广州蛋白质组学报价

生成日期：2025-10-24

蛋白质组学常用技术：非靶向蛋白组学：蛋白质定性（胶条鉴定和溶液鉴定），高通量定量蛋白组（Labelfree、iTRAQ/TMT和DIA定量），多肽组学。蛋白质组研究技术在研究对象上，覆盖了原核微生物、真核微生物、植物和动物等范围。蛋白质组学主要以全蛋白组（组织、细胞）、线粒体蛋白组、叶绿体蛋白组和外泌体蛋白组为研究对象，通过对蛋白组进行定性、定量、分子功能分析、通路互作分析和蛋白互作分析，揭示生物学功能、作用机制、疾病诊断的标志物以及预测蛋白的上、下游变化关系。蛋白质组学可以克服核酸水平预测的不确定性、反映核酸翻译后修饰情况。蛋白质组与基因组相对应，也是一个整体的概念。广州蛋白质组学报价

蛋白质组学与基因组学的差异：蛋白质组和基因组（genome）在概念上有相关性，某一个蛋白质组的蛋白质是由其基因组所编码的，然而蛋白质组学和基因组学在研究对象和研究方法上有很大的区别。基因组在所有的细胞中几乎都是完整的，与之不同，蛋白质组具有很高的细胞和组织特异性，不同的细胞组织表达不同的蛋白质组。蛋白质组的复杂性也远远高于基因组，这是因为一个基因≠一个转录产物≠一个蛋白质。比如据估计人的基因组由30000个基因组成，经mRNA剪切和蛋白质翻译后修饰将产生20万~200万个蛋白质。由于不同的转录起始和mRNA剪切使同一基因产生了不同的转录产物。同样由于不同的翻译起始，一个mRNA可以翻译成不同的蛋白质。广州蛋白质组学报价蛋白质组学的研究方法将出现多种技术并存，各有优势和局限的特点。

Label Free 非标记定量蛋白质组学技术优点：无需标记，比较大程度的保留样本的真实性；可以区分“有”、“无”蛋白；不受标签数量的限制，多个样本可以同时进行蛋白定量分析；不同物种和不同的样本类型可以同时开展蛋白定量分析；处理步骤简单，成本低； DIA 定量蛋白质组学：数据非依赖性采集(DIA)是一种明显提升蛋白质组学研究通量和可重复性的技术。经典的 DIA 流程通常依赖于 DDA 谱图库的构建，需要消耗大量的样品，且周期长，成本高。越来越多的不依赖于 DDA 建库的分析方法相继诞生。

PRM靶向蛋白质组学：是一种基于Orbitrap为表示的高分辨、高精度质谱的离子监视技术，首先利用四级杆质量分析器的选择能力，用Q1选择目标肽段的母离子，随后在collisioncell中对母离子进行碎裂，然后利用Orbitrap分析器在二级质谱中检测所选择的母离子窗口内的所有碎片信息。这样能够对目标蛋白质、目标肽段（如发生翻译后修饰的肽段）进行选择性检测，即可对目标蛋白质/肽段进行相对(一定)定量。随着质谱、系统生物学、生物信息学等相关学科的发展，我认为今后我们会更多地在现实生活中见到蛋白质组学相关的应用。如定量胰岛素、鉴定血红蛋白氨基酸突变（镰刀形红细胞症）、糖化血红蛋白比例测定等。从测试体量估计，应该远小于1%的ELISA测试量。蛋白质组学现已被普遍应用于生命科学研究领域。

蛋白质组学技术方法介绍：蛋白质组学技术方法：生物质谱：生物质谱技术是蛋白质组学研究中比较重要的鉴定技术，其基本原理是样品分子离子化后，根据不同离子之间的荷质比（M/E）的差异来分离并确定分子量。对于经过双向电泳分离的目标蛋白质用胰蛋白酶酶解（水解Lys或Arg的-C端形成的肽键）成肽段，对这些肽段用质谱进行鉴定与分析。目前常用的质谱包括两种：基质辅助激光解吸电离-飞行时间质谱（MALDI-TOF-MS）和电喷雾质谱（ESI- MS）。在对早老性痴呆等人类重大疾病的临床诊断和治理方面蛋白质组技术也有十分诱人的前景。广州蛋白质组学报价

蛋白质组学技术的发展已经成为现代的生物技术快速发展的重要支撑。广州蛋白质组学报价

蛋白组学常见研究模式主要有两种：1.通过蛋白质组学寻找疾病发生的发展的新型标志物；2.结合其它组学建立疾病或者研究主题的表达谱和分子机制。蛋白质组学(proteomics) 是指系统研究某一基因组所表达的所有蛋白质，包括组成蛋白质一级结构的氨基酸序列，蛋白质的丰度，蛋白质的修饰以及蛋白质之间的相互作用。蛋白质组和基因组(genome)在概念上有相关性，表示某一个蛋白质组的蛋白质是由基因组所编码的，然而蛋白质组学和基因组学在研究对象和研究方法上有很大的区别。广州蛋白质组学报价