

質量分析特集

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 / ペプチドミクス

タンパク質同定解析	---	P3.
タンパク質配列マッピング解析	---	P4.
タンパク質質量測定解析	---	P5-6.
抗体シーケンス解析 Valens™	---	P7-8.
SILACタンパク質発現・相対定量解析	---	P9-10.
iTRAQ/TMTプロテオーム解析	---	P11.
ラベルフリー定量プロテオーム解析	---	P12.
バイオインフォマティクス解析（プロテオミクス）	---	P13-14.
タンパク質翻訳後修飾（PTM）プロファイリング	---	P15-16.
免疫沈降（IP）プロファイリング	---	P17.
ペプチドーム解析	---	P18.

PMETABOLOMICS / 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	---	P19.
標的メタボローム解析	---	P20.
包括的リピドーム解析	---	P21.
標的リピドーム解析	---	P22.
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）	---	P23-24.

SOFTWARE

バイオインフォマティクス ソフトウェア

フィルジエンでは、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	---	P25.
修飾ペプチド・タンパク質同定用ソフトウェア - Byonic	---	P26.
LC/MS・GC/MS解析ソフトウェア - MsXelerator	---	P27.
GC/MS解析ソフトウェア - GC-Analyzer / GCxGC-Analyzer	---	P28.
DIAプロテオミクスソフトウェア - Spectronaut	---	P29.
プロテオミクスソフトウェア - SpectroDive / SpectroMine	---	P30.

REAGENT

試薬・消耗品

フィルジエンでは、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。

質量分析用サンプル調製キット・キャリブレーションキット	---	P31.
質量分析用リファレンスペプチド	---	P32
ライブラリー管理システム	---	P33
高品質低分子化合物ライブラリー	---	P34.
LC-MS内部標準用安定同位体標識タンパク質	---	P35-36.
LC-MS/MS前処理 & 内部標準キット	---	P37.
精製用磁性微粒子MagReSyn®シリーズ	---	P38.

サービス概要

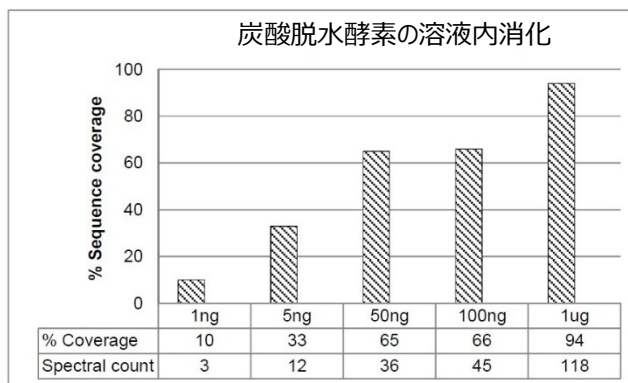
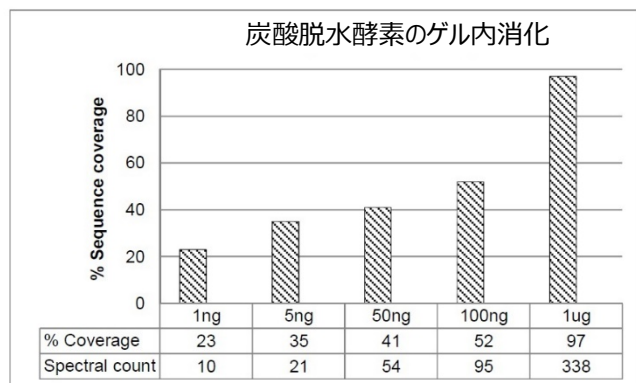
本サービスは、ゲルバンドおよびゲルスポット、または溶液中のタンパク質同定が可能です。ゲルバンドやゲルスポット内のタンパク質同定解析はあらゆるタイプのゲルマトリックスに対応しています。溶液からの解析では、バッファーバックグラウンド(水または揮発性塩など)を含む溶液は、直接トリプシン消化を行うことができますが、より複雑なバックグラウンド(界面活性剤、不揮発性の塩、グリセロールなど)を含む溶液の場合は、試料分析(溶液の場合)を容易にするための追加のクリーンアップ工程を必要とします。

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

サンプルタイプ	サンプル量
SDS-PAGEバンドまたは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2mm)
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 $\geq 10\mu\text{L}$ ($1\mu\text{g}/\mu\text{L}$)

- ※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]

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

配列決定例

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	KGLVQPTLL	LEYLEEKYE	HLYERDEGDK	WRNKKFELGL	EFPNLPYYID
GDVKLTQSM	IIRYIADKHN	MLGGCPKERA	EISMLEGAVL	DIRYGVSRIA	YSKDFETLKV
DFLSKLPEML	KMFEDRLCHK	TYLNGDHVTH	PDFMLYDALD	VVLYMDPMCL	DAFPKLVCFK
KRIEALPQID	KYLKSSKYIA	WPLQGWQATF	GGGDHPPKSD	LVPRGSPGIP	MAAAAAQGGG
GGEPRTTEGV	GPGVPEVEEM	VKGQPFVDP	RYTQLQYIGE	GAYGMVSSAY	DHVRKTRVAI
KKISPFHEHT	YCQRTLREIQ	ILLRFRHENV	IGIRDILRAS	TLEAMRDVYI	VQDLMETDLY
KLLKSQQLSN	DHICYFLYQI	LRGLKYIHS	NVLHRDLKPS	NLLINTTCDL	KICDFGLARI
ADPEHDHTGF	LTEYVATRWY	RAPEIMLNSK	GYTKSIDIWS	VGCILAEMLS	NRPIFPKHY
LDQLNHILGI	LGSPSQEDLN	CIINMKARNY	LQSLPSKTKV	AWAKLFPKSD	SKALDLLDRM
LTFNPNKRIT	VEEALAHPYL	EQYYDPTDEP	VAAEFPFTFAM	ELDDLPKERL	KELIFQETAR
FQPGVLEAP					

サンプル条件

サンプルタイプ	サンプル量
SDS-PAGEバンドまたは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2mm)
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]

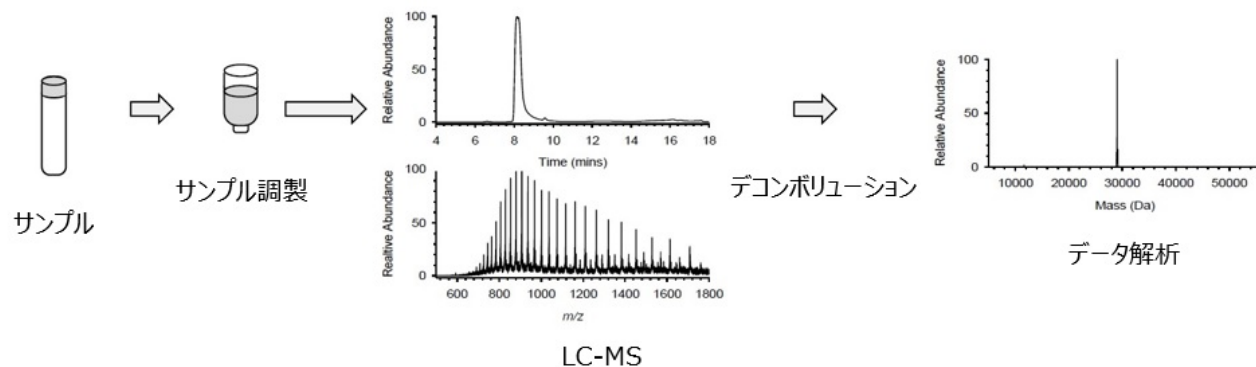
タンパク質質量測定解析サービス (インタクトタンパク質の質量分析)

サービス概要

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。

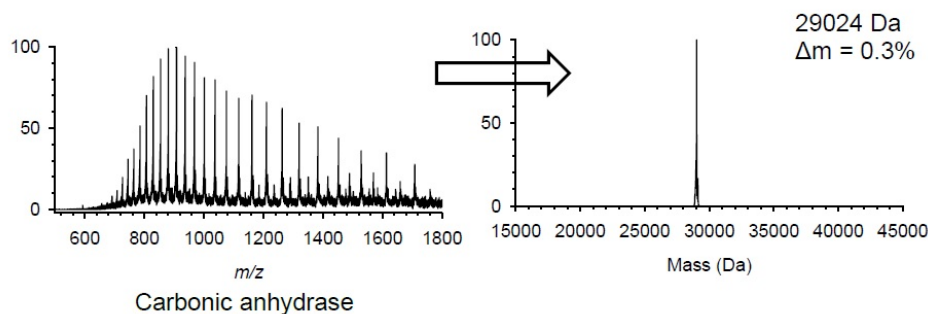
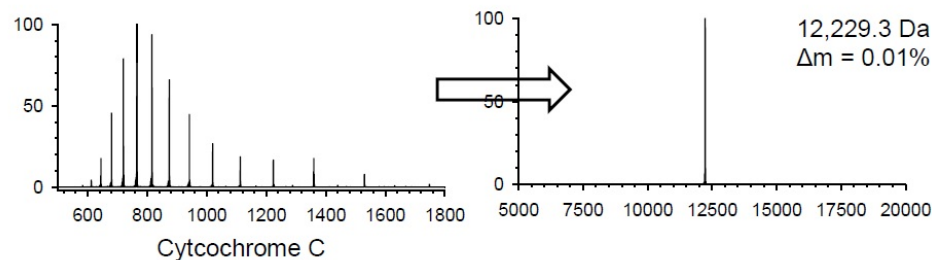
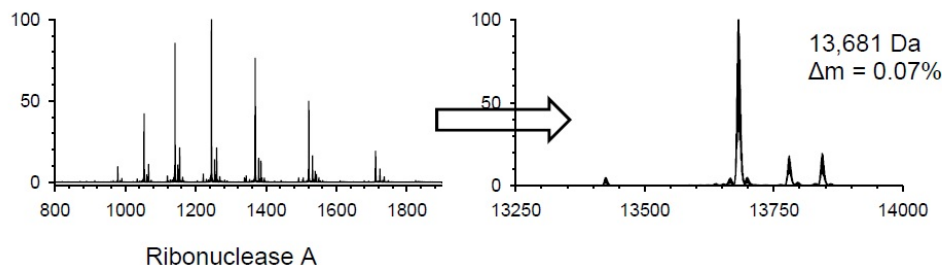
解析のワークフロー

本解析は、以下の内容で作業を実施しています。



1. サンプル調整：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



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

質量測定解析例

本サービスでは、インタクトタンパク質をそのまま解析に利用することができます。大きな生体分子の質量を、サンプル処理をほぼ、あるいは全く行わずに測定することができます。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、2μg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。

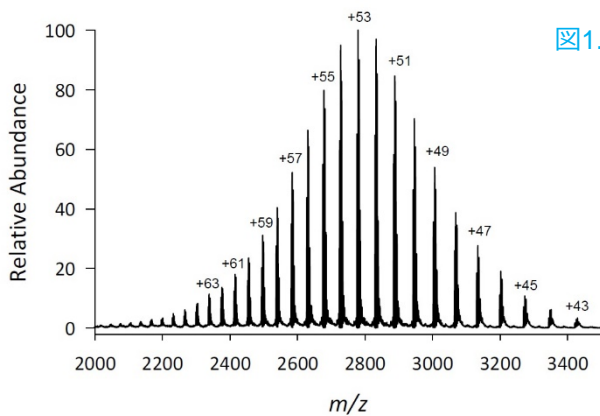


図1.

