

질량분석 기반
오믹스 분석 서비스

PAN-OMICS ANALYSIS SERVICE & SOLUTION



BERTIS





PASS	2
OUR SERVICE	4
↳ PASS DISCOVER	
→ Blood Proteome	5
→ Tissue/Cell Proteome	6
→ Targeted Proteomics	8
↳ PASS DEVELOPER	
→ TPD/Exosome	9
→ HCP/ADC	10
PASS REPORT	11
FAQ	13


**질량분석기 기반
 오믹스 분석 서비스
 베르티스 PASS**

01

PASS

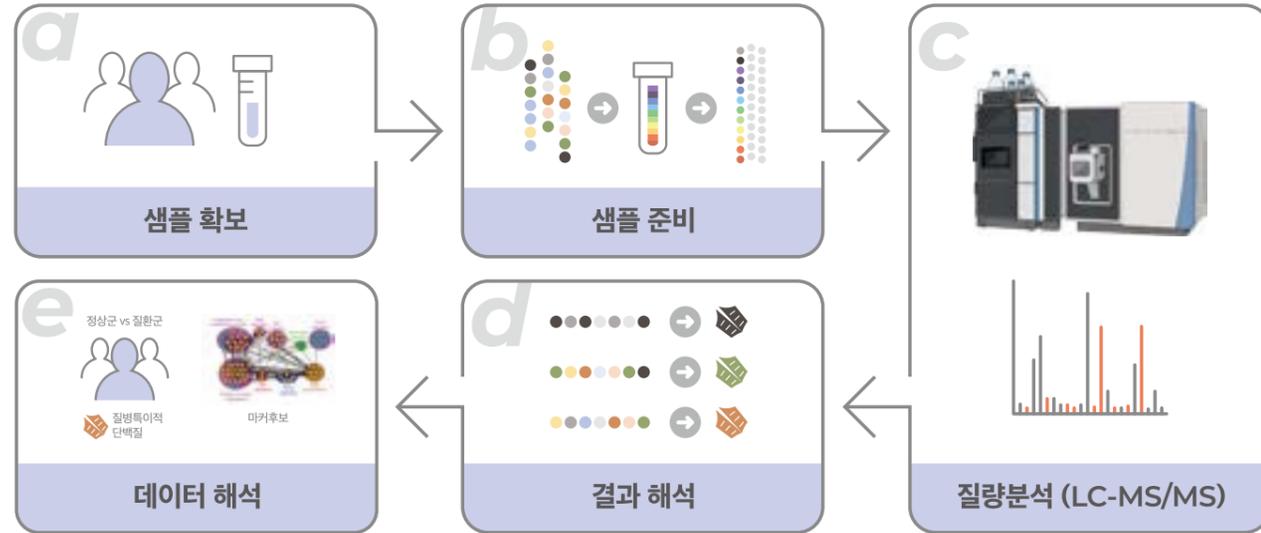
Pan-Omics Analysis Service & Solution

베르티스는 질량분석기 기반의 암 및 각종 주요질환에 대한 바이오마커 개발 및 상업화의 노하우와 최고 사양의 질량분석 장비를 기반으로 고객 맞춤형 단백질 분석 서비스를 제공합니다.



최첨단 단백질 질량분석 인프라

질량분석 경험과 마커 발굴 및 검증 경험이 축적된 전문 인력으로 구성된 PASS 센터는 표준화 된 질량분석, 데이터 QC 및 해석 플랫폼을 통해 단백질 분석 서비스를 제공합니다.



- a 샘플 확보 : 다양한 organism (human, mouse, plant, bacteria 등)의 시료 (biofluid, cell, tissue, EV 및 IP 등)
- b 샘플 준비 : 샘플 특성에 따른 전처리 방식 (in solution/gel digestion, labeling, fractionation, lipid extraction 및 PTM enrichment 등)
- c 분석 (LC-MS/MS) : 최신 분석 장비 (Orbitrap, Astral, timsTOF 등) 및 방식 (DDA, DIA, MRM 및 PRM) 활용
- d 결과 해석 : 목적에 맞는 결과 제공 (identification, quantification, interactome 및 PTM 분석 등)
- e 데이터 해석 : 목적에 맞는 데이터 해석 (DEP, GO/Pathway analysis, PPI analysis 등)

