

質量分析 サービス&製品 カタログ

受託解析サービス
バイオインフォマティクスソフトウェア
試薬・消耗品

SERVICE

受託解析サービス

フィルジェンでは、タンパク質、ペプチド、代謝物、脂質などを様々な質量分析手法を用いて解析するサービスを提供しています。ヒトやマウスの他、様々な動物や植物などの生物種で解析を実施いたします。細胞、組織、血液、尿など、幅広いサンプルタイプにも柔軟に対応しています。

PROTEOMICS / PEPTIDOMICS

プロテオミクス

タンパク質同定解析サービス
タンパク質配列マッピング解析サービス
タンパク質量測定解析サービス (インタクトタンパク質の質量分析)
Valens™ 抗体シーケンス受託解析サービス
SILAC タンパク質発現・相対定量解析サービス
iTRAQ / TMT プロテオーム解析サービス
バイオインフォマティクス解析 (プロテオミクス)
免疫沈降 (IP) プロファイリング受託解析サービス
TrueDiscovery® HRM-MS 血漿バイオマーカーディスカバリー受託解析サービス
PTM-Plus 翻訳後修飾プロファイリング受託解析サービス

--- P3.
--- P4.
--- P5-6.
--- P7-8.
--- P9-10.
--- P11.
--- P12.
--- P13.
--- P14.
--- P15-16.

PEPTIDOMICS / NUCLEIC ACID MODIFICATION

ペプチドミクス / 核酸修飾

ペプチドーム解析サービス
LC-MS tRNA/mRNA 修飾受託解析サービス

--- P17.
--- P18.

METABOLOMICS / LIPIDOMICS

メタボロミクス / リピドミクス

包括的メタボローム解析サービス
標的メタボローム解析サービス
包括的リピドーム解析サービス
標的リピドーム解析サービス
バイオインフォマティクス解析 (メタボロミクス / リピドミクス)
超ハイスループット代謝物プロファイリング受託解析サービス

--- P19.
--- P20.
--- P21.
--- P22.
--- P23-24.
--- P25-26.

SOFTWARE

バイオインフォマティクス・ソフトウェア

フィルジェンでは、プロテオミクス、メタボロミクス、タンパク質特性解析など、様々なフィールドで活用できる質量分析データの解析用ソフトウェアを販売しています。DIA プロテオミクスや MAM (Multi-Attribute Method) などの最新のアプリケーションにも対応し、質量分析データのバイオインフォマティクス解析を強力にサポートします。

バイオ医薬品特性解析ソフトウェア - Byos	---	P27.
修飾ペプチド・タンパク質同定用ソフトウェア - Byonic	---	P28.
LC/MS・GC/MS 解析ソフトウェア - MsXelerator	---	P29.
GC/MS 解析ソフトウェア - GC-Analyzer / GCxGC-Analyzer	---	P30.
DIAプロテオミクスソフトウェア - Spectronaut	---	P31.
プロテオミクスソフトウェア - SpectroDive / SpectroMine	---	P32.

REAGENT

試薬・消耗品

フィルジェンでは、質量分析におけるタンパク質の抽出および精製キット、1000 種類以上の代謝物ライブラリー、高品質スタンダードなどの試薬・消耗品を販売しています。

MALDI HIPLEX MSI用試薬 - Miralys™ 抗体プローブ	---	P33-34.
血中タンパク質定量解析用ペプチドキット / QC 用 iRT ペプチドキット	---	P35.
低分子化合物 高品質ライブラリー	---	P36.
LC-MS プロトコル QC 用試薬 - DIGESTIF	---	P37.
精製用磁気ビーズ - MagReSyn® シリーズ	---	P38.

タンパク質同定解析サービス

概要

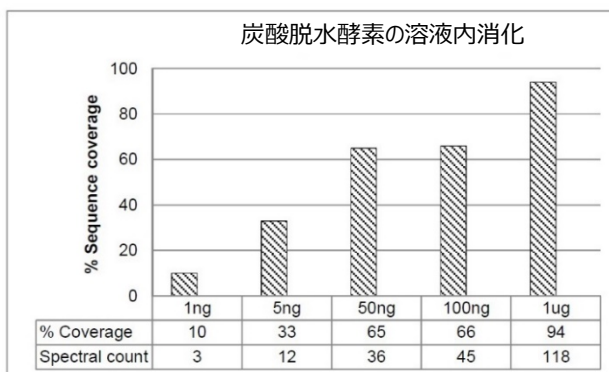
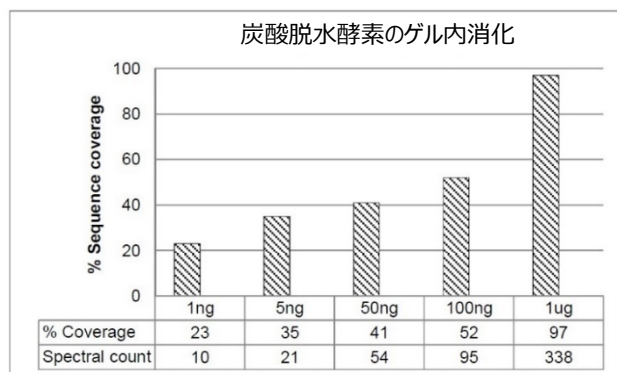
本サービスは、ゲルバンドおよびゲルスポット、または溶液中のタンパク質同定が可能です。ゲルバンドやゲルスポット内のタンパク質同定解析はあらゆるタイプのゲルマトリックスに対応しています。溶液からの解析では、バッファバックグラウンド（水または揮発性塩など）を含む溶液は、直接トリプシン消化を行うことができますが、より複雑なバックグラウンド（界面活性剤、不揮発性の塩、グリセロールなど）を含む溶液の場合は、サンプル分析を容易にするための追加のクリーンアップ工程を必要とします。

解析のワークフロー

本解析では、タンパク質を消化し、得られたペプチドを LC-MS/MS により解析します。ペプチドは、質量分析計において断片化され、コンピュータアルゴリズムを用いて、タンパク質配列データベースと一致する MS パターンを取得することで同定されます。

1. サンプル調製：還元 / アルキル化、およびトリプシン消化
2. サンプルの分離と分析：LC および MS/MS (nanoLC-MS/MS 解析)
NanoAcquity HPLC (Waters) システムと接続した Orbitrap Velos Pro (Thermo Fisher Scientific) を使用
3. データ解析：Mascot を使用したタンパク質同定、Scaffold ソフトウェアを使用したタンパク質の視覚化および検証

配列カバレッジ



サンプル条件

SDS-PAGE バンド / 2D ゲルスポット

単一タンパク質において ≥ 1 ng
(ゲルバンド： $\sim 1 \times 5$ mm、ゲルスポット： $\sim$ 直径 2 mm)

組み換えタンパク質または精製タンパク質溶液

総タンパク質量 ≥ 10 μ L (1 μ g/ μ L)

※いずれのサンプルも対象生物種をお知らせください。

※銀染色されたゲルバンド/スポットでご準備いただく場合は、染色試薬の組成により使用できないものがございますので、あらかじめご注意ください。

※溶液でご準備いただく場合は、界面活性剤、グリセロールおよび不揮発性の塩の使用はできるだけ避けてください。

溶液のクリーンアップが必要な場合は、追加料金が発生する場合がありますので、あらかじめご了承ください。

納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
 - ・定性および定量的なタンパク質同定データを含んだデータリスト (Excel 形式)
 - ・独自のデータマイニングが可能な Scaffold ファイル (sf3 形式)
- ※Scaffold ファイルはフリーソフトウェア「[Scaffold Viewer](#)」を用いて閲覧できます。

サービス名	サンプルタイプ	数量	カタログ#
タンパク質同定解析サービス	ゲル	1 サンプルから受注受付	F-MSB01-[サンプル数]
	溶液		F-MSB02-[サンプル数]

タンパク質配列マッピング解析サービス

概要

本サービスは、LC-MS/MS 分析において、3種の酵素（トリプシン、キモトリプシン、およびエラスターゼ）を用いて、サンプル処理を行い、それぞれの酵素処理によるデータおよび 3 種のデータを合わせたデータによってペプチド同定とタンパク質配列決定を行います。このアプローチにより、タンパク質の同定効率を最大限に高めることができます。

解析のワークフロー

本解析は、サンプルのプロテアーゼによる消化の作業が異なるのみで、基本的には、「タンパク質同定解析サービス」と同様の作業工程にて解析を実施いたします。

1. サンプル調製：還元 / アルキル化、およびプロテアーゼ消化(トリプシン、キモトリプシン、エラスターゼの 3 種類を使用)
2. サンプルの分離と分析：LC および MS/MS (nanoLC-MS/MS 解析)
NanoAcquity HPLC (Waters) システムと接続した Orbitrap Velos Pro (Thermo Fisher Scientific) を使用
3. データ解析：Mascot を使用したタンパク質同定、Scaffold ソフトウェアを使用したタンパク質の視覚化および検証

配列確認例

以下は、GST-MAPK3 の解析例です。3 つの酵素（トリプシン、キモトリプシン、エラスターゼ）からの解析データを組み合わせたデータを取得することができ、その配列のカバレッジは 100 %となっています。

GST-MAPK1 (100%), 69,796.2 Da

GST-MAPK1

638 unique peptides, 863 unique spectra, 1948 total spectra, 609/609 amino acids (100% coverage)

MSPILGYWKI	KGLVQPTRL	LEYLEEKYEE	HLYERDEGDK	WRNKKFELGL	EFPNLPYYID
GDVKLTQSM	IIRYIADKHN	MLGGQPKERA	EISMLEGAVL	DIRYGVSRIA	YSKDFETLKV
DFLSKLPML	KMFEDRLCHK	TYLNGDHVTH	PDFMLYDALD	VVLYMDPMCL	DAFPKLVCFK
KRIEAIQID	KYLKSSKYIA	WPLQGWQATF	GGGDHPPKSD	LVPRGSPGIP	MAAAAAAGGG
GGEPRRTTEGV	GPGVPGEVEM	VKGQPFVDVGP	RYTQLQYIGE	GAYGMVSSAY	DHVRKTRVAI
KKISPFHEQT	YQRTLRLEIQ	ILLRFRHENV	IGIRDILRAS	TLEAMRDVYI	VQDLMETDLY
KLLKSQQLSN	DHICYFLYQI	LRGLKYIHSA	NVLHRDLKPS	NLLINTTCDL	KICDFGLARI
ADPEHDHTGF	LTEYVATRWF	RAPEIMLSK	GYTKSIDIWS	VGCILAEMLS	NRPIFGKHY
LDQLNHLGI	LGSPSQEDLN	CIINMKARNY	LQSLPSKTKV	AWAKLFPPKSD	SKALDLLDRM
LTFNPNKRIT	VEEALAHPLY	EQYYDPTDEP	VAEEPFTFAM	ELDDLPKERL	KELIFQETAR
FQPGVLEAP					

サンプル条件

SDS-PAGE バンド / 2D ゲルスロット

1 サンプルあたりターゲットを含む 3 つのゲルバンドが必要
各バンドに ≥ 500 ng の標的タンパク質が含まれている必要がある
(ゲルバンド： $\sim 1 \times 5$ mm、ゲルスロット： $\sim$ 直径 2 mm)

組み換えタンパク質または精製タンパク質溶液

標的タンパク質量 $\geq 15 \mu\text{g}$

※いずれのサンプルも対象生物種をお知らせください。

※銀染色されたゲルバンドスロットでご準備いただく場合は、染色試薬の組成により使用できないものがございますので、あらかじめご注意ください。

※溶液でご準備いただく場合は、界面活性剤、グリセロールおよび不揮発性の塩の使用はできるだけ避けてください。

溶液のクリーンアップが必要な場合は、追加料金が発生する場合がありますので、あらかじめご了承ください。

納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
- ・定性および定量的なタンパク質同定データを含んだデータリスト (Excel 形式)
- ・独自のデータマイニングが可能な Scaffold ファイル (sf3 形式)

※Scaffold ファイルはフリーソフトウェア「[Scaffold Viewer](#)」を用いて閲覧できます。

サービス名	サンプルタイプ	数量	カタログ#
タンパク質配列マッピング解析サービス	ゲルまたは溶液	1 サンプルから受注受付	F-MSB03-[サンプル数]

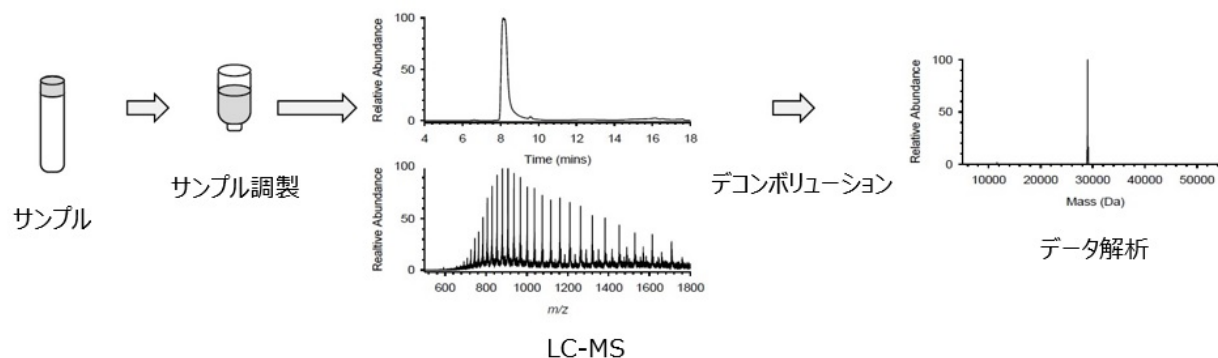
タンパク質質量測定解析サービス (インタクトタンパク質の質量分析)

概要

本サービスは、タンパク質のサンプル処理をほとんど、または全く行わずに生体分子の分子量を決定することができるトップダウン型のプロテオーム解析サービスです。高純度のサンプルが必要ですが、大きな生体分子の質量を決定することもでき、また、抗体の分子量を確認するだけでなく、分子のグリコシル化状態の評価にも利用できます。

解析のワークフロー

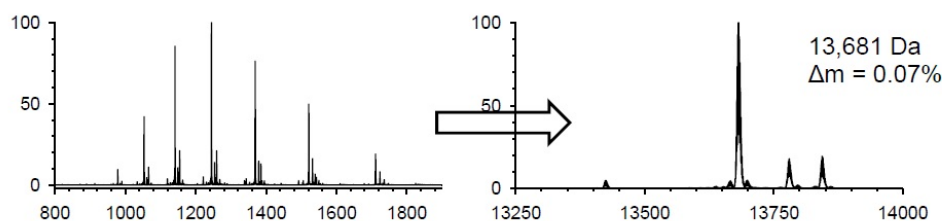
本解析は、以下の内容で作業を実施しています。



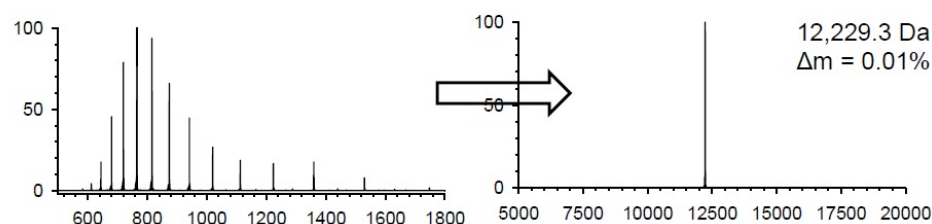
1. サンプル調製：ご提供頂いたサンプルの希釈またはバッファー交換等

2. 質量分析：LC-MS/MS

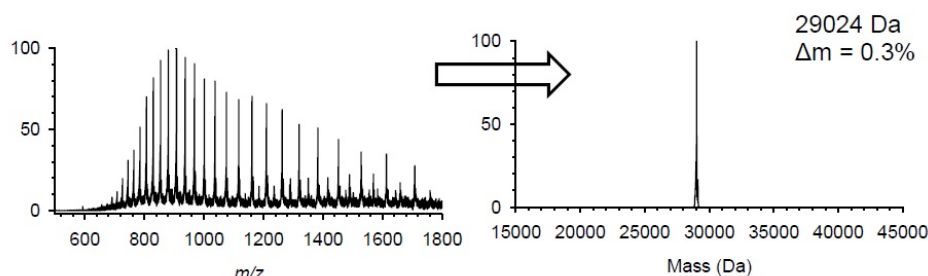
タンパク質質量スペクトル/質量測定データ例



Ribonuclease A



Cytochrome C



Carbonic anhydrase

3. データ解析：Thermo BioPharma Finder を使用したデータ解析

4. レポート作成

タンパク質質量測定解析サービス (インタクトタンパク質の質量分析)



● 質量測定の解析例

以下の例では、治療用抗体をインタクトな状態で測定した結果を示しています。まず、高い塩濃度および界面活性剤マトリックスの状態の抗体サンプルのクリーンアップを行い、Q Exactive 質量分析計 (Thermo Fisher Scientific) に接続されたフェニルカラム (Waters MassPREP Micro Desalting Column P/N 186004032) を使用して、2 μ g の洗浄済みサンプルを LC-MS で分析し、分析データは、MagTran バージョン1.3で処理されています。観測されたシグナル(デコンボリューションされたスペクトル内のアスタリスクでマークされたものは、計算された質量と比較して非常に精度の高い分析結果を実現しています。計算された質量値の詳細は以下の通りです。

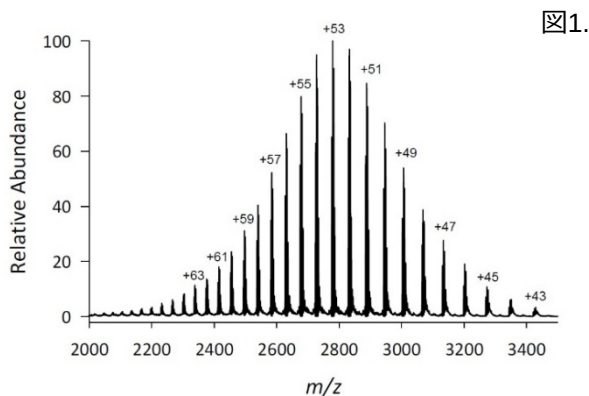


図1.

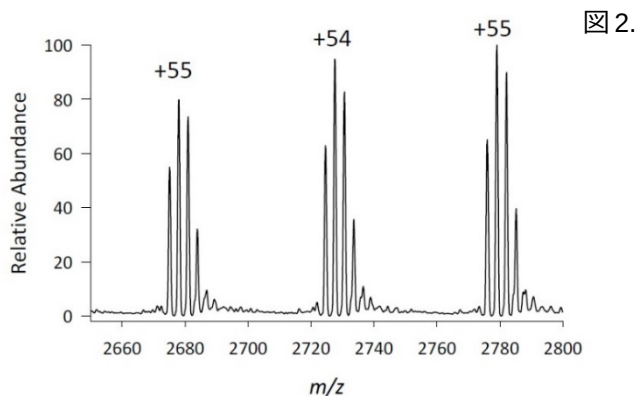


図2.

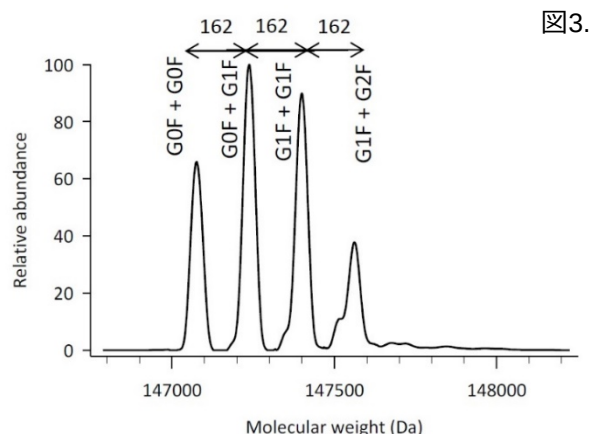


図3.

