

## 吉凯基因的优势

- 采用DIA最专业的Spectronaut软件系统，由海归博士带领的生信分析团队



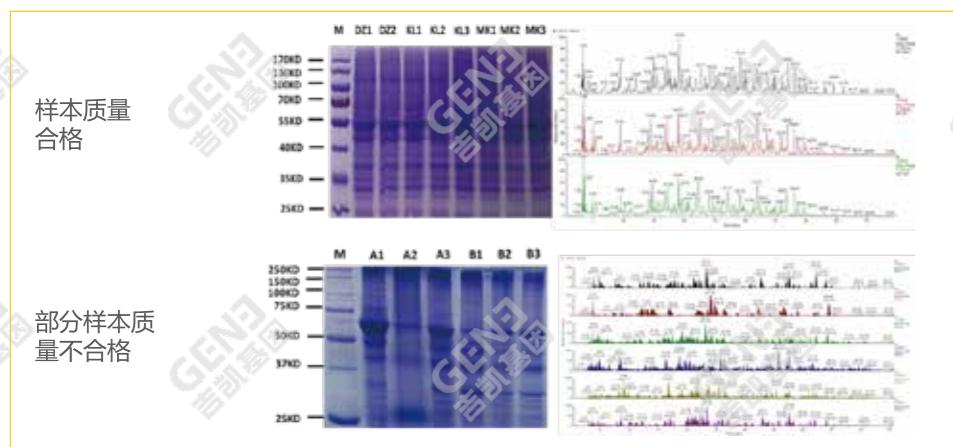
**Spectronaut™软件是为分析DIA数据特别开发**  
目前市面上最专业的DIA分析软件！  
由DIA技术发明人Ruedi Aebersold教授团队开发

**SOFTWARE**  
**Spectronaut™ Pulsar**  
Proteomics software for the analysis of data independent acquisition (DIA) measurements.  
Features an integrated database search engine called Pulsar enabling spectral-library free DIA workflow - **directDIA™**

- 采用Orbitrap系列中分辨能力超强的质谱仪器



- 预质谱对样本进行质控，保障合格样本进入筛选实验，提高数据质量。  
(一个样本完成实验会经历3次质谱)