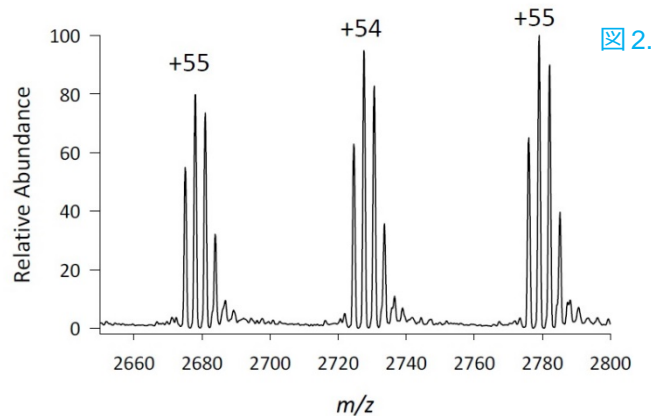


図2.

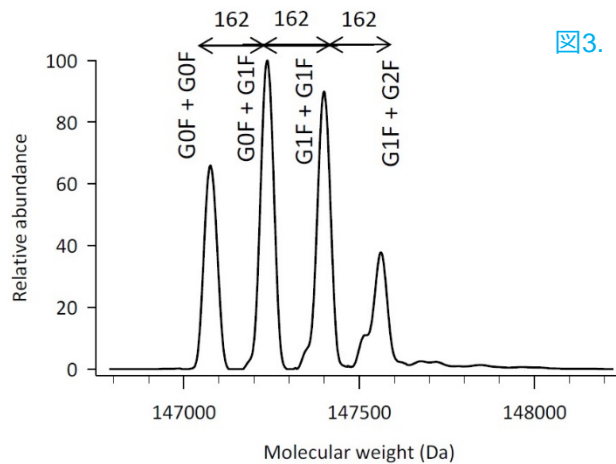


図3.

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

サンプルタイプ	サンプル量
組み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1μg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]

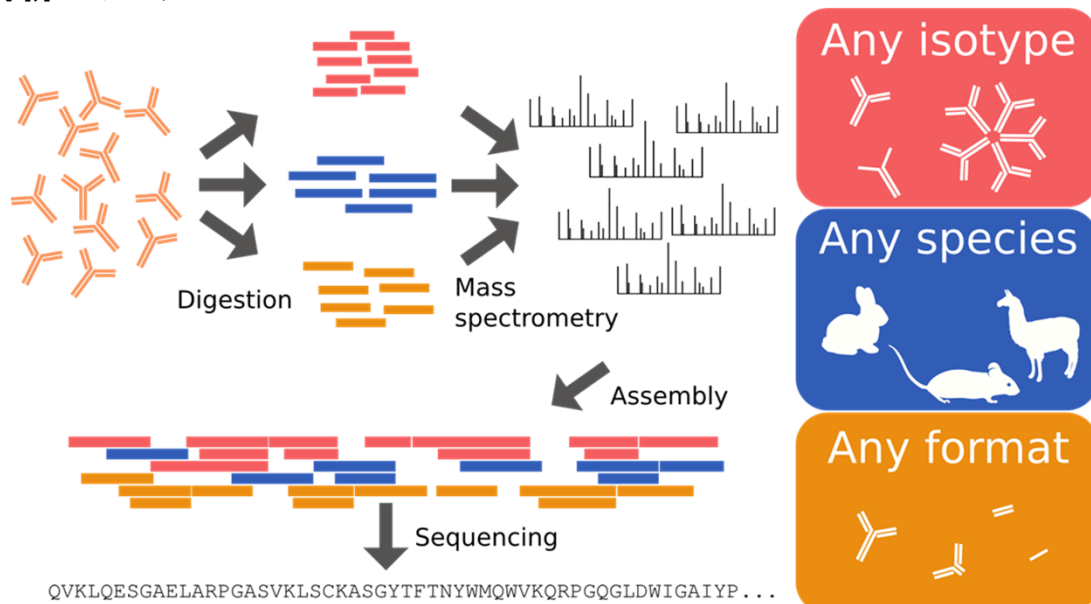
抗体シーケンス解析サービス

Valens™

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



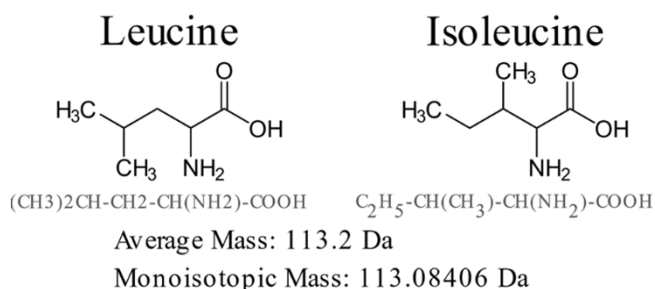
1. 還元ゲルを使用し、抗体の重鎖と軽鎖を分離し、ゲルバンド切り出し
2. 得られたゲルバンドの還元およびアルキル化
3. サンプルを4種類のプロテアーゼ(トリプシン、キモトリプシン、エラスターゼ、ペプシン)で消化
4. 得られたペプチドを nanoLC-MS/MSで分析
5. NanoAcquity HPLCシステム(Waters社製)を備えた Orbitrap Fusion Lumos トライブリッド質量分析計(Thermo Fisher Scientific社製)を使用
6. 取得されたタンデム質量スペクトルから、Valensシステムを使用して抗体の重鎖および軽鎖の全長配列を決定

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、113.08406Da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。

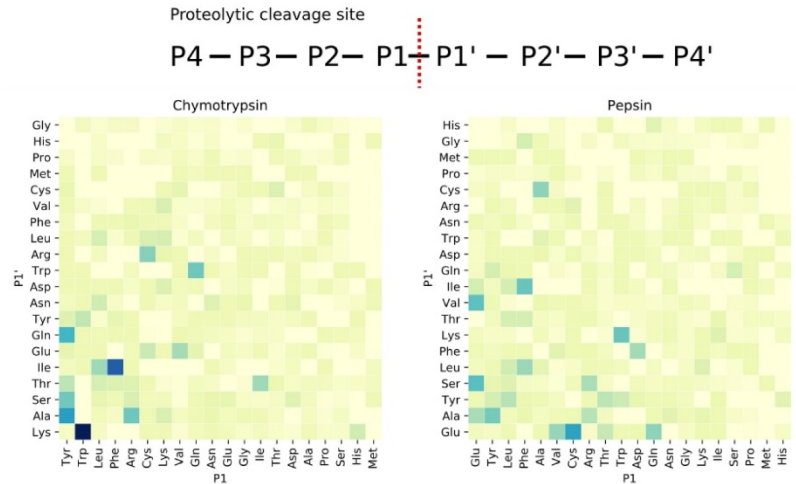
本サービスでは、次ページの3つのアプローチを組み合わせたCLIP™ (Confirmation of Leucine or Isoleucine Presence)法を利用することで、IleとLeuを高い精度で区別しています。



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。

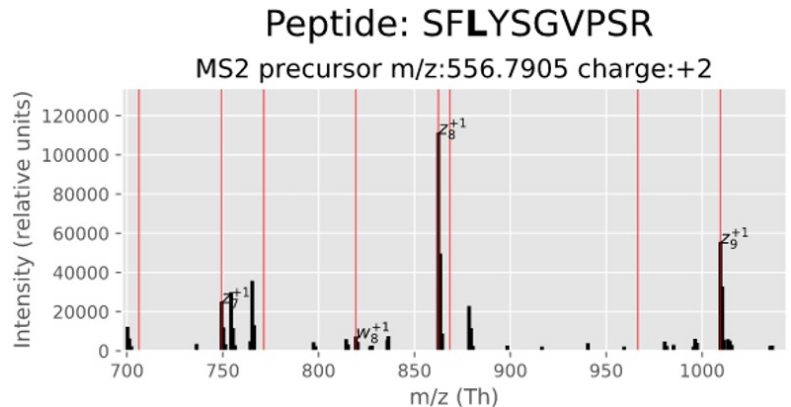
右図に示す様に、キモトリプシンはチロシン(Tyr)、トリプトファン(Trp)、ロイシン(Leu)、フェニルアラニン(Phe)の後に切断する傾向があります。ペプチンはそれほど特異的ではなく、グルタミン酸(Glu)、チロシン(Tyr)、ロイシン(Leu)、フェニルアラニン(Phe)、アラニン(Ala)の前または後を切断します。どちらの酵素もイソロイシンよりもロイシンの周りを切断する傾向があります。



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Xie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)をもたらしますが、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)をもたらします。



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

サンプルタイプ	サンプル量
精製モノクローナル抗体	抗体量100~200µg、濃度1µg/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化する場合があります。