초고성능 질량분석 장비

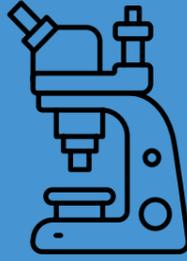
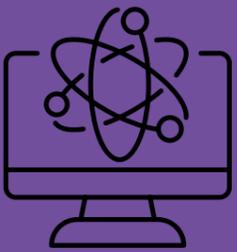
PASS 서비스는 Orbitrap Astral, Exploris 480, timsTOF SCP, Qtrap 6500+를 포함한 최고 사양의 질량 분석기를 통해 이루어집니다.

 <p>Thermo Fisher Scientific Orbitrap Astral</p> <ul style="list-style-type: none"> • Highest profiling capability • Spatial single-cell proteomics 	 <p>Thermo Fisher Scientific Orbitrap Exploris 480</p> <ul style="list-style-type: none"> • Deep profiling with isotope labeling • Post-translational modification (PTM)
 <p>Bruker timsTOF SCP</p> <ul style="list-style-type: none"> • Ultra sensitive analysis for low abundant proteins • Spatial single-cell proteomics 	 <p>Sciex QTRAP 6500+</p> <ul style="list-style-type: none"> • Highly reproducible peptide quantification through Multiple Reaction Monitoring (MRM) • Quantifying over 100 specific biomarkers in a single analysis

02

OUR SERVICE

식약처 가이드라인 맞춤형 학술 목적 (논문 등) 맞춤형

<p>RESEARCH SOLUTION</p>  <p>PASS DISCOVER</p> <p>연구를 지원하는 맞춤형 단백질 분석 솔루션으로, blood, tissue, cell 등 다양한 시료에서 단백질 분석을 수행합니다.</p>	<p>PROFILING (BLOOD / TISSUE / CELL)</p> <ul style="list-style-type: none"> ✓ Deep Profiling ✓ Depletion ✓ PTM ✓ Spatial Single-Cell Proteomics ✓ Olink Reveal ✓ Interactome
	<p>TARGETED PROTEOMICS</p> <ul style="list-style-type: none"> ✓ MRM / PRM ✓ Relative / Absolute Quantification
	<p>BIOINFORMATICS</p> <ul style="list-style-type: none"> ✓ DEP ✓ GO / Pathway Analysis
<p>TPD (TARGETED PROTEIN DEGRADATION)</p> <p>Target Degradation / Off-Target Analysis</p>	<p>INDUSTRIAL SERVICE</p>  <p>PASS DEVELOPER</p> <p>바이오 제품 개발 전 주기에 걸쳐 타겟 발굴, 평가 및 공정 상의 품질 관리까지 실질적이고 신뢰도 높은 데이터를 제공합니다.</p>
<p>EXOSOME</p> <p>Protein / Lipid / RNA Analysis</p>	
<p>HCP (HOST CELL PROTEIN)</p> <p>Individual HCP Quantification</p>	
<p>ADC (ANTIBODY-DRUG CONJUGATE)</p> <p>Multi-Enzyme <i>De Novo</i> Sequencing</p>	

RESEARCH SOLUTION
PASS DISCOVER →

BLOOD PROTEOME

DEEP PROFILING

✓ 혈액 단백체를 정밀하게 해석할 수 있는 고도화된 분석 플랫폼입니다.

In-house library: 1,796
Human Plasma Proteome: 710
Overlap: 3,330

Blood dynamic range
~10 orders of magnitude covered

DEPLETION

✓ 혈액 내 고농도 단백질 제거를 통해 혈장 또는 혈청의 매우 적은 양의 단백질까지 발굴합니다.

Antibody

항체를 이용하여 고농도 단백질 (Albumin, IgG 등)을 제거 (depletion)하여, 적은 양의 단백질까지 발굴합니다. (Human: 14 proteins depletion, Mouse: 3 proteins depletion)

MARS Column

SAX magnetic bead

SAX (Strong Anion Exchange) bead를 이용한 자동화된 저농도 혈액 단백질 분석이 가능합니다.