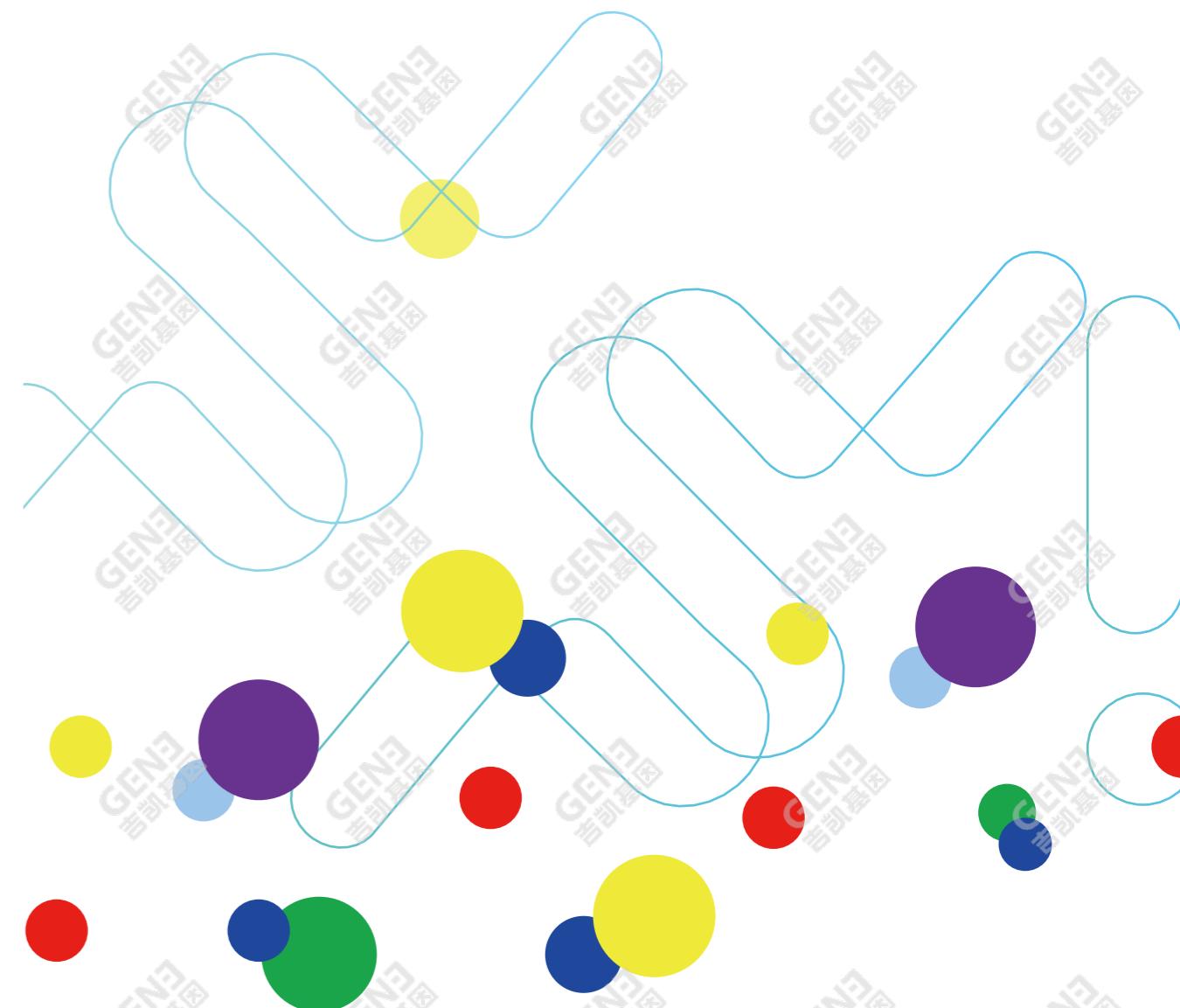
- 高质量的样本DDA建库  
用标准肽对样品间的保留时间进行校正，可构建高质量DDA谱库；DIA数据库检索效率更高，结果更准确

## 近年关于DIA的部分高分文献

- Hu, A., W.S. Noble, and A. Wol-Yadlin, Technical advances in proteomics: new developments in data-independent acquisition. F1000Res, 2016. 5.
- Bruderer, R., et al., Extending the limits of quantitative proteome profiling with data-independent acquisition and application to acetaminophen-treated three-dimensional liver microtissues. Mol Cell Proteomics, 2015. 14(5): p. 1400-10.
- Liu, Y., et al., Quantitative variability of 342 plasma proteins in a human twin population. Mol Syst Biol, 2015. 11(1): p. 786.
- Buczak, K., et al., Spatial Tissue Proteomics Quantifies Inter- and Intratumor Heterogeneity in Hepatocellular Carcinoma (HCC). Mol Cell Proteomics, 2018. 17(4): p. 810-825.
- Mattugina, N., et al., Influence of white matter injury on gray matter reactive gliosis upon stab wound in the adult murine cerebral cortex. Glia, 2018.
- Guri, Y., et al., mTORC2 Promotes Tumorigenesis via Lipid Synthesis. Cancer Cell, 2017. 32(6): p. 807-823 e12.
- Piazza, I., et al., A Map of Protein-Metabolite Interactions Reveals Principles of Chemical Communication. Cell, 2018. 172(1-2): p. 358-372 e23.
- Rosenberger, G., et al., Statistical control of peptide and protein error rates in large-scale targeted data-independent acquisition analyses. Nat Methods, 2017. 14(9): p. 921-927.

