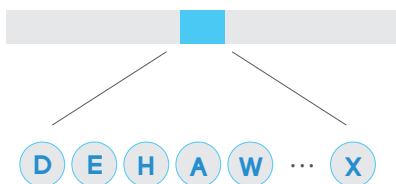


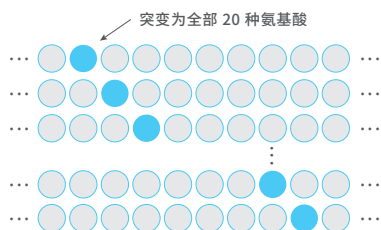
精准突变文库合成

分子优化(定向或随机)可改变原有蛋白的氨基酸序列, 生成改良或新型突变蛋白, 在调控序列识别、结构及功能关键残基识别等发挥重要作用。突变文库的设计合成是实现分子优化的重要手段, 广泛应用于抗体药研发, DNA/RNA疫苗研发, 基因治疗, 蛋白质工程等领域。基于mMPS分选原理的高通量合成技术可应用于高质量突变文库合成, 较传统方法能够实现单一序列的高产量合成, 并根据应用灵活定制交付形式(单条交付/混合交付)或简并碱基合成的需求。

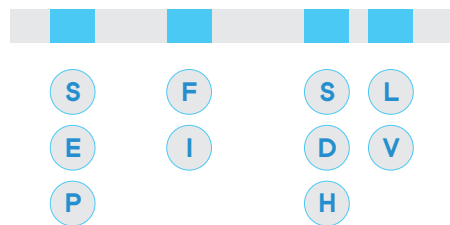
精准点饱和突变文库



精准扫描饱和突变文库



精准组合突变文库



服务优势



合成精准

可精准控制密码子合成比例, 避免非必要的突变体, 使后续的筛选和表征更加容易



文库均一性高

氨基酸分布均匀, 文库多样性高, 无特定的氨基酸不足或过度表达, 形成的无偏差文库可有效避免下游筛选偏差



文库覆盖度高

每一个突变位点都可突变为其他所有19种非野生型氨基酸, 确保100%覆盖度



合成载量高

单条寡核苷酸合成量达pmol级别, 文库无需扩增或酶切处理

应用案例

01 精准扫描饱和突变文库助力基因型与表型关联性研究

- 饱和突变扫描成为筛选突变体、蛋白定向进化等相关研究的高效手段,被广泛应用于基因-表型关联研究(科研)以及药物与基因靶点筛选(药物研发应用)。
- 为研究者提供目标基因区域(100-300 bp)的NNK点扫描饱和突变文库的合成,结构域比例可按需调整,简并碱基等比例分布,文库合成后通过高通量测序分析引入的32个密码子分布均匀性,结果显示各突变位点无明显密码子偏好,文库覆盖度达100%,助力客户下游基因型与表型关联性研究应用中的高效筛选。

更高的抑制剂耐受性

