작업 시간	약 4시간

상세 정보

[Illumina Protein Prep](#)

[NGS 기반 단백질체학 연구](#)

[NovaSeq 6000 시스템](#)

[NovaSeq X 시리즈](#)

[DRAGEN Secondary Analysis](#)

[Illumina Connected Analytics](#)

참고 문헌

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.

제품 목록	
제품명	카탈로그 번호
Illumina Protein Prep 9.5K Plasma (96 samples)	20137827
Illumina Protein Prep 9.5K Serum (96 samples)	20137828
Illumina Protein Prep Automation System	20116818



무료 전화(한국) 080-234-5300
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. All rights reserved.
모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.
특정 상표 정보는 www.illumina.com/company/legal.html을 참조하십시오.
M-GL-02533 v3.0 KOR