# DIA蛋白组学技术

——突破生物样本数量限制的蛋白组检测技术



更多信息请登录吉凯基因官网，或致电来函吉凯基因。

📞 800 720 0302

✉️ service@genechem.com.cn

🌐 www.genechemlab.com

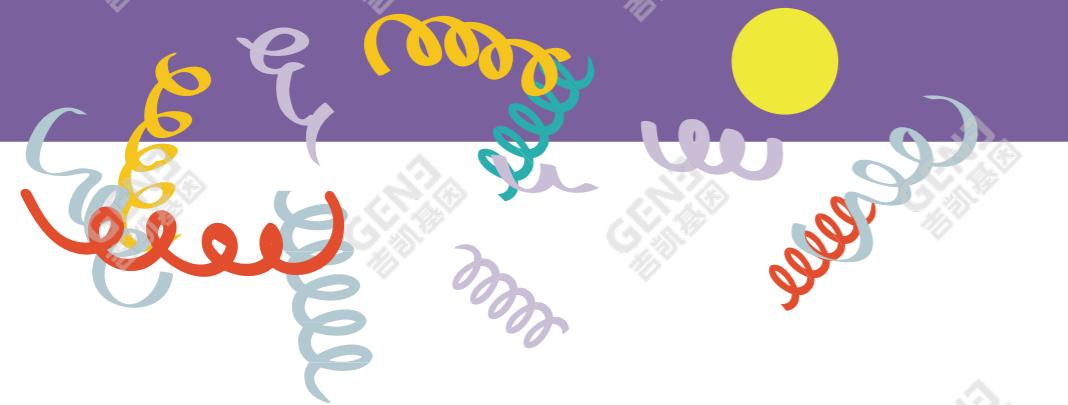
Version GB150.1



吉凯微信 关注有礼

# DIA蛋白组是什么？

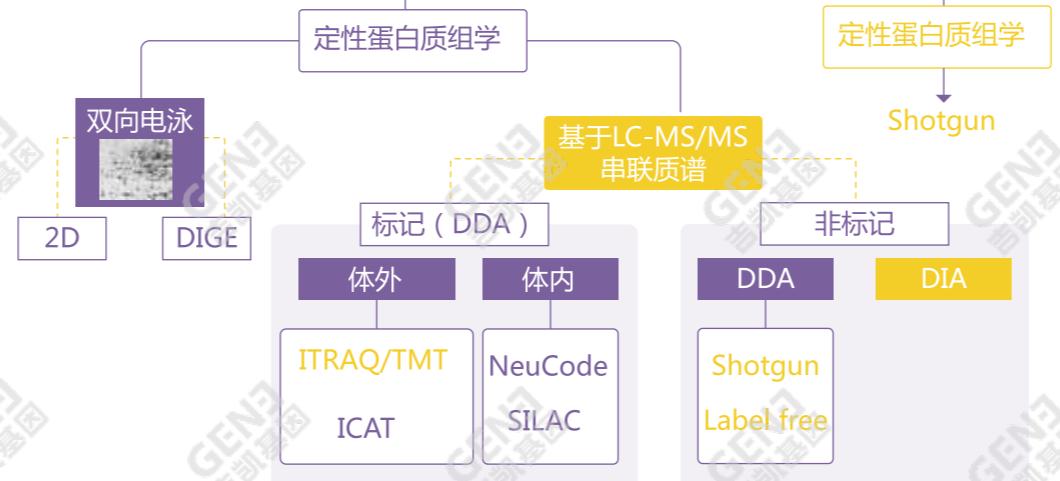
DIA (data-independent acquisition) 蛋白组技术是新一代的蛋白组定量分析筛选检测技术，结合了DDA (data-dependent acquisition) 蛋白组定量广度和靶向蛋白组SRM定量精度的优势，能够用于大量生物样本的筛选检测，可重复性更高，定量更准确。DIA蛋白组技术在2015年也被nature method杂志评为前景非常看好的研究技术。



