

突变体文库定制服务

突变体文库是抗体工程、酶定向进化、药物靶点筛选以及基因治疗等研究领域中的核心工具。面对长序列、多位点、高多样性组合的复杂需求, 传统的构建技术常面临规模与质量的双重瓶颈。华大新一产通过技术创新, 成功突破这些挑战, 提供定制化的解决方案, 助力研究者在功能发现的边界不断前行。

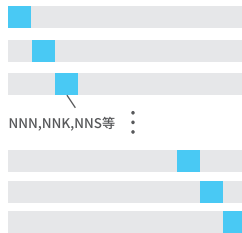
全类型定制文库解决方案

华大新一产提供多种类型的突变体文库定制服务, 满足不同的研究需求:

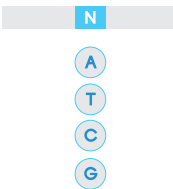
定点突变文库



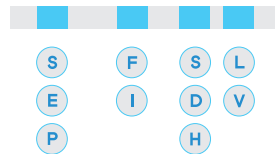
深度扫描饱和突变文库



简并突变文库



组合突变文库



Trimer突变文库

适配大肠杆菌、酵母体系的密码子表

K	N	T	I	M
AAA	AAC	ACT	ATC	ATG
Q	H	P	R	L
CAG	CAT	CCG	CGT	CTG
E	D	A	G	V
GAA	GAC	GCT	GGT	GTT
Y	S	W	F	C
TAC	TCT	TGG	TTC	TGC

服务流程



核心优势

文库质量高

- 高覆盖度(>99%)
- 分布均匀性好(≤10)

定制灵活

- 可定制化密码子分布率
- 可定制化氨基酸分布比率

准确性高

- 序列正确性高
- 错误率低至1:2000

交付形式



片段文库 合成片段干粉



克隆文库 质粒干粉或含质粒的甘油菌



标准交付量 >10 μg

如有其他定制需求, 欢迎联系技术支持或客户代表咨询。

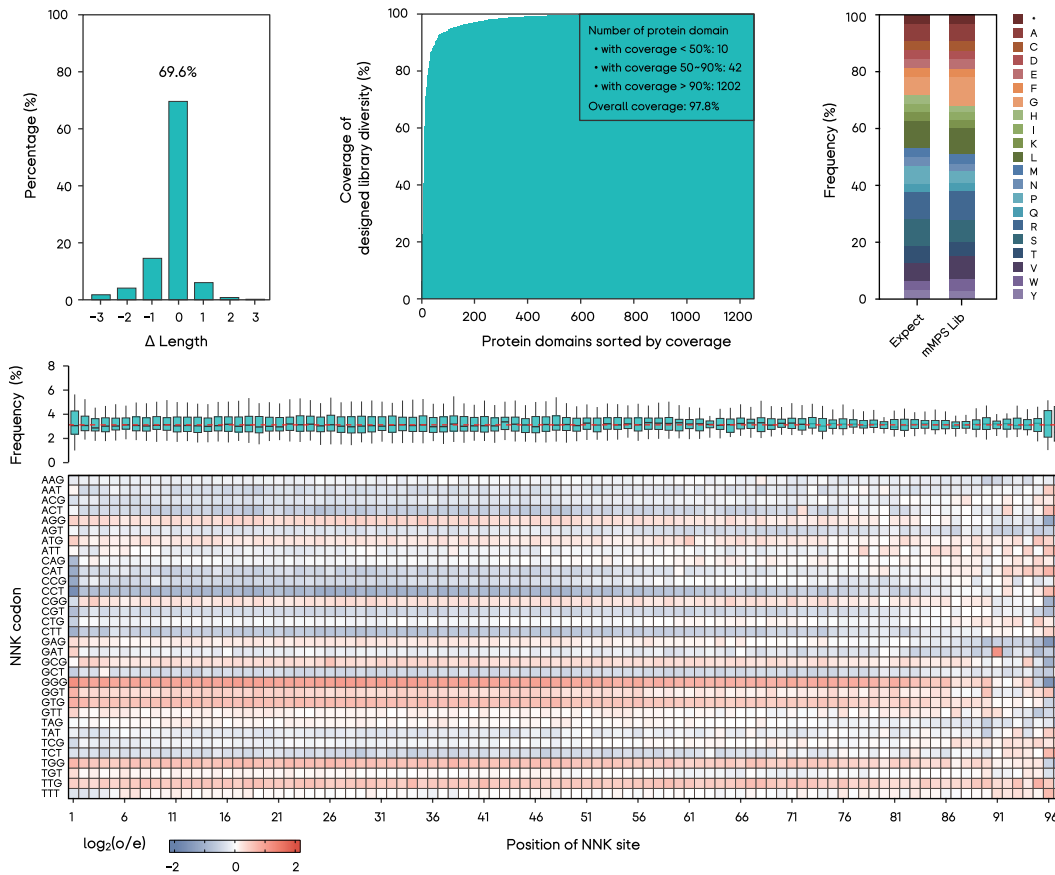
应用案例

01 大规模人类蛋白结构域突变研究

依托自主研发的mMPS高通量并行合成平台,我们与CRG合作成功构建了超120万种突变体的深度饱和突变文库,覆盖522个人类蛋白质结构域。文库质量优异:

- 密码子分布高度均一, 近似理论期望
- 克隆文库全长比例达70%
- 突变覆盖度高达98%

该文库支撑构建全球首个“Human Domainome 1”数据集, 成果于2025年1月8日发表在《Nature》, 揭示60%致病错义突变通过破坏蛋白稳定性实现致病, 深刻阐明了蛋白结构与变异功能的关联机制。



通过精确控制各NNK密码子分布, 我们实现了文库的高均一性与高多样性:



突变位点分布均匀:

各位点32种NNK密码子频率接近一致, 确保丰富多样的突变组合



频率接近理论分布:

最大化功能筛选效率



log₂(o/e)标准化评估:

实时监控并优化密码子偏差, 全面保障文库质量

图示展示了各位点NNK密码子频率分布, 验证了我们在文库构建过程中的精确控制与高品质输出。

参考文献

1. Beltran A, Jiang X, Shen Y, Lehner B. Site-saturation mutagenesis of 500 human protein domains. Nature. 2025: 1-10.
2. Zhang X*, Jiang X*. et al. Revolutionizing large-scale DNA synthesis with microchip-based massive in parallel synthesis system. <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2024.10.30.619547v1>.