図1. インタクトな抗体の質量スペクトル

図2. 抗体の質量スペクトルの拡大図

図3. インタクトな抗体のデコンボリューションされた質量スペクトル

● サンプル条件

組換えタンパク質または精製タンパク質溶液

全溶液中タンパク質が 1 μ g 以上

※サンプルの対象生物種をお知らせください。

※界面活性剤、グリセロールおよび不揮発性の塩の使用はできるだけ避けてください。

溶液のクリーンアップが必要な場合は、追加料金が発生する場合がありますので、あらかじめご了承ください。

● 納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
- ・定性および定量的なタンパク質同定データを含んだデータリスト (Excel 形式)

サービス名	数量	カタログ#
タンパク質質量測定解析サービス	1 サンプルから受注受付	F-MSB04-[サンプル数]

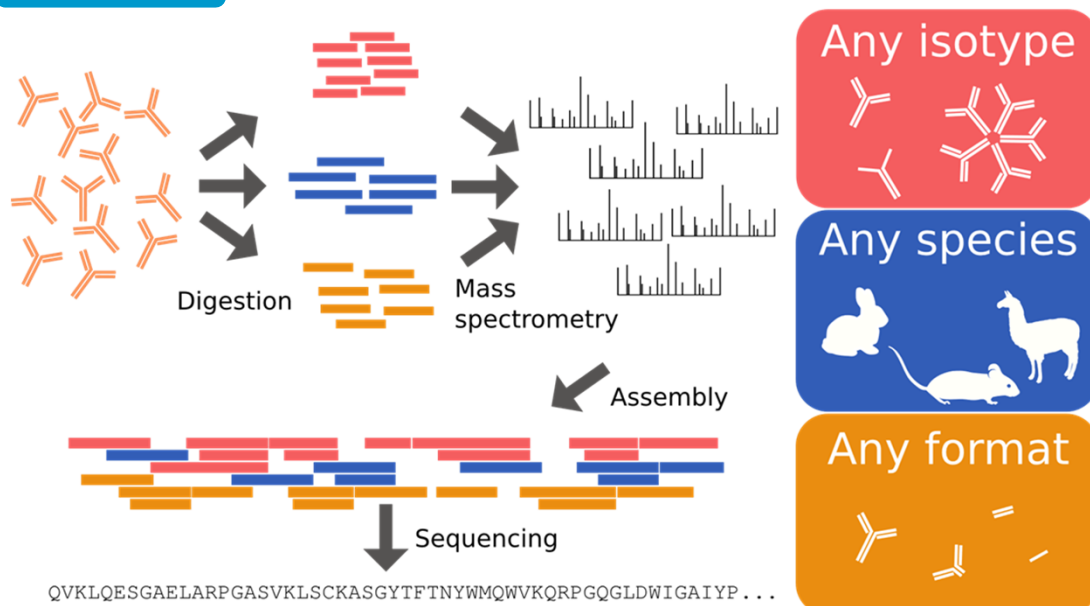
Valens™ 抗体シーケンス受託解析サービス



概要

本サービスは、インフォマティクスと質量分析を使用して、両方の抗体鎖の完全なアミノ酸配列を再構築する抗体リシーケンスサービスです。独自の技術を使用して、ソース細胞が失われたときにモノクローナル抗体のシーケンスを行います。ソースとなる DNA/RNA が利用できない場合に、プロテオミクスの技術を使用して、モノクローナル抗体の全長アミノ酸配列を決定します。マウスやラット、ヒト、ハムスターなどの複数の種の抗体や、IgG や IgM を含む複数のアイソタイプへのアプローチに成功しています。抗体フラグメントのシーケンスにも利用することができます。

解析のワークフロー



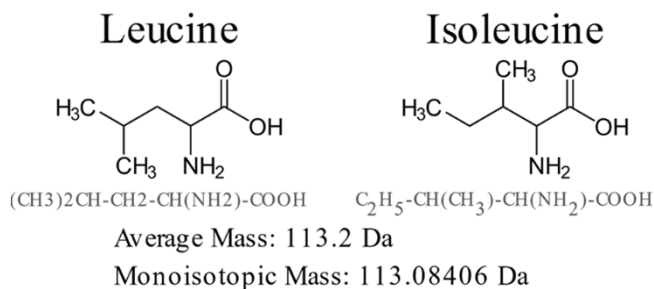
1. 還元ゲルを使用し、抗体の重鎖と軽鎖を分離し、ゲルバンド切り出し
2. 得られたゲルバンドの還元およびアルキル化
3. サンプルを 4 種類のプロテアーゼ (トリプシン、キモトリプシン、エラスターゼ、ペプシン) で消化
4. 得られたペプチドを nanoLC-MS/MS で分析
5. NanoAcquity HPLC システム (Waters社) を備えた Orbitrap Fusion Lumos トライブリッド質量分析計 (Thermo Fisher Scientific社) を使用
6. 取得されたタンデム質量スペクトルから、Valens システムを使用して抗体の重鎖および軽鎖の全長配列を決定

ロイシンとイソロイシンの測定 (CLIP™)

タンデム質量分析 (MS/MS) による de novo 抗体シーケンスでは、異なるアミノ酸の質量の違いを使用して正確に配列を決定します。質量分析ベースの de novo シーケンスでは、ロイシン (Leu) とイソロイシン (Ile) は側鎖構成の異なる構造異性体であり、113.08406 Da の同質量であるという性質のため、残基の区別は困難です。

Ile を Leu で置換することにより、アミノ酸組成が異なる 2 つのペプチドは、同じ質量を持ち、CID または HCD などの一般的に使用されるフラグメンテーションモードでは同じペプチドフラグメント質量が得られます。区別できるシグナルがないため、多くの de novo シーケンスツールでは、ペプチド内の Ile または Leu が曖昧な Xle 残基として報告されます。

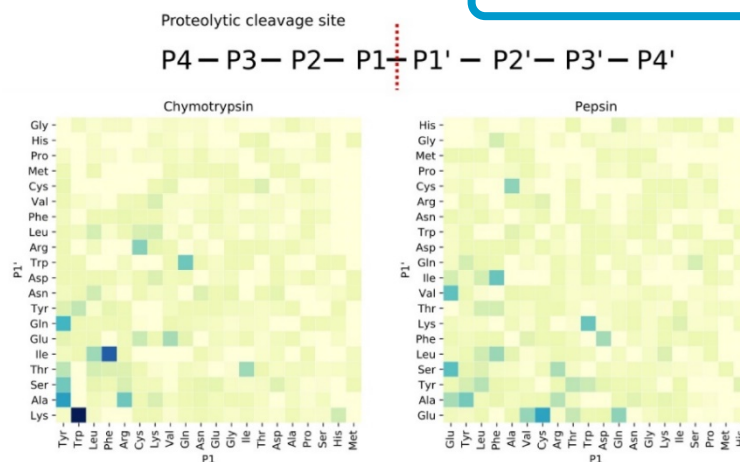
本サービスでは、次ページの 3 つのアプローチを組み合わせた CLIP™ (Confirmation of Leucine or Isoleucine Presence) 法を利用することで、Ile と Leu を高い精度で区別しています。



① 酵素切断特異性

MS/MS 機器では、タンパク質よりもペプチドから解釈不能な断片化データを生成するため、MS/MS プロテオミクスワークフローでは、通常、酵素を使用してタンパク質をより小さなペプチドに切断します。各消化酵素には、特定の残基を切断する蛍光があります。

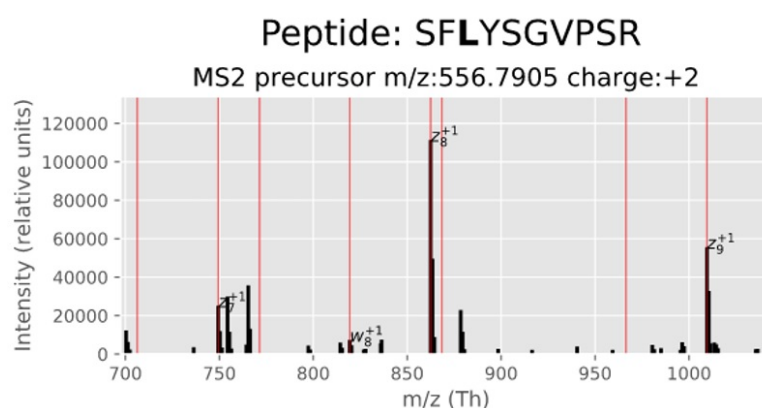
右図に示す様に、キモトリプシンはチロシン (Tyr)、トリプトファン (Trp)、ロイシン (Leu)、フェニルアラニン (Phe) の後に切断する傾向があります。ペプチンはそれほど特異的ではなく、グルタミン酸 (Glu)、チロシン (Tyr)、ロイシン (Leu)、フェニルアラニン (Phe)、アラニン (Ala) の前または後を切断します。どちらの酵素もイソロイシンよりもロイシンの周りを切断する傾向があります。



② Ile および Leu 側鎖の EThcD 断片化

断片化は通常ペプチド骨格に沿って発生しますが、残基側鎖の断片化も可能です。Ile と Leu の残基は同じ元素組成を共有していますが、結合パターンが異なります。側鎖のフラグメンテーションは、ペプチドの MS2 フラグメンテーションによる ETD フラグメンテーションと、ターゲット z イオンの MS3 を生成する HCD フラグメンテーションを使用して生成することができます。未知の Xle が N-Cα 結合の切断にある z イオンは、Ile および Leu の特性 w イオンになります。

右図のスペクトルに示す様に、Leu 側鎖フラグメンテーションはイソプロピル基の排出 (z イオンからの C3H7 の欠失) をもたしますが、Ile フラグメンテーションはエチル基の排出 (z イオンからの C2H5 の欠失) をもたします。



③ V/J 遺伝子相同性

Ile および Leu を決定する 3 番目の方法は、抗体配列相同性を使用することです。抗体配列は、生殖細胞系列の遺伝子起源にさかのぼることができ、予測された Ile および Leu は、抗体で標識された V および J 遺伝子セグメントのコード化コドンをチェックすることで確認できます。抗体には変異を起こしやすい相補性決定領域 (CDR) が含まれています。CDR1 および CDR2 の遺伝子からの翻訳されたヌクレオチドをチェックすることで、Ile および Leu の検証を行います。CDR3 の抗体は、対応する遺伝子セグメントがなく、独自に派生しています。

サンプル条件

精製モノクローナル抗体

抗体量 100 ~ 200 µg、濃度 1 µg/µL、純度 > 95 % のサンプルが必要となります。
※上記は目安量です。生物種等で必要量が変わる場合があります。

納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・解析レポート (PDF 形式および HTML 形式)
- ・重鎖、軽鎖全長のアミノ酸配列情報 (FASTA 形式)

サービス名	数量	カタログ#
Valens™ 抗体シーケンス受託解析サービス	1 サンプルから受注受付	F-DPM-VLS-[サンプル数]

SILACタンパク質発現・相対定量解析サービス

概要

本サービスは、安定同位体アミノ酸で一定期間培養した細胞を用いて、培養細胞中のタンパク質の同定、および発現量の相対定量を実施します。解析結果として、関連するパスウェイ情報と共に、同定されたタンパク質の一覧およびタンパク質の発現量の相対定量データをお届けします。

特長

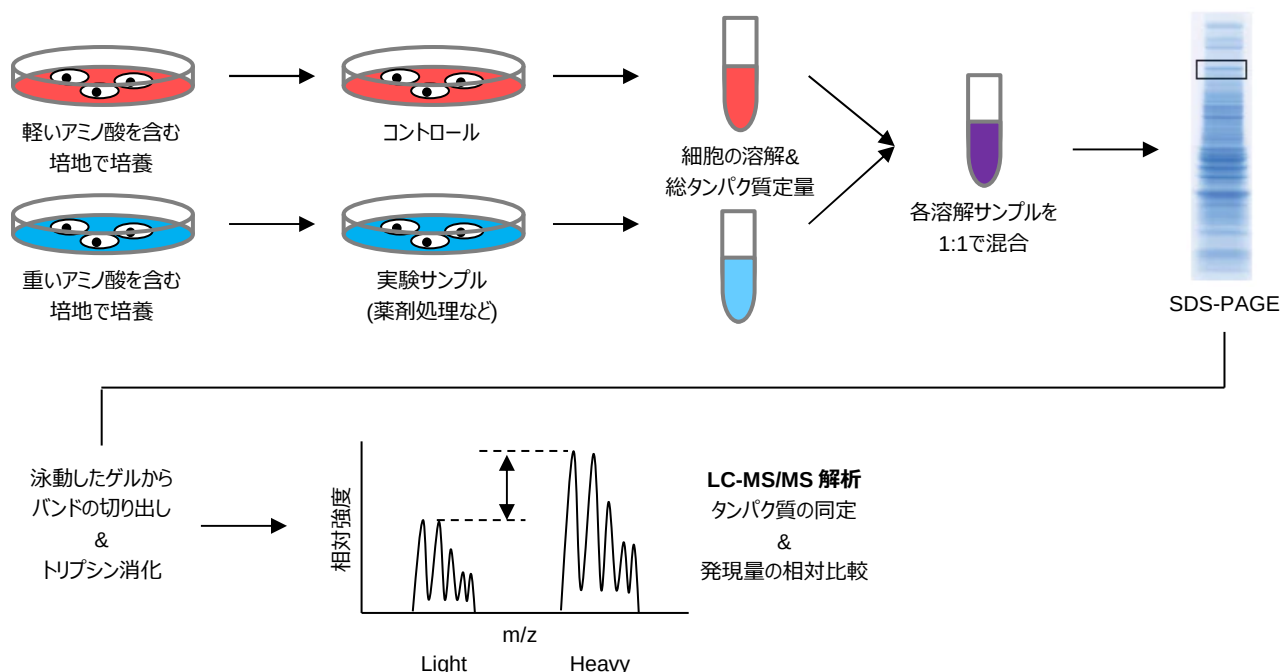
細胞培養液中のアミノ酸を用いた安定同位体ラベル (SILAC; Stable Isotope Labeling using Amino Acids in Cell Culture) は、複雑なタンパク質サンプル中のタンパク質の同定と、発現量の比較定量を可能とする手法です。SILAC 法では、細胞培養時に ^{13}C あるいは、 ^{15}N でラベルされたアミノ酸を代謝的にタンパク質に導入したサンプルを調製し、質量分析計 (ThermoFisher Orbitrap Velos Pro tandem mass spectrometer, Q Exactive is a hybrid quadrupole-Orbitrap mass spectrometer) により、タンパク質の同定と相対定量を行います。

- ◆ 細胞中のタンパク質をほぼ 100 % ラベル
- ◆ 異なる処理を施した細胞間のタンパク質発現を比較定量(2 または 3 サンプル)
- ◆ 数百から数千のタンパク質を 1 回の実験で同定および比較定量
- ◆ サンプル処理の初期段階でサンプルを混合することで定量精度が向上
- ◆ リジンとアルギニンを用いることで様々な解析に対応
- ◆ DMEM または RPMI1640 培地を用いる幅広い哺乳類細胞で利用可能 (HeLa, 293T, COS7, U2OS, A549, A431, HepG2, NIH3T3, Jurkat, など)

解析のワークフロー

SILAC 法では、 $^{12}\text{C}_6$ または、 $^{13}\text{C}_6$ L-リジンのような軽い (Light) または重い (Heavy) 必須アミノ酸を含む培地で哺乳類細胞を培養します。一般的に、軽いアミノ酸を含む培地の細胞と重いアミノ酸を含む培地の細胞を、それぞれコントロールおよび実験サンプルとして用います。軽いアミノ酸と重いアミノ酸は、培養時に天然の細胞内タンパク質合成経路により、タンパク質中に導入 (ラベル) されます。

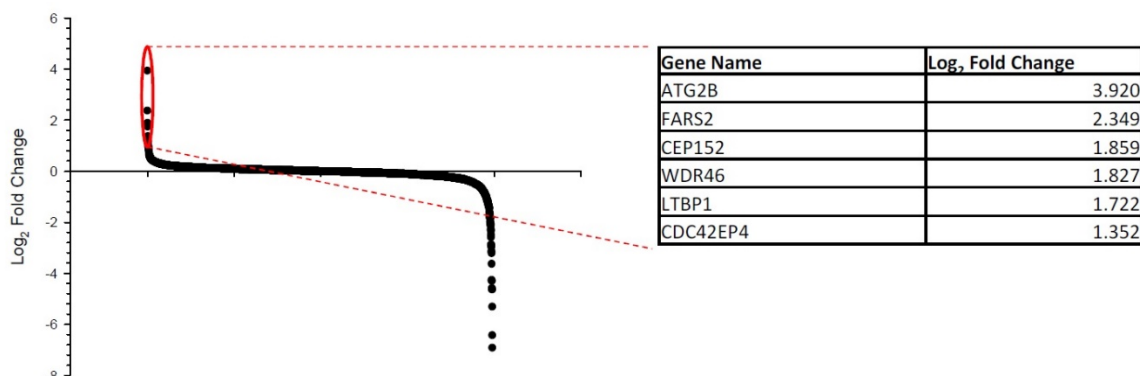
ラベルされた細胞サンプルの一方について、化学的処理や遺伝子操作を行い、プロテオームを変化させた後、両方の細胞からタンパク質を抽出し、等量ずつ混合します。混合サンプルは、SDS-PAGE を用いて分離し、40 にセグメンテーションし、還元/アルキル化およびトリプシン消化して、nanoLC-MS/MS により分析します。軽いアミノ酸および重いアミノ酸でラベルされたペプチドは、化学的に同一であるため、逆相クロマトグラフィーにおいて同時に溶出され、同時に MS 分析されます。得られた MS スペクトルにおける、軽および重いタンパク質に由来するペプチドのピーク強度の比率から、実験サンプル中のタンパク質の発現量変化を評価します。



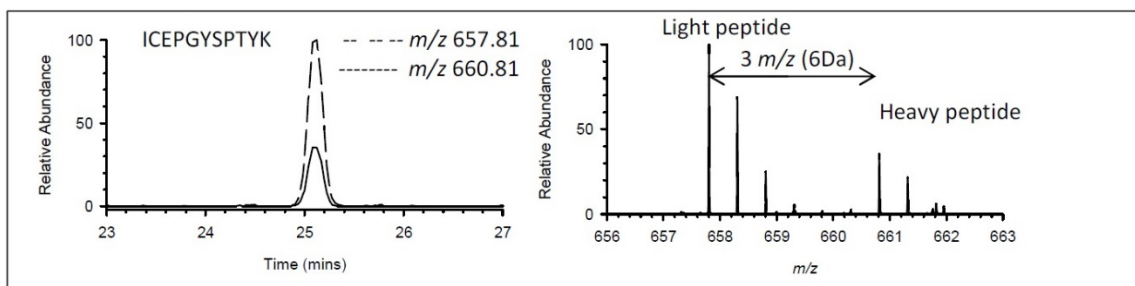
SILACタンパク質発現・相対定量解析サービス

● SILAC法の解析例

以下は、AKT キナーゼ阻害剤 A-443654 で処理された MCF10A 細胞の解析結果です。コントロール細胞（未処理、Light）と実験サンプル（A-443654処理、Heavy）をそれぞれタンパク質抽出し、総タンパク質量を測定後に等量混合しています。このサンプルを SDS-PAGE を行い、Orbitrap VelosPro タンデム質量分析計で分析した結果です。