## DIA蛋白组能解决哪些问题？

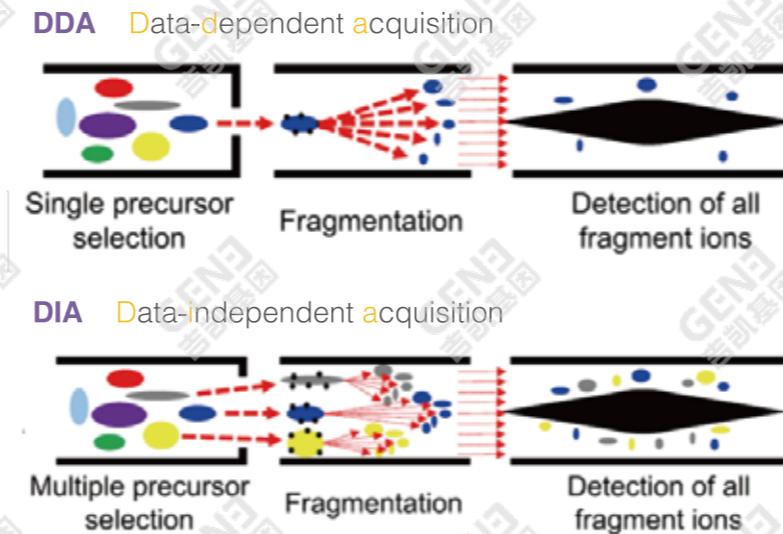
- 通过DIA技术对临床大量样本进行差异表达蛋白的定量筛选，针对疾病从蛋白层面进行分类分型。（此前蛋白组检测超过30例生物样本是非常困难的）
- 通过DIA技术将非常珍贵的临床样本变成电子化的蛋白表达数据，未来根据研究需要再进行二次分析，降低样本保存的风险。（在此技术之前，获得可重复性高和覆盖度高的数据很困难）
- 大量样本的测序/芯片分析发现转录水平和蛋白水平并不完全一致，从蛋白层面进行大范围筛选可能获得以前未发现但很重要的关键蛋白
- 如果科学问题还不是很明确，应用DIA技术将未来可能用到的同类样本变成数据后，根据研究需要再分组比较分析。

## 目前蛋白组技术的主要分类



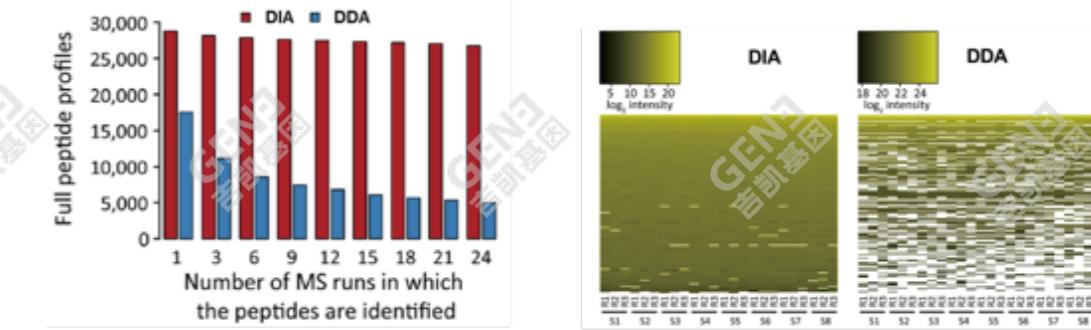
## DIA和DDA的区别，以及DIA技术的优势

### 数据采集模式的区别，DIA采集更多肽段的信息<sup>[1]</sup>



F1000Research 2016, 5(F1000Faculty Rev):419 Last updated :25 DEC 2016

DIA在一級質譜和二級質譜同時定量，定量更加準確，DIA技術的可重複性更高，可對大量生物樣本進行檢測；數據記錄更加完整，可二次挖掘<sup>[2]</sup>



DIA蛋白組技術樣本建譜庫（同類組織，一個庫可以一直用）用標準肽對樣品間的保留時間進行校正，可構建高質量DDA譜庫；DIA數據庫檢索效率更高，結果更準確

## DIA和DDA对生物样本的要求

	DDA	DIA
样本数量	iTRAQ/TMT Label free	不限制
样本需求量	同时检测4、8、10个样本，一般不超过20个 再多需要混样或多轮标记	最低蛋白质需求量150ug，建议送样量≥300ug 最低蛋白质需求量100ug，建议送样量≥200ug
样本适用范围	大部分样品均可，但对样本质量要求较高，需要有较好的组内组间平行性	不限制
鉴定蛋白质数量	通过分级后，实体组织鉴定数量一般在6000个左右	因重复性较差，且缺失值较多，无法实现大量样本检测
扩展性	所有样品实验必须一次完成，后续无法补充样品检测	所有样品实验必须一次完成，后续无法补充样品检测 样本扩展性大大优于DDA技术