Mag-Net enriched blood
Mag-Net: 1,333
neat: 389
Overlap: 975

OLINK REVEAL (PROXIMITY EXTENSION ASSAY)

✓ Olink사 Reveal은 소량 혈액에서 천개 이상의 단백질을 발굴 할 수 있는 PEA (Proximity Extension Assay) 기반 플랫폼입니다.

✓ 질량분석 기반 단백질 프로파일링과 결합하면, 더 많은 혈액 단백질 정보를 확보할 수 있습니다.

RESEARCH SOLUTION
PASS DISCOVER →

TISSUE/CELL PROTEOME

DEEP PROFILING

✓ 자동화된 fractionation 기술 (COFFER)을 적용하여 펩타이드를 균일하게 분리, 높은 재현성과 민감도를 확보한 deep profiling이 가능합니다.

Deep Proteomic Profiling of Tumors

- In-house global
- Previous study globe
- In-house phospho

Cancer Pathway Coverage

PTM (POST-TRANSLATIONAL MODIFICATION)

✓ RNA 분석으로는 검출되지 않는 단백질의 다양한 PTM에 대한 분석을 제공합니다.

✓ Phosphorylation, Acetylation, Methylation, Ubiquitination, Glycosylation에 대한 정성 및 정량 분석이 가능합니다.

Phospho proteomics

HT-Dyrk1a-K1 P21 PTM-DEPs rescued by lithium

DAVID analysis P21

(Roh et al., 2025, Mol Psychiatry)

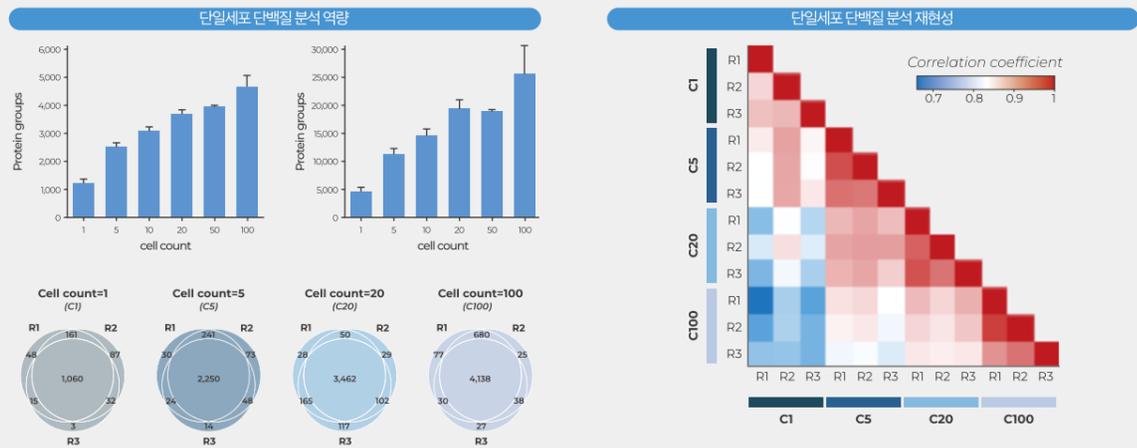
INTERACTOME

✓ 다양한 IP 방법 (Ab, tag 및 labeling 등)의 샘플을 질량분석하여 타겟 단백질 (bait)과 결합하는 단백질들 (interactome)을 동정 및 정량할 수 있습니다.