上図は Log₂ の倍数変化をプロットしたグラフ（左）と、タンパク質の発現量が増加した上位6つのタンパク質リスト（右）を表しています。合計 5,093 のタンパク質が、偽発見率（FDR）が 1 % の 2 つ以上の特異的ペプチドで検出され、14 種類のタンパク質は薬剤処理後に発現量が増加し、73 種類のタンパク質は発現量が低下しました。



上図は軽いおよび重いリン酸化ペプチドの LC/MS 選択イオンクロマトグラムと対応するスペクトルを示しています。369 のリン酸化部位が検出され、がんの進行と浸潤に関係していることが知られているシステインプロテアーゼであるカテプシン B の発現レベルは、薬剤処理を行うことで 5 分の 1 に減少することが分かりました。

● サンプル条件

細胞ベレット

≥ 1 × 10⁶ 個

タンパク質

総タンパク質量 ≥ 20 μg

※いずれのサンプルも安定同位体標識化されたアミノ酸を添加した細胞培養液を用いて、タンパク質へ標識を行ったものでご準備ください
 ※サンプルの対象生物種をお知らせください。また、使用している緩衝液組成あるいは溶液情報をお知らせください。

● 納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート（PDF 形式）
- ・定性および定量的なタンパク質同定データを含んだデータリスト（Excel 形式）

サービス名	数量	カタログ#
SILAC タンパク質発現・相対定量解析サービス	1 比較 (2 サンプル) から受注受付	F-DPM-VLS-[サンプル数]

※サンプル量が少ない場合は、標識確認実験などを行う場合があります。

iTRAQ / TMT プロテオーム解析サービス

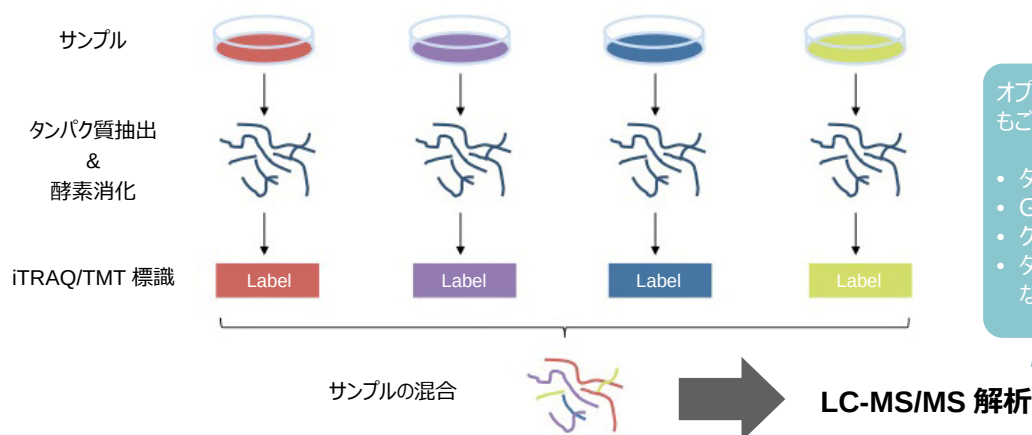
概要

本サービスは、iTRAQ (isobaric Tag for Relative and Absolute Quantitation) 法、または TMT (Tandem Mass Tag) 法と呼ばれる技術を採用した安定同位体標識試薬によりあらゆるペプチド、タンパク質を標識し、タンパク質を網羅的に同定、および発現量の相対定量を行います。血清・血漿、組織、細胞などあらゆるサンプルに対応しており、正常サンプル、疾患サンプルあるいは薬剤処理サンプル間のタンパク質発現の比較や経時的变化の解析、バイオマーカーの探索などの研究に有用な解析方法です。

iTRAQ 法と TMT 法の違い

本サービスでは iTRAQ 法あるいは TMT 法による解析のいずれかをご選択いただけます。iTRAQ 法は SCIEX 社製 iTRAQ® 試薬を使用します。TMT 法は Thermo Fisher Scientific 社製 TMT™ 試薬を使用します。iTRAQ 試薬は N-メチルピペラジンレポーター基、バランス基、およびペプチドの第一級アミンと反応する N-ヒドロキシスクシンイミドエステル基で構成されたアイソバリック (等質量) タグ、TMT 試薬は、アミン反応性 NHS エステル基、スペーサーアーム、および MS/MS レポーターで構成されたタンデムマスタグとなっています。いずれも MS/MS スペクトルから相対定量を可能にする安定同位体標識試薬となっています。

いずれの方法も、大きな利点は複数のサンプルを異なる標識でラベリングすることで、各サンプル中の同一タンパク質の区別が可能になるため、1 度の質量分析でマルチプレックス解析が可能 (iTRAQ は最大 8 サンプル、TMT は最大 10 サンプル) になり、さらにこれらのサンプルを混合することで、複数のタグで標識された同一ペプチドのスペクトルが増強され、同定効率を高めることが可能です。



オプションでバイオフィーマティクス
もご依頼いただけます！

- タンパク質アノテーション
- GO/KEGG 機能エンリッチメント
- クラスター解析
- タンパク質間相互作用解析
など

サンプル条件

抽出タンパク質 / 精製タンパク質

総タンパク質量 $\geq 300 \mu\text{g}$ (最低 $100 \mu\text{g}$)、濃度 $1 \mu\text{g}/\mu\text{L}$

- ※ 組織、細胞からのタンパク質抽出、血清、血漿からのタンパク質精製等はオプションとなっております。サンプルの種類によって料金が異なります。
- ※ 左記はタンパク質同定・発現相対定量に必要なサンプル量となります。リン酸化解析用のサンプル量は異なります。
- ※ サンプルの対象生物種をお知らせください。

納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
- タンパク質同定結果および発現相対定量数値化データ (Excel 形式)

サービス名	アプリケーション	数量	カタログ#
iTRAQ® プロテオーム解析サービス	タンパク質発現・相対定量解析	1 サンプルから受注受付	F-CPM-iTRAQ-[サンプル数]
	リン酸化部位同定・比較定量解析		F-CPM-iTRAQ-P[サンプル数]
TMT™ プロテオーム解析サービス	タンパク質発現・相対定量解析		F-CPM-TMT-[サンプル数]

※本サービスは1サンプルでのご依頼も可能ですが、相対定量向けのサービスのため、2 サンプル以上を推奨いたします。

バイオフィーマティクス解析 (プロテオミクス)

● バイオフィーマティクス解析 (オプション)

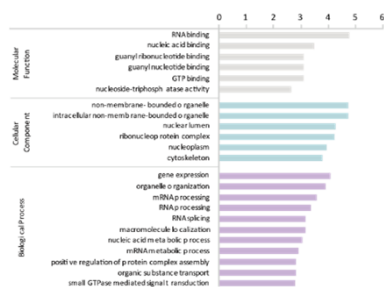
本サービスは、Creative Proteomics 社のプロテオミクス解析サービスで得られたデータを基にオプションでご依頼いただくことが可能なデータ解析サービスです。「プロテオミクス」はコードされた分子のゲノム、それらの機能、その相互作用および相関関係による特性などをさらに理解するためのポストゲノムテクノロジーの一つとして広く知られています。細胞内タンパク質の組成、構造およびそれ自体の特異的な活動パターンなどからプロテオームの科学的研究と調査が行われています。

また、プロテオームの研究には、特定の細胞、組織あるいは生物のタンパク質全体の同定、定性、定量および機能的特性評価が含まれているほか、アイソフォーム、変異体、翻訳後修飾、スプライスバリエーション、タンパク質間相互作用のプロファイリングなど様々な情報を取得するために利用することができるため、プロテオミクスは重要な役割を果たしています。取得したバイオフィーマティクス解析の情報は、糖尿病研究、腫瘍転移、栄養学、胎児および母体医学、神経学など、様々なアプリケーションへ利用することができます。

● 解析例 – 機能アノテーションおよびエンリッチメント解析

機能アノテーションは、生物学的な情報を遺伝子またはタンパク質配列に付加するプロセスで、主に①タンパク質をコードしていないゲノム領域を特定、②ゲノム内の要素を特定 (遺伝子予測)、③これらの要素に生物学的な情報を付加、の3つのステップが行われます。

機能エンリッチメント解析は、多数の遺伝子またはタンパク質で過剰発現され、疾患の表現型に関連している可能性のある遺伝子またはタンパク質のクラスを決定します。統計的な手法は大幅にエンリッチされたゲノムの決定によく使用されます。一般的には、① p 値の算出 (数値はリスト内のタンパク質の過剰発現を表す)、② p 値に従ってノードあるいはパスの統計的優位性を評価、③タンパク質の各セットの p 値を正規化し、複数の仮説検定の偽発見率 (FDR) を算出、の順序で行われます。

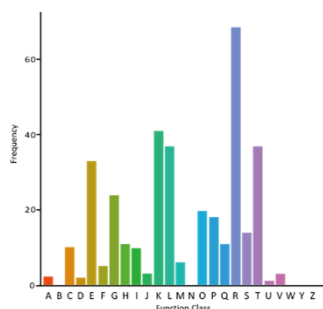


GO エンリッチメント解析

遺伝子またはタンパク質セットのエンリッチメント解析は、非常に大きなデータセット (質量分析データやマイクロアレイの結果など) から機能的および生物学的重要性を調査するのに役立ちます。GO エンリッチメント解析は、新規 (または完全にアノテーションが付けられた) ゲノムからのデータを整理し、系統群内あるいは系統群間で生物学的機能を比較するのにも役立ちます。

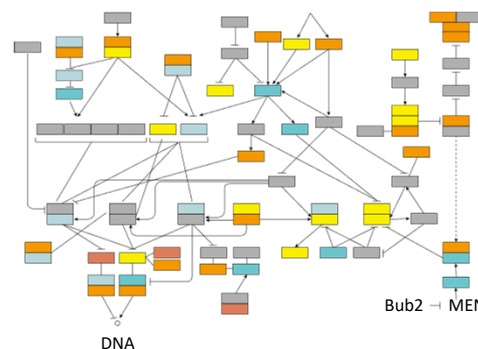
KEGG アノテーション解析

KEGG は、細胞内の遺伝子産物の代謝経路とこれらの遺伝子産物の機能を体系的に分析するデータベースです。生物では、異なる遺伝子産物が互いに作用することで生物学的な機能を果たします。差次的に発現する遺伝子の経路に関するアノテーション解析は、遺伝子の機能をさらに解釈するのに役立ちます。



COG アノテーション解析

全ゲノム解析に基づいて、COG は双方向ベストヒット (BBH) の相同性検索に基づく簡単な方法を使用することで、ほとんどの遺伝子のパラログとオーソログを確実に割り当てることが可能です。家系分析に基づいて、この方法はタンパク質ファミリー (COG) の特徴的なメンバーの機能を使用して、ファミリー全体に機能を割り当て、複数のファミリーの潜在的な機能を記述することができます。



上記の解析例の他にも、クラスタリング解析、ネットワーク解析、統計解析など、様々な解析内容をご用意しています。

● 仕様

本サービスは iTRAQ/TMT プロテオームなどの解析をご利用いただいたお客様のためのオプションサービスです。解析をご希望の場合はデータ品質、統計的優位性を保つため、1 グループの生物学的レプリケート数を 3 以上で構成していただく必要がございます。

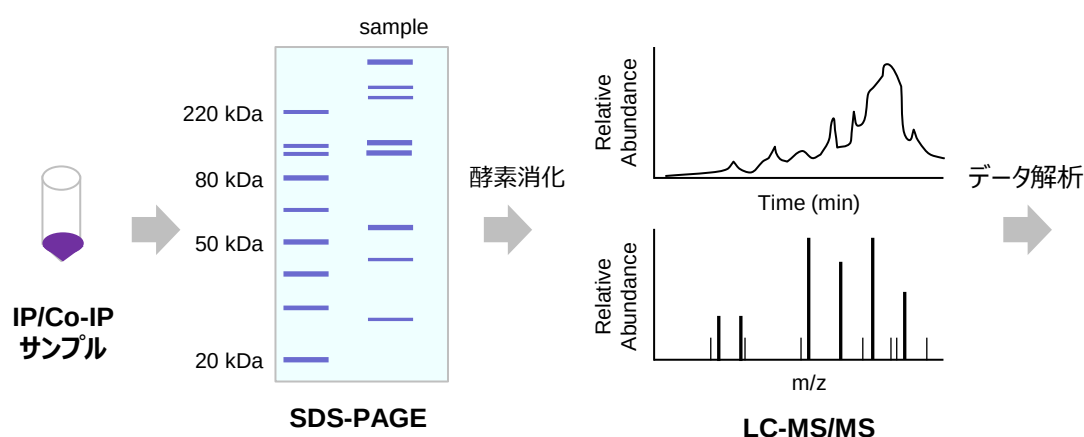
免疫沈降 (IP) プロファイリング受託解析サービス

概要

質量分析の大幅な進歩により、タンパク質複合体の構成やタンパク質間相互作用のマッピングの理解は、近年急速に高まっています。本サービスは、免疫沈降もしくは、共免疫沈降タンパク質のための質量分析サービスです。これらの実験は、例えば、サンプル中のタンパク質含量を単純にプロファイルしたり、コントロールとテストサンプル間での相対定量的比較をしたり、非特異的結合を含むものから、特異的結合を識別するために有用です。

解析のワークフロー

IP サンプルは SDS-PAGE を用いて分画し、トリプシン消化後、nanoLC-MS/MS により分析されます。データは、Mascot (Matrix Science) を使用して処理し、Scaffold (Proteome software) を用いて解析結果を取得します。



タンパク質の同定&定量

データベース検索によるタンパク質同定。
また、関連するパスウェイ情報を含めサンプルに存在するタンパク質のリストを提供。

サンプル条件

免疫沈降または共免疫沈降した
タンパク質/タンパク質複合体
単離されたタンパク質画分

総タンパク質量 ≥ 100 ng

- ※ 免疫沈降または共免疫沈降によるブルダウン後のビーズベレット等でもサンプルのお受け取りが可能ですので、お気軽にご相談ください。
- ※ サンプルの対象生物種をお知らせください。

納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
- ・定性および定量的なタンパク質同定データを含んだデータリスト (Excel 形式)
- ・独自のデータマイニングが可能な Scaffold ファイル (sf3 形式)

※ Scaffold ファイルはフリーソフトウェア「[Scaffold Viewer](#)」を用いて閲覧できます。

サービス名	数量	カタログ#
免疫沈降 (IP) プロファイリング受託解析サービス	1 サンプルから受注受付	F-MSB23-[サンプル数]

概要

血漿タンパク質は、高濃度で存在するタンパク質、組織から浸潤したタンパク質（血漿バイオマーカー）、および低濃度で存在するサイトカインの 3 つのクラスに大まかに分けられ、「血漿バイオマーカー」は、血漿中への放出を測定することで組織の病理を検出できるため、極めて重要です。本サービスでは、独自の P2 血漿濃縮システムによる高深度、高い再現性、ハイスループットな血漿プロテオミクスが可能です。

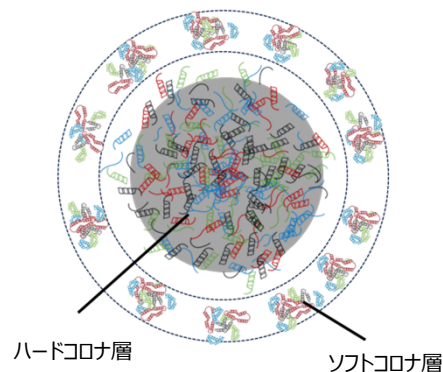
独自のタンパク質エンリッチメント技術 - P2 濃縮システム

血漿タンパク質は、アルブミン、グロブリン、フィブリノーゲンなどの主要な 22 種類の総タンパク質の約 99 % を占め、残りの 1 % は、数百～数千の循環低濃度タンパク質と、生細胞やアポトーシス細胞、怪死細胞から分泌されるタンパク質で構成されています。質量分析によるプロテオミクスにおいては、この約 99 % を占める豊富なタンパク質により、存在量が少なく生物学的に影響のある分子の分析が困難な場合があり、これらを除去させる前処理ステップが重要となります。本サービスでは、Biognosys 社独自に開発された、ナノ粒子を用いた血漿タンパク質エンリッチメントテクノロジーである「P2 濃縮システム」を採用しています。

ナノ粒子とタンパク質コロナ効果

疎水性ナノ粒子が生体液中に混入すると、ナノ粒子表面にタンパク質が吸着する現象を「タンパク質コロナ効果」と呼びます。これらの効果は、採用するナノ粒子の材質などによって、吸着するタンパク質の種類は異なりますが、吸着する各タンパク質の親和性の違いにより、ナノ粒子表面に主にハードコロナとソフトコロナと呼ばれる 2 つの層が形成される性質があります [参考文献： Nanomaterials 2021, 11, 888]。

Biognosys 社では、独自に開発された P2 と呼ばれるナノ粒子を使用し、ヒト血漿中に含まれる細胞外小胞画分（ハードコロナ）、およびこれらに相互作用する二次的なタンパク質群（ソフトコロナ）を選択的に濃縮することが可能です。この技術によりエクソソームや膜関連タンパク質など、機能的に重要なタンパク質が回収でき、また従来までのアフィニティーベースの血漿タンパク質の枯渇処理技術と比較し、数倍高いエンリッチメント効率を実現しています。



P2 粒子表面のタンパク質コロナ層のイメージ図

追加の技術資料
(PDF)

解析のワークフロー

本解析は、Biognosys 社独自の特許技術である Hyper Reaction Monitoring (HRM™) テクノロジーを活用した、ラベルフリータンパク質による包括的な DIA プロテオーム解析です。高深度な解析で、最大 9,000 種類の血漿タンパク質をプロファイリング致します。

1. サンプルの前処理 (P2 ナノ粒子を使用したタンパク質エンリッチメント、トリプシン消化など)
2. スペクトルライブラリの生成 (directDIA™ 検索、ライブラリ構築など)
3. HRM/DIA LC-MS/MS 解析 (timsTOF HT)
4. データ解析 (特許技術である Indexed Retention Time (iRT)、高度な人工知能 (AI) および機械学習 (MS) によるデータ正規化、独自の検索アルゴリズムである Pulsar エンジンによるデータ処理が可能な DIA 解析ソフトウェア Spectronaut を用いたタンパク質の同定と定量)

サンプル条件

ヒト EDTA 血漿

100 μ L ~ 200 μ L

※ 本サービスでは、P2ナノ粒子を用いた濃縮システムは、ヒト EDTA 血漿のみでバリデートされており、その他のサンプルにつきましては、このシステムを使用した解析はご利用頂けません。

納品データおよび仕様

- 本サービスは、タンパク質抽出から、データ解析まですべて実施いたします。納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。
- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
 - ・タンパク質同定結果および発現相対定量数値化データ (Excel 形式)

サービス名	数量	カタログ#
TrueDiscovery® HRM-MS 血漿バイオマーカーディスカバリー受託解析サービス	12 サンプルから受付 ※	F-BGS-P2-[サンプル数]

※ 12サンプル未満の場合は別途ご相談ください。

PTM-Plus 翻訳後修飾プロファイリング受託解析サービス

概要

本サービスは、目的のタンパク質配列を最大限取得及びタンパク質の PTM を検出するために、ゲル片をトリプシン、キモトリプシン及び、エラスターゼの 3 種類の酵素で処理し、ペプチド混合物を LC-MS/MS により分析します。修飾のラインアップは、データベース検索で特定可能なリジンやアルギニンのメチル化、リジンのユビキチン化、グルタミンやアスパラギン、リジンの糖化の脱アミド化、セリン、スレオニン、またはチロシン（濃縮なし）のリン酸化、リジンのアセチル化です。データは関連する PTM を識別する様に構成されたデータベース検索ツール (Mascot) を用いて処理されます。その後、Mascot 検索結果やプロテオームソフトウェア (Scaffold PTM) を用いて可視化を行います。