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	カタログ#
Valens™ 抗体シーケンス解析サービス	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

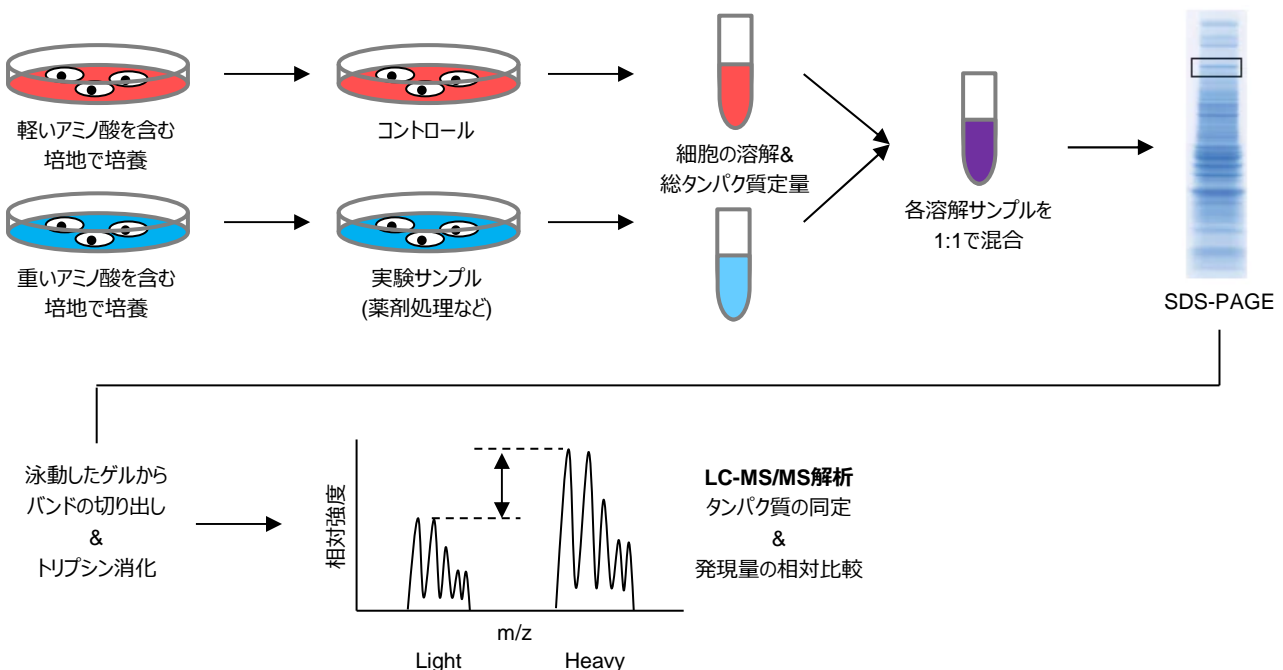
細胞培養液中のアミノ酸を用いた安定同位体ラベル(SILAC; **S**table **I**sotope **L**abeling using **A**mino **A**cids in **C**ell **C**ulture)は、複雑なタンパク質サンプル中のタンパク質の同定と、発現量の比較定量を可能とする手法です。SILAC法では、細胞培養時に¹³Cあるいは、¹⁵Nでラベルされたアミノ酸を代謝的にタンパク質に導入したサンプルを調製し、質量分析計(ThermoFisher Orbitrap Velos Pro tandem mass spectrometer, Q Exactive is 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

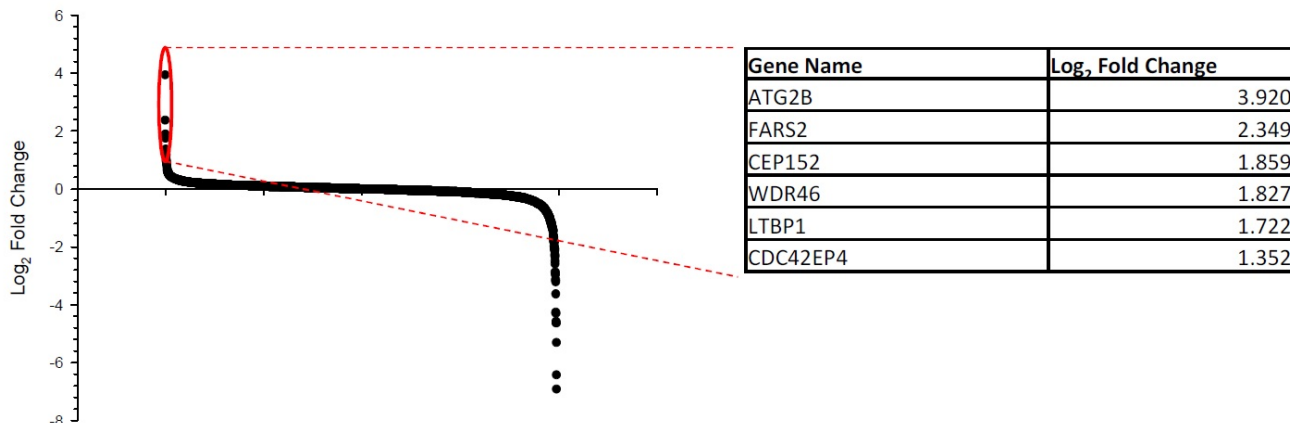
SILAC法では、¹²C6または、¹³C6 L-リジンのような軽い(light)または重い(heavy)必須アミノ酸を含む培地で哺乳類細胞を培養します。一般的に、軽いアミノ酸を含む培地の細胞と重いアミノ酸を含む培地の細胞を、それぞれコントロールおよび実験サンプルとして用います。軽いアミノ酸と重いアミノ酸は、培養時に天然の細胞内タンパク質合成経路により、タンパク質中に導入(ラベル)されます。

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、軽い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。

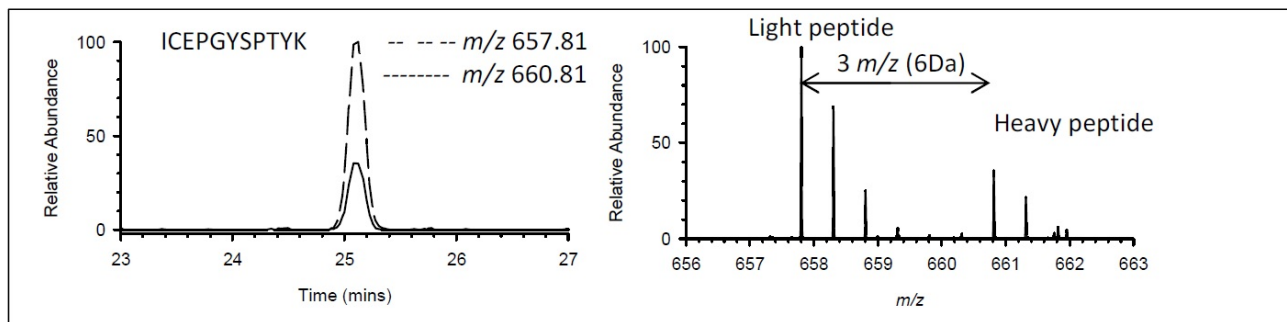


SILAC法の解析例

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

サンプルタイプ	サンプル量
細胞ペレット	1x10 ⁶ 個以上
タンパク質	総タンパク質20μg以上

※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-MSB21-[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。

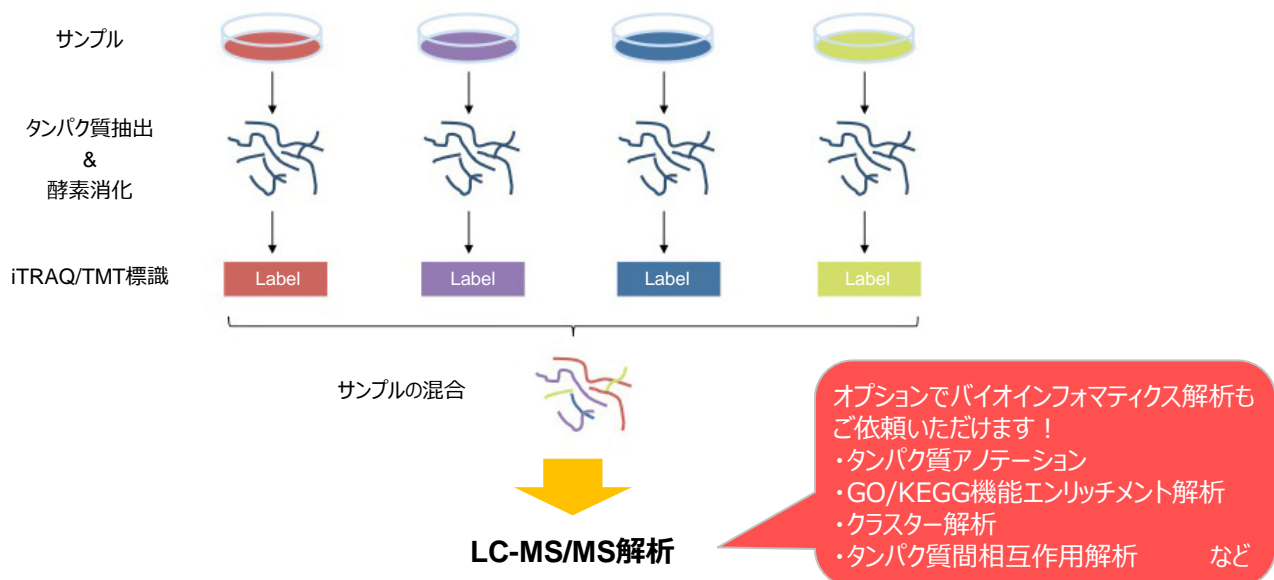
概要

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変化の解析、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、同定効率が高を高めることが可能です。



サンプル条件

サンプルタイプ	サンプル量
抽出・精製タンパク質	総タンパク質量300µg以上(最低100µg)、濃度1µg/µL

※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。

※上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		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サンプルでの依頼も可能ですが、この場合は同定データのみとなります。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。

