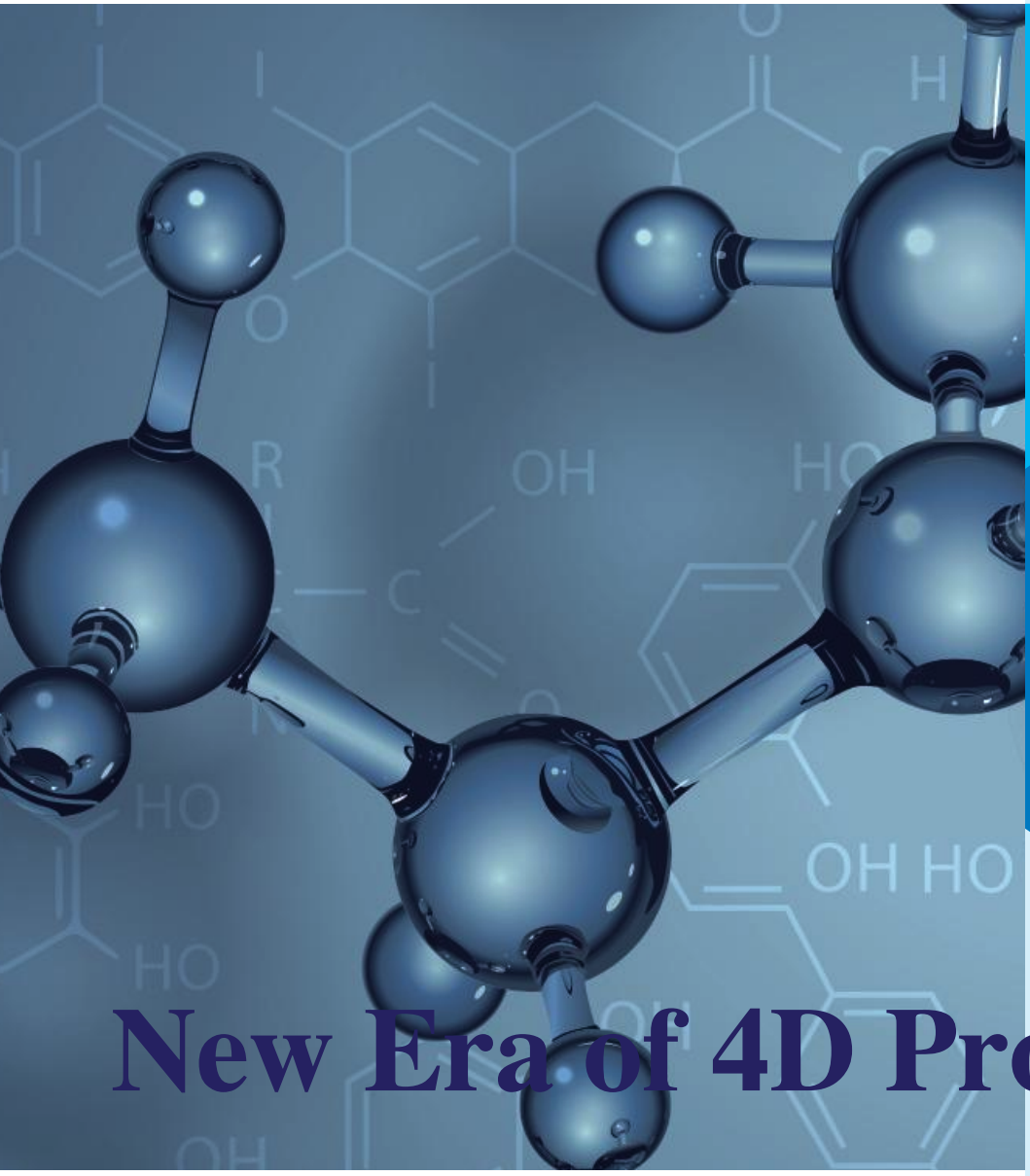


2023 版

New Era of 4D Proteomics

全新一代
4D蛋白质组学

· 更深覆盖、更高通量
· 更加准确、微量样品

景杰生物
PTM BIO

景杰生物
领跑4D蛋白质组学

领域“最早”，行业路标

早在**2019年**

▶建成国内工业界首个“4D蛋白质组学平台”