解析のワークフロー

本解析は、ゲルバンドあるいはタンパク質溶液を 3 種類の酵素で消化後、nanoLC-MS/MS で分析します。取得されたデータは、Mascot (Matrix Science) を使用して処理し、Scaffold および Scaffold PTM (Proteome Software) を用いて解析結果を取得します。

GST-MAPK3 の配列決定例

3 つの SDS-PAGE ゲルバンドをそれぞれ異なる酵素 (トリプシン、キモトリプシン、エラスターゼ) で消化し、各消化物を LC-MS/MS で分析しました。3 種類の酵素で処理して得られたデータを組み合わせることで、ヒト MAPK3 タンパク質を 100% の配列カバレッジで分析することができます。

GST-MAPK3 (100%), 69,796.2 Da

GST-MAPK3

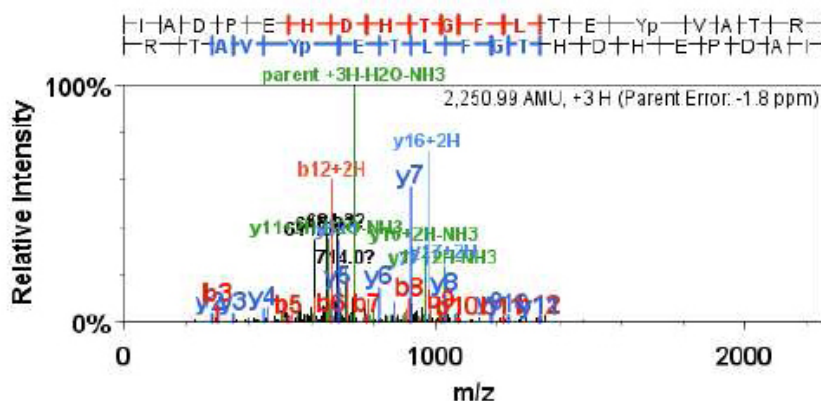
723 unique peptides, 1247 unique spectra, 2211 total spectra, 609/609 amino acids (100% coverage)

M S P I L G Y W K I	K G L V Q P T R L L	L E Y L E E K Y E E	H L Y E R D E G D K	W R N K K F E L G L	E F P N L P Y Y I D
G D V K L T Q S M A	I I R Y I A D K H N	M L G G C P K E R A	E I S M L E G A V L	D I R Y G V S R I A	Y S K D F E T L K V
D F L S K L P E M L	K M F E D R L C H K	T Y L N G D H V T H	P D F M L Y D A L D	V V L Y M D P M C L	D A F P K L V C F K
K R I E A I P Q I D	K Y L K S S K Y I A	W P L Q G W Q A T F	G G G D H P P K S D	L V P R G S P G I P	M A A A A A Q G G G
G G E P R R T E G V	G P G V P G E V E M	V K G Q P F D V G P	R Y T Q L Q Y I G E	G A Y G M V S S A Y	D H V R K T R V A I
K K I S P F E H Q T	Y C Q R T L R E I Q	I L L R F R H E N V	I G I R D I L R A S	T L E A M R D V Y I	V Q D L M E T D L Y
K L L K S Q Q L S N	D H I C Y F L Y Q I	L R G L K Y I H S A	N V L H R D L K P S	N L L I N T T C D L	K I C D F G L A R I
A D P E H D H T G F	L T E Y V A T R W Y	R A P E I M L N S K	G Y T K S I D I W S	V G C I L A E M L S	N R P I F P G K H Y
L D Q L N H I L G I	L G S P S Q E D L N	C I I N M K A R N Y	L Q S L P S K T K V	A W A K L F P K S D	S K A L D L L D R M
L T F N P N K R I T	V E E A L A H P Y L	E Q Y Y D P T D E P	V A E E P F T F A M	E L D D L P K E R L	K E L I F Q E T A R
F Q P G V L E A P					

リン酸化を検出した、既知 Tyr187 サイトにおける MS のスペクトル例

上記 3 種類酵素で消化したサンプルについての Scaffold PTM による解析結果です。これにより 5 つのリン酸化部位が検出され、既知の Tyr187 部位は、3 種類の酵素すべてで分析後に検証されました。

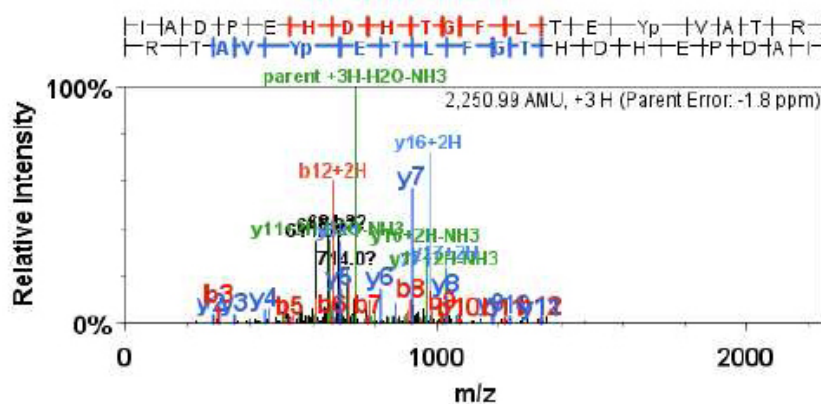
Trypsin – IADPEHDHTGFLTE(pY)VATR



Note poor fragmentation around pTyr. The A-score (from Scaffold PTM) is 21.77 and although site localization probability is 100% this is not the highest quality spectrum.

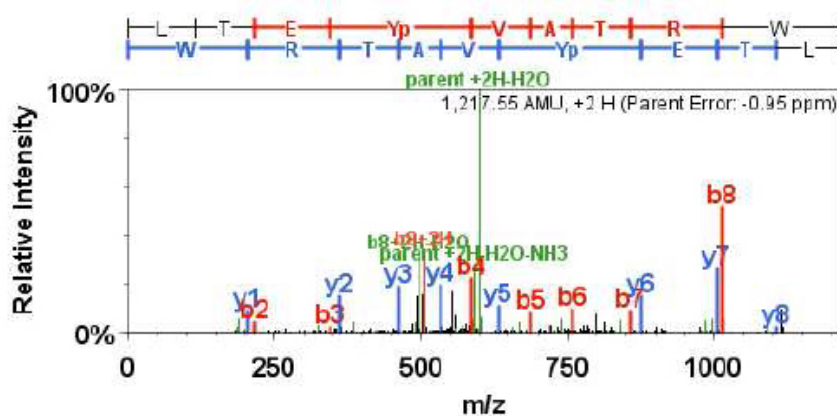
PTM-Plus 翻訳後修飾プロファイリング受託解析サービス

Trypsin – IADPEHDHTGFLTE(pY)VATR



Note poor fragmentation around pTyr. The A-score (from Scaffold PTM) is 21.77 and although site localization probability is 100% this is not the highest quality spectrum.

Chymotrypsin – LTE(pY)VATRW



Note complimentary y- and b-ion pairs around pTyr. The A-score (from Scaffold PTM) is 52.75 and site localization probability 100%.

● サンプル条件

SDS-PAGE バンド / 2D ゲルスポット

1 サンプルあたりターゲットを含む 3 つのゲルバンドが必要
各バンドに ≥ 500 ng の標的タンパク質が含まれている必要がある
(ゲルバンド: $\sim 1 \times 5$ mm、ゲルスポット: $\sim$ 直径 2 mm)

- ※ いずれのサンプルも対象生物種をお知らせください。
- ※ ゲルバンド/スポットの場合は、1.5 mL チューブに 100 μ L H₂O で浸漬してご提供ください。3 種類の酵素で消化を行うため、各バンドは 3 チューブに分けてご提供ください。
- ※ 銀染色されたサンプルは、染色試薬の組成により使用できないものがございますので、あらかじめご注意ください。

● 納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
 - ・定性および定量的なタンパク質同定データを含んだデータリスト (Excel 形式)
 - ・独自のデータマイニングが可能な Scaffold ファイル (sf3 形式)、および Scaffold PTM ファイル (sptm 形式)
- ※ Scaffold ファイル、および Scaffold PTM ファイルはフリーソフトウェア「[Scaffold Viewer](#)」を用いて閲覧できます。

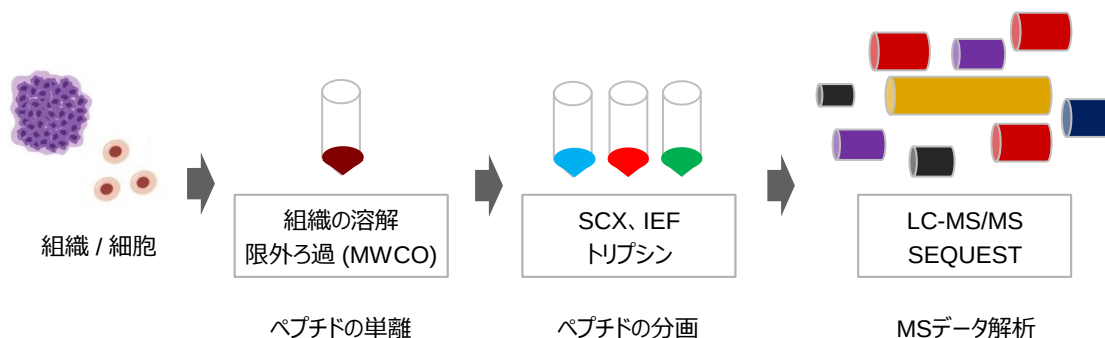
サービス名	数量	カタログ#
PTM-Plus 翻訳後修飾プロファイリング受託解析サービス	1 サンプルから受注受付	F-MSB10-[サンプル数]

ペプチドーム解析サービス

概要

ペプチドミクスとは、生体試料中の内因性ペプチド（～ 20 kDaまで）の体系的、総合的、定性的 / 定量的なマルチプレックス解析として定義されており、プロテオミクスとメタボロミクスの間のギャップを埋める架橋的な戦略として機能しています。

本解析では、シグナル伝達分子（サイトカイン、成長因子およびペプチドホルモンなど）の他、小さなタンパク質断片や疾患特異的なタンパク質分解により切断された可能性が高い未確定機能のペプチドなどを含む多数の可溶性ポリペプチドの変動について、データを取得することができます。ペプチドームを解析することで、病状や薬物の有効性、あるいは毒性に関する豊富なアミノ酸配列情報を解明することができます。



解析アプリケーション

本解析は、大きく2つの解析アプリケーションから構成されています。

①包括的ペプチドプロファイリング

本アプリケーションでは、内因性ペプチドプロファイリングが可能です。サンプル中に含まれる5～60 aa程度の鎖長の内因性ペプチドを包括的に同定します。検出されたペプチドは、*de novo*での配列解析、またはタンデム質量分析によるデータベース検索により同定されます。生体サンプル中のすべての内因性ポリペプチドを同定解析したい場合に有効です。

また、ペプチドミクスとプロテオミクスは、研究戦略において基本的な目的や技術の多くを共有していますが、いくつかの違いも存在します。本アプリケーションでは、消化特異性の酵素を使用せず、MSおよびMS/MSによる翻訳語修飾を含むネイティブペプチドを解析します。サイズ排除クロマトグラフィーを用いて、サンプル中に含まれるタンパク質の大部分を除去し、LC-MSベースの手法により、迅速かつ高精度に再現性を有するペプチドを同定します。

②ペプチドバイオマーカー特性評価

本アプリケーションでは、①で実施できるペプチドの同定に加え、お客様のご希望に合わせて同定された各標的ペプチドに対応した濃度情報の取得が可能です。各対象物の濃度定量はお客様の解析したいペプチドに合わせてアッセイを構築して実施いたします。

サンプル条件

細胞、組織、血清/血漿など様々なサンプルに対応

解析には50～100 ug程度のペプチド量が必要

※ サンプルの対象生物種をお知らせください。

納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
- ・定性または定量的なペプチド同定データを含んだデータリスト (Excel 形式)

サービス名	アプリケーション	数量	カタログ#
ペプチドーム解析サービス	包括的ペプチドプロファイリング	1 サンプルから受注受付	F-CPM-iTRAQ-[サンプル数]
	ペプチドバイオマーカー特性評価	お問合せ	F-CPM-iTRAQ-P[サンプル数]

LC-MS tRNA/mRNA 修飾受託解析サービス



概要

Arraystar 社の LC-MS tRNA/mRNA 修飾解析サービスは、55 ヌクレオチド修飾を解析することで、tRNA および mRNA の全体的な修飾プロファイル进行明らかにします。

tRNAは、mRNA デコーディングおよびタンパク質翻訳の基礎となる要素です。tRNA および mRNA は、化学的に多様な転写後修飾を多く受けます。これらの修飾は、tRNA 機能（フォールディング、安定性およびデコーディング [1]）にとって重要です。一般的に、tRNA 本体における修飾は、tRNA 構造のフォールディング、安定性、剛性および柔軟性にとって重要である一方、アンチコドンループにおける修飾は、オープンループ構造、コドン・アンチコドンペアリング、ゆらぎ、および翻訳フレームシフト防止によって、デコーディングに影響します。さらに、修飾ヌクレオチドは、追加のアミノ酸認識精度のアミノアシル-tRNAシターゼ (AARS) のアイデンティティ決定因子として機能します [2]。一般的に、修飾の少ない tRNA は、分解の対象となります。

tRNA および mRNA 修飾の研究は、発現プロファイリングと同じくらい重要です。tRNA 修飾および修飾酵素の欠損は、がん、糖尿病、神経学的症状、循環器疾患、およびミトコンドリア関連疾患といった、ヒト疾患とリンクしています。(図1) [3]。tRNA 修飾プロファイルの解析は、疾患、tRNA 修飾酵素、および tRNA 分子機能の関連を確立する鍵となります。

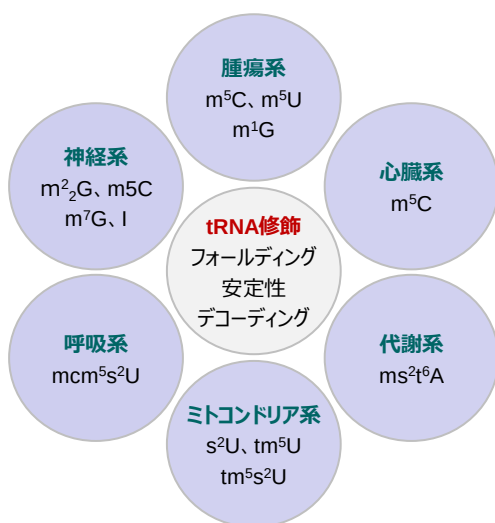


図1. ヒト疾患における tRNA 修飾

【参考文献】

1. Kirchner S. and Z. Ignatova(2015) "Emerging roles of tRNA in adaptive translation, sig-nalling dynamics and disease." Nat. Rev. Genet. 16(2):98-112[PMID:25534324]
2. El Yacoubi B. et al. (2012) "Biosynthesis and function of posttranscriptional modifications of transfer RNAs." Annu. Rev. Genet. 46:69-95[PMID: 22905870]
3. Torres A. G. et al.(2014) "Roles of tRNA modifications in human diseases." Trends Mol Med 20(6):306-14[PMID:24581449]

検出可能な修飾基のリストは、弊社 web サイトからご覧いただけます。

<https://filgen.jp/Product/BioScience22-MS/Arraystar/>



サンプル条件

Total RNA (真核生物のみ対応)

必要量 > 10 µg、濃度 ≥ 20 ng/µL)

- ※ サンプルの対象生物種をお知らせください。
- ※ DNase, RNase フリーの 1.5 mL または 2 mL エッペンチューブを使用してください (スクリーキャップ式を推奨します)。
- ※ total RNA は、RNase-free H2O に溶解し、-80°C で保存してください。
- ※ UV スペクトルベースの濃度測定法では、不正確になる場合がありますので、蛍光ベースでの測定を強く推奨します (UV スペクトルベースで測定した場合、上記よりも多いサンプルをご準備ください)。

納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
- ・定性または定量的なペプチド同定データを含んだデータリスト (Excel 形式)

サービス名	数量	カタログ#
LC-MS tRNA 修飾受託解析サービス	1 サンプルから受注受付	F-AS-LCTS-[サンプル数]
LC-MS mRNA 修飾受託解析サービス		F-AS-LCMS-[サンプル数]

包括的メタボローム解析サービス

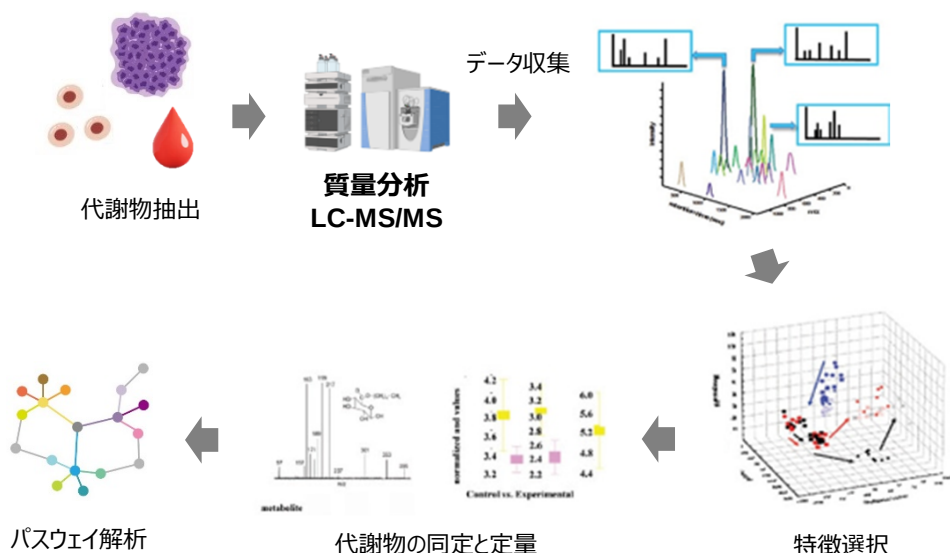
概要

メタボロミクスは、主に低分子 (< 1,500 Da) 代謝物のハイスループット同定および定量化に関連する「オミクス (Omics)」解析です。ゲノミクス、トランスクリプトミクス、プロテオミクスなどの分野では、数千の標的を同時に定量化できます。一方、メタボロミクスは、以前は一度に少数の代謝物しか同定や定量ができませんでした。包括的で定量的な代謝プロファイリングへの関心の高まりと共に分析技術が向上しており、Human Metabolome Database (HMDB)、KEGG、LipidMaps、PubChem、MassBank などが充実し、現在では、メタボロミクス研究は代謝物の領域において、はるかに定量的かつより広範になってきました。

本サービスでは、特定の生物学的条件に関連する代謝物プロファイル間の差異を同定し、対照群と試験群との間の代謝物の比較から、生物学的有意な分子の同定解析を提供しています。

解析のワークフロー

本解析は、LC-MS プラットフォームにて実施されます。組織、細胞、血清/血漿など、様々なサンプルタイプ、ヒトや動物、植物などの様々な生物種に対応しています。生物種やサンプルタイプにより異なりますが、化学構造が未知な 200 ~ 300 の化合物に加えて、最大 700 の同定された代謝物について正規化された相対強度をご提供いたします。各代謝物はサンプル間のピーク面積比によって定量化されます。



バイオインフォマティクス (オプション)

※ ご依頼頂く場合は、n=3 以上で 1 グループを構成して頂く必要があります。

詳しくはP23へ

サンプル条件

細胞

≥ 1 × 10⁷個

凍結組織

50 ~ 100 mg

血清 / 血漿

≥ 200 μL

※ サンプルの対象生物種をお知らせください。
※ サンプル量は目安です。生物種等で必要量が変わる場合があります。

納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
- ・定性または定量的なペプチド同定データを含んだデータリスト (Excel 形式)