概要

本サービスは、2つ以上の生体サンプル中のタンパク質の相対量を測定する方法ですが、他の定量方法とは異なり、タンパク質の化学結合とラベリングに安定同位体を使用しません。iTRAQ や TMT、あるいは SILAC解析では困難な多数サンプルの相対定量を行う場合に有用な方法です。ラベルフリーの定量的プロテオミクスアプローチは、複雑な生体サンプルから数千のタンパク質の同定・定量する強力なツールです。

ラベルフリーによる解析方法は、プロテオーム解析では最もシンプルで低コスト、かつ短時間で解析を行うことができるため、タンパク質の解析で最も主流の分析方法の1つとなっています。

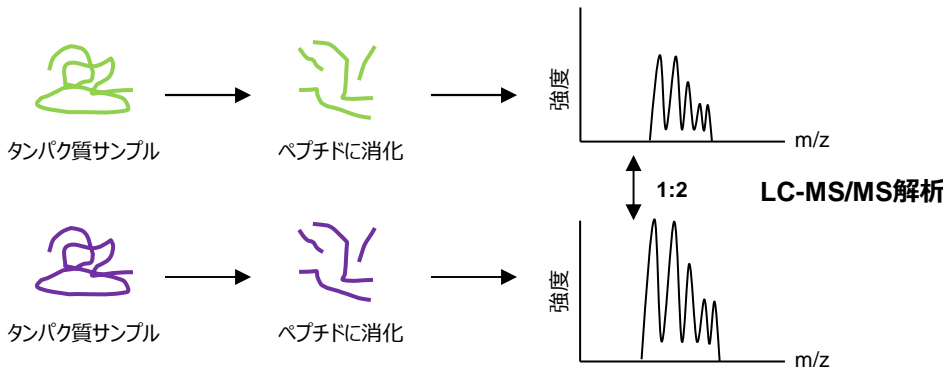
ラベルフリーとラベルベースによる定量化の違い

ラベルフリーで行うタンパク質の定量法は、iTRAQやTMT、SILACなどのラベルベースでの定量法と様々な違いがあります。

	ラベルフリー	ラベルベース
分析時間	長い	短い
サンプルの前処理時間	短時間で処理可能	処理に時間がかかる
サンプル間の比較	難しい場合がある	比較的簡単
データ解析	様々な解析が可能	様々な解析が可能
研究デザイン	柔軟に対応可能	制限がある

解析のワークフロー

タンパク質はまずプロテアーゼでペプチド混合物に消化され、その後タンデムMS(MS/MS)によって分析され、データベース検索によって識別されます。相対タンパク質存在量は、スペクトルカウントまたはクロマトグラフィーのピーク強度測定のいずれかによって決定されます。他のプロテオミクス手法と比較して、ラベルフリーの定量アプローチは迅速で感度が高く、二次元電気泳動と比較して、タンパク質のダイナミックレンジが3~4倍に増加します。



オプションでバイオインフォマティクス解析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解析
- ・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

サンプルタイプ	サンプル量
抽出・精製タンパク質	総タンパク質量150μg以上(最低60μg)、濃度1μg/μL

※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。
 ※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	数量	カタログ#
ラベルフリー定量プロテオーム解析サービス	1サンプルあたり	F-CPM-LFQ-[サンプル数]

バイオフィォマティクス解析 (プロテオミクス)

バイオフィォマティクス解析(オプション)

本サービスは、iTRAQ/TMTプロテオーム解析サービス、および、ラベルフリー定量プロテオ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。「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、スプライスバリエント、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ォ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、この解析では以下の3つの主要なステップが行われます。

- 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

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。エンリッチメント解析の一般的な手順は以下の通りです。

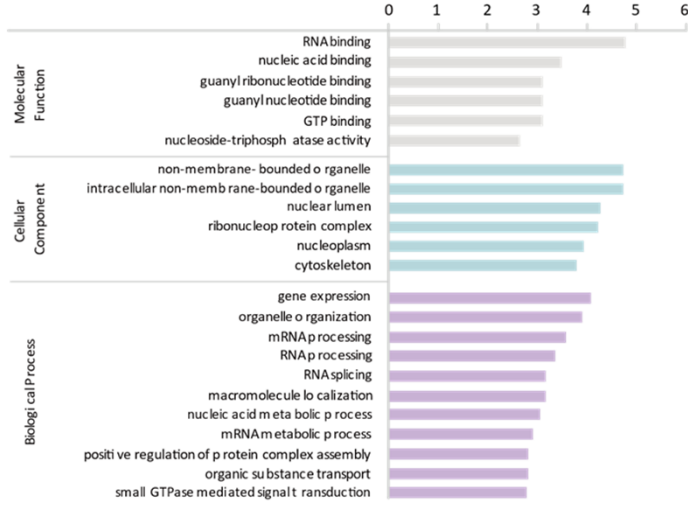
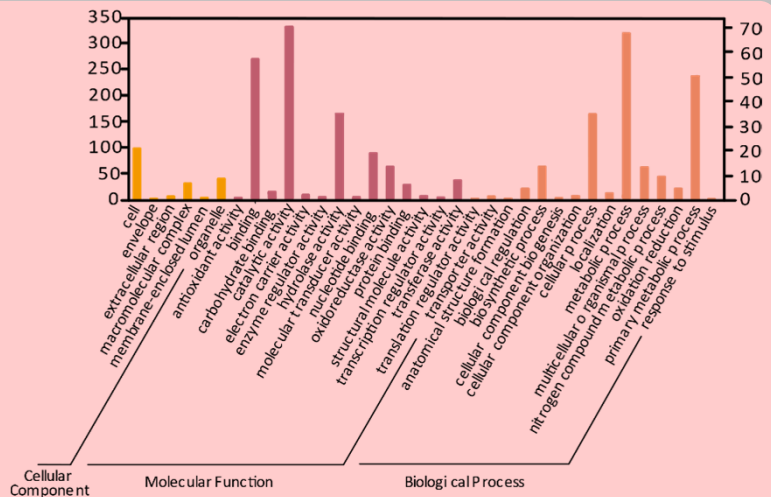
- ① p値の算出(数値はリスト内のタンパク質の過剰発現を表す)
- ② p値に従ってノードあるいはパスの統計的優位性を評価
- ③ タンパク質の各セットのp値を正規化し、複数の仮説検定の偽発現率(FDR)を算出

GOアノテーション解析

遺伝子オントロジー(GO)は、すべての生物種の遺伝子と遺伝子産物の属性の表現を統合します。

アプリケーション:

- A. 異なる生物種からのプロテオミクスデータの統合
- B. 異なるタンパク質の分類
- C. 特定のタンパク質ドメイン機能の予測
- D. 特定の疾患に関与する遺伝子の特定



GOエンリッチメント解析

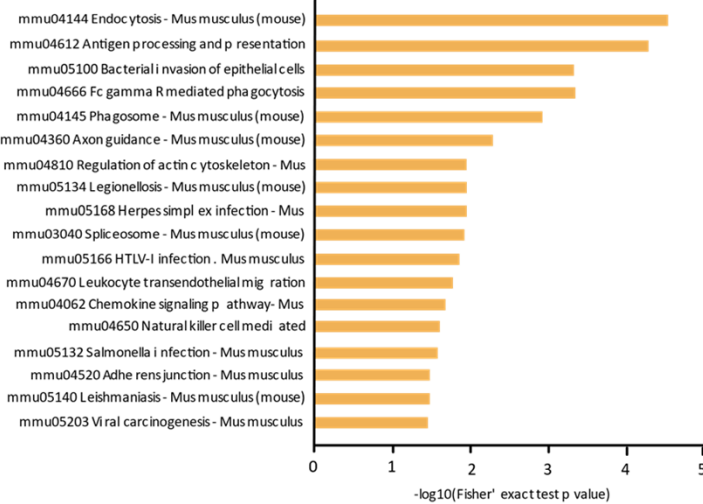
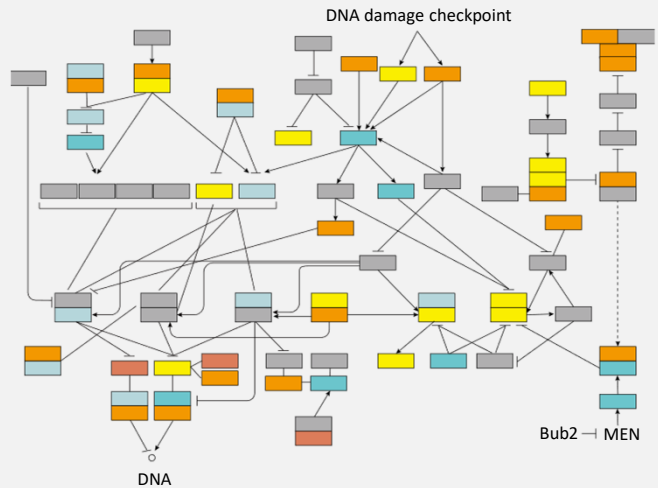
遺伝子またはタンパク質セットのエンリッチメント解析は、非常に大きなデータセット(質量分析データやマイクロアレイの結果など)から機能的および生物学的な重要性を調査するのに役立ちます。GOエンリッチメント解析は、新規(または完全にアノテーションが付けられた)ゲノムからのデータを整理し、系統群内あるいは系統群間で生物学的機能を比較するのにも役立ちます。

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。

アプリケーション：

- A. KEGGパスウェイアノテーション
- B. KEGGパスウェイ分類

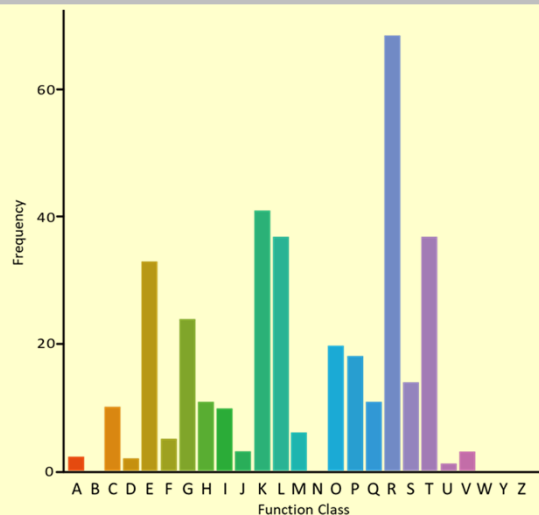


KEGGエンリッチメント解析

差次的に発現する遺伝子のKEGGエンリッチメント解析は、有意差のある経路を濃縮し、実験条件下で有意差のある生物学的に調節された経路を見つけるのに役立ちます。

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)の相対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、ラベルフリー定量プロテオ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。