▶开发推出全新一代4D蛋白质组学技术

▶组织国内第一届4D蛋白质组学与生信高级研讨班

成果“最高”，科学原创

高水平科研成果

▶完成超万例各种样本的定量分析

▶创造多项蛋白质组学鉴定深度记录

▶产出“4D蛋白质组学”高水平科研成果

产品“最全”，无偏覆盖

全覆盖分析类型

蛋白质组学定量：

▶4D-FastDIA/4D-LFQ蛋白组

▶血液样本Blood+DIA/Blood+

▶4D-PRM靶向验证

▶Spatial-DIA空间蛋白组

▶4D-SingleDIA单细胞蛋白组

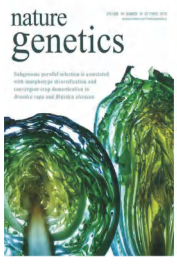
技术“最优”，系列首创

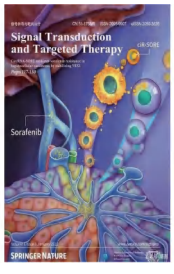
突破**极限**

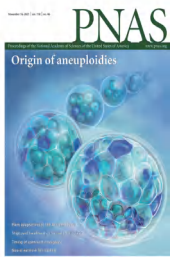
▶首创系列“4D蛋白质组学”新技术

▶创造多项蛋白质组学鉴定深度记录

▶ASMS2020联合发布“4D蛋白质组学”突破性成果







13种4D蛋白质修饰组学技术：

▶**5种**经典修饰类型

▶**8种**新型酰化修饰

均可实现4D基础上的高深度定量分析

规模“最大”，性能卓越

平台拥有

▶搭载离子淌度分离装置的**timsTOF Pro**质谱仪

▶搭载FAIMS离子分离装置的**Exploris 480**高精度质谱仪

目录 CONTENT

01 全新一代4D蛋白质组学 / 01

02 更真实:4D修饰蛋白质组学 / 05

03 更灵敏:4D微量样本定量分析 / 08

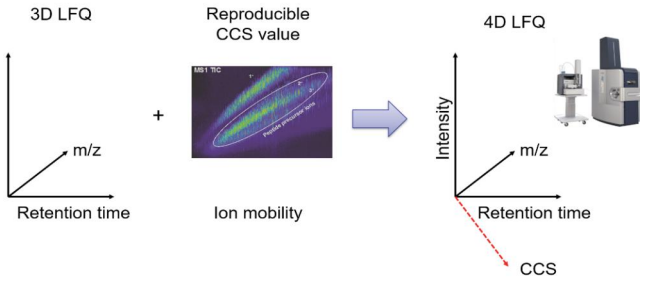
04 全覆盖:4D-PRM靶向定量分析 / 10

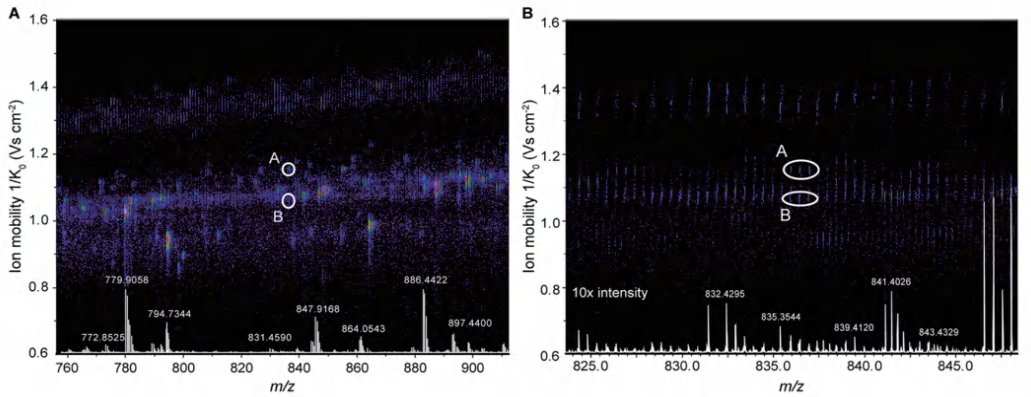
05 更极致:真单细胞蛋白组 / 12

06 更微观:空间蛋白质组学 / 14

全新一代4D蛋白质组学

4D蛋白质组学在传统3D分离即保留时间（retention time）、质荷比（m/z）、离子强度（intensity）这三个维度的基础之上，增加了第四个维度 -- 离子淌度（mobility）的分离，进而大幅度的提高扫描速度和检测灵敏度，实现蛋白质组学在鉴定深度、检测周期、定量准确性等性能的革命性提升。





新增的离子淌度主要根据分子形状和截面进行分离，如图所示，在 m/z 维度上不能分离的肽段离子在新增的离子淌度维度上能够被清晰的分离，能够有效降低“混合谱图”的比例 [1]

4D蛋白质组学大事记

「扬帆起航，乘风破浪」

2022.09 集大成者4D-FastDIA蛋白组技术

⊕ 4D蛋白组再升级，进一步提升检测深度、重复性和稳定性。

2022.05 形成4D功能多组学全新范式

⊕ 开创了结合 4D 蛋白组 +4D 修饰组 +4D 代谢组的 4D 功能多组研究新范式。

2022.04 空间蛋白质组学

⊕ 全面开启了蛋白质组学的单细胞与空间维度新时代。

2021.06 4D蛋白组质谱平台再度升级

⊕ 引进最新 timsTOF Pro 2，基于双 TIMS 分析设计再度提升 4D 分析能力。

2021.05 梦想成“真”，真·单细胞蛋白质组学

⊕ 推出基于 4D 技术的真 · 单细胞蛋白组分析，实现最低单个细胞的蛋白质组精确鉴定。

2021.02 全覆盖4D-PRM技术推出

⊕ 景杰生物率先推出4D-PRM靶向定量技术，为靶向蛋白组学验证提供新的强大工具。

2020.06 4D修饰蛋白质组学成果发布

⊕ ASMS2020上，景杰生物与Bruker联合发布“4D蛋白质组学”在乙酰化和泛素化检测方面的突破性成果。

2020.04 推出基于4D平台的DIA蛋白质组定量技术

⊕ 蛋白质组权威专家 Matthias Mann 和 Ruedi Aebersold 合作开发的 4D-DIA 技术 (diaPASEF) 正式公布并投入应用。

2019.04 首批全球顶级4D质谱仪正式入驻景杰生物

⊕ 4D蛋白质组学在中国的首次落地与商业化。

2019.03 4D蛋白组质谱平台荣膺EuPA最佳技术奖

⊕ TimsTOF Pro硬件革新，显著提升蛋白组学分析性能。

2018.12 世界著名蛋白质组学专家Matthias Mann教授 *MCP* 发文

⊕ 从硬件革新的角度，阐释了其巨大潜力[1]。

4D新时代
引领准确高效蛋白质组学分析

景杰生物率先推出全新一代 4D 蛋白质组学技术服务，能够实现对复杂样品进行更深入的分子机制的研究、提高发现低丰度生物学重要功能蛋白质的可能性，为基础科学研究、临床转化运用等方向带来更多可能。

常规蛋白质组学

4D 蛋白组基于其速度、灵敏度、通量的提升，能极大的提高常规蛋白质组的检测

全新技术：4D-FastDIA、4D-LFQ 等

临床蛋白质组学

对蛋白组学复杂样本深入研究，特别适用于临床蛋白质组学的应用。

全新技术：Blood+DIA/Blood+、4D-Urine Proteomics 等

修饰蛋白质组学

灵敏度的极大提升，意味着可以用更低的进样量和更短的色谱梯度鉴定到更多的 PTMs。

全新技术：4D-ptmDIATM、4D-PTMomics™（如磷酸化、乙酰化、泛素化等）

微量样品研究

4D 蛋白组可显著减少样品量，对于数量有限的待分析样本如干细胞、免疫细胞等或亚细胞结构，能够大大提高其鉴定深度。

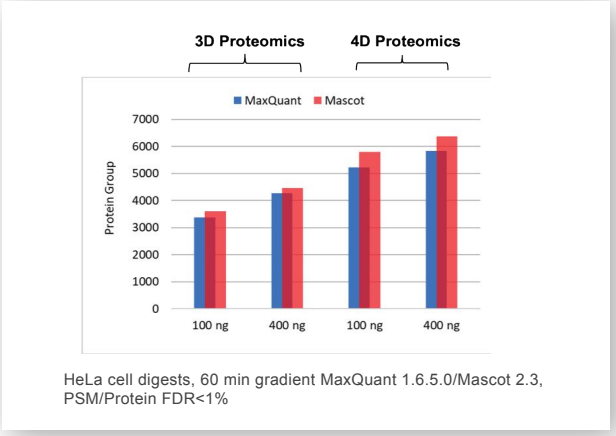
全新技术：4D-FFPE、Spatial-DIA 空间蛋白组、4D-SingleDIA 单细胞蛋白组等

	定量方法	技术原理	优势	局限性	适用范围
DIA 策略	↑4D-FastDIA	结合离子淌度的窗口采集，实现近乎 100% 的离子利用率	重复性好，检测深度更高，无需预先建库	需要特殊仪器设备	大规模样本的蛋白质组分析
	DIA	数据分段式采集，依靠软件区分	重复性好	需要预先建库，可靠性有争议	大规模样本的蛋白质组分析
DDA 策略	↑ 4D-LFQ	4D 对齐条件下的一级离子强度定量	检测通量，深度，定性、准确性都较好	需要特殊仪器设备	所有类型样本的蛋白质组和修饰组检测
	Label-free	一级离子强度定量	灵活方便，适用性广	缺失值多，重复性稍差	所有类型样本的蛋白质组和修饰组检测