サービス名	数量	カタログ#
包括的メタボローム解析サービス	3 サンプルから受注受付	F-CPM-UMS-[サンプル数]

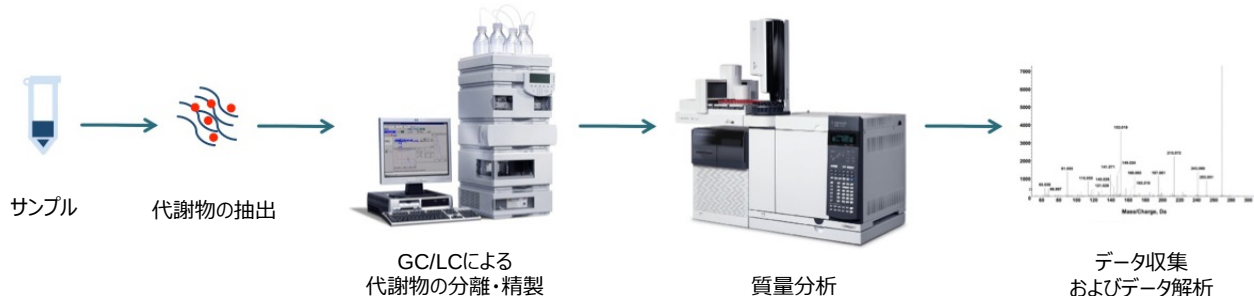
標的メタボローム解析サービス

概要

標的メタボローム解析は、生物における標的代謝化合物の同定および定量分析のための解析手法です。生物学的活性と密接に関連し、異なる生理学的条件化で劇的に変化し得る代謝物の内容および組成に関する情報を提供します。

解析のワークフロー

本解析は、標的物質に合わせて、GC-MS や LC-MS など、様々な分離および分析プラットフォームに基づき解析を実施します。



パネルリスト

以下は、本解析でご用意しているパネルの一例です。各パネルで定量できる代謝物の詳細については弊社までお問合せください。ご用意しているパネルの他、お客様の解析内容に合わせてカスタムで代謝物の解析をデザインすることも可能ですのでお気軽にご相談ください。

パネル名

パネルのカテゴリー	代謝経路	・中心炭素代謝 (解糖系、TCA 回路、ペントースリン酸回路をカバー) ・トリプトファン代謝 ・イソプレノイド生成	・メバロン酸経路 ・カルニチン生成	・一炭素代謝 ・ピリミジン生成	・メチオニンサイクル ・尿素回路
	標的代謝物	・アシルCoA ・ヌクレオシド/ヌクレオチド ・肉バイオマーカー (TMAO) ・ケトン体 ・プラズマローゲン	・アミノ酸 ・アデノシン三リン酸 ・DAP ・イソプロスタン ・ポリオール	・アシルカルニチン ・dNTP、cyclic dAMP ・コエンザイム I ・メバロン酸 ・リン酸化化合物	・神経伝達物質 ・NADP ・分岐鎖アミノ酸 ・フェノール酸 ・β-アミノ酸
	植物代謝物 動物ホルモン	・アントシアニン ・植物二次代謝物	・カロテノイド ・コレチコステロン	・植物ホルモン ・プロゲステロン	・フラボノイド ・植物一次代謝物
	有機化合物	・水溶性ビタミン ・カテコールアミン ・スルファチド	・脂溶性ビタミン ・チオール ・レチノイン酸	・ビタミン様化合物 ・糖アルコール ・芳香族アミノ酸	・胆汁酸 ・生体アミン ・ポリアミン
	無機化合物 炭水化物 代謝物	・アルデヒド ・グルコース	・ポリフェノール ・スクロース	・金属(メタロミクス) ・フルクトース	・有機酸 ・コリン/コリン代謝物 ・プリン ・ラクトース ・ガラクトース

納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
- ・定性または定量的なペプチド同定データを含んだデータリスト (Excel 形式)

ご選択いただくパネルによりサンプル受入条件等の内容が異なります。詳しくは弊社までお問い合わせください。

包括的リポーム解析サービス

概要

脂質は、生体膜の主要成分です。それらは、生細胞におけるエネルギー貯蔵の主な形態であるだけでなく、よく知られた細胞シグナル伝達メディエーターでもあります。リポームは、8つの主要なカテゴリー、80以上の主要クラス、300サブクラス、および様々な濃度の数千種類の脂質種から構成されています。リポミクスは、生体系、組織、体液または細胞内の全ての脂質分子 (> 30,000 種)の体系的な研究であり、細胞生理と病態生理をよく理解するためには、脂質の包括的な同定と正確な定量化が重要です。

包括的なリポミクスは、数百から数千の個々の脂質種を同時に分析することを可能にし、それは個体の健康状態を評価するのに有益です。がん、糖尿病、アルツハイマー病および心血管疾患の研究において、脂質プロファイルの相違が報告されています。このような種類の詳細な脂質プロファイルは、医療リスクの評価、患者の治療の監視と最適化に利用でき、精密医学の概念の基礎となります。包括的リポミクスのアプリケーションには、農業科学、バイオマーカー、アルツハイマー病、アテローム性動脈硬化症、心血管、がん、糖尿病および肥満疾患研究、臨床診断、創薬およびシステム生物学が含まれます。

解析のワークフロー

本解析は、最大 500 種類 (リン脂質、スフィンゴ脂質、グリセロ脂質など) の様々なカテゴリーの脂質種について、LC-MS による正規化された相対強度をご提供します。ただ、こちらについては、提供して頂くサンプルのソースにより、同定される脂質の数が異なる場合があります。また、本解析は各サンプル間で取得されたピーク面積比によるサンプル間の相対定量が可能です。



本サービスで検出可能な脂質種例

PA : ホスファチジン酸
PC : ホスファチジルコリン
PE : ホスファチジルエタノールアミン
PG : ホスファチジルグリセロール
PI : ホスファチジルイノシトール
PS : ホスファチジルセリン

LPC : リゾホスファチジルコリン
LPE : リゾホスファチジルエタノールアミン
LPI : リゾホスファチジルイノシトール
LPS : リゾホスファチジルセリン
CER : セラミド
CE : コレステロールエステル

SM : スフィンゴミエリン
dhSM : ジヒドロスフィンゴミエリン
MAG : モノアシルグリセロール
DAG : ジアシルグリセロール
TAG : トリアシルグリセロール

サンプル条件

細胞

≥ 1 × 10⁷個

凍結組織

50~100 mg

血清 / 血漿

≥ 200 μL

※ サンプルの対象生物種をお知らせください。

※ サンプル量は目安です。生物種等で必要量が変わる場合があります。

納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
- ・定性または定量的なペプチド同定データを含んだデータリスト (Excel 形式)

サービス名	数量	カタログ#
包括的リポーム解析サービス	3 サンプルから受注受付	F-CPM-ULS-[サンプル数]

バイオインフォマティクス解析はオプションです。

ご依頼頂く場合は、
n=3~5以上で
1グループを構成して頂く
必要があります。

詳しくはP23へ

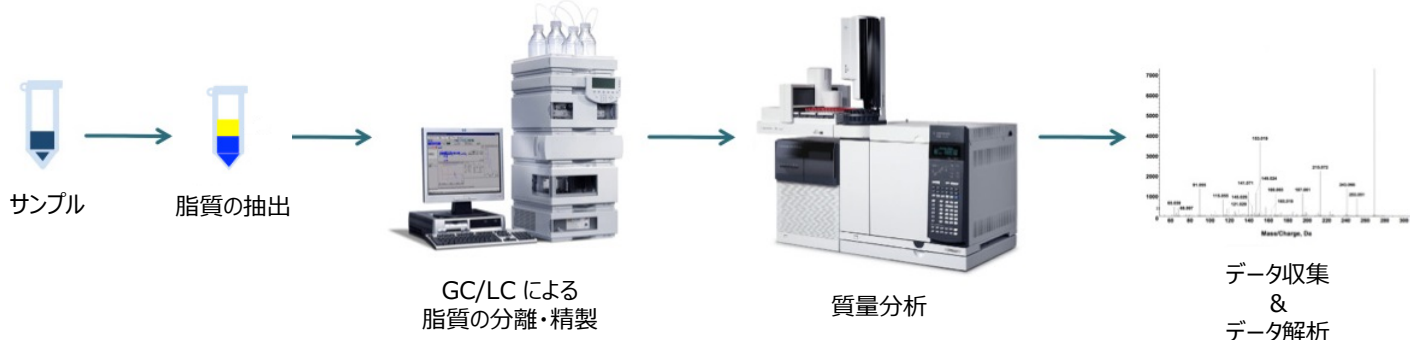
標的リポドーム解析サービス

概要

脂質は、細胞膜のエネルギー貯蔵と構成成分だけでなく、シグナル伝達、膜輸送および形態形成などにも重要な役割を担っています。標的リポドーム解析では、標的とする脂質の同定と定量が可能です。

解析のワークフロー

本解析は、標的物質に合わせて、GC-MS や LC-MS など、様々な分離および分析プラットフォームに基づき解析を実施します。



パネルリスト

以下は、本解析でご用意しているパネルの一例です。各パネルで定量できる脂質の詳細については弊社までお問合せください。ご用意しているパネルの他、お客様の解析内容に合わせてカスタムで脂質の解析をデザインすることも可能ですのでお気軽にご相談ください。

パネル名

パネルのカテゴリ	脂質				
	脂肪酸	・遊離脂肪酸 (ω3脂肪酸、ω6脂肪酸、飽和脂肪酸をカバー)			
		・総脂肪酸 (ω3脂肪酸、ω6脂肪酸、飽和脂肪酸をカバー)			
		・短鎖脂肪酸	・非常に長い鎖の脂肪酸	・分岐脂肪酸	・トランス脂肪酸
脂肪酸誘導体 脂肪酸代謝物	脂肪酸誘導体 脂肪酸代謝物	・プロスタグランジン	・ロイコトリエン	・CYP 450 代謝物	・ヒドロキシエイコサテトラエン酸 (HETE)
		・リボキシゲナーゼ	・カンナビノイド	・エイコサノイド	・エイコサノイド代謝物 (尿)
		・ミコール酸			
		・脂肪酸代謝	・アシル CoA		
グリセロ脂質 グリセリン脂質	グリセロ脂質 グリセリン脂質	・グリセロ脂質	・ジアシルグリセロール	・トリグリセリド	
		・グリセリン脂質	・カルジオリピン		
スフィンゴ脂質	スフィンゴ脂質	・セラミド	・スフィンゴミエリン	・スフィンゴシンベース	・ガングリオシド
		・スフィンゴ脂質代謝	スフィンゴシンーリン酸	・ヘキサシルセラミド	
インプレノイド	インプレノイド	・ポリプレノール			
ステロール	ステロール	・総ステロール	・遊離コレステロール	・コレステロールエステル	・オキシステロール
		・ステロイド			

納品データおよび仕様

納品データは、CD または DVD により解析データをご提供いたします。

- ・サンプル情報、作業内容、データの要約を含む解析レポート (PDF 形式)
- ・定性または定量的なペプチド同定データを含んだデータリスト (Excel 形式)

ご選択いただくパネルによりサンプル受入条件等の内容が異なります。詳しくは弊社までお問い合わせください。

バイオインフォマティクス解析 (メタボロミクス / リポミクス)

● バイオインフォマティクス解析 (オプション)

本サービスは、包括的メタボローム解析サービス、および、包括的リポドーム解析サービスで得られたデータを基にオプションでご依頼いただくことが可能なデータ解析サービスです。

● 解析例 – 機能アノテーションおよびエンリッチメント解析

代謝物や脂質は、生理学的状態の変化によって大きく変動するものもあります。質量分析により得られた代謝物、脂質などの機能を特定することは、潜在的なバイオマーカーを見つけ、生物学的機能を明らかにするためにとても有効な手段です。

【単変量解析】

① Fold Change 解析

倍率変化 (FC) は、最終値と元の値の間の量的変化の程度を表す尺度です。FC を使用して、メタボロミクスやリポミクスの遺伝子発現データを分析し、様々な条件下での変化を測定できます。FC 解析は簡単に利用できる一方で、バイアスがあり、差が大きい (YX) が比率が小さい (XY) 差次的に発現する遺伝子を失う可能性があり、高強度率で高い欠失が生じます。

② T 検定

T 検定を使用することで、2 つのデータセットが互いに優位に異なるかどうかを判断できます。1 標本 T 検定は、標本平均と既知の全体平均との差が優位であるかどうかを検定するために使用されます。2 標本 T 検定は、2 つの標本の平均と各母集団との差が優位であるかどうかを検定するために使用されます。対応のあるサンプルの T 検定は、一致する 2 つのグループの被験者によって取得されたデータ、または異なる条件下で同じグループの被験者によって取得されたデータの差を解析します。この目的は交絡因子の影響を排除することです。

③ 分散分析

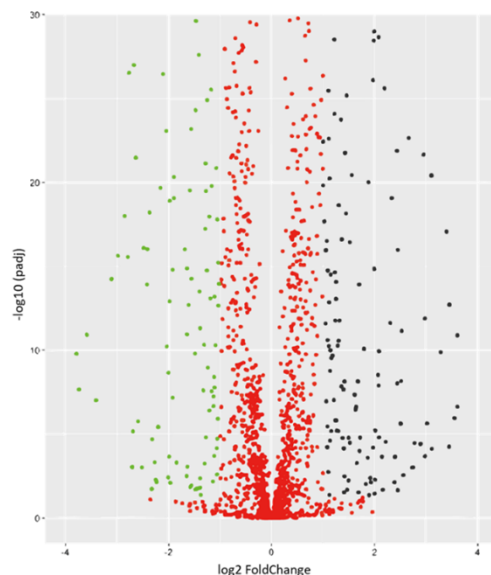
分散分析 (ANOVA) は、グループ間およびグループ間の「変動」など、グループの平均値からの個々の値の変動を分析するために広く使用されている統計モデルです。特定の変数で観察された分散は、様々な変動に起因するコンポーネントに分割されます。ANOVA は、統計的優位性について 3 つ以上のグループ (または変数) を比較するのに非常に有用です。

④ 相関分析

相関分析は 2 つの変数が関連しているかどうかを調べる際に、利用される単変量法です。本解析では、1.既知のバイオマーカーと同様の機能の識別、および、2.特定のパターンに従った特徴の識別、を行うことが可能です。この分析でサポートされている類似性の尺度は次の通りです。
ユークリッド距離、ピアソンの相関、スピアマンの順位相関およびケンドールのタウ検定。

⑤ ボルケーノプロット

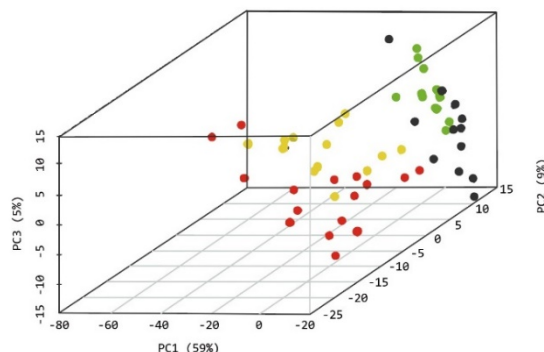
ボルケーノチャートは、複雑なデータで構成される大規模なデータセットの変化を素早く見つけるために使用される散布図です。ボルケーノプロットは、mRNA レベルの差次的発現に関する、ノイズレベルで標準化されたシグナルと標準化されていないシグナルの両方を表示します。散布図として、ボルケーノプロットは、遺伝子アノテーションなどの他の外部情報を組み込んで、病気や表現型に関する仮説生成プロセスを支援することができます。



【多変量解析】

① 主成分分析

主成分分析 (PCA) は、直交変換を使用して、考えられる相関変数の観測値のセットを主成分と呼ばれる線形無相関変数の値のセットに変換する、広く使用されている統計手法です。これは教師なし学習による統計解析アプローチで、メタボロミクスやリポミクスで最も広く使用されている統計ツールです。PCA は、探索的データ解析のツールとして、また予測モデルを作成するために使用されます。



バイオインフォマティクス解析 (メタボロミクス / リポドミクス)

② PLS-DA / OPLS-DA

部分的最小二乗回帰 (PLS-DA) は教師あり学習による多変量統計解析手法です。これは代謝物や脂質の変化と実験のグループ化の間の回帰モデルを組み合わせ、特定の判別閾値を使用して回帰結果の判別分析を行います。PCAと比較して PLS-DA はグループ間の違いをより細かく調べることができます。

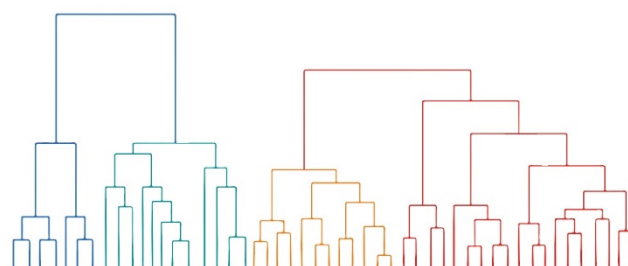
直交部分的最小二乗回帰 (OPLS-DA) は、複数の従属変数から複数の独立変数への回帰モデリング手法です。この方法の特徴は、カテゴリ変数 Y に関連しない独立変数 X のデータ変動を除去できるため、カテゴリ情報が主に主成分に集中することです。これによってモデルがシンプルになり、主成分スコアマップの識別効果と視覚化効果がより明白になります。

OPLS-DA は、実験条件とは独立した変化をフィルタリングすることができます。そのため、OPLS-DA は、PLS-DA よりも実験条件に関連するサンプルの違いをより適切に反映でき、グループ間のサンプルの分離を適切に行うことができます。一般に、PLS-DA は 2 つ以上のグループを比較するためによく使用されますが、OPLS-DA は通常 2 つのグループを比較するために使用されます。さらに、OPLS-DA は、異なる代謝物(脂質)のスクリーニングにおいて PLS-DA よりも正確です。

【クラスタリング解析】

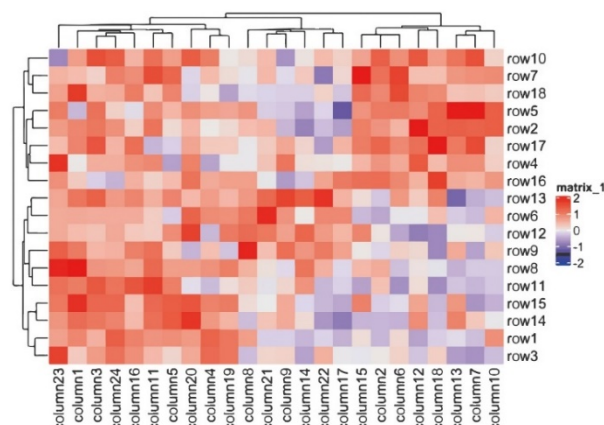
① 樹形図解析

樹形図は、階層的クラスタリングによって生成されたクラスターの配置を示すために広く使用されている樹形図です。階層的クラスタリングアルゴリズムは、個々のクラスター内の各オブジェクトから始まります。すべてのステップで、最も類似している 2 つのクラスターが 1 つの新しいクラスターに結合されます。一度融合すると、オブジェクトを分離することはできません。



② ヒートマップ解析

ヒートマップは、マトリクスに含まれる個々の値が色で表される統計データのグラフィック表現です。ヒートマップは複数の変数間の際を表示したり、互いに類似した変数があるかどうかを示したり。相互に相関関係があるかどうかを検出するのに適しています。



③ K-means クラスタリング / 自己組織化マップ

K-means クラスタリングは、ベクトル量子化の方法です。K-means は、初めにいくつかのカテゴリに分割されるかを推定し、次に類似性の距離に従ってすべての遺伝子をこれらのカテゴリに分類する必要があります。K-means 計算は、階層的クラスタリングよりもはるかに少なく、効率的です。

