illumina®

利用基于NGS的蛋白质组学技术拓展跨多组学的研究

Illumina SomaSeq™解决方案将蛋白质组学与NGS读取相结合，以突破性速度和可扩展性分析蛋白质组，助力高通量蛋白质组学研究取得新发现

为什么选择蛋白质组学?

蛋白质在人类生物学中发挥着功能性作用，实时反映健康状态。由于蛋白质与表达的表型非常接近，因此对了解各种疾病和药物机制非常有用。

动态

蛋白质表达的动态性质解释了表型如何随着各种条件的变化而变化

功能性

蛋白质是目前几乎所有在研药物的主要靶点

Illumina SomaSeq Discovery是一种基于NGS的蛋白质组学解决方案，它将SOMAmer™技术与值得信赖的因美纳测序和分析技术相结合。

文库制备

基于SOMAmer试剂的自动化蛋白质组学检测和因美纳文库制备

测序

使用NovaSeq™ 6000和NovaSeq™ X测序仪进行可扩展测序

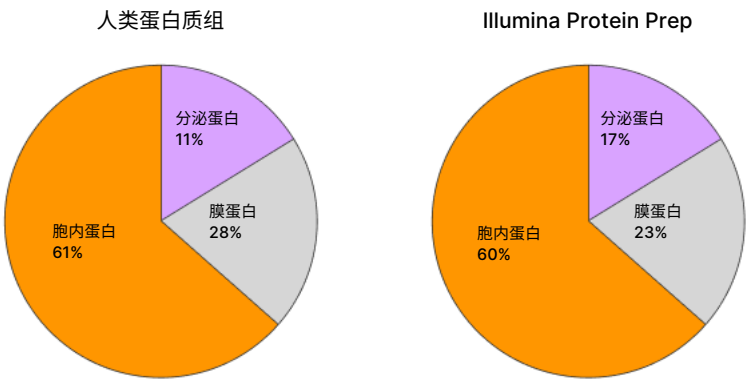
数据分析

使用DRAGEN™ 流程和Illumina Connected Multiomics进行蛋白质组数据的整合分析

Illumina SomaSeq解决方案具有高度特异性、可重复性和可靠性。

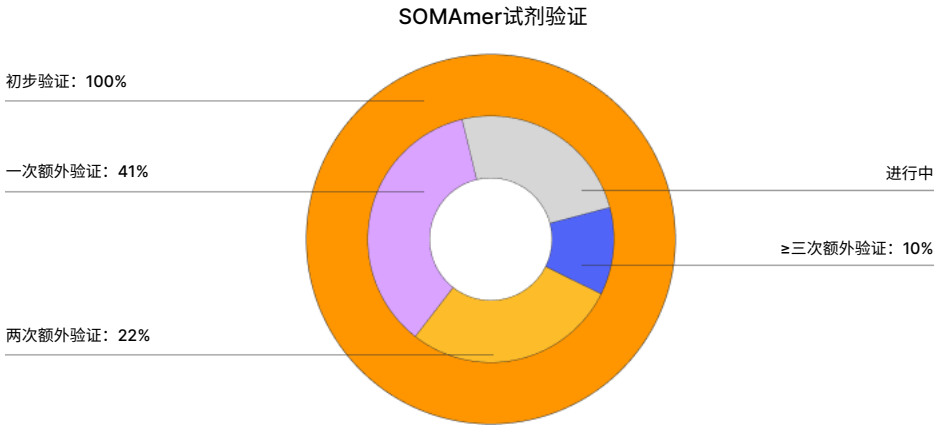
全面覆盖

SomaSeq解决方案靶向约9,000种独特的人类蛋白质，广泛覆盖人类蛋白质组，与人类蛋白质图谱中包含的蛋白质成分比例高度契合。



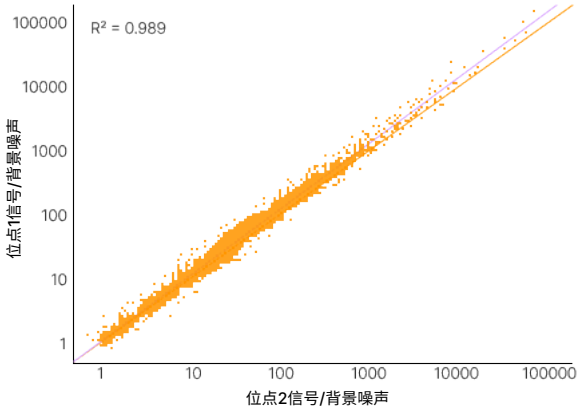
经过严格验证

SomaSeq Discovery包含市场上更大的经过正交验证的NGS蛋白质panel，超72%的SOMAmer试剂至少经过一种其他形式的正交验证。



数据可靠且可重复性高

散点图显示，在自动化SomaSeq解决方案时，测试位点之间的信号与背景噪声高度相关，这有助于减少通常与基于适配体的方法相关的批次间差异。



请访问
illumina.com/somaseq
了解更多信息

参考文献： Bull SC, Doig AJ. Properties of protein drug target classes. *PLoS One*. 2015;10(3):e0117955. doi:10.1371/journal.pone.0117955