翻訳後修飾プロファイリング解析サービス PTM-Plus

概要

PTM-Plus(翻訳後修飾)プロファイリング受託解析サービスは、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

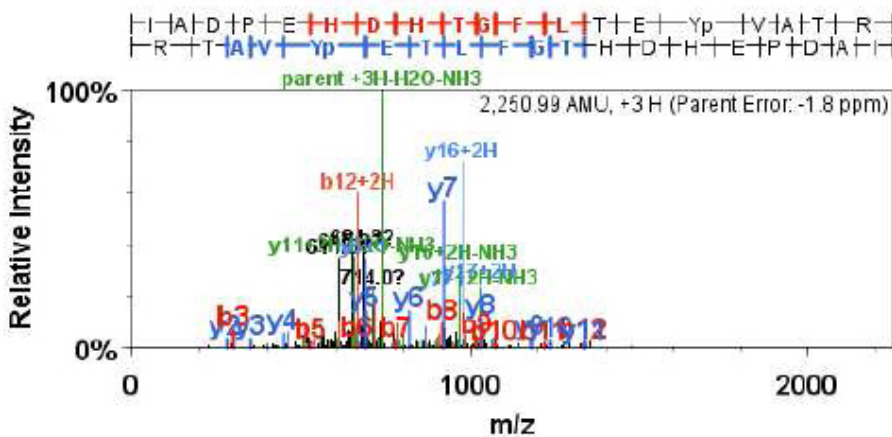
723 unique peptides, 1247 unique spectra, 2211 total spectra, 609/609 amino acids (100% coverage)

M S P I L G Y W K I	K G L V Q P T R L L	LE 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 E Y Q I	L R L G 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

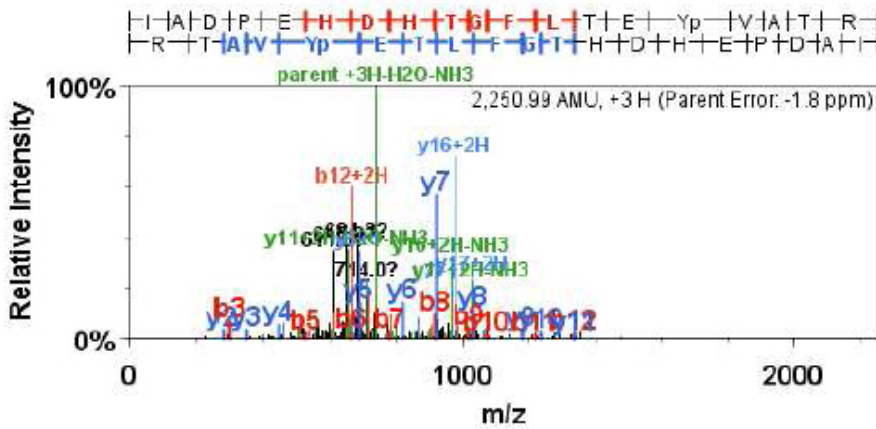
上記3種類酵素で消化したサンプルについてのScaffold PTMによる解析結果です。これにより5つのリン酸化部位が検出され、既知のTyr187部位は、3種類の酵素すべてで分析後に検証されました。

Trypsin – IADPEHDHTGFLTE(pY)VATR



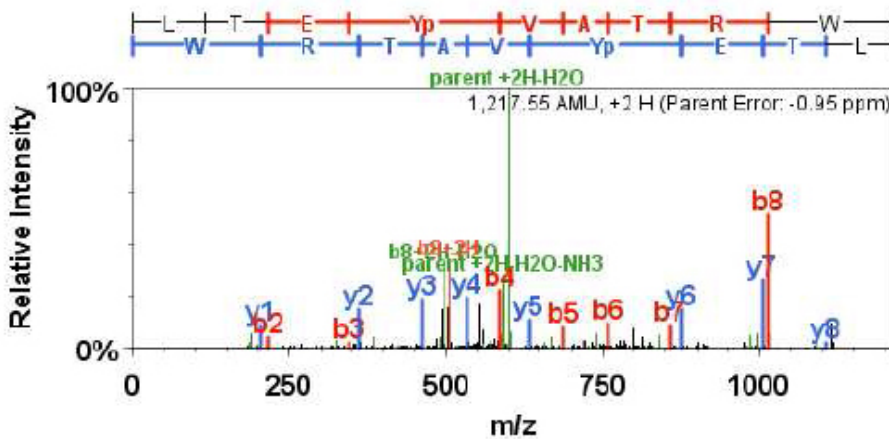
Note poor fragmentation around pTyr. The A-score (from Scaffold PTM) is 21.77 and although site localization probability is 100% this is not the highest quality spectrum.

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

サンプルタイプ	サンプル量
SDS-PAGEバンドまたは2Dゲルスポット	切り出したゲルバンド3バンド (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) ゲルバンド：～1×5mm、ゲルスポット：直径～2mmでご提供ください。
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 ≥ 1μg

※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、1.5mLチューブに～100μL H₂Oで浸漬してご提供ください。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。

※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)、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。

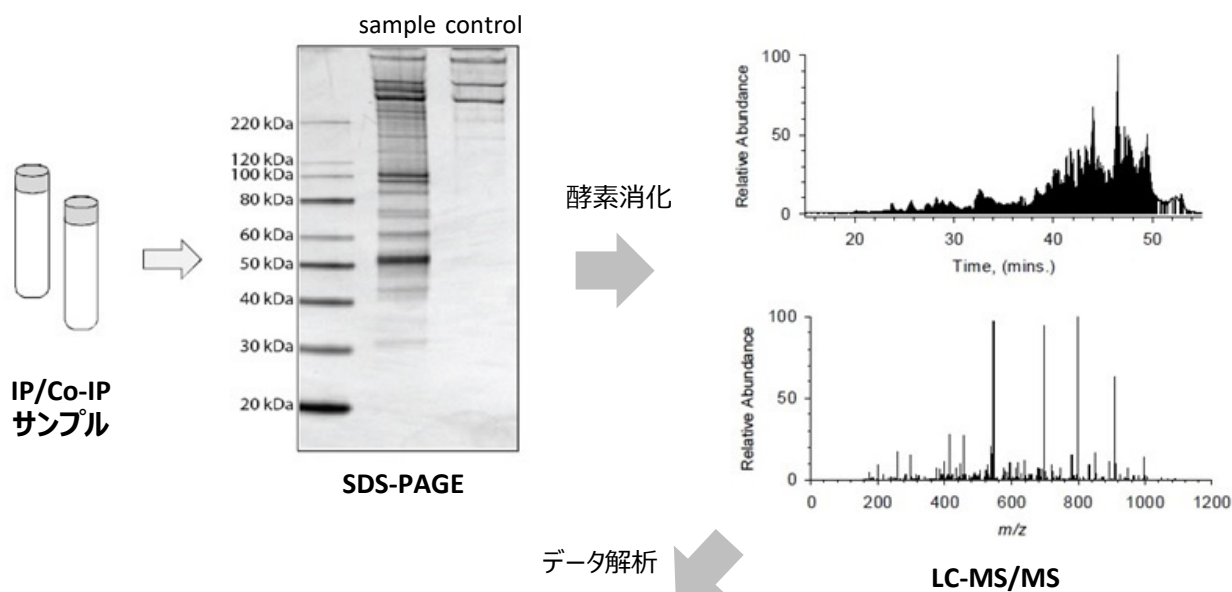
サービス名	数量	カタログ#
PTM-Plusプロファイリング受託解析サービス	1サンプルから受注受付	F-MSB10-[サンプル数]

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(IP)プロファイリングサービスは、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

データベース検索を行いタンパク質を同定。

また、関連するパスウェイ情報を含めてサンプル中に存在するタンパク質のリストをご提供。

サンプル条件

サンプルタイプ	サンプル量
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100ng以上

※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)

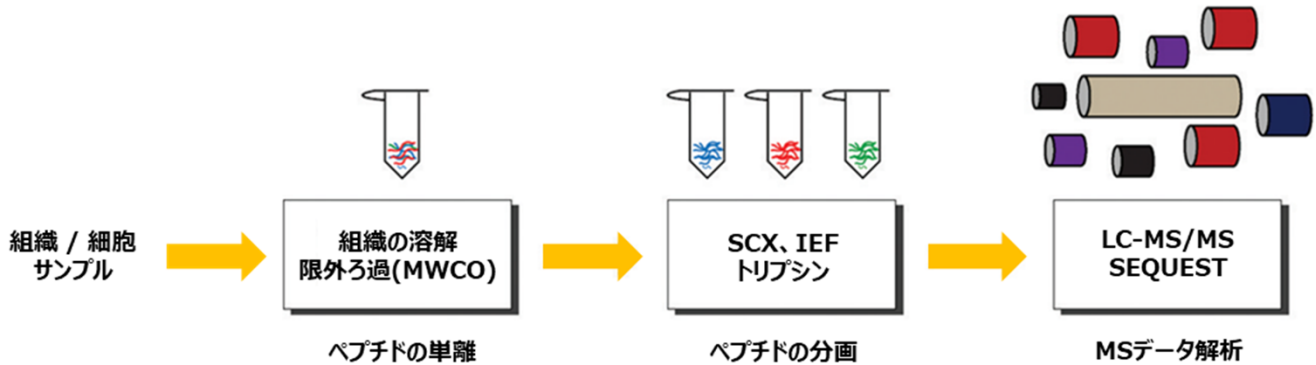
※Scaffoldファイルはフリーソフトウェア「[Scaffold Viewer](#)」を用いて閲覧できます。