自己組織化マップ (SOM) は、ニューラルネットワークに基づくデータマトリクスおよび視覚化手法です。データセット内の各オブジェクトは、一度に 1 つずつ処理されます。最も近い中心点が決定され、更新されます。

K-means とは異なり、SOM の中心点の間にはトポロジカル秩序があります。中心点を更新している間、設定された閾値に達するか、中心点が大幅に変更されなくなるまで、隣接する中心点も更新されます。最終的に複数のクラスターを暗黙的に定義する一連の中心点が取得され、この中心点に最も近いオブジェクトが同じクラスターに分類されます。SOM では、クラスターの中心点間の近接関係を強調し、隣接するクラスター間の相関が強くなります。そのため、SOM はネットワークデータや遺伝子発現データを視覚化するためによく使用されます。

上記の解析例の他にも、エンリッチメント解析、パスウェイ解析など、様々な解析内容をご用意しています。

仕様

本サービスは包括的メタボローム、包括的リポドーム解析をご利用いただいたお客様のためのオプションサービスです。解析をご希望の場合はデータ品質、統計的優位性を保つため、1 グループの生物学的レプリケート数を 3 以上で構成していただく必要がございます。

超ハイスループット代謝物プロファイリング受託解析サービス

General
Metabolics

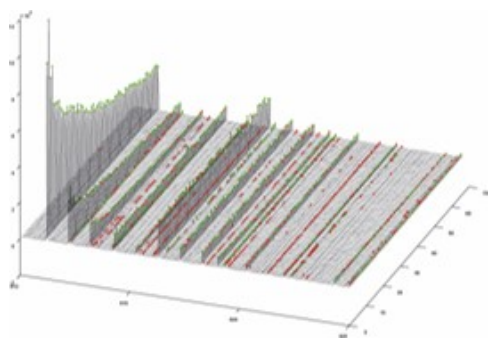
概要

本サービスは、フローインジェクション法により正確な質量と高分解能な質量分析を実現した超ハイスループットの非標識メタボロミクスです。複雑な生物学的マトリックスにおける代謝物を同定し、短時間なデータ取得と効率的なパイプラインを組み合わせることで、他のメタボロミクスのアプローチよりもサンプルスループットを 30 倍向上させることが可能です。そのため、1,000 サンプルを超える大規模なコホートの分析も短時間にデータ取得することが可能です。

解析のワークフロー

本サービスは、サンプルの前処理、品質チェック、FIA-QTOF-MS 分析からデータ視覚化までを全て実施するトータルサービスです。対象を絞らず非標的に広範な極性代謝物を検出し、同定する非標的メタボロミクスとなっており、この代謝物プロファイリング法は全ての主要な代謝経路（アミノ酸代謝、エネルギー代謝、脂質代謝、ステロイド代謝、脂肪酸、アミノ糖および N-グリカン、ビタミンおよび補因子、イノシトールリン酸代謝）の代謝分子に加え、2-ヒドロキシグルタル酸やイタコン酸など代謝経路に通常割り当てられていないが重要とされる代謝物もカバーしています。

カバレッジの一例として、血漿サンプルにおける解析では、心血管疾患、炎症、がんなどにおいて確立されているマーカーを含め 1,200 種類程度の代謝物のアノテーションが付けられます。



フローインジェクション質量分析：

ポンプによって連続的にイオン源に送液されている溶媒にインジェクターなどを用いて試料溶液を注入し、カラム等を用いたクロマトグラフィーは行わない状態で試料溶液をイオン源に導入して行う質量分析法。

サンプル条件

細胞

 $\geq 2 \times 10^5$ 個

凍結組織

20 ~ 50 mg

血清 / 血漿

 $\geq 50 \mu\text{L}$

※ サンプルの対象生物種をお知らせください。

※ サンプル量は目安です。生物種等で必要量が変わる場合があります。

解析サンプルにつきましては、測定プラットフォームを一部自動化している関係上、以下の指定の 96 well プレートおよびプレートシールを必ず使用してご送付ください。指定品以外のプレートなどの場合は、対応できない可能性があります。

血清および血漿サンプル

- 96well プレート：Abgene™ 96 Well 0.8mL Polypropylene Deepwell Storage Plate (Cat.# AB0859)
- プレートシール：Nunc™ Seals, Tapes, and Foils (Cat.# 232698)

その他、一般的なサンプルタイプ
(抽出代謝物、組織、細胞など)

- Thermo Scientific™ Matrix 0.5mL ScrewTop Tubes in Barcoded Latch Racks (Cat.# 3744-BR)

上記以外でも、以下の指定品でご準備頂ければ、1.5 mL マイクロチューブでのご提出も可能です。ただし、マイクロチューブでのご提出頂く場合は、取り扱いおよび作業手数料として、**サンプルあたり 3,000 円 (税別) の追加費用**が発生いたしますので、ご注意ください。

利用可能なマイクロチューブ：Invitrogen RNase-free Microfuge Tubes (Cat.# AM12400)

※上記以外の容器類をご使用される場合は、必ず事前にご相談ください。

超ハイスループット代謝物プロファイリング受託解析サービス

General
Metabolics

● 納品データおよび仕様

ご要望の分析内容により取得するデータは変更される場合がございますが、以下の様な各種解析結果をご提供させていただきます。

プロジェクトレポート (html 形式) :

サンプル QC、差分比較および統計 (コホート / 比較情報が提供されている場合)

各種データファイル (xlsx 形式) :

実験概要、完全なデータマトリックス (精選されたデータ)、差分統計 (コホート/比較情報が提供されている場合)

※ MS1 スペクトルの機器取得 (Raw) ファイルは、ご要望に応じてご提供いたします。

メタボミクスデータ用のインタラクティブなオンライン環境 (ソフトウェア) :

ボルケーノプロット生成、差分特性の強度プロット、パスウェイマッピングとパスウェイエンリッチメント、超ハイスループットデータに適した順序分析と回帰分析。



サービス名

数量

カタログ#

超ハイスループット代謝物プロファイリング受託解析サービス

10 サンプル (抽出込)
小規模解析向け特別パック

F-GMT-UHMP10

1/2 プレート (48 サンプル)

-

1プレート (96 サンプル)

-

※基本的に 96 well プレート単位で費用が設定されておりますが、検体数やプロジェクト内容で変動する場合があります。

※上記解析費用の他、サンプルの海外輸送費が別途発生いたします。

バイオ医薬品特性解析ソフトウェア - Byos®



概要

Byos® は、バイオ医薬品開発における特性評価を効率的に実行するためのソフトウェアです。Thermo Fisher Scientific 社、SCIEX 社、BRUKER 社、Waters 社、Agilent 社、島津社の質量分析装置から出力されるデータに対応し、生データの読み込みからレポート出力までを自動で実行するワークフローが標準搭載されているため、マウスクリックによる簡単な操作で、各種解析を実行することができます。



- MS/MS 検索の実行と、同定された XIC データ比較
- MS1 データと *In silico* XIC データの比較
- MS/MS 検索結果を用いたクロマトグラム解析のワークフローを利用可能
- MS1 データを用いた *In silico* クロマトグラム解析のサポート
- 未消化タンパク質、還元タンパク質、薬物抗体複合体解析のための、バイアスのないデコンボリューションを使用可能
- シーケンスバリエーション解析、宿主細胞タンパク質の定量、ジスルフィド結合マッピングなどの応用的な解析も自動で実行
- mRNA などの構造解析、MS2 による構造解析・不純物分析

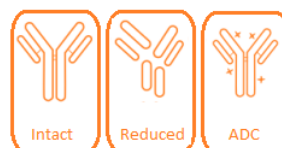
特性解析用ワークフロー

Byos® には、バイオ医薬品特性解析に利用する様々なワークフローが標準で搭載されています。これらのワークフローを使用することで、最適な設定でデータ解析を行うことができ、バイオ医薬品開発における、開発コストや時間を削減することができます。

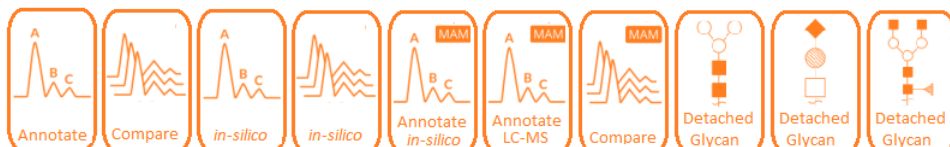
Peptide Level Analysis :



Intact Mass Analysis :



Chromatogram Analysis :

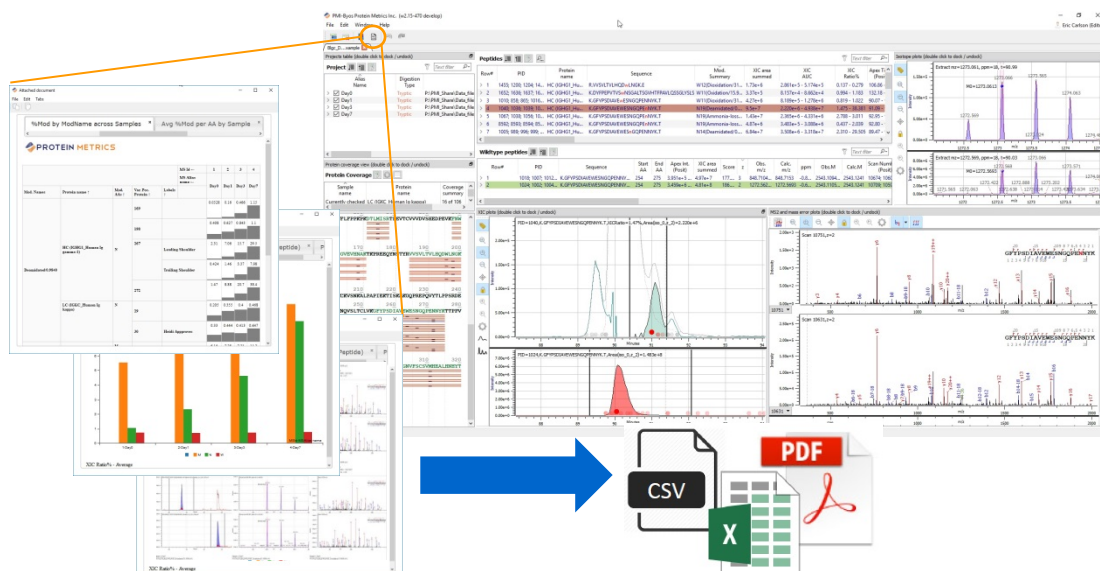


Oligo Analysis :



ワークフロー出力データ

ワークフローを実行すると、自動で解析結果のテーブルやグラフなどをまとめたプロジェクトデータとレポートが作成されます。これらデータはファイル出力することができ、研究者間でデータを共有する場合に役立ちます。



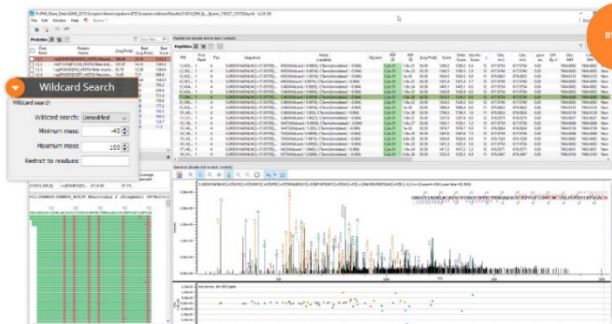
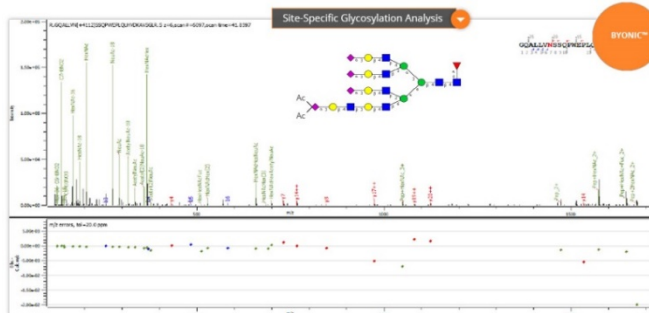
修飾ペプチド・タンパク質同定用ソフトウェア - Byonic™

概要

Byonic™ は、タンデムマス (MS/MS) データからペプチドやタンパク質を同定するソフトウェアです。タンパク質データベースに基づくスペクトルの理論値と実測値とを照合して、ターゲットとするペプチドを検索します。Modification Fine Control や、Wildcard Search、Glycopeptide Search といった 3つの特徴的な機能を搭載し、高感度かつ包括的な修飾ペプチドの検索や、予期せぬ (または未知の) 修飾の検証、グリコペプチドの探索を実行することが可能です。



- トップダウンおよびボトムアップのサーチ機能
- Modification Fine Control™ による、20 種類以上の修飾の高感度かつ迅速な検索
- Wildcard Search™ による、未知の修飾の検索
- 糖ペプチド検索
- ジスルフィド結合と架橋構造の同定
- シークエンスバリエーション検索および修飾部位の特定
- CID、HCD、ETD などの様々なフラグメントタイプをサポート



Carbamidomethyl / +57.021464	C	Fixed
Methyl / +14.01565	C	Variable - common 2
Deamidated / +0.984016	N	Variable - common 2
Deamidated / +0.984016	Q	Variable - common 1
Carbamidomethyl / +57.021464	Peptide N-term	Variable - rare 1
Gln→pyro-Glu / -17.026549	Peptide N-term Q	Variable - rare 1
(Frequently-used modifications)		
Acetyl / +42.010565	Control format:	
Amidated / -0.984016		
Ammonia-loss / -17.026549		
Carbamidomethyl / +57.021464		
Carbamyl / +43.005814		
Carboxymethyl / +58.005479		
Cation-Ha / +21.981943		
Deamidated / +0.984016		
Dehydrated / -18.010565		
Delta C(1) / +12		
Delta H(2)(2) / +26.01565		
Delta H(4)(3) / +40.0318		
Dethiomethyl / -48.003371		
Dicarbamidomethyl / +114.042927		
Dimethyl / +28.0313		
Dioxidation / +31.989829		
DTT / +151.996571		
Enzymol. / +57.021464		

Search	Running Time
All common	17min 35sec
Common + rare	6min 1sec

Modification Fine Control™

- ✓ 検索する修飾情報をリストから設定
- ✓ 修飾リストは Unimod をサポート
- ✓ リストに登録されていない修飾はマニュアルで設定可能
- ✓ 修飾タイプは Fixed と Variable (common、rare) の 3 種類
- ✓ Variable を common と rare に分けることで、検索時間を短縮

Wildcard search

Enable wildcard search: ☒

Minimum mass:

Maximum mass:

Restrict to residues:

Wildcard Search™

- ✓ 予期せぬ修飾、または未知の修飾の検証
- ✓ オプションにチェックを入れ、mass delta 設定するだけで実行
- ✓ 検索するアミノ酸残基を指定することも可能

Enter glycan database(s):

Glycan Type:

Glycan database:

Enter specific glycan(s):

Glycan Type:

HexNAc Hex:

Fuc:

Pent:

NeuAc:

NeuGc:

Sodium:

Additional mass:

Total delta mass: 892.317216

OK Cancel

Glycopeptide Search™

- ✓ グリコペプチドの検索
- ✓ N-結合型および O-結合型の両方をサポート
- ✓ 特定のグリカン組成を指定するか、グリカンデータベースを選択して検索
- ✓ ユーザーの作成したグリカンデータベースも利用可能

LC/MS・GC/MS解析ソフトウェア - MsXelerator™



概要

MsXelerator™ は、LC/MS、GC/MS データ解析用のソフトウェアです。薬物代謝産物やプロテオミクス、メタボロミクスなどに対応し、質量分析データから高感度にピークの検出や同定、比較などを行うことができます。

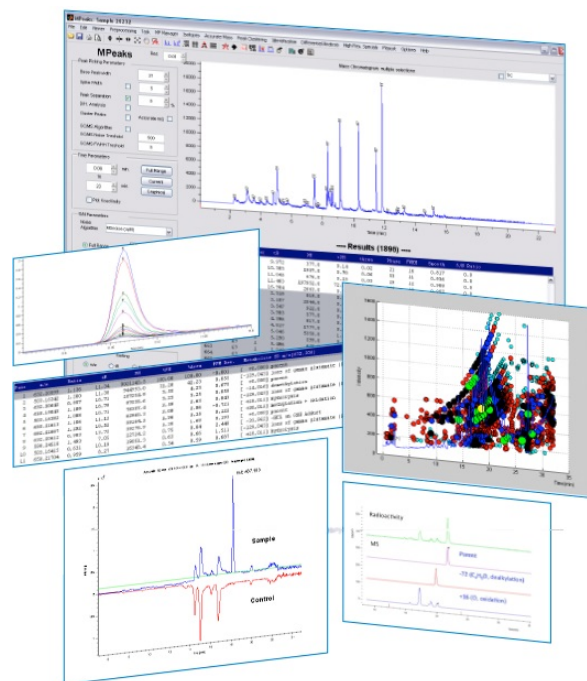
主要な機能

MPeaks

高感度および高解像度で、質量分析データからピークの検出を行います。検出されたピークは、直ちにピーク識別用のコンポーネントに変換され、またサンプルとコントロール間の比較解析に用いることが可能です。MPeaks で検出されたピークは、テーブル形式のリストにまとめられ、各ピークの詳細情報などの確認を行うこともできます。

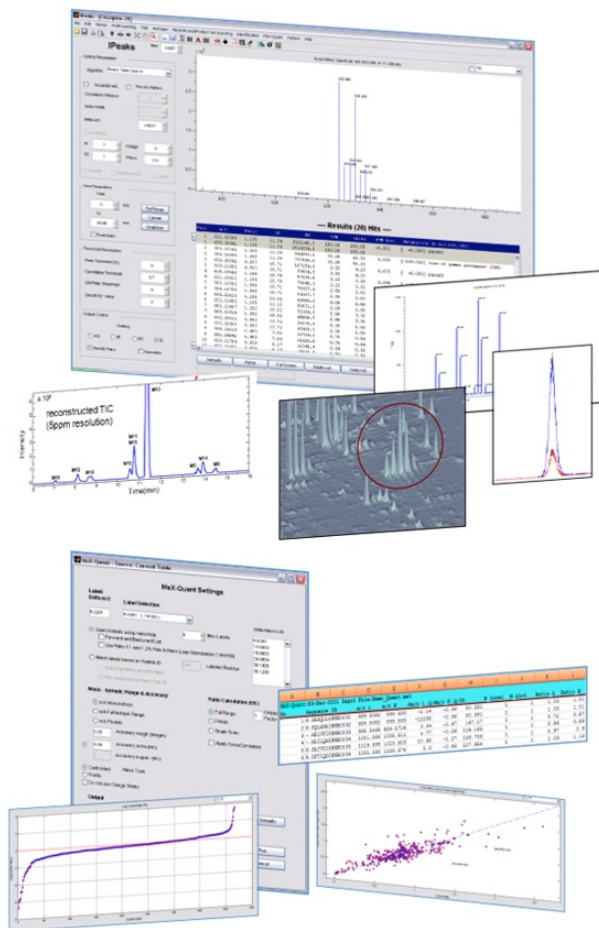
IPeaks

IPeaks では、特異的な同位体パターンを使用したピークの検出と定量を行うために、高解像度な同位体パターンマッチングを実行します。塩素や CGH、12C / 14C、化学的または SILAC ラベルペプチドなどの、様々な同位体特性を使用することができ、高速かつ正確、さらに高感度な検出が可能です。その他、サンプル / コントロール間の比較や、付加物の除去、2 重スペクトル同定などの機能も備えています。



