SISPROT® PlasmaG

破壁低丰度蛋白，解锁血液真数据

>产品简介

血浆蛋白质组学是临床诊疗与标志物研发的关键方向。受高丰度蛋白干扰、处理通量受限等问题影响，传统方法难以满足大样本研究需求。贝普奥**SISPROT® PlasmaG试剂盒**，依托磁性微球电荷筛分富集技术，搭配全自动前处理工作站，新鲜血浆样本可实现 **5000 +** 蛋白鉴定量，为大规模血浆蛋白质组队列研究提供**标准化、高深度、高重复**完整解决方案。

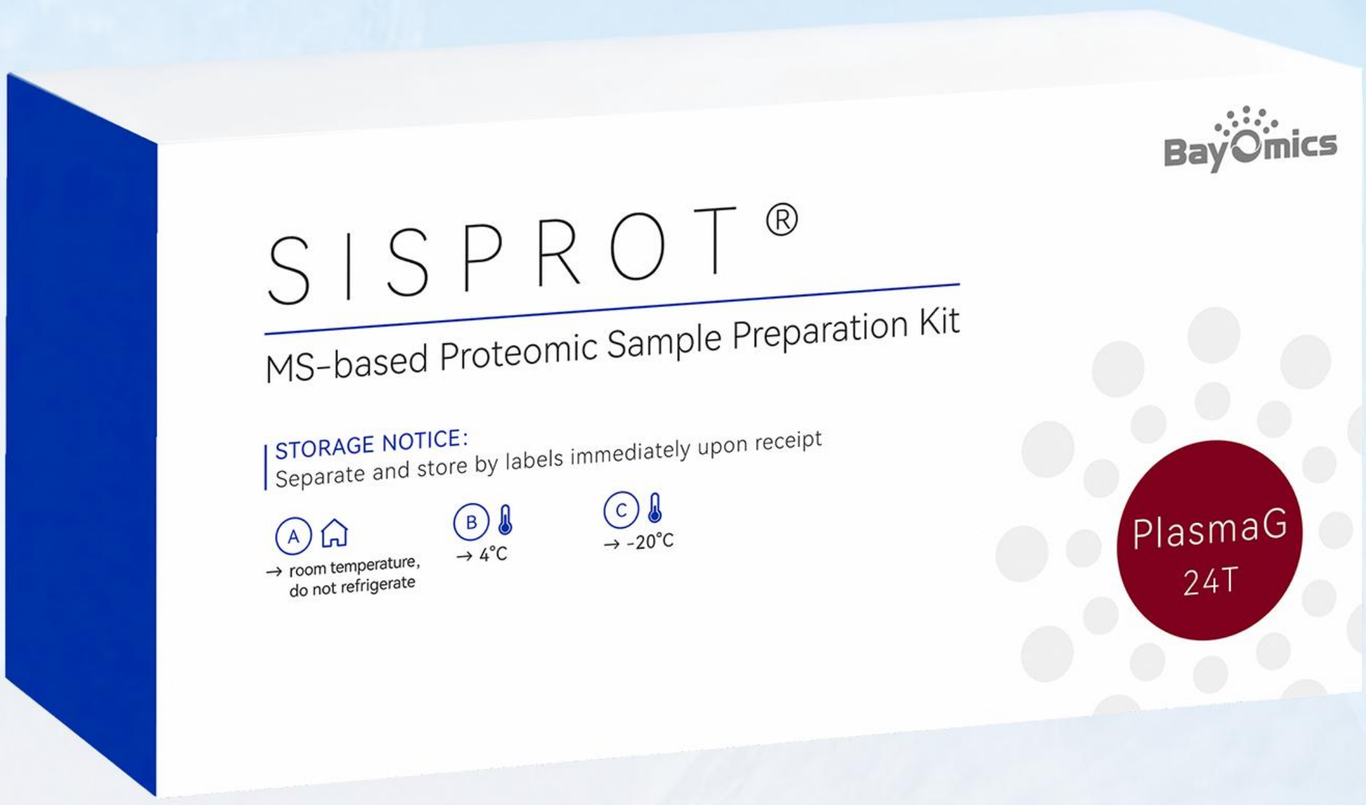
>产品特点

5000+
新鲜血浆蛋白鉴定量

99%
高丰度蛋白高效去除

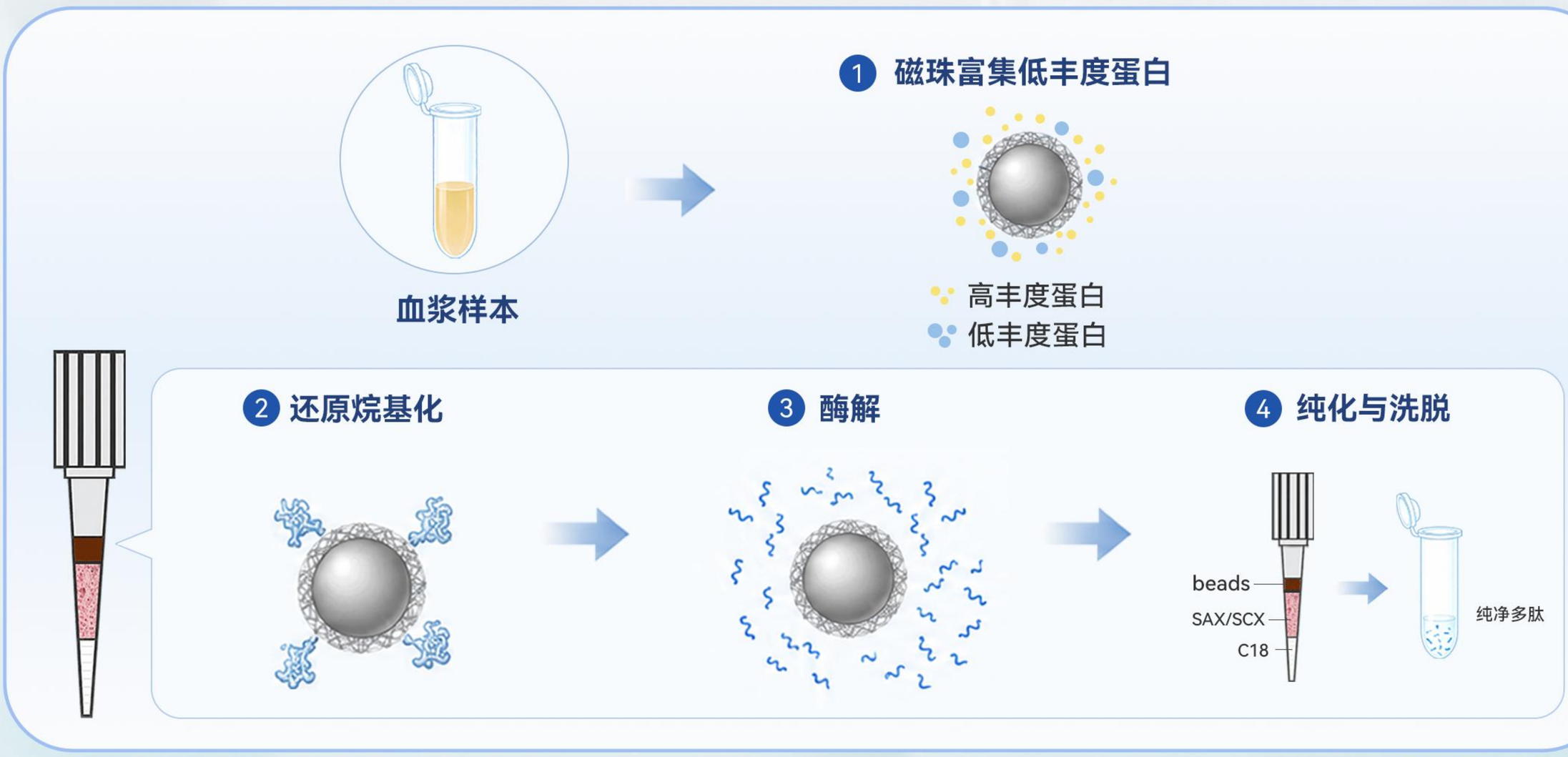
3项
污染指数优于竞品

R > 0.93
不同批次皮尔森相关系数



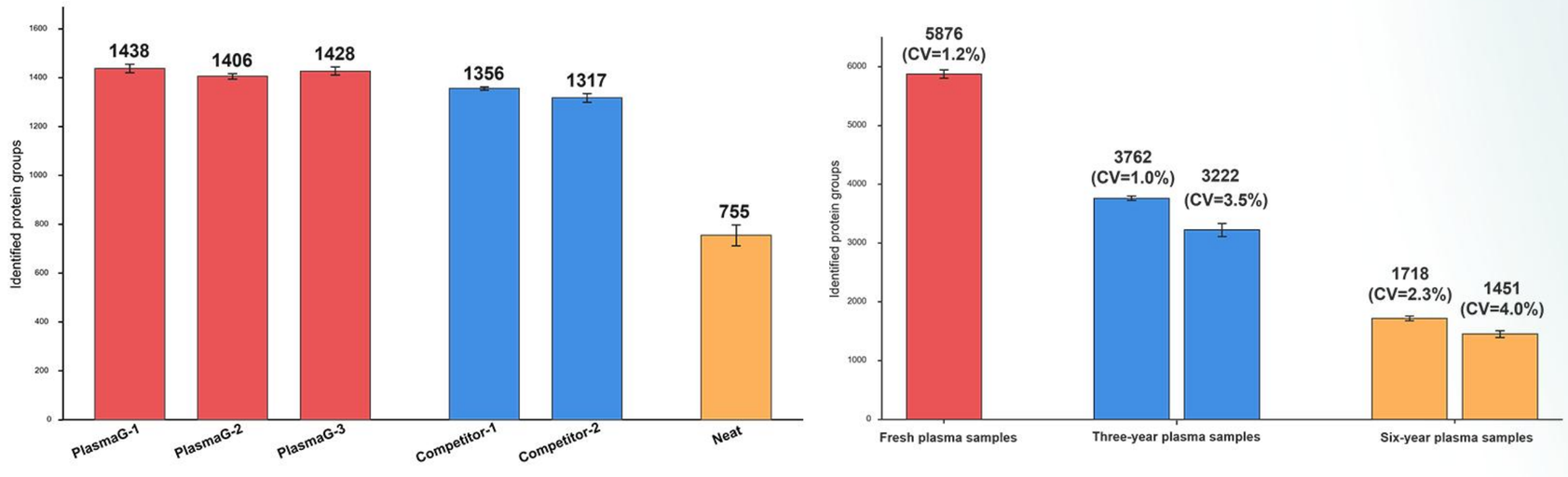
>工作流程

依托磁性微球富集工艺，精准捕获血浆低丰度蛋白，全程采用on-beads原位酶解，衔接自研SISPROT®集成式蛋白质组学前处理技术，集合蛋白质样本的预富集、还原、烷基化、酶解和除盐等步骤，直接输出纯净的多肽。



> 高蛋白覆盖度

- 较传统方法，蛋白鉴定数量**提升100%**；相较市面同类竞品，鉴定数高出约10%。
- 新鲜血浆样本实现**5000+蛋白鉴定量**，3 年冻存样本仍有3000+蛋白。