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

ペプチドミクスとは、生体試料中の内因性ペプチド(～20kDa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5～60aa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

サンプルタイプ	サンプル量
細胞、組織、血清/血漿など様々なサンプルに対応しています。	解析には50～100ug程度のペプチド量が必要になります。

※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)
- ・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-COPE-[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-CHPE-[サンプル数]

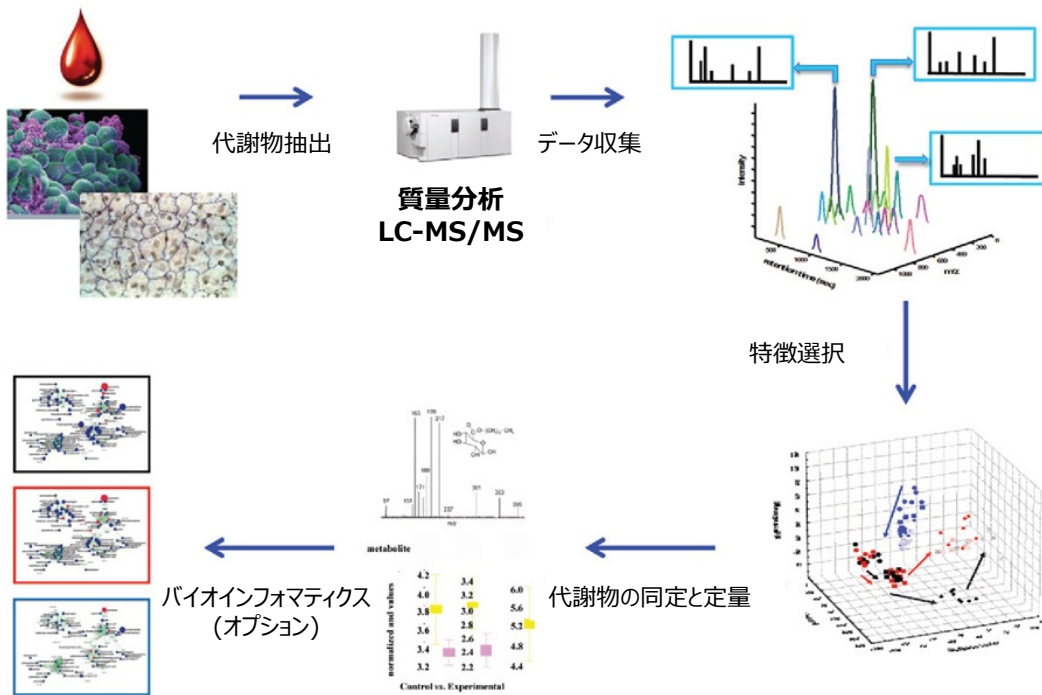
概要

メタボロミクスは、主に低分子(<1,500Da)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囲になってきました。

本サービスでは、特定の生物学的条件に関連し得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。



サンプル条件

サンプルタイプ	サンプル量
動物、植物由来の細胞、組織、血清/血漿など様々な生物種、サンプルタイプに対応しています。	細胞：>1x10 ⁷ 個、組織50~100mg、血清/血漿：>200μL ※上記は目安量です。生物種等で必要量が変える場合があります。

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	1サンプルから受注受付	F-CPM-UMS-[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

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	<ul style="list-style-type: none"> 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 	<ul style="list-style-type: none"> メバロン酸経路 カルニチン生成 	<ul style="list-style-type: none"> 一炭素代謝 ピリミジン生成 	<ul style="list-style-type: none"> メチオンサイクル 尿素回路 	
	標的代謝物	<ul style="list-style-type: none"> 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 	<ul style="list-style-type: none"> アミノ酸 アデノシン三リン酸 DAP イソプロスタノール ポリオール 	<ul style="list-style-type: none"> 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 	<ul style="list-style-type: none"> 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 	<ul style="list-style-type: none"> NAD代謝物 低分子糖 糖ヌクレオチド 8-OHdG グルコシルセラミド
	植物代謝物 動物ホルモン	<ul style="list-style-type: none"> アントシアニン 植物二次代謝物 	<ul style="list-style-type: none"> カロチノイド コルチコステロン 	<ul style="list-style-type: none"> 植物ホルモン プロゲステロン 	<ul style="list-style-type: none"> フラボノイド 	<ul style="list-style-type: none"> 植物一次代謝物
	有機化合物	<ul style="list-style-type: none"> 水溶性ビタミン カテコールアミン スルファチド 	<ul style="list-style-type: none"> 脂溶性ビタミン チオール レチノイン酸 	<ul style="list-style-type: none"> ビタミン様化合物 糖アルコール 芳香族アミノ酸 	<ul style="list-style-type: none"> 胆汁酸 生体アミン ポリアミン 	<ul style="list-style-type: none"> 有機酸 コリン/コリン代謝物 プリン
	無機化合物	<ul style="list-style-type: none"> アルデヒド 	<ul style="list-style-type: none"> ポリフェノール 	<ul style="list-style-type: none"> 金属(メタロミクス) 		
炭水化物 代謝物	<ul style="list-style-type: none"> グルコース 	<ul style="list-style-type: none"> スクロース 	<ul style="list-style-type: none"> フルクトース 	<ul style="list-style-type: none"> ラクトース 	<ul style="list-style-type: none"> 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)

サービス名	パネル	数量	カタログ#
標的メタボローム解析サービス	ご選択いただいた標的パネル	1サンプルから受注受付	解析内容による

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臓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、心臓血管、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。

解析内容

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。



本サービスで解析できる脂質種例

- | | | |
|----------------------|-------------------------|----------------------|
| PA : ホスファチジン酸 | LPC : リゾホスファチジルコリン | SM : スフィンゴミエリン |
| PC : 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 | dhSM : ジヒドロスフィンゴミエリン |
| PE : ホスファチジルエタノールアミン | LPI : リゾホスファチジリンイノシトール | MAG : モノアシルグリセロール |
| PG : ホスファチジルグリセロール | LPS : リゾホスファチジルセリン | DAG : ジアシルグリセロール |
| PI : ホスファチジリンイノシトール | CER : セラミド | TAG : トリアシルグリセロール |
| PS : ホスファチジルセリン | CE : コレステロールエステル | |

サンプル条件

サンプルタイプ	サンプル量
動物、植物由来の細胞、組織、血清/血漿など様々な生物種、サンプルタイプに対応しています。	細胞 : >1x10 ⁷ 個、組織50~100mg、血清/血漿 : >200μL ※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。

- ・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	1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。

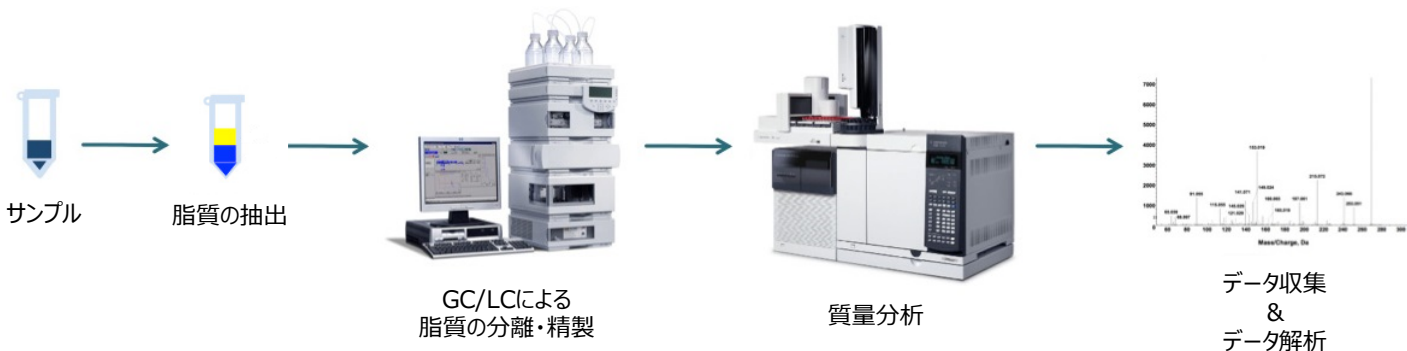
詳しくはP23へ

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	脂肪酸	<ul style="list-style-type: none"> 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 	<ul style="list-style-type: none"> 非常に長い鎖の脂肪酸 	<ul style="list-style-type: none"> 分岐脂肪酸 	<ul style="list-style-type: none"> トランス脂肪酸
	脂肪酸誘導体 脂肪酸代謝物	<ul style="list-style-type: none"> プロスタグランジン リポキシゲナーゼ ミコール酸 脂肪酸代謝 	<ul style="list-style-type: none"> ロイコトリエン カンナビノイド アシルCoA 	<ul style="list-style-type: none"> CYP450代謝物 エイコサノイド 	<ul style="list-style-type: none"> ヒドロキエイコサテトラエン酸(HETE) エイコサノイド代謝物(尿)
	グリセロ脂質 グリセリン脂質	<ul style="list-style-type: none"> グリセロ脂質 グリセリン脂質 	<ul style="list-style-type: none"> ジアシルグリセロール カルジオピリン 	<ul style="list-style-type: none"> トリグリセリド 	
	スフィンゴ脂質	<ul style="list-style-type: none"> セラミド スフィンゴ脂質代謝 	<ul style="list-style-type: none"> スフィンゴミエリン スフィンゴシンーリン酸 	<ul style="list-style-type: none"> スフィンゴシンベース ヘキサシルセラミド 	<ul style="list-style-type: none"> ガングリオシド
	インプレノイド	<ul style="list-style-type: none"> ポリプレノール 			
ステロール	<ul style="list-style-type: none"> 総ステロール ステロイド 	<ul style="list-style-type: none"> 遊離コレステロール 	<ul style="list-style-type: none"> コレステロールエステル 	<ul style="list-style-type: none"> オキシステロール 	

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	パネル	数量	カタログ#
標的リポドーム解析サービス	ご選択いただいた標的パネル	1サンプルから受注受付	解析内容による