众多权威技术，集大成者！

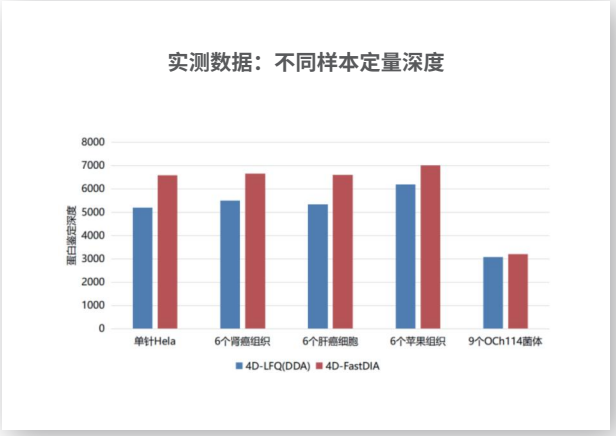
更优的鉴定深度和灵敏度

4D-FastDIA 结合了 4D 蛋白组 +dia-PASEF+ 深度神经网络搜库的众多权威技术，进一步提升了**蛋白质组分析的深度、重复性与稳定性。**



HeLa cell digests, 60 min gradient MaxQuant 1.6.5.0/Mascot 2.3, PSM/Protein FDR<1%

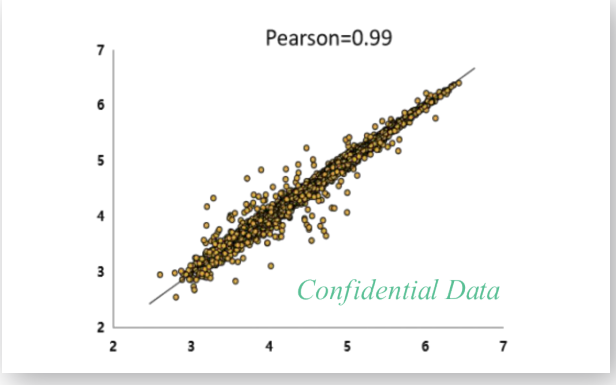
4D 蛋白质组学技术能够区分和识别低丰度信号，鉴定深度相比传统 3D 技术提升 50%~100%。



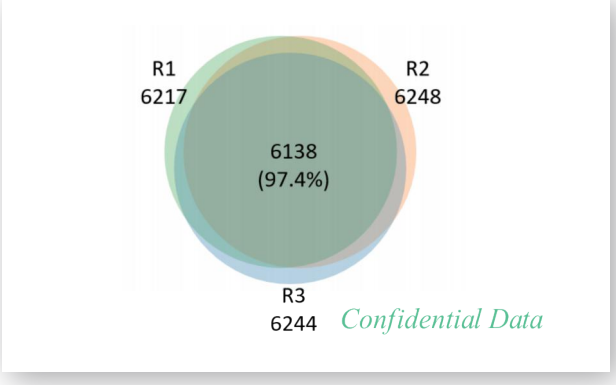
4D-FastDIA检测深度在4D-LFQ（DDA）基础上进一步提升。

更高的准确性和重复性

4D-FastDIA 技术延续了 4D 蛋白组无需肽段分级和高深度的特征，进一步结合 4D-DIA 策略，降低缺失值，提高定量的稳定性与平行性，尤其适用于大规模蛋白质组学定量分析。



技术重复性高达 **Pearson 0.99**，对比 DDA 数据（通常 85-90%），**数据随机性降低，缺失值显著下降。**



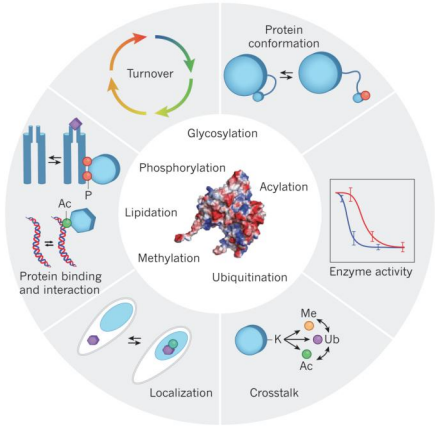
三次重复共鉴定到 6299 个蛋白，其中 overlap 蛋白占比为 97.4%，**高数据重现性。**

更真实 | 4D修饰蛋白质组学

蛋白质翻译后修饰

蛋白质翻译后修饰（PTM, Post-translational modification）几乎影响正常细胞生物学和发病机制的所有方面。深入研究蛋白质翻译后修饰对揭示生命活动的机理、筛选疾病的临床标志物、鉴定药物靶点等方面具有重要意义。

景杰生物 4D 修饰蛋白质组学定量技术，大幅度提高修饰组学分析的灵敏度和覆盖深度。除此之外，通过新增的第四维度——离子淌度分离，能够解决翻译后修饰的同分异构的问题，使得修饰蛋白质组学分析更加可靠。



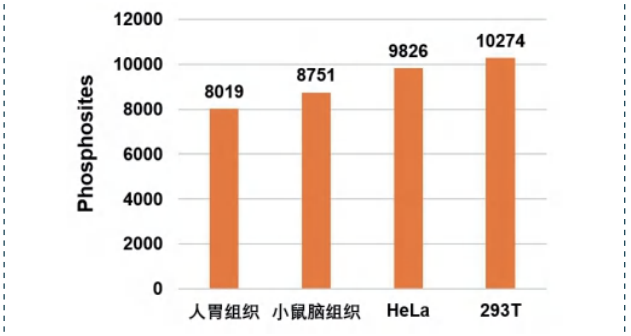
常用研究类型

修饰类型	生物学功能	常见应用方向
磷酸化	最广泛存在的翻译后修饰类型，参与酶促反应，介导蛋白质活性与受体来调节和控制蛋白质活力及功能	应用广泛，尤其是信号转导、发育分化、癌症机理、逆境胁迫等
泛素化	下调蛋白表达的重要修饰类型，介导蛋白质降解，改变蛋白质细胞定位、活性等影响底物功能与活性	细胞周期、细胞凋亡、衰老、神经退行性疾病、信号转导
甲基化	参与基因表达的调控、蛋白质功能的调节以及核糖核酸 (RNA) 加工	表观遗传、癌症机理、衰老、神经退行性疾病
糖基化	形成糖链，影响蛋白质间构象、活性、运输和定位，血液中丰度最高的修饰类型	细胞免疫、信号转导、细胞间通讯、代谢疾病
乙酰化	研究最充分的酰化修饰，参与表观遗传、信号转导、代谢调节、细胞凋亡等生物学过程	免疫应答、肿瘤发生、代谢疾病、细胞凋亡等
巴豆酰化	*Cell* 2011 年度“五大研究亮点”之一，结合转录活跃的染色质区，调控基因表达	表观遗传、肿瘤代谢、DNA 损伤修复
琥珀酰化	参与细胞分化、代谢调控、表观调控、信号转导等生理活动	炎症、代谢疾病、肿瘤
丙二酰化 / 丙酰化	能量代谢、抗生素的生物合成、代谢调节和光合作用	代谢紊乱疾病、免疫调控
二羟基异丁酰化	染色质功能调节	表观遗传，糖酵解代谢途径
苯甲酰化	2018 年首次发现，参与转录调控，染色质功能调节	表观遗传，代谢调控
乳酸化	2019 年首次发现，调控癌症和炎症等疾病	肿瘤发生发展、炎症、代谢调控
3- 羟基丁酰化	16 年首次报道，与细胞核心代谢密切相关	能量代谢、肿瘤研究、DNA 损伤修复，肝脏代谢 / 肝癌