MsCompare

MsCompare では、異なるグループにおける一連のサンプルに対して、ピーク検出とピークマッチングを行います。適切なアライメントを行った後、すべての特異的なピークの検出と探索を行うために、t 検定や Fisher 検定、また Ratio の算出の様な一変量解析、主成分分析 (PCA) や階層型クラスタリングなどの多変量解析の組み合わせを適用することが可能です。これらを活用することによって、大量のサンプルデータを用いた、バイオマーカー探索やメタボローム解析を行うことが可能となります。



GC/MS QC

GC/MS ベースのメタボロームデータに対して、装置性能の評価と様々なクオリティーコントロールツールを使用することができます。信頼性の高い GC/MS ピークの検出、正確なデコンボリューション、アライメント、ピークの純度チェック、NIST やユーザー定義の MS ライブラリーを用いた未知ピークの同定などが使用可能で、Thermo Fisher Scientific社、Water社、Sciex社、Bruker社、Agilent社の装置に対応しています。

GC/MS解析ソフトウェア - GC-Analyzer™ / GCxGC-Analyzer™



概要

フィルジェンでは、GC/MS 解析用の GC-Analyzer™、および GCxGC/MS 解析用の GCxGC-Analyzer™ を販売しています。GC-Analyzer™ は GC/MS データからの、GCxGC-Analyzer™ は GCxGC/MS データからの高感度なピーク検出や同定、サンプル間比較の他、検出イオンのデコンボリューションに対応しています。

GC-Analyzer™ (GC/MS解析ソフトウェア)

主要な機能

ピーク検出

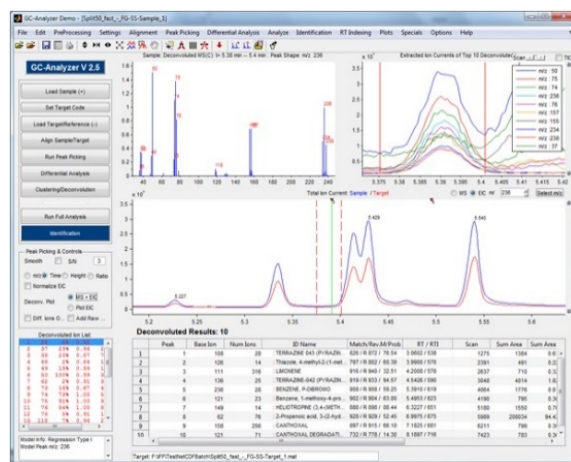
GC-Analyzer™ では、データファイルに含まれるすべてのクロマトグラフピークの形状を、数秒で検出可能です。このピーク検出では、すべての関連パラメータが最適化されており、同一の形状と保持時間をもつイオンは、実成分にデコンボリューションされます。

比較解析

サンプル間比較解析を行うことで、低レベルなデータにおいても、サンプルとコントロール間で差がある要素の検出を行い、製品管理やトラブルシューティングなどに応用可能です。解析結果は、ドットやバブルプロットのインタラクティブなグラフで表示され、差があるイオンを容易に検索可能です。

デコンボリューション

GC-Analyzer™ では、データの複雑度に合わせて、適切なデコンボリューションを実行可能で、デコンボリューションの結果は、すべての検出された要素の閲覧や、差のあるピークとして使用可能です。デコンボリューションされたスペクトルは、その後 NIST MS Search プログラムを実行することで、完全な同定を行います。



GCxGC-Analyzer™ (GCxGC/MS解析ソフトウェア)

主要な機能

インポートとグラフ探索

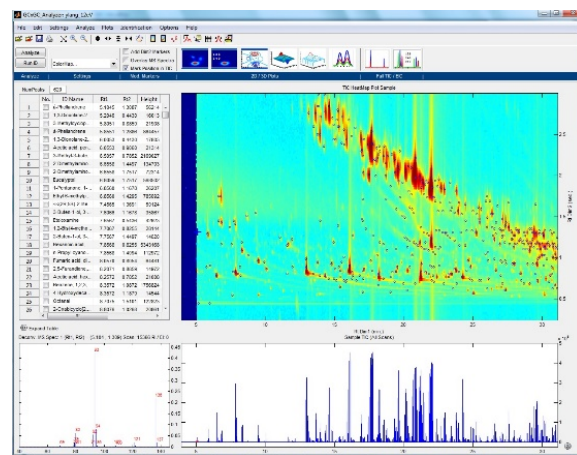
すべてのメジャーなベンダーの質量分析データをインポートし、TIC やマススペクトルの比較、イオン電流の抽出、さらにグラフのコントロールを行うことが可能です。また、GCxGC-Analyzer™ では、大きなデータセットにおけるデータ探索を行うために、3D プロットやヒートマップ、選択イオンのマップ表示、TIC とマスクロマトグラムといった、時系列データ表示が可能なビューワー機能を備えています。

ピーク検出

GCxGC-Analyzer™ では、データファイルに含まれるすべてのクロマトグラフピークの形状を、数秒で検出可能です。ピーク検出は、TIC またはすべてのフラグメントイオンに対して実行可能で、全イオンモードではさらに多くの小さい要素も検出が可能です。

ピークの同定

GCxGC-Analyzer™ は、NIST MS Search プログラムにダイレクトにリンクしています。そのため、すべてのデータセットまたはただ 1 つの選択されたピークに対して、ピークの同定を行うことが可能です。



DIA プロテオミクスソフトウェア – Spectronaut®

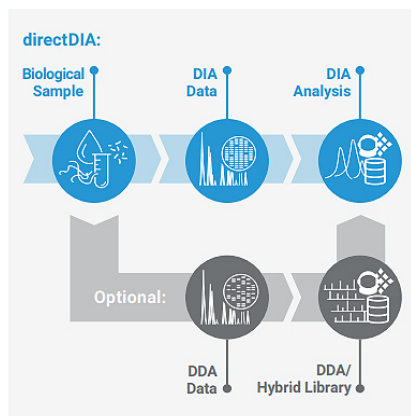
概要

Spectronaut® は、網羅的なプロテオミクス測定技術であるデータ独立取得 (DIA) の解析ソフトウェアです。スペクトルライブラリーフリーのワークフロー (directDIA) と、スペクトルライブラリーを用いる一般的なワークフローの両方に対応し、Biognosys 社独自の検索エンジン Pulsar を搭載しているため、外部の検索エンジンを必要としません。データの視覚化や解析結果の統計解析を行うための機能も搭載されており、生データから生物学的解釈まで、単一のプラットフォームで解析を行うことができます。



- DIA 実験データにおけるライブラリー作成から生物学的解釈までをサポートした、統合ソリューションを提供します。
- 10,000 サンプルもの大規模ライブラリーを使用する場合でも、高速に実行が可能です。
- ソフトウェアの設計ウィザードと最適パラメータの自動検出により、簡単な操作で信頼性の高い DIA 解析を行うことができます。
- ラベリングおよびラベルフリー、さらにスパイクイン実験の定量に対応します。
- 様々な質量分析装置ベンダーの DIA データを解析可能です。

DIA 解析ワークフロー



従来のデータ独立取得 (DIA) 解析では、データ依存性取得 (DDA) より作成されたスペクトルライブラリーを必要としていたため、分析装置による追加実験が必要でした。

Spectronaut® では、従来型のスペクトルライブラリーを用いる DIA 解析に加え、ライブラリーフリーの DIA 解析 (directDIA) をサポートし、高速かつコストを節約した DIA 解析が可能です。

その他のアプリケーション

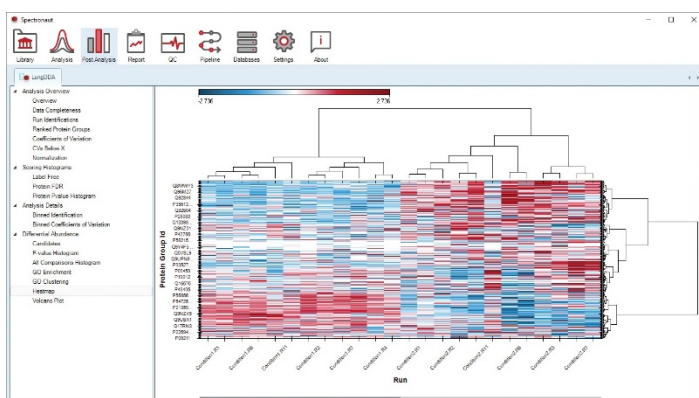
Library Perspective : Biognosys 社独自の検索エンジン Pulsar によるライブラリー作成や、外部検索エンジンの検索結果の読み込み

Analysis Perspective : DIA 解析結果の、抽出イオンクロマトグラム (XIC) やクロスラン強度アライメント、タンパク質カバレッジなどの確認

QC Perspective : MS1 と MS2 の精度、検出数、感度やクロマトグラフィーの動作の監視などの品質管理

Report Perspective : タンパク質・ペプチドの定量データや各種データの確認

Post Analysis Perspective : 解析結果のサンプル間比較解析 (t 検定、ヒートマップ、Gene Ontology 解析など)



プロテオミクスソフトウェア - SpectroDive™ / SpectroMine™



概要

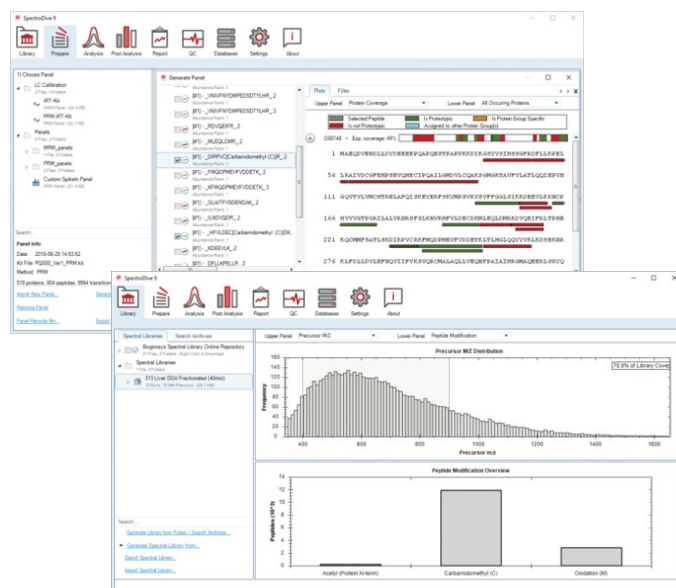
フィルジェンでは、標的タンパク質の解析用の SpectroDive™ とタンパク質のショットガン解析のための SpectroMine™ を販売しています。

ターゲットプロテオミクスソフトウェア - SpectroDive™

主な機能

SpectroDive™ は、様々な MS プラットフォームによる MRM/PRM および SureQuant 解析に対応し、さらに DDA データからのライブラリー作成と、データ取得のためのアッセイパネルの構築にも対応します。本ソフトウェアに搭載されている高性能なピーク・ピーキングアルゴリズムにより、大規模なデータセットでも比較的高速に解析を実行でき、また、Biognosys 社より販売を行っている「iRT Kit」と併用することで、より高精度な解析を行うことができます。

- MS メソッドのセットアップ、シグナル処理、クオリティーコントロール、データ解析は自動化されており、多くの処理を簡単な操作で実行可能です。
- アッセイパネルの構築において、ターゲットとなるタンパク質に対して最も適したペプチドの選択を、直感的かつ自動化された操作で行うことが可能です。
- MRM、PRM、DDA、DIA データの高精度な iRT キャリブレーションにより、ターゲットペプチド取得のためのスケジューリングの最適化を行います。
- 各種セットアップウィザードを備え、様々な形式でグラフやレポート作成、候補タンパク質リストの出力などをシームレスに行うことができ、パネル作成から生物学的な解釈までを、1つのアプリケーションでパイプラインとして実行可能です。



ショットガンプロテオミクスソフトウェア - SpectroMine™

主な機能

SpectroMine™ は、DDA モードで取得した、TMT、iTRAQ、EASi-tag などのアイソバリック標識された定量実験を解析するために特別に開発された進化的プロテオミクスソフトウェアです。また、同重体ラベルデータのみならず、DDA モードで取得したラベルフリーのデータの定性解析を行うこともできます。

- インストールからライブラリー作成、同定・定量、データ正規化、有意差解析、結果の解釈まで、シームレスなワンクリックで多数のレポート、数千種類のタンパク質を同時に測定可能です。
- TMT、iTRAQ、EASi タグなどでラベルされた DDA データの定量化解析をサポートし、またカスタムタグの追加やラベルフリーデータの解析も可能です。
- 標準搭載の Pulsar エンジンを使用することにより、1000 ランを超える膨大なデータ量でも同時に高速な処理が可能です。
- PSM、ペプチド、およびタンパク質レベルの FDR をコントロールします。
- GO Enrichment 解析により、タンパク質のもつ生物学的な機能の解析が可能です。



MALDI HIPLEX MSI用試薬 - Miralys™ 抗体プローブ



概要

本製品は、MALDI イメージング用質量分析装置と併用することでインタクトタンパク質のイメージングを可能とする特許取得済みの光解離性質量タグ (Photocleavable Mass-Tag; PCMT) 付き抗体プローブです。抗体に結合している PCMT は既知の固有の質量を有するため、一度の MALDI-MS イメージングにて 100 以上の標的タンパク質の同時解析を実現します。これにより従来の課題であった一度のイメージングで追跡可能なタンパク質数の制限を克服します。また、脂質や薬剤などの低分子 MSI とタンパク質 MSI を同一組織サンプル・同一機器にて解析することが可能です。

標的数の制限を克服したタンパク質 MS イメージングを実現

MALDI-MSI にて
インタクトタンパク質
を画像化

ハイパープレックス
& 高速

45分で100以上の
バイオマーカーの測
定を実現



マルチオミクス

小分子、脂質、グリカン、
細胞外マトリクス、インタ
クトタンパク質を同じ組織上
でイメージング

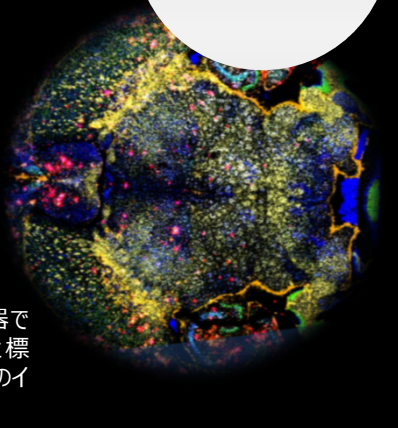


マルチモーダル

非破壊解析のため蛍光
イメージング等の別手法
による解析を同じ組織上
で実現

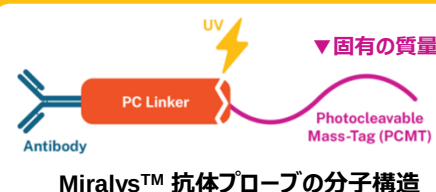
低分子と
標的局在

同じ組織、同じ機器で
薬剤等の低分子と標
的タンパク質の局在のイ
メージングを実現

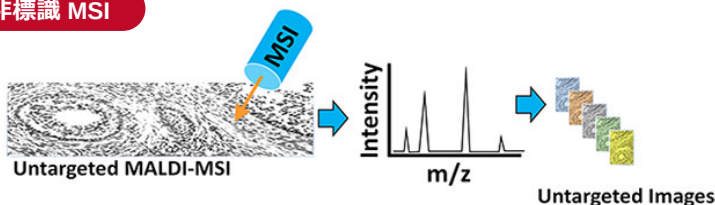


本製品は、特許取得済の PC リンカーを介して抗体に共有結合した PC-MT を有しています。抗体に結合する PC-MT は固有の既知の質量を有するため、それぞれの抗体を識別する質量タグバーコードとして機能します。本製品を用いたサンプル染色後、PC-MT は、MALDI-MSI の前に UV 光によって解離します。解離した PC-MT は、それぞれ固有の質量スペクトル (m/z) にてピークが検出されるため、1 回のスキャンで 100 以上のバイオマーカーを同時にイメージングすることが可能です。

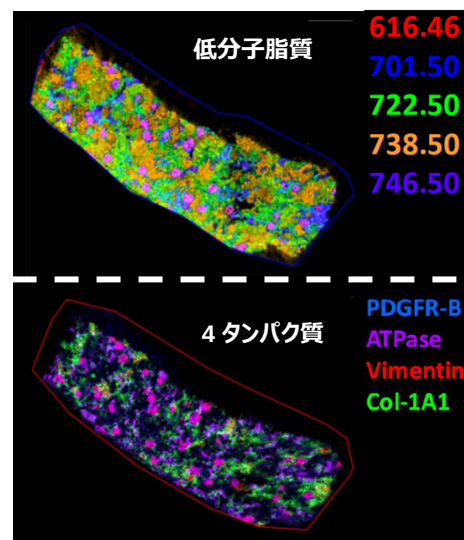
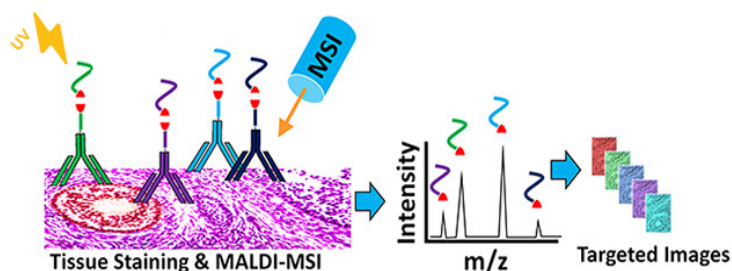
本テクノロジーは、蛍光免疫染色イメージングで問題となってくる蛍光スペクトルの重複等の影響を考慮する必要がないため、解析対象とする標的数の制限を克服します。また、本製品を利用した MSI の前に通常の非標識 MSI を実施いただくことで、低分子の薬剤や脂質等と標的タンパク質を同じ組織、同じ機器を用いて解析可能なため、非常に優れたタンパク・低分子の共局在性をイメージング可能です。



非標識 MSI



Miralys™ 抗体を用いた MSI

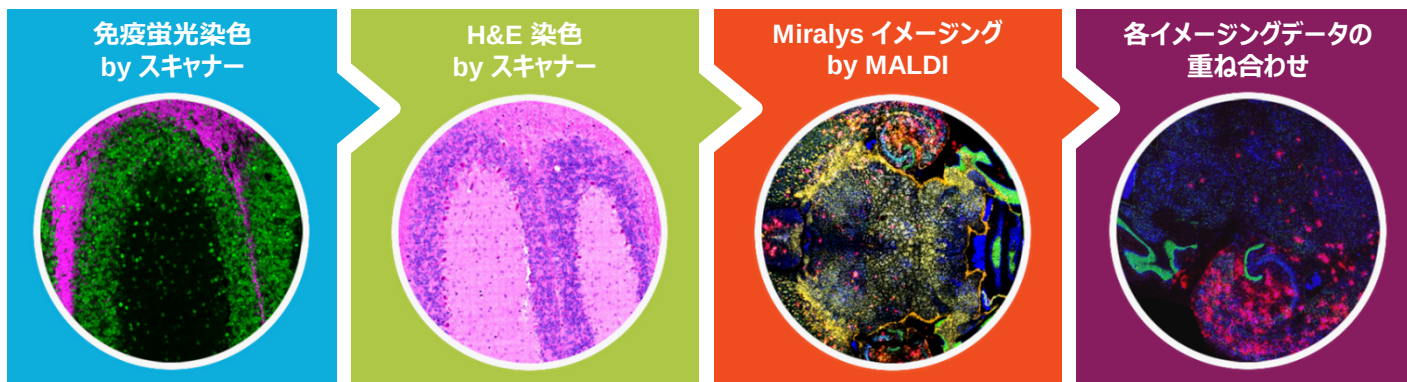


MALDI HIPLEX MSI用試薬 - Miralys™ 抗体プローブ



● 非破壊イメージングのため同一サンプルを用いて別手法によるイメージング/解析可能

Miralys™ 抗体プローブを用いた MALDI HiPLEX-IHC は非破壊イメージングのため、同一組織を用いて別手法によるイメージングや解析が可能とし、1つの組織サンプルから最大限のデータを取得することができます。MALDI HiPLEX-IHC による小分子と高分子の両方のイメージング後、蛍光イメージングやレーザーキャプチャーマイクロダイセクションとそれに続く LC-MS などの他の解析手法と組み合わせることが可能です。