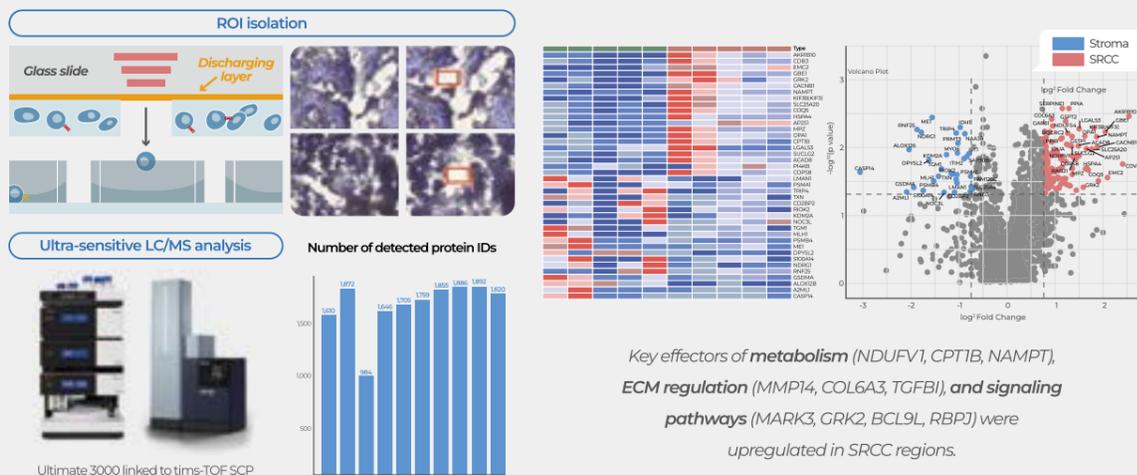
✓ 세포 내 신호 전달, 복합체 형성, 기능 조절 등 생물학적 매커니즘을 이해하는 데 필수적인 분석입니다.

SPATIAL SINGLE-CELL PROTEOMICS

- Single-Cell Proteomics 분석은 국내에서 유일하게 고감도 Astral 및 timsTOF SCP 질량분석 기술을 적용하여, 단일세포 수준의 단백질 분석 서비스를 제공합니다 (>1,000개 단백질)
- Cell line, In-vitro sample 및 Clinical tissue sample (FFPE)



- 위암 FFPE 시료에서 단일세포 수준의 ROI (Region of Interest)를 정밀하게 분리한 후, 각 ROI에서 1,500개 이상의 단백질을 안정적으로 검출했으며, 암세포와 주변 조직 간의 단백질 발현 차이를 명확히 구분할 수 있습니다.



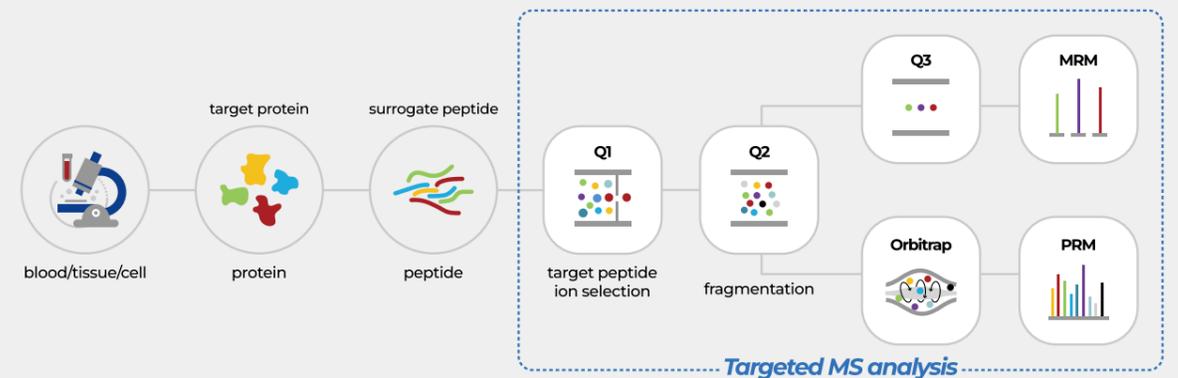
RESEARCH SOLUTION

PASS DISCOVER

TARGETED PROTEOMICS

TARGETED PROTEOMICS

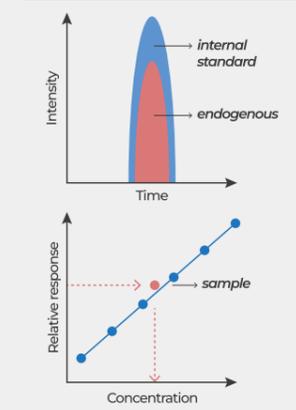
- 여러 개의 타겟 단백질을 한 샘플에서 동시에 측정하는 질량분석 기반 정량법으로, 타겟 peptide의 internal standard (IS)를 이용해 정확한 정량 결과를 제공합니다.
- MRM (Multiple Reaction Monitoring)과 PRM (Parallel Reaction Monitoring) 분석을 기반으로 식품의약품안전처의 「의약품등 분석법의 밸리데이션에 대한 가이드라인」을 충족하는 재현성 있는 (CV < 15%) 결과 및 분석법을 제공합니다.