技术优势

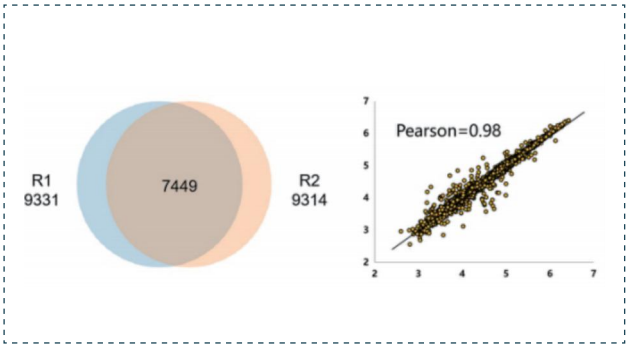
1、纤毫毕现，修饰位点鉴定更深覆盖

4D 修饰蛋白质组学技术极大提升修饰检测的灵敏度和深度。4D 质谱平台（timsTOF Pro）在 1.1 秒的扫描循环内，可以采集到超过 100 张 ms/ms 谱图。在这样高速采集条件下，我们最新的实验数据显示，不同细胞组织中平均鉴定到 8000-10000 个高可信度的磷酸化修饰位点（localization probability>0.75），相比传统技术提升 50% 以上。



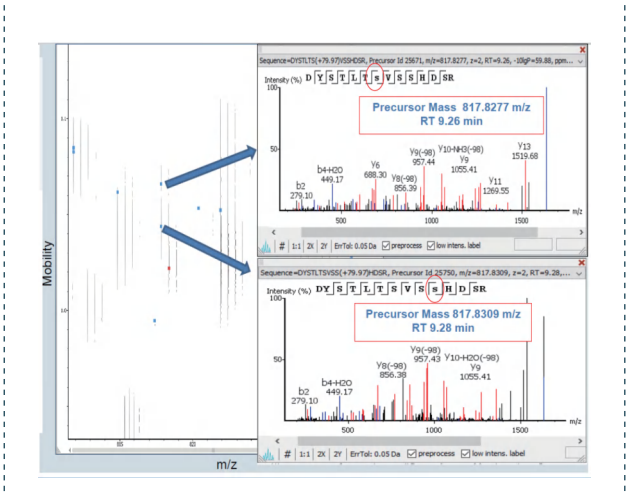
2、4D-Fast DIA 策略，更高的平行性与稳定性

采用 4D-FastDIA 策略，进一步提升磷酸化修饰组定量的平行性与稳定性。实测项目数据显示，样本间磷酸化位点 overlap 占比为 80.0%，技术重复性高达 Pearson 0.98。



3、去伪存真，更可靠的修饰鉴定结果

4D 修饰蛋白质组学通过新增的离子淌度分离，能够解决翻译后修饰同分异构的问题，使得 PTMs 的鉴定更加可靠。如下图所示，很多磷酸化肽段的同分异构体其洗脱时间和质荷比完全一样，但发生磷酸化的位置不同所带来结构上的差别可以通过离子淌度有效的区分。离子淌度和 HPLC 两个层面的联合分离，能够最大程度地识别和区分这些共洗脱的修饰肽段信号。



*4D*乙酰化修饰组学揭示线粒体在*HFpEF*发生发展过程中作用机制

Targeting mitochondria-inflammation circuit by β-hydroxybutyrate mitigates HFpEF

发表期刊：*Circulation Research*（*IF=23.213*）

发表时间：2020 年 11 月

应用技术：4D 乙酰化修饰组学

目前，超过 50% 的心衰患者为心衰患者射血分数正常（HFpEF）患者，其病理机制复杂，缺乏公认的动物模型，也无有效的治疗手段。该研究构建了一种高度复制临床 HFpEF 患者的小鼠模型，并运用 4D 乙酰化修饰组学等技术，解析了 HFpEF 发生发展以及β-OHB 改善 HFpEF 症状的重要机制，为未来开发新型 HFpEF 治疗药物提供了坚实的科学理论基础。

1、研究者首先通过长期高脂饮食暴露处理小鼠，并注射药物促进高血压和全身性炎症（3-Hit Strategy），构建了一种新型 HFpEF 小鼠模型，高度复制了临床 HFpEF 患者的病理表型。

2、进一步运用 4D 乙酰化修饰组学，研究共鉴定到 5,184 个位点，发现乙酰化增加的蛋白 80% 集中在线粒体。线粒体过度乙酰化促进 ASC 在线粒体的聚集，更易形成 NLRP3 炎症小体，促进炎症因子释放。

3、研究进一步揭示了β-OHB 是如何减少线粒体乙酰化作用机制，结果表明β-OHB 一方面通过对柠檬酸合酶 K395 进行β-OHB 修饰（Kbhb），激活柠檬酸合酶活性，促进乙酰辅酶 A 的代谢；另一方面，β-OHB 可抑制脂肪酸摄入，减少乙酰辅酶 A 的生成，从而降低线粒体蛋白乙酰化水平，并最终在 HFpEF 小鼠心脏起到抗炎、减少纤维胶原沉积、改善线粒体功能的作用。

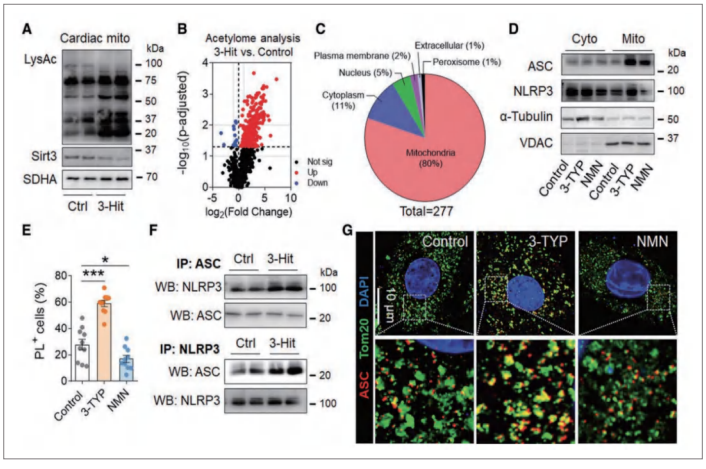


图 线粒体过度乙酰化促进NLRP3炎症小体组装

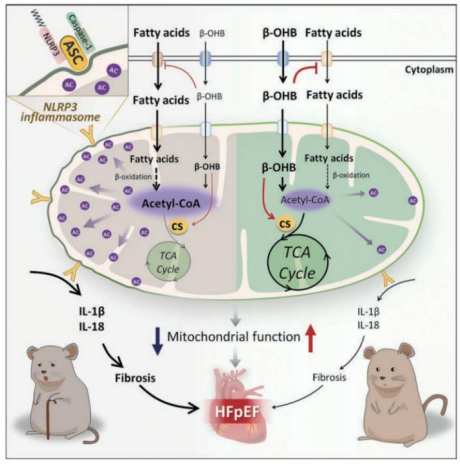


图 NLRP3炎症小体和线粒体功能障碍在HFpEF中的作用机制以及β-OHB的对抗机制

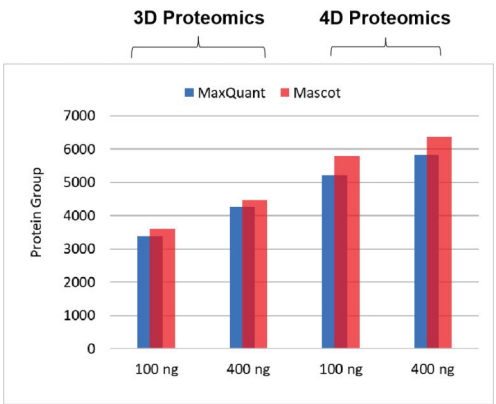
更灵敏 | 4D微量样本定量分析

4D微量样品蛋白组学

蛋白质组学为探讨疾病发生发展机制以及发现新的疾病特异性生物标志物提供了高效便捷的工具，具有广泛的应用前景。获取生物样本是蛋白质组学研究的基础和前提，然而穿刺样品、石蜡切片等生物样本经过复杂的前处理后不能获取足量的蛋白，进而限制了其在科学研究中的应用。