● 製品ラインアップ

// Miralys™ スターターキット //

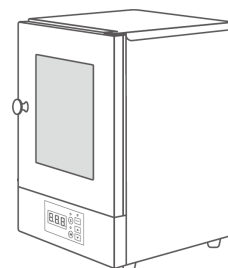
Miralys™ 抗体プローブを使用した MALDI HiPLEX-IHC のワークフローで必要となる専用機器「UV-Photocleavage light box」やワークフロー検証用の組織スライド、抗体プローブミックス等が付属したスターターキットです。付属する検証用スライドとプローブミックスについては、マウス脳（神経学用抗体プローブミックス）もしくはヒト扁桃腺（免疫学用抗体プローブミックス）のいずれかの仕様よりご選択いただけます。

▶ 検証済み専用機器 UV-Photocleavage light box

メーカーにて、ワークフローへの適合性が検証された専用機器であり、Miralys™ 抗体プローブにて染色した組織を使用して MSI を実施する前に、PC-MT を UV 光によって解離させるために使用されます。この機器を使用した PC-MT の光解離ステップは、本テクノロジーにおいて最も重要なステップとなります。

操作内容：

Miralys™ 抗体プローブにて染色した組織を機器内に設置し、10 分間 UV 光を照射し PC-MT を解離させる。



// Miralys™ 抗体プローブ //

▶ 検証済み標準抗体プローブ

本製品は、1 本に 12.5 µg (約 50cm² の組織染色分) の検証済み Miralys™ 抗体プローブが含まれています。100 程度のラインアップが掲載された製品リストについては弊社 HP よりご確認ください。



▲ 製品リスト
(Excel)

▶ 検証済み抗体マルチプレックスパネル

本製品は、複数の Miralys™ 抗体プローブがプレミックスされた状態で提供されるマルチプレックスパネルであり、1 本に 1 スライド (2 cm² 組織) 解析分が含まれています。神経学、主要がん、がん免疫、肺がん、乳がんに関連する 6 つのパネル製品をラインアップしています。

// Miralys™ PC-MT 修飾キット //

お手持ちの抗体を用いて、独自の Miralys™ 抗体プローブを自作いただくためのキットです。本キットには、100 µg の抗体への迅速なワンステップ PC-MT 修飾を実行するために必要な全ての試薬等が含まれています。

抗体の調整方法：

100 µg の抗体を 100 µL の PBS に溶解し、1 µg/µL の濃度にて抗体溶液を準備する必要があります。抗体濃度が高い場合は、付属の抗体バッファーにて 1 µg/µL に希釈します。

避けるべき条件：

- ・ BSA やゼラチンなどのタンパク質キャリア
- ・ グリシンなどのアミンベースのバッファー
- ・ グリセロールやアジ化物 (可能な限り避ける)

血中タンパク質定量解析用ペプチドキット / QC 用 iRT ペプチドキット


BIOGNOSYS
 NEXT GENERATION PROTEOMICS

概要

Biognosys 社では、ヒト血清 / 血漿サンプル中のタンパク質を定量するためのリファレンスペプチドキットならびにクオリティコントロール用の iRT (indexed Retention Time) ペプチドキットをラインアップしています。当社のペプチドキットと試薬により、研究者は最先端のプロテオミクスを自施設 (in-house) で応用できるようになります。

500 を越えるヒト血漿・血清タンパク質の同時絶対定量を実現

PQ500™ リファレンスペプチドキット

MRM/PRM の定量性と DIA の包括性の組み合わせにより、ヒト血漿 / 血清サンプル中の 500 を越えるタンパク質の絶対定量を可能にするリファレンスペプチドキットです。

本キットには正確な定量のために精製およびアミノ酸定量解析の行われた 804 種のリファレンスペプチドと、LC セットアップおよびクオリティコントロール用 iRT ペプチドが含まれています。また、これらのペプチドには重質アルギニン (Arg10) または重質リジン (Lys8) が用いられており、サンプルに含まれる内因性物質との識別が可能です。これによりピーク強度の比較が可能となり、サンプル中の内因性タンパク質の絶対定量が可能となります。



製品名	容量	カタログ#
PQ500™ Reference Peptides	24 サンプル分	Ki-3019-24
	48 サンプル分	Ki-3019-48
	96 サンプル分	Ki-3019-96

サンプル間・実験間のキャリブレーション精度を飛躍的に向上

iRT キャリブレーションキット

本製品を使用することでサンプル間・実験間のキャリブレーション精度が飛躍的に向上します。本キットには 11 種類の自然界に存在しない人工 iRT (indexed Retention Time) ペプチドが含まれており、これを足掛かりとして簡便で高精度なキャリブレーションが実施可能です。解析ソフトウェア「SpectroDive™」と併用することでソフトウェア上で自動的にキャリブレーションが行われ、より高精度な解析が可能となります。

ターゲットプロテオミクスに本製品を用いる事で従来では複数のトランジションにまたがっていた解析を一度に実行でき、実験のハイスループット化を実現します。また、DIA 法や SWATH 法では、iRT ペプチドがスタンダードとして働き、高精度なノーマライズを可能にします。多くの手法に利用できるよう設計されているため、今まで行ってきた手法を変える必要はありません。



製品名	容量	インジェクション回数	カタログ#
iRT Calibration Kit	1 kit	約 500 回	Ki-3002-1
	2 kit	約 1000 回	Ki-3002-2

低分子化合物 高品質ライブラリー



概要

本製品は質量分析や NMR の内部標準物質としての利用を目的とした低分子化合物ライブラリーです。ヒト代謝物と代謝中間体を中心に、ヒト・植物・細菌・食品など幅広いコレクションがごございます。MS メソッド開発、MS 支援タンパク質-小分子結合アッセイ、細胞ベースのハイスループットスクリーニング、高精度の代謝物ライブラリー開発など様々なアプリケーションでお使いいただけます。



全化合物が質量分析・NMRの標準物質グレード

このライブラリーに含まれる全ての化合物は質量分析や NMR の内部標準物質として利用できるよう調製されています。メソッド開発やアンダーゲットプロファイリング実験用のスペクトルライブラリーの構築など、その用途は多岐に渡ります。

HPLC/UHPLC

GC

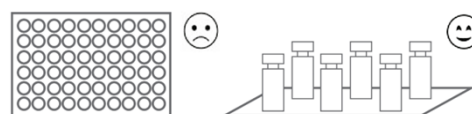
Single Quad

QQQ

QTOF/Orbitrap

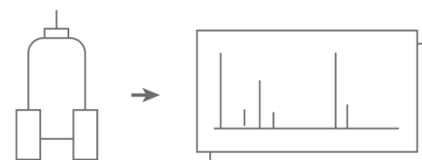
各化合物毎に実験が可能

5 ~ 10 mg の化合物がキャップ付き個別ガラスバイアルにて提供されます。そのため一般的な 96 ウェルプレートフォーマットとは異なり、調製や実験タイミング、ランの順序などが自由に選択できます。



残留溶媒由来のピークが現れるリスクなし

調製段階で化合物に溶媒が添加されていません。これにより、①安定性の向上、②実験で利用する溶媒との互換性向上、③溶媒由来のピークが現れるリスクなしを実現しています。



主要なデータベースとMSI+を用いて全化合物のバイオインフォマティクスデータを提供

製品のご購入後は化合物情報や主要データベースのバイオインフォマティクスデータ、各化合物のスペクトルデータなどを一度に掲載した独自ライブラリー管理システム MSI+ にアクセスが可能となります。

【MSI+ で出来る事】

- 化合物情報の閲覧：バイアルの配置図・化学構造・CAS番号・MW・MF・純度 など
- 濃度計算
- 主要データベース情報の閲覧：HMDB・YMDB・ECMDB・FoodDb・T3Db など
- スペクトルデータの取得：GC-MS・LC-MS など



MSI+サンプルページはこちら

製品ラインアップ

カテゴリー	製品名	化学物数	カタログ#
ヒト代謝物	COMPLETE Metabolite Library	1299	MSICOM0001-Complete
有機酸	Organic Acids COMPLETE	430	MSICOM0001-OrganicAcids
尿中有機酸	Organic Acids in Urine	287	MSICOM0001-Urine
糞便代謝物	Fecal Metabolites Library	600	MSICOM0001-Fecal
大腸菌代謝物	Bacterial (E.coli) Metabolites Library	260	MSICOM0001-Bacterial
食品成分	Food Component Standards Library	1176	MSICOM0001-Food
食品添加物	Food Additives Library	360	MSICOM0001-FoodAdditives
植物代謝物	Plant Metabolite Library	1118	MSICOM0001-Plant

費用を抑えたい...必要な化合物だけ手に入りたい...そんな時に

カスタムライブラリー (50 化合物から受注受付) 希望化合物のみを選択して注文可能です。見積もり依頼シートに転記の上、弊社までお問い合わせください。

詳細
はこちら▶



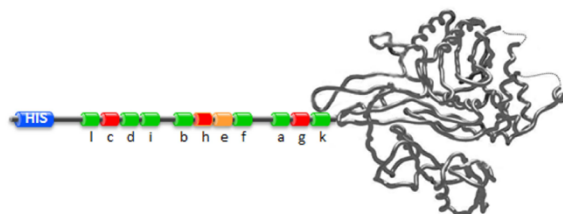
LC-MS プロトコル QC 用試薬 - DIGESTIF

概要

DIGESTIF は LC-MS プロトコルクオリティーコントロール用の合成同位体標識タンパク質であり、組換えタンパク質スキャフォールドに 11 個の人工 iRT ペプチドが結合しています。幅広いタンパク質の消化特性を反映するモデルとしての使用を目的に設計されており、消化中に放出される切断のしやすさが異なる iRT ペプチドによって、酵素消化と実験間変動性を同時評価可能です。

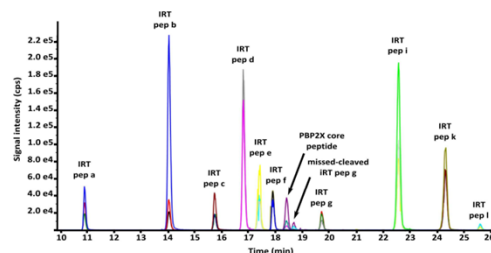
DIGESTIF 由来ペプチドの検出数によってトリプシン消化効率を評価

DIGESTIF は分子内にイオン化効率の良い 11 種の人工ペプチド (iRT ペプチド) が含まれ、これらはトリプシンによる切断が容易なもの (緑)、中程度のもの (黄)、困難なもの (赤)となるように意図的に設計されています。そのため、DIGESTIF をサンプルにスパイク後トリプシン消化を行い、人工ペプチドの検出数を見ることで、サンプルのトリプシン消化効率を評価・比較することが可能です。



DIGESTIF 由来ペプチドを内部標準として利用することでサンプル間/実験間/ラボ間の変動性を評価

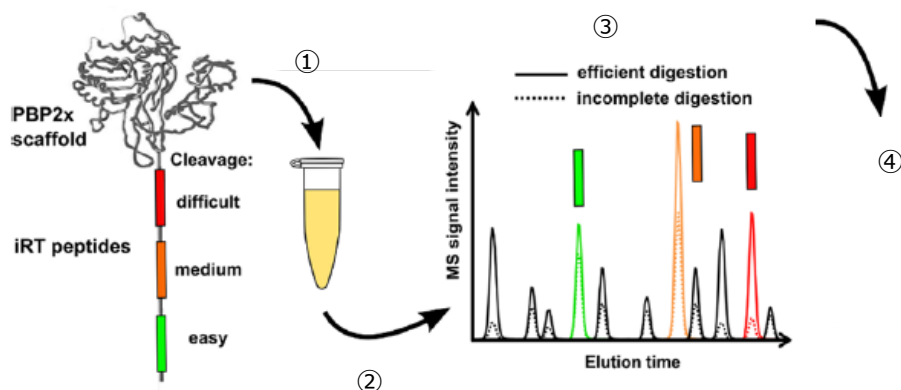
DIGESTIF の人工ペプチドは安定同位体標識がされており、サンプル内在性ペプチドとの識別が可能です。各ペプチドの保持時間も明らかになっています。そのため、DIGESTIF 由来の人工ペプチドが一貫した内部標準として機能しサンプル間 / 実験間 / ラボ間の変動性の評価と比較可能性を向上させることが可能です。



doi.org/10.1021/pr500834z

ワークフロー

- ① サンプルに添加
- ▼
- ② サンプル消化
- ▼
- ③ 消化効率と LC-MS パフォーマンスを確認
- ▼
- ④ サンプル間/実験間/ラボ間での比較



製品ラインアップ

製品名	容量	カタログ#
DIGESTIF unlabelled	10 µg	DI711310_10
	100 µg	DI711310_100
	500 µg	DI711310_500
DIGESTIF 13C15N labelled	10 µg	DI711311_10
	100 µg	DI711311_100
	500 µg	DI711311_500

精製用磁気ビーズ - MagReSyn® シリーズ



概要

新しいマイクロ粒子プラットフォームに基づく磁気ビーズ「MagReSyn®」は、その内部にまでサンプルが浸透することで優れた結合能を発揮し、質量分析のサンプル調製や生体分子の精製に役立ちます。本製品を使用することで、迅速かつ簡単に、目的とするタンパク質等の精製・濃縮が可能になります。さらに、自動抽出・精製装置による自動化や多数のサンプル処理にも対応します。

特許技術に基づいた優れた収量

特許技術の超多孔性ポリマーで構成された MagReSyn® ビーズにより目的物質がビーズ内部まで浸透します。これにより従来に比べて非常に広い表面積が得られ、ビーズ当たりの優れた収量を実現しています。



A. 固体粒子 B. クラック粒子 C. ReSyn粒子

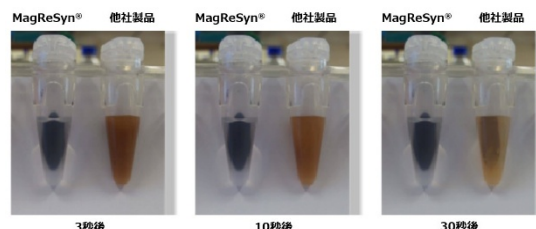


A. 固体粒子 B. クラック粒子 C. ReSyn粒子

図1.従来の微粒子 (A, B) と ReSyn Biosciences 社の微粒子 (C) との比較。各微粒子断面の共焦点画像において、蛍光標識 BSA は ReSyn 粒子全体に浸透。

強力な磁性による迅速な分離と最小限のサンプルロス

酸化鉄 (II, III) をコアとすることで得られた強力な磁性により、磁石を用いた磁気分離を迅速 (10秒未満) に行う事が出来ます。また、その強力な磁性によってサンプルの偶発的な吸引 / 廃棄を防ぎ、サンプルのロスを最小限に抑える事が可能です。



3秒後

10秒後

30秒後

製品ラインアップ

- ◆ 品番の**には、容量に応じて 02、05、10 が入ります。
- ◆ 製品の詳細については弊社HPをご覧ください (<https://filgen.jp/Product/Bioscience4/Resyn/>)

製品名	概要	容量	カタログ#
タンパク質等の精製			
MagReSyn® SAX	強陰イオン交換によるタンパク質精製	2, 5, 2x5 mL	MR-SAX0**
MagReSyn® HILIC	HILICによるタンパク質精製	2, 5, 2x5 mL	MR-HCL0**
MagReSyn® Hydroxyl	PAC※1によるタンパク質抽出	2, 5, 2x5 mL	MR-HYX0**
MagReSyn® NTA	6xHis-tagタンパク質精製 (Ni ²⁺)	2, 5, 2x5 mL	MR-NTA0**
MagReSyn® NTA Screening Kit	Ni ²⁺ / Cu ²⁺ / Co ²⁺ / Zn ²⁺ がセット	4 x 0.5 mL	MR-NTAKIT
MagReSyn® Streptavidin	ストレプトアビジンによるビオチン化タンパク質精製	2, 5, 2x5 mL	MR-STV0**
MagReSyn® Streptavidin MS	質量分析に特化したビオチン化タンパク質精製	2, 5, 2x5 mL	MR-STP0**
MagReSyn® Streptavidin MAX	MagReSyn® Streptavidinの4倍の結合能	2, 5, 2x5 mL	MR-STM0**
リン酸化ペプチドの濃縮			
MagReSyn® TiO ₂	二酸化チタンを用いたMOAC※2により濃縮	2, 5, 2x5 mL	MR-TID0**
MagReSyn® ZrO ₂	二酸化ジルコニウムを用いたMOAC※2により濃縮	2, 5, 2x5 mL	MR-ZRD0**
MagReSyn® Ti-IMAC HP	チタンイオンを用いたIMAC※3により濃縮	2, 5, 2x5 mL	MR-THP0**
MagReSyn® Zr-IMAC HP	ジルコニウムイオンを用いたIMAC※3により濃縮	2, 5, 2x5 mL	MR-ZHP0**
タンパク質等の固定			
MagReSyn® Amine	第一級アミンによるタンパク質等の固定化	2, 5, 2x5 mL	MR-SAX0**
MagReSyn® Carboxyl	第一級アミン含有生体分子の固定化	2, 5, 2x5 mL	MR-HCL0**
抗体の精製			
MagReSyn® Protein A	組換えProtein Aによる抗体精製, 免疫沈降	2, 5, 2x5 mL	MR-PRA0**
MagReSyn® Protein A MAX	MagReSyn® Protein Aの2倍の結合能	2, 5, 2x5 mL	MR-PAM0**
MagReSyn® Protein G	組換えProtein Gによる抗体精製, 免疫沈降	2, 5, 2x5 mL	MR-PRG0**
タンパク質の消化			
MagReSyn® Trypsin	トリプシンによるタンパク質消化	2, 5, 2x5 mL	MR-TRP0**
MagReSyn® Chymotrypsin	キモトリプシンによるタンパク質消化	2, 5, 2x5 mL	MR-CHY0**

※1 Protein Aggregation Capture ※2 Metal Oxide Affinity Chromatography

※3 Immobilized Metal Affinity Chromatography

【ご注意】

- ◆ 本誌掲載のサービス、製品は医療用ではなく、研究用に限定して販売しています。医療品の製造、品質管理、各種診断、治療には使用しないでください。また、食品・化粧品・家庭用品などとして使用しないでください。
- ◆ 無断で承認を得ず、製品の再販・譲渡、再販・譲渡のための改変、商用製品の製造に使用することは禁止されています。
- ◆ 本誌掲載の価格、サービスや製品の名称、仕様、プロトコルなどは改良などの理由から予告なしに変更される場合がありますので、予めご了承ください。
- ◆ 本誌掲載の商品名などは、各社の商標または、登録商標です。また、各サービス・製品における情報は提携先企業のホームページより引用しています。
- ◆ お知らせいただいたお客様の個人情報は、弊社事業における商品発送、関連サービスおよび製品の情報提供などに利用させていただきます。

輸入販売元



フィルジェン 株式会社

【お問い合わせ】

〒459-8011 愛知県名古屋市緑区定納山1丁目1409番地

TEL : 052-624-4388 FAX : 052-624-4389

E-mail : support@filgen.jp URL : <https://filgen.jp/>

代理店

(Jun.,2025)