WORKFLOW



Absolute quantification



Method validation

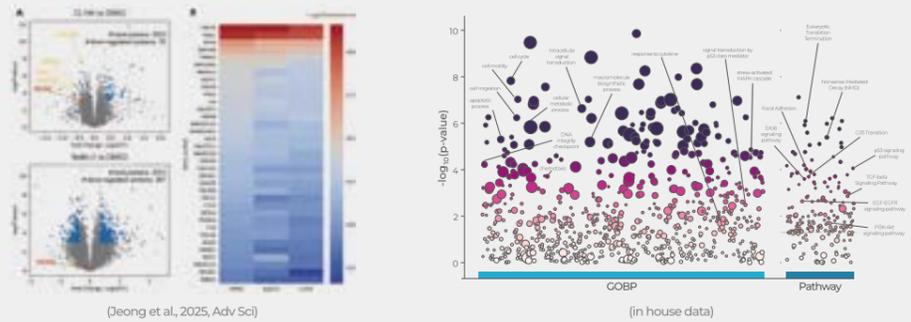
항목	Item	
1	선택성	Selectivity
2	특이성	Specificity
3	검량선	Calibration curve
4	캐리오버	Carry-over
5	희석 타당성	Dilution integrity
6	정확성 및 정밀성	Accuracy & Precision
7	생체시료 효과	Matrix effect
8	안정성	Stability

INDUSTRIAL SERVICE
PASS
DEVELOPER →

TPD / EXOSOME / HCP / ADC

TPD (TARGETED PROTEIN DEGRADATION)

- ✓ 질량분석을 통해 정량적 타겟 분해 (Targeted Protein Degradation) 정도와 하위 pathway 단백질의 변화를 정량적으로 평가합니다.
- ✓ 오프타겟 (off-target) 단백질 변화 분석을 통해 TPD 기반 후보 물질 최적화에 필요한 데이터를 제공합니다.