景杰生物率先推出全新一代 4D 蛋白质组学技术，能够区别和识别低丰度信号，显著减少检测样品量，大幅提高临床微量样本的鉴定深度，为其基础科学研究、临床转化运用赋予了更多可能。

技术优势



4D 蛋白质组学能够：

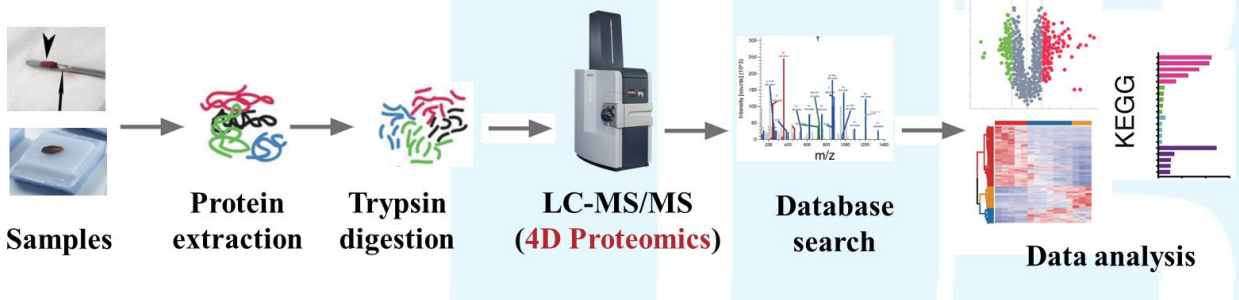
★区分和识别低丰度信号；

★显著减少检测样品量；

★鉴定深度提高 50%-100%。

如下图所示，4D 蛋白质组学在 100ng 样品的条件下，获得比传统 3D 蛋白质组学 400ng 样品更高的鉴定深度和更准确的定量结果。

技术流程



常见微量样本需求量

FFPE切片样本

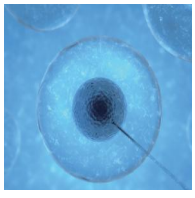
大队列样本的分子流行疾病学分析，适用于生物标志物筛选、分子分型等研究。

送样要求：4cm^2 组织 *10μm 厚

穿刺样品

活检样品，可用于标志物发现，适用于无法手术的患者样品。

送样要求：常规穿刺样品



细胞样本

生命科学与医学研究中的微量样本，包括干细胞、免疫细胞、精细胞、卵母细胞等。

送样要求：2*10^6 且 >10μl 沉淀

案例精选

PNAS:4D蛋白组研究揭示新冠肺炎患者宿主免疫应答新机制

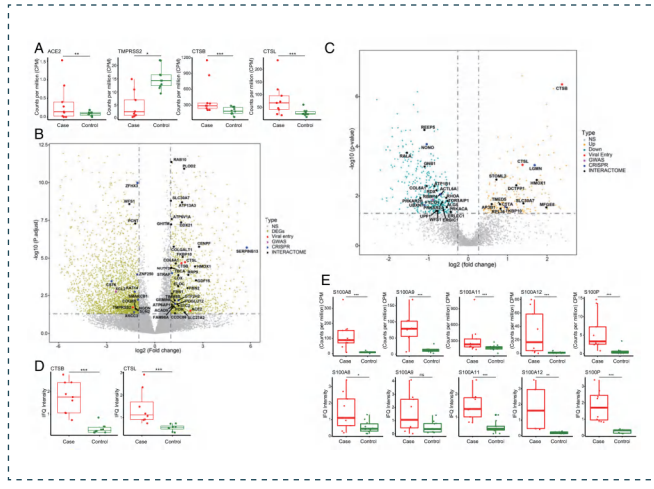
Transcriptional and proteomic insights into the host response in fatal COVID-19 cases

样本：新冠病毒肺炎武汉初次爆发期间死亡 9 名患者肺组织石蜡切片（n=9）、非感染正常肺组织对照样本（n=10）

技术：4D Label-Free

鉴定深度：4689

该研究中，华中科技大学同济医学院 & 哈佛医学院研究团队运用 4D Label-Free 技术，揭示新冠病毒肺炎免疫应答以及炎症反应调控机制。并鉴定到参与重症新冠病毒肺炎患者过度炎症反应调控的关键蛋白，提供了新冠肺炎的潜在治疗靶标。景杰生物为该研究提供了4D 蛋白质组学定量分析。



全覆盖 | 4D-PRM靶向定量分析

全新一代4D-PRM

PRM（Parallel Reaction Monitoring）是目前靶向蛋白质组学数据采集的主流方法，通过对特异性肽段或目标肽段进行选择性检测，从而实现对目标蛋白质 / 修饰肽段的靶向相对或绝对定量。

4D-PRM 技术，结合 4D 蛋白质组学特有的捕获离子淌度（TIMS）进行第四维度分离，相对于普通的 PRM 提高了定量的选择性和准确性，并结合 PASEF 的高扫描速度，大幅提高靶向蛋白验证通量，实现全覆盖、更精准的 Target Proteomics 分析。

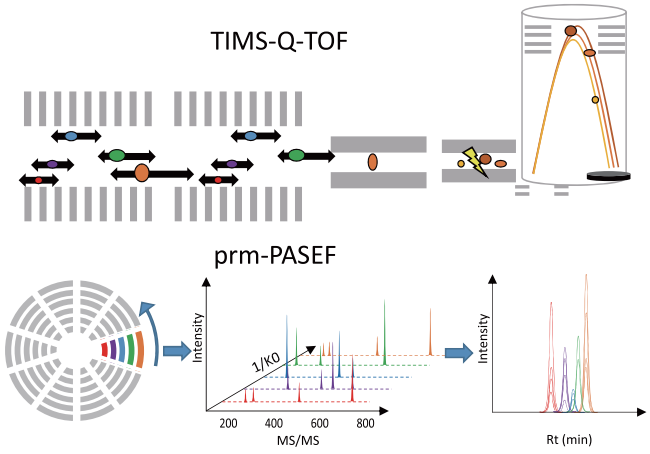
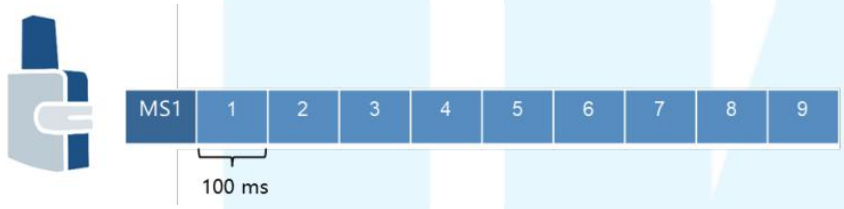


