

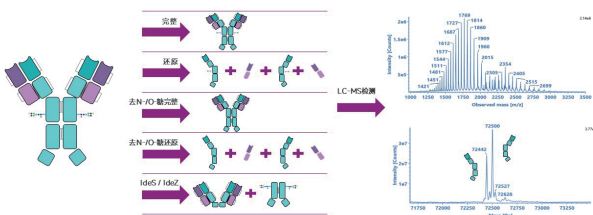


表征分析

汉腾生物表征平台有Waters Acquity H-Class & Xevo G2-XS和Thermo Vanquish & Q Exactive Plus高分辨质谱，搭配UNIFI、Xcalibur、Biopharma Finder、pGlyco、pLink等信息学分析软件，为各类生物大分子工艺开发和质​​量研究提供全面的表征分析。

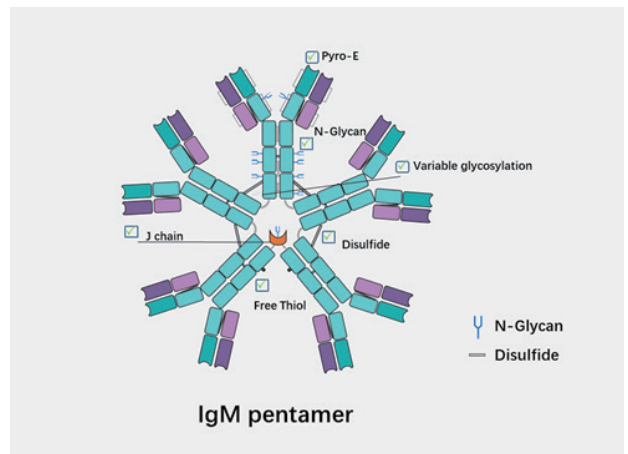
去N-/O-糖完整分子量、去N-/O-糖还原分子量检测，对蛋白分子量、主要糖型、以及主要翻译后修饰进行确证。

分子量



可覆盖多种类型蛋白，包括IgG、IgM、IgA、BsAb、重组蛋白、血液因子、融合蛋白、蛋白亚基疫苗、VLP等。提供蛋白完整分子量、还原分子量、

肽图和翻译后修饰



具备成熟的top-down、middle-down和bottom-up研究策略，能够解决来自真核、大肠和酵母等多种发酵

表征分析

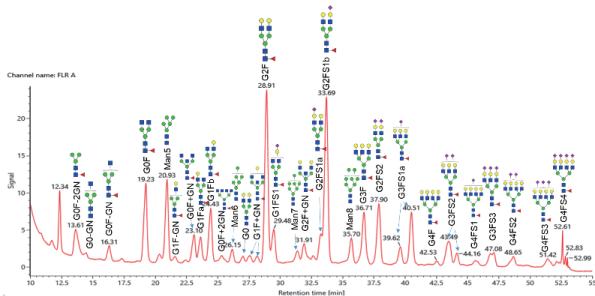
来源的各种翻译后修饰 (PTMs)，可提供定制化方法开发服务。

- 序列覆盖率
- 翻译后修饰
- N/C-端序列确认
- 序列变异分析
- 糖肽分析
- 糖基化位点修饰率
- 位点特异性糖基化分析

N/O-聚糖表征

整合In-silico预测、蛋白完整分子量、游离糖分析、唾液酸分析和糖肽分析等数据正交分析来全面反映蛋白糖基化程度，为克隆筛选、培养条件优化和纯化过程提供全面的糖基化关键质量属性 (GCQA) 信息，有助于加快药物研发进程，提升产品的有效性和安全性。

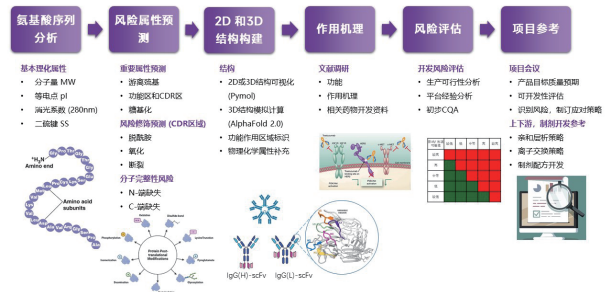
- HILIC-UPLC-FLR-MS糖型鉴定
- 唾液酸化、岩藻糖化、高甘露糖、末端半乳糖苷化、Gal α1-3 Gal等重要糖类型含量分析
- N/O-糖基化位点鉴定
- N-糖基化位点占有率分析，位点特异性糖型分析



In-silico 分析

In-silico分析利用生物信息学工具，能够快速获取分子量、等电点、消光系数、二硫键、游离巯基、糖基化等物理化学属性信息，同时也可以对潜在翻译后修

饰、聚集倾向、免疫原性进行预测，3D结构可视化有助于蛋白功能和作用机制的全面科学理解，结合平台经验形成可开发性评估，协助分子优化、上下游工艺、制剂开发尽早制订风险规避策略，确保在合理的成本和时间线内顺利通过CMC。



高级结构 (HOS)

高级结构(HOS)表征能够揭示大分子生物药的二级、三级、四级结构，结合一级序列，确保不同批次之间的一致性。该研究广泛应用于工艺放大、工艺变更、scale-down评估以及可比性研究。

- 圆二色谱(远/近紫外圆二色谱)
- 差示扫描量热法 (DSC)
- 荧光光谱
- SEC-MALS
- 动态光散射(DLS)
- 微流成像颗粒分析 (MFI)