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)

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、包括的リピ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 - 単変量解析および多変量解析

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ピド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(X/Y)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つの変数に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 패턴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。

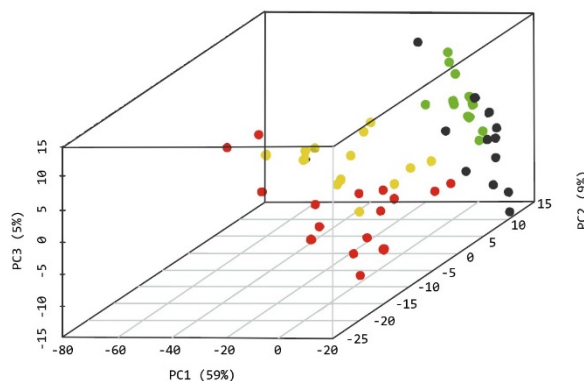
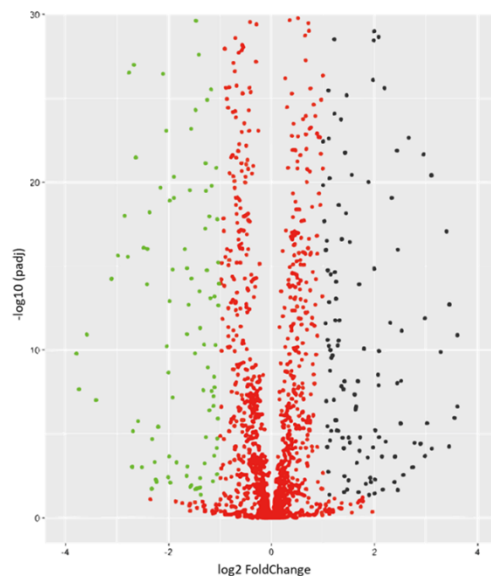
⑤ ボルケーノプロット

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ピド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。



②PLS-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、カテゴリー変数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、カテゴリー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】

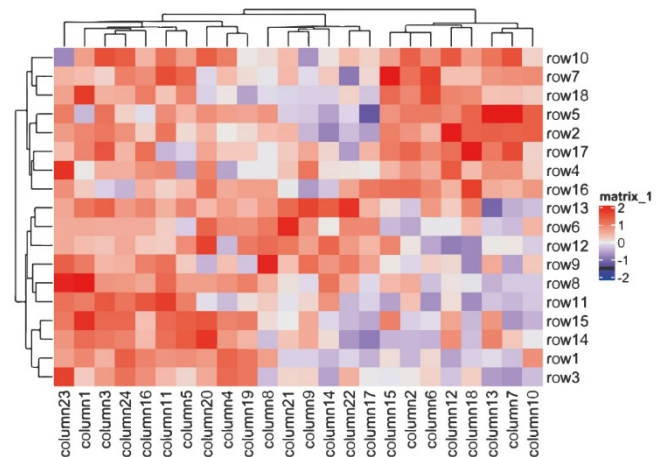
①樹形図解析

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。



③K-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ー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ー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。

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
- シークエ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
- 自動で*De Novo*シークエンスを実行

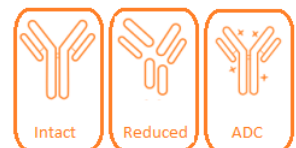
特性解析用ワークフロー

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。

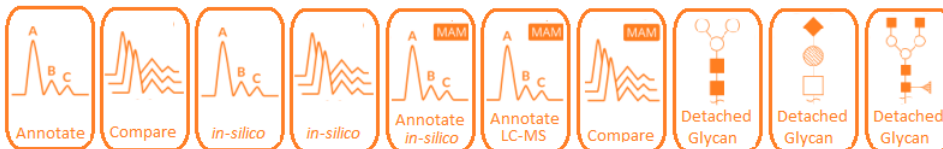
Peptide Level Analysis :



Intact Mass Analysis :



Chromatogram Analysis :

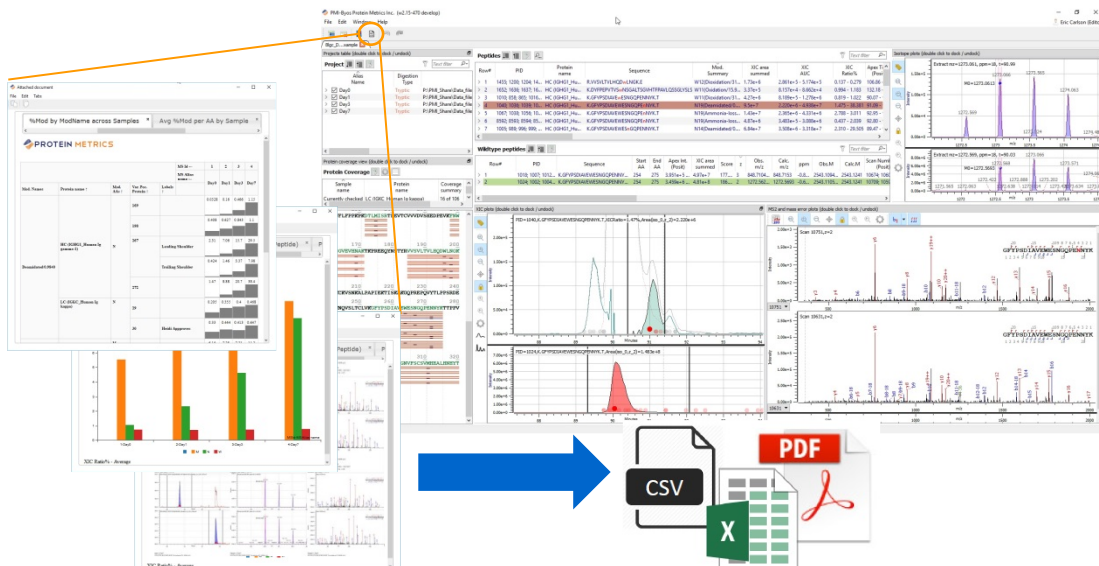


De Novo Sequencing :



特性解析用ワークフロー

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。

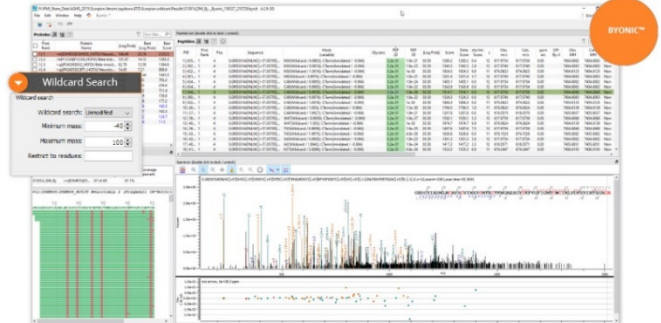
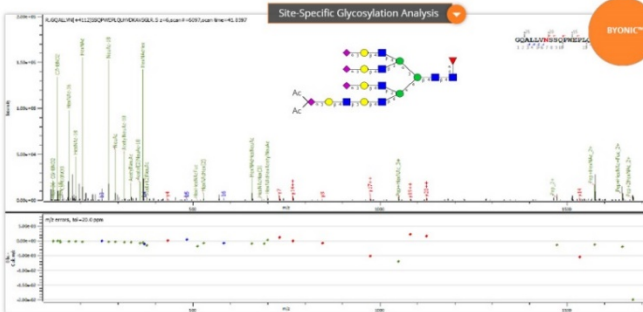


修飾ペプチド・タンパク質同定用ソフトウェア Byonic™

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

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™

- ✓ 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

Wildcard search

Enable wildcard search:

Minimum mass: -30

Maximum mass: 60

Restrict to residues:

Enter glycan database(s):

Glycan Type	Glycan database
O-Glycan	O-glycan 6 most common
	N-glycan 182 human no multiple fuc
	N-glycan 309 mammalian no sodium
	N-glycan 38 common biantennary
	N-glycan 57 human plasma
	O-glycan 6 most common
	O-glycans 70 human
	O-glycans 78 mammalian
	Browse...

Enter specific glycan(s):

Glycan Type	HexNAc	Hex	Fuc	Pent	NeuAc	NeuGc	Sodium	Additional mass
N-Glycan	2	3						

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™

MsMetrix
Analyzing Your Data in LC/MS and GC/MS

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。

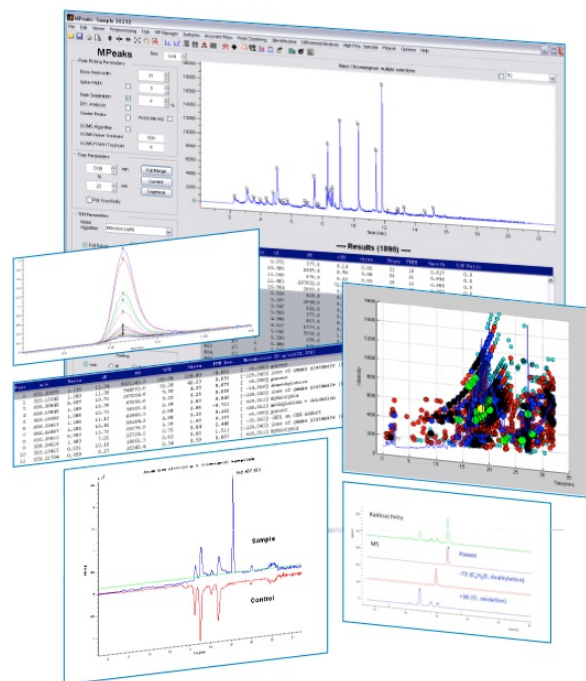
主要な機能

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。

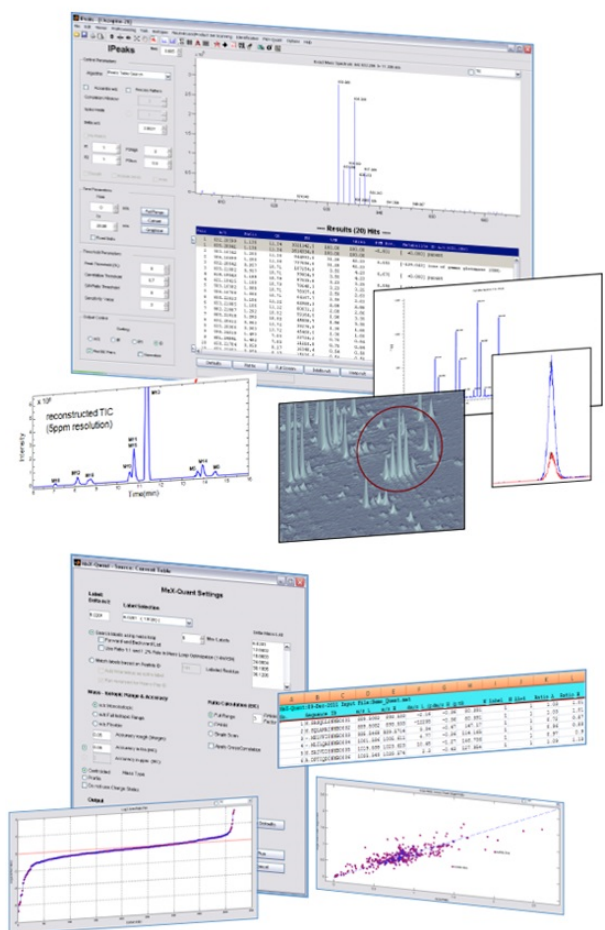


MsCompare

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道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