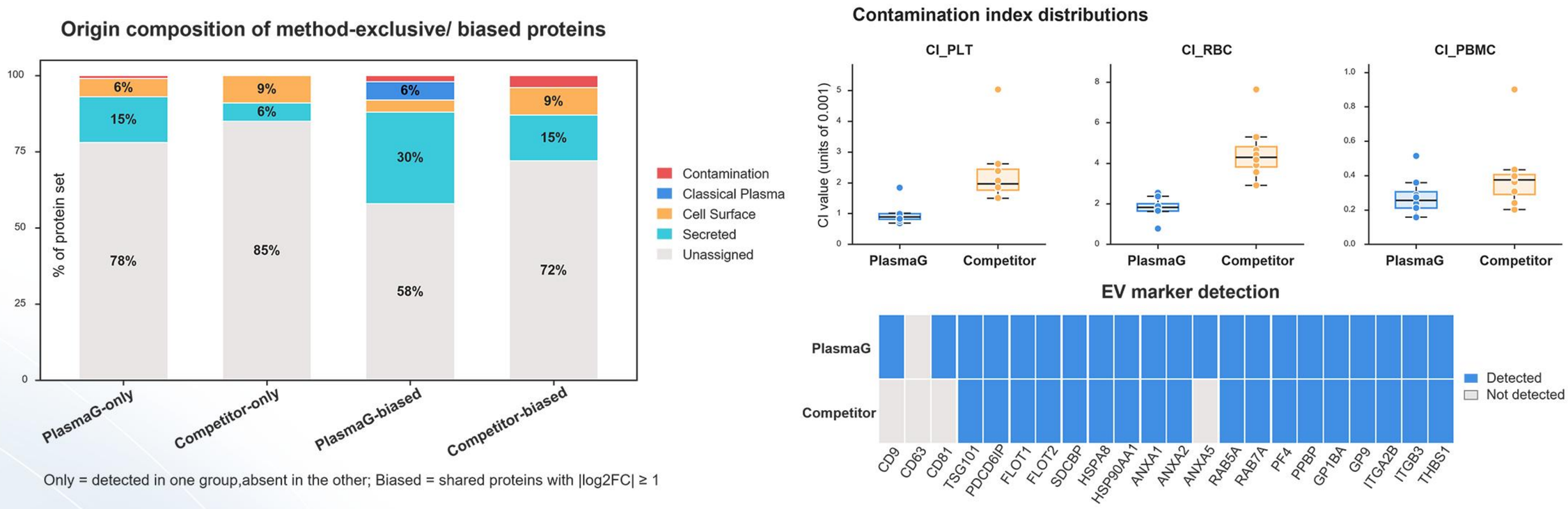


*Neat: without protein enrichment method

FBS,Orbitrap Exploris™ 240, DIA, Spectronaut　　Human Plasma, Orbitrap Exploris™ 480, DIA, DIA-NN

> 低污染高富集功能蛋白体系

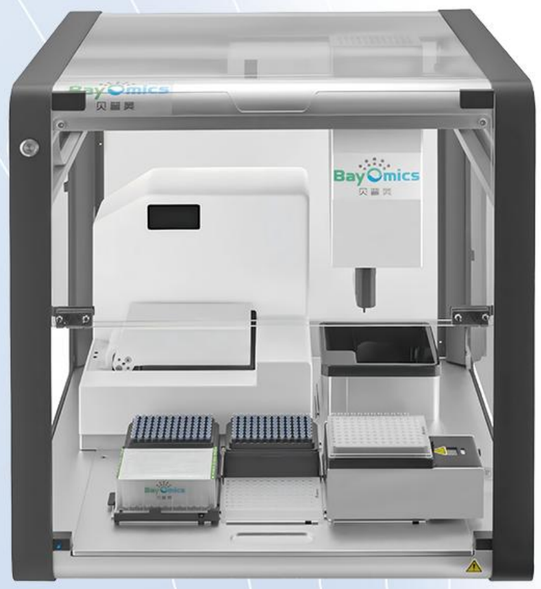
- 分泌蛋白（Secreted Protein） & 细胞外囊泡（Extracellular Vesicles，EV）**标志物检出能力远超竞品**。
- 血小板（PLT，CI < 0.009）、血细胞（RBC，CI < 0.050）和外周血细胞（PBMCs，CI < 0.005）**污染指数低于安全阈值且优于竞品**，从前处理源头减少杂蛋白背景干扰，数据真实可信。

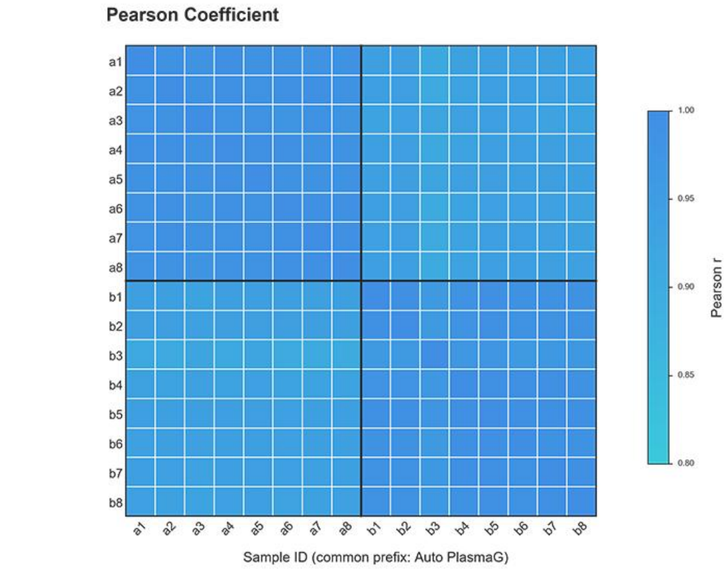


Human Plasma, Astral zoom, DIA, Spectronaut *污染指数(CI):基于 Geyer et al. 2019 (EMBO Mol Med)提出定量公式

> 高稳定可重复

- 配套**HTPROX自动化前处理设备**，实现 96 样本全自动处理，适配千人大队列项目。
- 定量数据重复性优异，皮尔森相关系数**批内R>0.96**，**批间R > 0.93**。





FBS, Orbitrap Exploris™ 240, DIA, Spectronaut

深圳市贝普奥生物科技有限公司
Shenzhen BayOmics Biotechnology Co., Ltd.
0755-2690 7483
contact@bayomics.com
深圳市南山区南山智园D3栋2层