

LC-MS Proteomics

액체크로마토그래피 질량분석(Liquid Chromatography-Mass Spectrometry, LC-MS)은 분석 시료를 이온화시켜 복잡한 화합물과 혼합물에서 개별 성분을 분리하고, 질량 검출기를 통해 구조와 양을 분석하는 기술입니다. 작은 비극성 분자부터 대형 극성 생체분자에 이르기까지 다양한 유형의 시료 분석에 활용될 수 있어 지난 수십 년간 널리 사용되고 있습니다.

로킷제노믹스는 다년간 축적된 서비스 노하우를 바탕으로 LC-MS 기반 단백질체, 대사체, 지질체 분석 서비스를 제공합니다.

다양한 오믹스 데이터를 통합한 관점에서의 전문적인 분석 결과를 제공함으로써 연구자 여러분께 보다 깊이 있는 통찰을 제공할 것입니다.

Main Services



Proteomics

단백체 분석



Single Cell Proteomics

단일세포 단백질체 분석



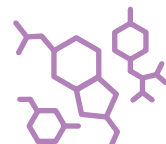
Targeted Proteomics

단백질 의약품 효능 평가 및 품질 관리



PTM

Post-Translational Modification 분석



Metabolomics

대사체 분석



Lipidomics

지질체 분석



Glycomics

당질체 분석

Key Features

- ✓ 전문 기관 협력을 통한 노하우 집약
- ✓ 최고 사양의 장비 및 최신 분석법 적용
- ✓ 고객 맞춤형 Bioinformatics 서비스
- ✓ 유전체, 전사체, 단백질체 통합 멀티오믹스 분석
- ✓ 철저한 품질 관리 및 신뢰도 높은 데이터 제공

Workflow

- ① 연구 컨설팅
연구 목적과 샘플 상태를 고려하여 맞춤 컨설팅을 진행합니다.
- ② 샘플 전처리 및 QC
샘플 품질을 정량적, 정성적으로 평가합니다.
- ③ LC-MS 분석
LC-MS 기술을 통해 성분분석을 수행합니다.
- ④ 데이터 분석
결과 데이터의 품질을 확인하고 고객에게 전달합니다.
- ⑤ 고객 커스텀 분석
멀티오믹스 분석 등 고객 맞춤형 심화 분석을 진행합니다.

(주)로킷제노믹스

ROKIT Genomics Inc.

☎ 1644-7203

✉ genomics@rokit.co.kr

🌐 www.rokitgenomics.com

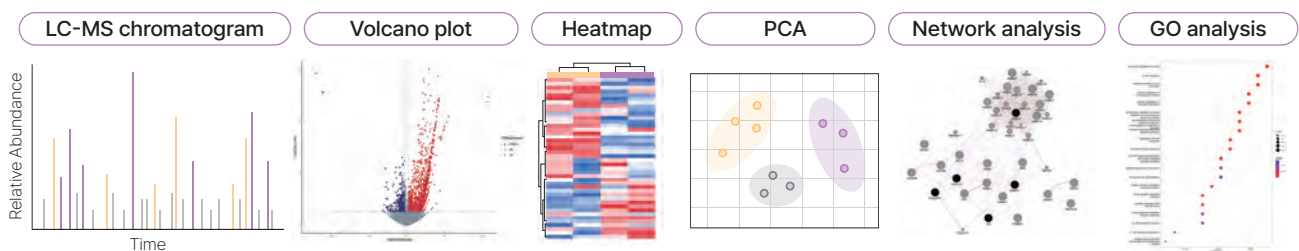
📍 서울특별시 금천구 디지털로10길 9, 12층

12F, 9, Digital-ro 10-gil, Geumcheon-gu, Seoul, 08514, Republic of Korea

Service Information

Service Overview	
Integrated Proteomics	전체 단백질의 동정과 정량적 변화 분석, 복잡한 생물학적 메커니즘 확인 가능
분석 방법	DIA: 모든 이온을 구간별로 분석, 정량 분석 및 비교 분석에 적합 DDA: 강한 이온을 선택해서 분석, 새로운 단백질 탐색에 유리
분석 결과	Protein identification/expression profiling, clustering, DEP, GO, pathway, network 등
Targeted Proteomics	100개 이하의 타겟 단백질을 높은 정확도로 분석, 의약품 유효성 검증 및 품질 관리 목적에 적합
분석 방법	MRM: 특정 fragment 이온 분석, 10개 이하 단백질 타겟, 높은 민감도와 정밀도 PRM: 모든 fragment 이온 분석, 100개 이하 단백질 타겟, 다양한 정보량의 고해상도 분석
분석 결과	Targeted protein quantification, method validation, on/off target, Host Cell Protein(HCP) 등
PTM	Post-Translational Modification, 번역 후 변형된 단백질 및 아미노산 정량 분석
분석 방법	Phosphorylation, glycosylation, methylation, acetylation, ubiquitination 등 분석
분석 결과	Modification site, PTM quantification, PTM motif discovery, pathway, network 등
Single Cell Proteomics	단일 세포 수준에서의 단백질 발현량 및 PTM 분석
분석 방법	Nanoliter acoustic dispensing으로 단일 세포 분리 후 전용 질량 분석기로 분석
분석 결과	Cell heterogeneity, clustering(PCA, UMAP), protein expression, DEP(cell type) 등
Metabolomics/Lipidomics	시료 내 존재하는 모든 대사산물과 지질의 동정 및 정량, 대사 경로 확인 가능
분석 방법	Untargeted: DIA/DDA 방법으로 수천 개의 대사체 동시 분석 Targeted: MRM 방법으로 타겟 대사체 분석, 표준물질과의 비교를 통해 정량
분석 결과	Metabolites/lipids identification/quantification, clustering, pathway, network 등
Sample & Platform Information	
Sample Requirements	BCA assay 기준 protein 100µg 이상, PTM enrichment 또는 depletion 진행 시 500µg 이상 필요 Cell: 2×10 ⁶ 개 Tissue: 30mg Serum/Plasma: 100µl Media: 5ml Gel: 1×1cm piece
Turn Around Time	QC 통과 후 proteomics/metabolomics/lipidomics 6~8주, PTM 12주, single cell proteomics 협의
Available Platforms	Single Cell Proteomics: cellenONE Liquid Chromatography: Ultimate3000, Vanquish Neo Mass Spectrometer: ZenoTOF, Exploris 480, Q-Exactive, TSQ Altis, HF-X, Bruker timsTOF

Data Analysis



※ 예시 분석 결과 외 커스텀 분석 또한 진행 가능합니다.