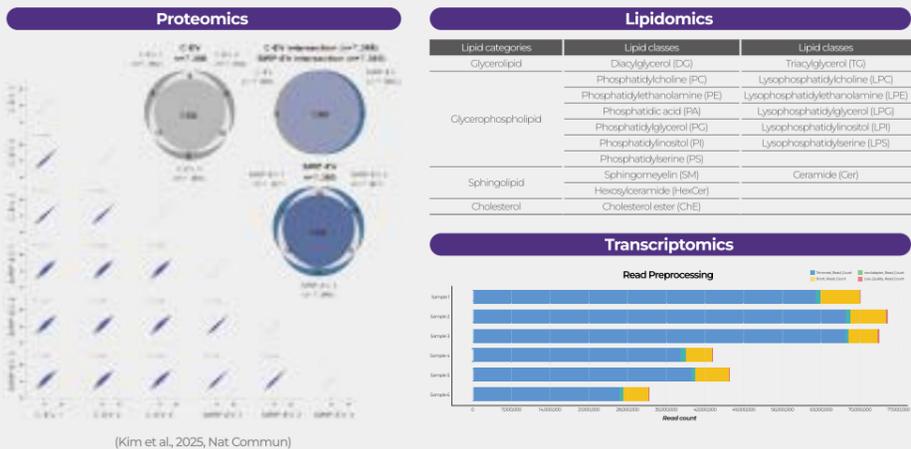


EXOSOME

MULTI-OMICS PACKAGE

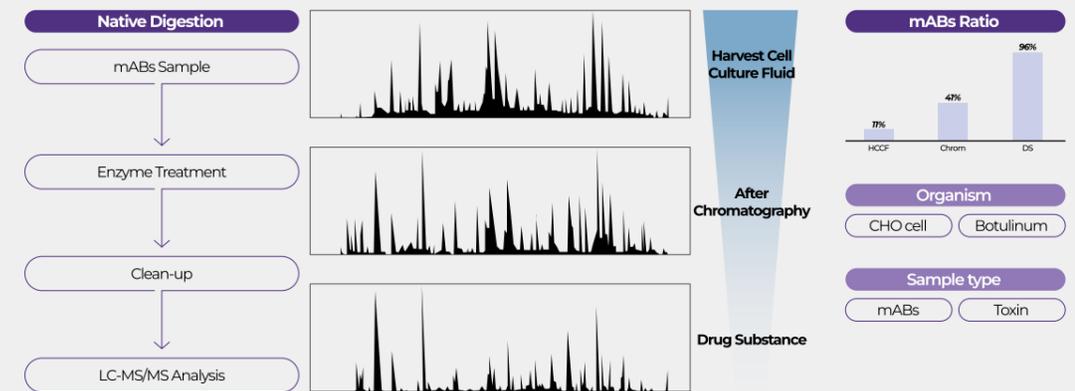
Proteomics — Lipidomics — Transcriptomics

- ✓ 식약처 가이드라인에 부합하는 exosome 치료제의 품질 관리 (CMC)를 지원하기 위해 설계된 통합 분석 서비스입니다.
- ✓ Package 통합분석을 통해 동등성 확인, 불순물 평가, 제조공정 간 일관성 검증 등 품질 특성에 대한 데이터를 제공합니다.



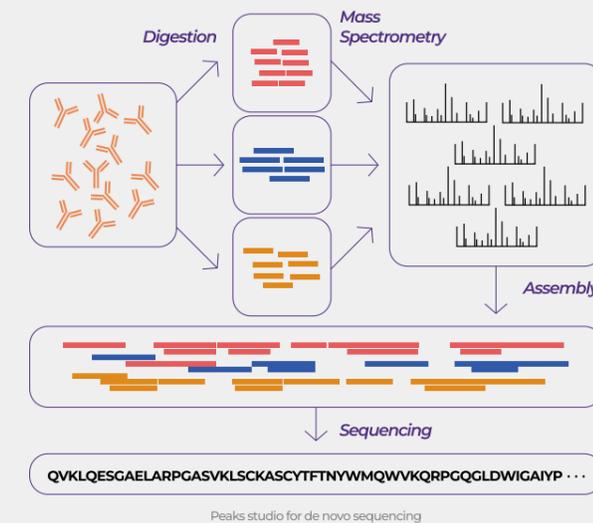
HCP (HOST CELL PROTEIN)

- ✓ ADC 및 세포치료제 등 신약생산 공정과정에 필수적인 순도 평가를 위해 질량분석 기반의 정량 분석 서비스를 제공합니다.
- ✓ 기존의 항체 기반의 HCP 정량측정에 비해, 당사의 질량분석 기반의 semi, absolute quantification는 개별 HCP를 동정 및 정량하고, 식약처 기준에 부합하는 신뢰성 높은 정밀한 데이터를 제공합니다.



ADC (ANTIBODY-DRUG CONJUGATE)

- ✓ 항체 신약 개발에 핵심적인 CDR (Complementarity Determining Region) 서열 분석과 효능 평가를 포함한 통합 분석 서비스를 제공합니다.
- ✓ Multi enzyme (5종), Ile/Leu 구분 가능한 질량분석기 및 de novo sequencing 특화 프로그램을 통하여 정확한 데이터를 제공합니다.



03

ANALYTICAL RESULT PASS REPORT



- ✓ 별도의 소프트웨어 설치 없이 바로 확인 가능한 통합 분석 HTML 리포트 제공
- ✓ Data QC, Data Exploration, DEA 등 주요 분석 결과를 한눈에 확인 가능
- ✓ 연구자 친화적 Interactive 인터페이스로 직관적이고 효율적인 데이터 탐색 지원
- ✓ 결과 Table (.csv)과 수정 가능한 Figure (.svg) 다운로드 제공

DATA QUALITY CONTROL

실험 및 데이터의 Quality를 직관적으로 확인하고, 다양한 분석 단계별 QC 결과를 함께 제공



DATA EXPLORATION

Data의 특성을 빠르게 탐색할 수 있는 분석 결과 제공

PROTEIN EXPRESSION

관심 있는 단백질 발현량 확인.