图1 4D-PRM技术示意图

技术优势

1、验证通量领先，实现差异蛋白验证全覆盖。

4D-PRM 技术，依托于 4D 蛋白质组学平台更快的扫描速度和灵敏度，能够获取大量靶向蛋白的定量数据，可同时对超过 200 个差异蛋白进行靶向定量，实现差异蛋白验证的全覆盖。

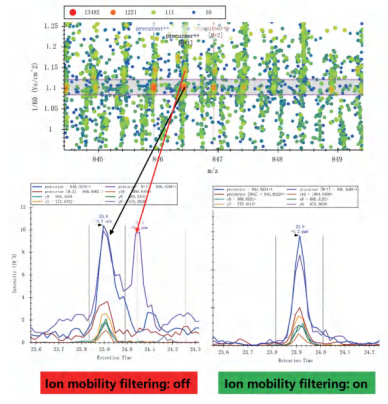


2、4D 维度离子淌度，靶向定量更高特异性。

4D-PRM 技术，多一维的离子淌度筛选，能有效区分相同质荷比和保留时间但形状和截面不同的离子，使其具有更高的选择性，显著降低目标离子的背景和共洗脱干扰，提高靶向定量目标的特异性。

3、更多的数据采集点，定量验证更准确。

4D -PRM 技术快速的扫描能力能得到更多的数据采集点，产生专属性更高的 MS/MS 谱图数据，极大提高检测灵敏度，实现更准确的靶向定量分析。



Ion Mobility Filter开启与关闭效果示意图

	4D-PRM	3D-PRM	WB/ELISA
通量	可同时检测多达 200 种蛋白	可同时检测数十种蛋白	一次只能检测一种蛋白
特异性	极高（多一维的离子淌度筛选）	高（同时分析蛋白上数个肽段）	难保证（依赖于抗体特异性）
准确性	极高（更多数据采集点）	高（可做绝对定量）	间接定量，难保证结果准确性
限制因素	不依赖抗体， 需要支持 4D 的仪器设备与软件	不依赖抗体	严重依赖抗体

应用范围

景杰生物率先开发并推出领先一代，全覆盖、高精准的靶向蛋白组学产品 4D-PRM，为靶向蛋白组学验证提供新的强大工具。可作为高通量蛋白质组学数据的验证手段，同时也可用于目标蛋白的相对和绝对定量，应用于药物筛选、疾病诊断的生物标志物开发等研究。

高通量蛋白质（修饰）组学
综合性分析筛选样本间差异蛋白

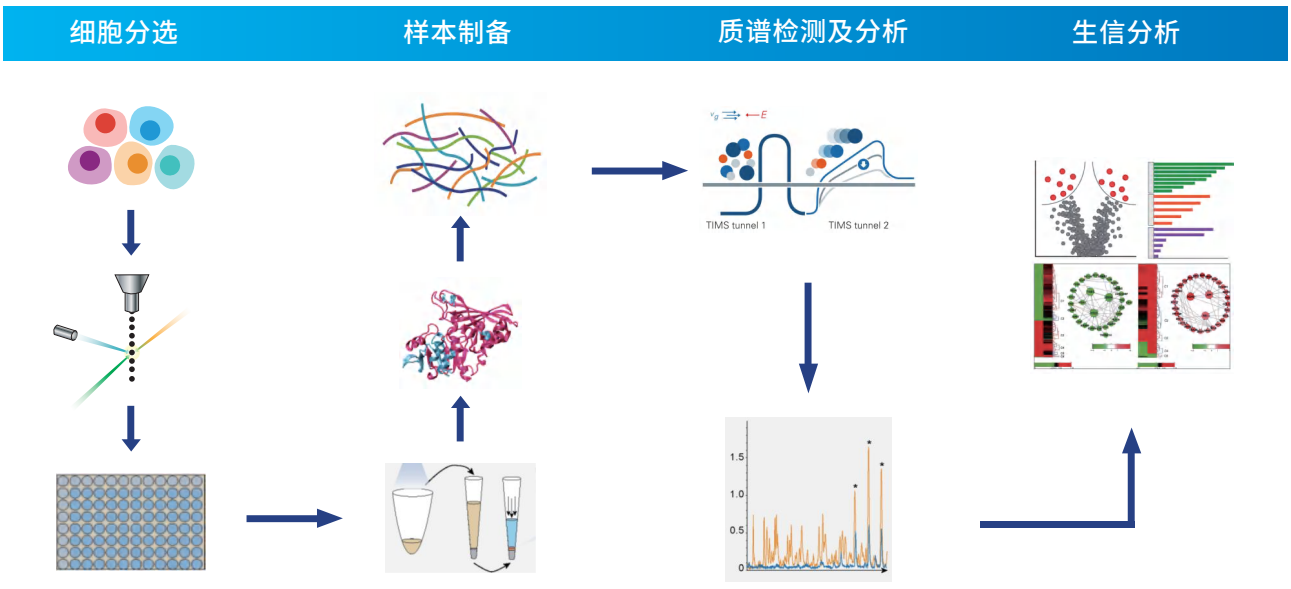
靶向蛋白质组学（4D-PRM）
代替传统的 WB 对差异蛋白表达进行验证

高品质抗体
助力后续分子机制研究

更极致 | 真单细胞蛋白质组学

蛋白质是细胞功能的主要驱动因素，通过质谱（MS）对单个细胞进行蛋白质组学分析具有很高的研究和应用价值。一方面单细胞蛋白组学在蛋白丰度检测、转录后调控、翻译后修饰等方面填补了单细胞基因组和转录组学的空白；另一方面，单细胞水平的蛋白质组学分析为生物系统中细胞异质性研究、精细蛋白分子图谱构建、空间蛋白质网络分析等提供了最本质的精准信息，对肿瘤异质性、干细胞分化、生殖细胞发育等提供有效的研究手段。

技术流程



八大应用领域

- 构建器官蛋白组图谱
- 肿瘤异质性和耐药研究
- 循环肿瘤细胞分析
- 免疫系统和肿瘤免疫研究
- 细胞疗法分析
- 神经科学研究
- 生殖医学研究
- 高通量药物筛选

产品优势

高度特异性和准确性

专门研发的单细胞样本制备体系，确保获得单个细胞并进行蛋白组学精准分析（图1-图2）。

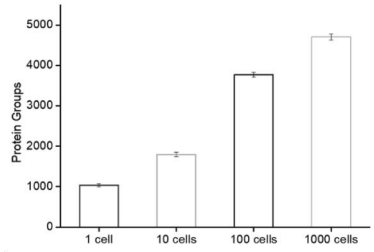


图1 不同数量细胞的鉴定到的蛋白数量

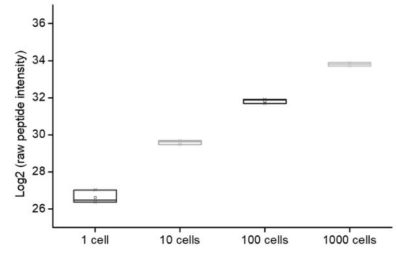


图2 不同数量细胞的鉴定的肽段强度

超高深度和灵敏度

专门优化色谱质谱系统，对少量蛋白更加敏感，确保更少的细胞量，更高的深度（图 1- 图 2）。

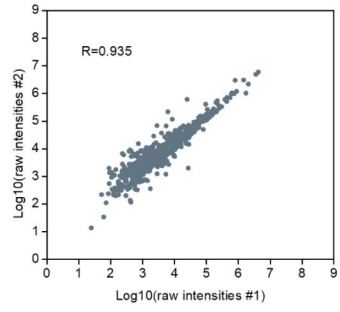


图3 10个细胞的三次重复的相关性

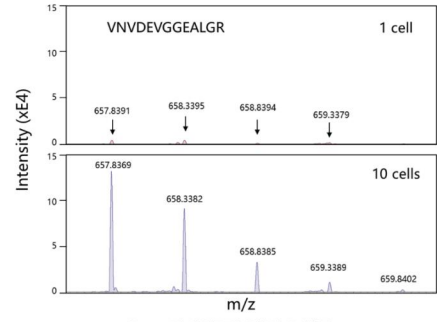


图4 不同细胞量相同肽段的母离子对比图

高度稳定性和可重复性平台

每一步实验严格的质控、每一个样本多次重复，确保数据的准确性和真实有效性(图 3- 图 4)。

图1:经过流式分选的HeLa细胞（单个到1000个细胞）鉴定到的蛋白质数量。

图2:图1中质谱鉴定的肽段信号强度。每种细胞量分别进行3次重复实验。采用MaxQuant软件进行数据分析，严格限制PSMs FDR和Protein FDR小于1%。

图3:三次10个流式分选的HeLa细胞的蛋白质定量重复实验结果相关性分析。从细胞的流式分选，到样品制备和质谱分析，三次实验流程完全独立。并采用蛋白鉴定的原始强度的对数值作散点图，取得很好的重复性（Pearson相关系数为0.935）。

图4:相同肽段的母离子在1个和10个HeLa细胞实验中原始谱图对比。该肽段在1个和10个HeLa细胞样本中均被鉴定。从原始谱图的对比可以看出，虽然该肽段在1个细胞中的谱图信号较弱（相差约10倍），但仍具有较高的信噪比和完整的同位素峰分布，证明了单细胞组学平台的超高灵敏度和准确度。

强大的生物信息分析支持

可提供常见生信分析及个性化深度数据分析（图 5- 图 6）。

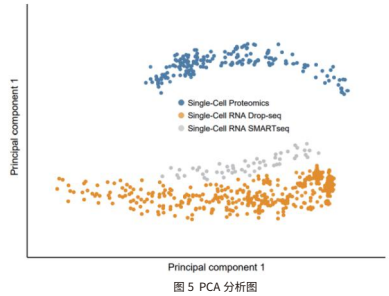


图 5 PCA 分析图

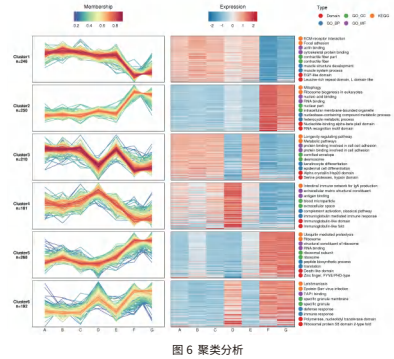


图 6 聚类分析

高附加值服务

可提供细胞分选、显微切割、HE染色等附加服务。

图5:大规模的单细胞组学定量，其数据量庞大且复杂，PCA分析能够提取样本数据中的关键成分对样本进行有效区分，直观反映样本间的关系；跨组学分析可以体现不同组学提取的信息差异。

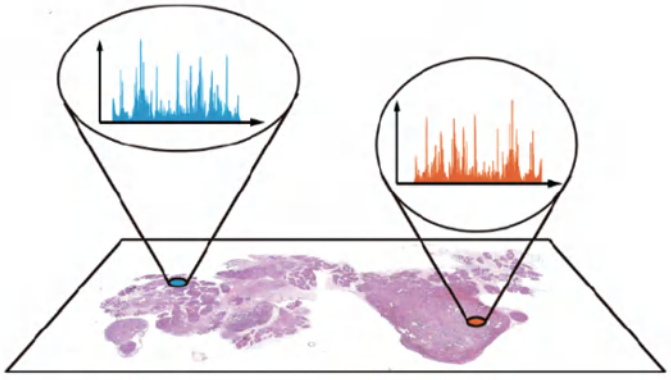
图6:图中左侧采用折线图直观展示了蛋白在连续样本中表达量变化的趋势，进而通过聚类分析分为6种不同的变化趋势（cluster）。针对每种变化趋势的蛋白集分别绘制了表达量热图并进行GO功能、KEGG通路和蛋白结构域的富集分析。

更微观 | 空间蛋白质组学

空间蛋白质组学通过在样本不同空间位置的区域进行取样，分析蛋白在不同空间位置的表达量。

1、与大块肿瘤组织分析相比，空间蛋白质组学可以获得组织内不同细胞和功能区域的蛋白表达谱。

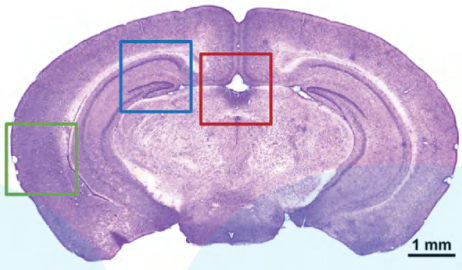
2、与单细胞蛋白组相比，空间蛋白质组学可以获得空间位置特异性的蛋白表达信息。



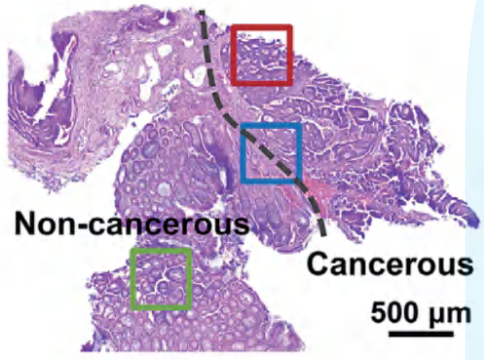
应用场景

应用场景一:复杂组织的功能区域蛋白组分析

对组成复杂脑组织的功能区域，大脑皮层、海马体和第三脑室进行区域切割和蛋白组分析，可以从蛋白层面深入理解不同区域神经元的功能和激活状态。



□ 大脑皮层 □ 海马体 □ 第三脑室



□ 正常组织 □ 边界区域 □ 癌组织

应用场景二:蛋白组分析癌组织的异质性

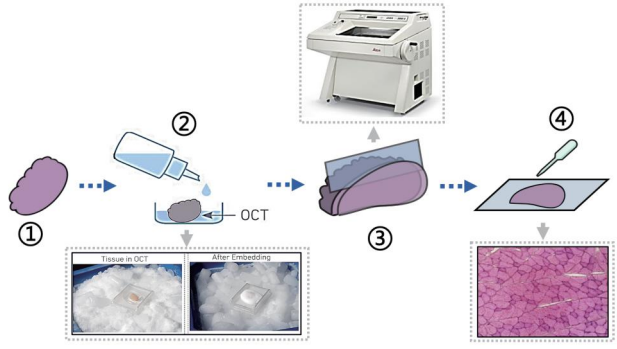
对切片上癌组织和正常组织进行区域切割和蛋白组分析，有效解决了癌症样本的异质性问题，并从蛋白水平上揭示了癌细胞中异常激活的通路和潜在治疗靶点。