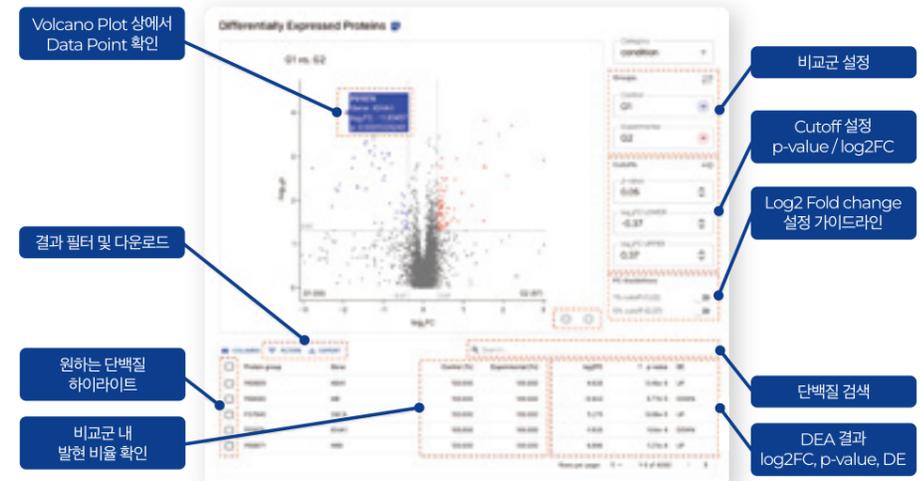


DOWNSTREAM ANALYSIS

연구자 친화적 인터페이스로 손쉬운 Differential Expression 결과 탐색 가능.

DIFFERENTIAL EXPRESSION ANALYSIS (DEA)

DEA 결과 시각화 및 threshold manual 조정 가능.



OVER-REPRESENTATION ANALYSIS (ORA)

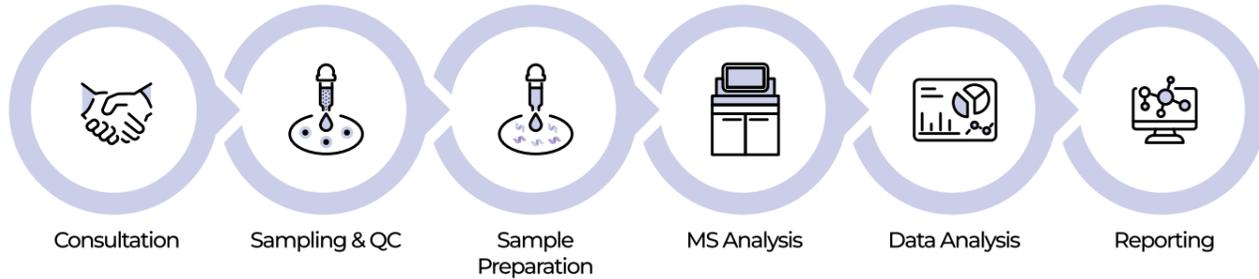
g:Profiler API를 연동한 ORA 분석으로, DEA 결과에서 선택된 단백질들의 GO 및 Pathway 분석을 손쉽게 수행



04

FAQ SAMPLING & QC / SAMPLE PREPARATION

WORKFLOW



Q 샘플 준비 시 필요한 양은 얼마인가요?

최소 100 ug (1ug/uL 이상의 농도) 이상이 필요하며, 샘플의 양과 상태에 대해서는 반드시 사전 상담이 필요합니다.

Q 샘플은 어떻게 전달하면 되나요?

Cell, Cell media, Tissue, Serum / Plasma는 스티로폼 박스에 드라이아이스를 동봉하여 발송해 주시면 됩니다.
Gel의 경우 포장 후 아이스팩을 동봉하여 발송해 주셔야 합니다.

Q 단백질의 양에 대한 QC는 어떻게 진행되나요?

샘플을 lysis한 후, BCA assay를 이용하여 측정하고, digestion 후 peptide 상태에서도 측정합니다.