技术流程

「空间蛋白组技术特点」

① 微小空间区域的精准切割　② 极微量蛋白的无损前处理　③ 超高灵敏度质谱分析

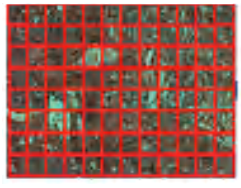
制片



① 冰冻组织样本
② OCT低温包埋
③ 低温切片
④ 蛋白固定，切片染色

精准切割

⑤ “全扫描式”



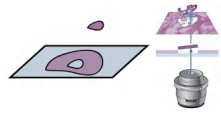
特点：

·切片分成尽量小的网格（100μm x 100μm）
·激光显微切割分割网格中的每个区域
·分析获取区域内的蛋白表达量信息
·反映蛋白质在整张切片中的空间相对丰度

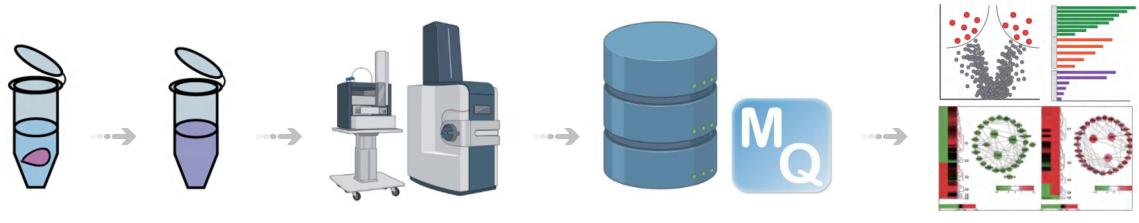
⑥ “精细定位”

特点：

·根据功能区域或细胞类型对切片进行分区
·选择性切割某几个区域进行蛋白组学分析
·获取与功能或细胞类型相关联的蛋白表达谱



超高灵敏度质谱分析



⑦ 切割区域脱蜡，去染色　⑧ 蛋白提取、前处理　⑨ 4D超高灵敏度质谱分析　⑩ 数据质控、搜库　⑪ 生物信息学分析

公司介绍

景杰生物（PTM BIO） 是中国最具创新活力的蛋白质组学技术应用与开发的领先者，可以为您提供高通量蛋白质组学及修饰组学的“一体化”解决方案，并能为您提供并开发高特异性、高灵敏度蛋白质修饰类抗体，助力您的研究工作。

技术服务产品列表

蛋白质组学

- 4D-FastDIA/DIA
- Blood+DIA/Blood+
- LFQ/4D-LFQ
- TMT/iTRAQ
- SILAC
- 蛋白鉴定

靶向蛋白质组学

- PRM
- 4D-PRM
- 修饰 -PRM
- 4D 修饰 -PRM

修饰蛋白质组学

磷酸化	乳酸化
泛素化	巴豆酰化
糖基化	琥珀酰化
甲基化	2- 羟基异丁酰化
乙酰化	3- 羟基丁酰化
丙酰化	·····

平台优势

全覆盖：覆盖 18 种修饰类型，数百种修饰类抗体
多层次：蛋白质组学、修饰组学、生物信息学深度分析
高性能：行业领先的高分辨率、高灵敏度质谱平台
领跑者：首创系列组学技术，多项蛋白质组学 / 修饰位点定量记录
极专业：资深蛋白质组学研究团队，600+ 篇高水平合作项目文章

引用文献

1、Florian Meier, *et al*. (2018) Online Parallel Accumulation–Serial Fragmentation (PASEF) with a Novel Trapped Ion Mobility Mass Spectrometer. ***Molecular & Cellular Proteomics***.

2、Florian Meier, *et al*., 2020, Parallel accumulation - serial fragmentation combined with dataindependent acquisition (diaPASEF):Bottom-up proteomics with near optimal ion usage. ***Nature Methods***.

公司合作代表性文章

标 题	期 刊
组蛋白**乳酸化**作用对基因表达的**代谢调控** Metabolic regulation of gene expression by histone lactylation	***Nature*** (IF=69.504)
赖氨酸**2-羟基异丁酰化**途径的全景调控 Landscape of the regulatory elements for lysine 2-hydroxyisobutyrylation pathway	***Cell Research*** (IF=46.297)
非组蛋白蛋白质**巴豆酰化**的全景概况 Global profiling of crotonylation on non-histone proteins	***Cell Research*** (IF=46.297)
胆汁酸通过抑制NLRP3**炎症小体**来控制炎症和**代谢紊乱** Bile Acids Control Inflammation and Metabolic Disorder through Inhibition of NLRP3 Inflammasome	***Immunity*** (IF=43.474)
支链氨基酸分解代谢通过增强血小板trotromodulin-3蛋白**丙酰化**促进**血栓**形成风险 Branched-chain amino acid catabolism promotes thrombosis risk by enhancing tropomodulin-3 propionylation in platelets	***Circulation*** (IF=39.918)
肝母细胞瘤中**O-GlcNAc糖**组学与**磷酸化**修饰组学的图谱分析 Global profiling of O-GlcNAcylated and/or phosphorylated proteins in hepatoblastoma	***Signal Transduct Tar*** (IF=38.104)
磷酸化蛋白质组学揭示**食管鳞状细胞癌**的治疗靶点 Phosphoproteomics reveals therapeutic targets of esophageal squamous cell carcinoma	***Signal Transduct Tar*** (IF=38.104)
磷酸化修饰组学揭示衰老的免疫细胞释放颗粒钙蛋白促进**骨骼衰老** Senescent immune cells release grancalcin to promote skeletal aging	***Cell Metabolism*** (IF= 31.373)
甲基转移酶Dnmt3a通过上调HDAC9使激酶TBK1脱**乙酰化**，从而激活抗病毒先天**免疫力** Methyltransferase Dnmt3a upregulates HDAC9 to deacetylate the kinase TBK1 for activation of antiviral innate immunity	***Nature Immunology*** (IF=31.250)
染色体易位衍生的异常Rab22a驱动**骨肉瘤**转移 Chromosomal translocation-derived aberrant Rab22a drives metastasis of osteosarcoma	***Nature Cell Biology*** (IF=28.213)
蛋白组揭示IRENA lncRNA抑制巨噬细胞促进**乳腺癌**发生 The IRENA lncRNA converts Chemotherapy-polarized tumor-suppressing Macrophages to Tumor-promoting Phenotypes in Breast Cancer	***Nature Cancer*** (IF=23.177)
OTULIN与LUBAC联合通过编辑ALK1线性多**泛素**调控**血管生成** OTULIN allies with LUBAC to govern angiogenesis by editing ALK1 linear polyubiquitin	***Molecular Cell*** (IF=19.328)
组蛋白去**乙酰化酶**3通过转位到线粒体抑制脂肪酸氧化，调控IL-1β依赖性**炎症** Histone deacetylase 3 couples mitochondria to drive IL-1β-dependent inflammation by configuring fatty acid oxidation	***Molecular Cell*** (IF=19.328)

杭州景杰生物科技股份有限公司
Jingjie PTM Biolab (Hangzhou) Co. Inc

电话：400-100-1145
邮箱：service@ptm-biolab.com
网址：www.ptm-biolab.com.cn
地址：杭州市钱塘新区福城路 291 号生物医药港小镇二期 8 号楼

精准医学与蛋白组学　　景杰生物