Q 샘플 준비 (SAMPLE PREPARATION)는 고객이 진행하나요?

일반적으로 아래 표와 같은 시료를 보내주시면, 베르티스 PASS 센터에서 질량분석에 맞는 형태로 전처리를 진행합니다.

시료 유형	필요량	보관형태	비고
Cell	1x10 ⁶ cells	-20°C, -70°C	Cell pellet 상태로 준비 (Lysate 형태이면 상담 필요)
Cell media	20 ml 이상	-20°C, -70°C	농축 과정 필요 (FBS Free)
Tissue	20 mg 이상	-20°C, -70°C	수득률 → 약 3-5%
Serum/Plasma	100 ml 이상	-20°C, -70°C	Depletion 필요 시 추가 금액 발생
Gel	CBB, Silver staining	냉장	Gel이 마르거나 얼지 않게 준비
Exosome	1 x 10 ¹¹ particles	-70°C	Buffer volume 확인
IP sample	Elute 15 ug 이상	-70°C	Elution buffer 조성 확인

FAQ MS ANALYSIS / DATA ANALYSIS / REPORTING

Q LC-MS / MS 분석은 어떻게 진행되나요?

Profiling을 기준으로 아래 프로세스로 진행됩니다.

- 01 Lysis : Urea, Guanidine을 이용하여 단백질을 denaturation
- 02 Reduction & Alkylation : DTT (reduction), IAA (alkylation) 사용
- 03 Digestion : Trypsin, LysC 사용
- 04 Labeling & fractionation (상대 정량시)
: TMT labeling 후 complexity 감소를 위하여 fractionation (12 or 24 fractions)
- 05 LC-MS/MS analysis : 200 min/1 run
- 06 Data analysis

Thermo Scientific Orbitrap Exploris 480 & Orbitrap Astral	Thermo Scientific HF-X	Sciex Triple Quad 6500+	Thermo Scientific Orbitrap Astral & Bruker timsTOF
Profiling, TPD, Exosome	Interactome, HCP, PRM, Lipidomics	Targeted Proteomics	Single-Cell Proteomics

Q 어떤 결과들이 제공되나요?

실험 목적에 맞게 아래의 정보들이 제공되며, 이 외 추가로 필요한 정보들은 사전 상담을 통해 논의 가능합니다.

- 01 단백질 정성 또는 정량 정보가 포함되어 있는 matrix (excel 파일)
- 02 샘플 정보, 실험 방법 및 결과 보고서 (word 또는 pdf 파일)
- 03 데이터 보고서 (html 파일)
- 04 MS raw file, search results 및 database (논문용, 클라우드 download)

Q 얼마나 걸리나요?

- ✓ 기본 분석 (deep profiling)을 기준으로 시료 수령 후 8주 이내가 소요됩니다.
- ✓ 전처리 (depletion, PTM enrichment) 등의 추가 서비스는 2주 정도 더 소요됩니다.
- ✓ MRM / PRM 분석은 peptide 합성은 외주를 통해서 진행되며 약 4주가 더 소요됩니다.
- ✓ PASS센터는 분석 결과를 더 빠르게 전달하기 위하여 최선의 노력을 하고 있습니다.



CONTACT
PASS 서비스 문의
✉ pass@bertis.com
☎ 031-717-0511

Through **PASS** to **PATH**

PASS는 15년 이상의 단백질체학 (Proteomics) 경험을 보유한 전문 연구진과 생물정보학 (Bioinformatics) 데이터 분석 역량을 토대로 제공되는 질량분석 기반 오믹스 분석 솔루션입니다.

베르티스는 팬오믹스 (Pan-omics, 다차원-오믹스) 분석 기술 노하우와 원천기술을 확보하고 있으며, 오믹스 분석이 적용가능한 모든 분야에 대한 솔루션을 제공합니다.

PASS를 통해 연구의 설계 단계부터 결과 해석 및 시각화에 이르는 전 과정에서 베르티스의 전문 인력과 최첨단 장비를 활용하실 수 있습니다.

PASS

(주)베르티스 **PASS** 센터 | 경기도 과천시 과천대로 7길 33, B동 301호