フィルジエンでは、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

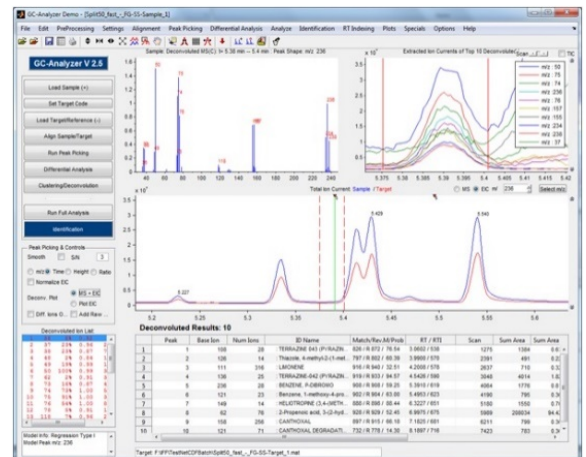
GC-Analyzer™では、データファイルに含まれるすべてのクロマトグラフピークの形状を、数秒で検出可能です。このピーク検出では、すべての関連パラメータが最適化されており、同一の形状と保持時間をもつイオンは、実成分にデコンボリューションされます。

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

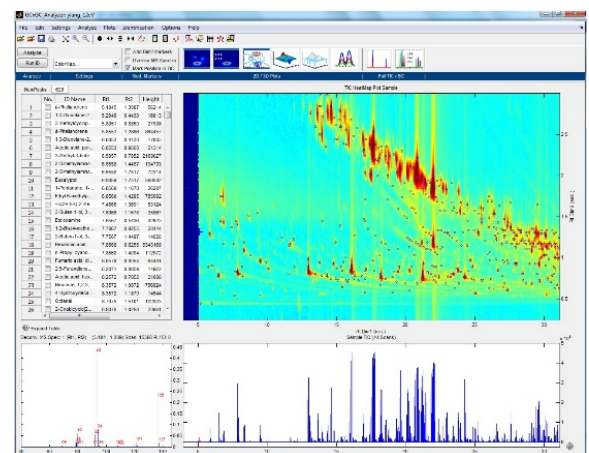
すべてのメジャーなベンダーの質量分析データをインポートし、TICやマススペクトルの比較、イオン電流の抽出、さらにグラフのコントロールを行うことが可能です。また、GCxGC-Analyzer™では、大きなデータセットにおけるデータ探索を行うために、3Dプロットやヒートマップ、選択イオンのマップ表示、TICとマスクロマトグラムといった、時系列データ表示が可能なビューワー機能を備えています。

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。



ハイオンフォマティクスソフトウェア

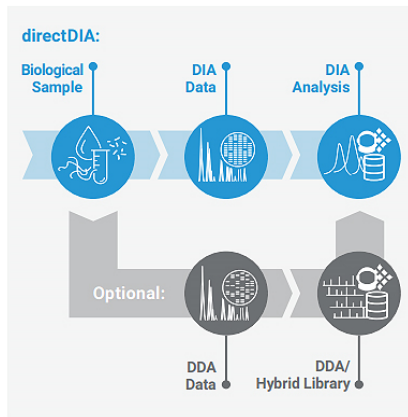
概要

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を、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

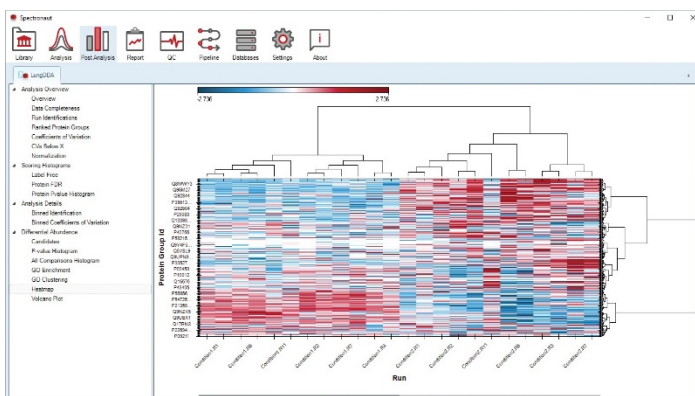
Library Perspective : Biognosys社独自の検索エンジンPulsarによるライブラリー作成や、外部検索エンジンの検索結果の読み込み

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(検定、ヒートマップ、Gene Ontology解析など)



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™

主要な機能

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・ピッ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。

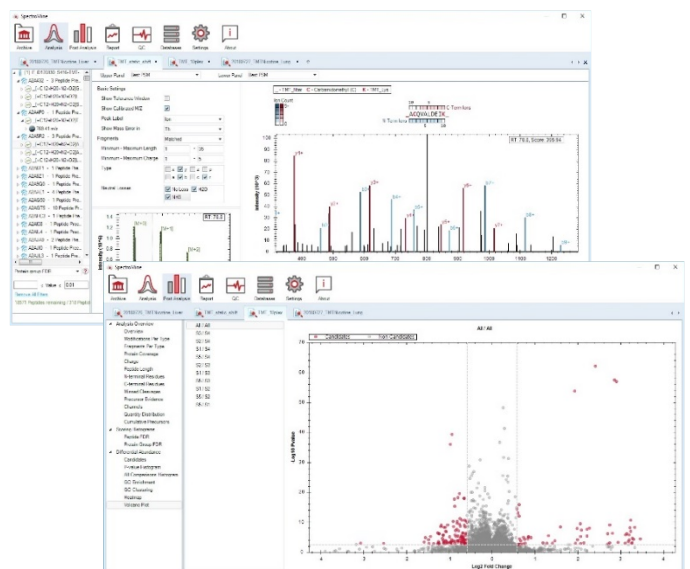


ショットガンプロテオミクスソフトウェア - SpectroMine™

主要な機能

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。



質量分析用サンプル調製キット キャリブレーションキット

BIOGNOSYS
NEXT GENERATION PROTEOMICS

概要

Biognosys社(スイス)では、高い再現性と正確なタンパク質定量を実現した、質量分析用のサンプル調製キットとキャリブレーション用のキットを販売しています。

サンプル調製キット - Sample Preparation Kit / Sample Preparation Kit Pro



Sample Preparation Kit

キット内容

(品番 : Ki-3010、サイズ : 50サンプル)

- Alkylation Solution
- Reduction Stock Solution
- LC Solution
- 10× Dilution Buffer
- Denature Buffer

Sample Preparation Kit Pro

キット内容

(品番 : Ki-3013、サイズ : 96サンプル)

- Alkylation Solution
- Reduction Stock Solution
- LC Solution
- 10× Dilution Buffer
- Denature Buffer
- 96-well MACROSpin C18 Plate
- 96-well collection plate
- 96-well plate sealer

Sample Preparation Kitは、哺乳動物細胞および血清・血漿サンプル用の再現性のある質量分析プロテオミクスのための簡便な標準化キットです。SRM/MRM/PRM、HRM/DIA/SWATH、ショットガンMS/MSなどのすべての質量分析ベースのプロテオミクスアプリケーションで利用可能です。

Sample Preparation Kit Proは96ウェルプレートフォーマットで、ハイスループット処理が可能であり、タンパク質の変性からC18クリーンアップまで行うことが可能なオールインワンなキットです。

MRM / HRM法キャリブレーションキット - iRT Kit



iRT Kit

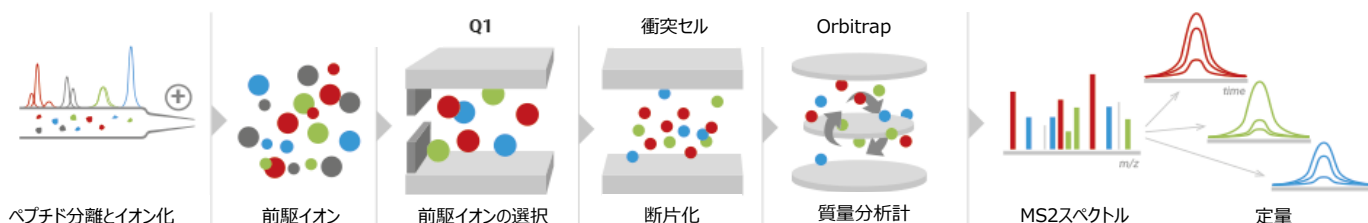
キット内容(品番 : Ki-3002、サイズ : 500 injections)

- iRT Standard
- Dissolution Buffer

本製品は、時間分解型質量分析のための保持時間キャリブレーションキットです。あらゆるクロマトグラフィーにおいて保持時間を正確に予測するため、一度で測定できる標的数が大幅に増加します。また、iRTスタンダードには天然に存在しない合成ペプチドを11種類含んでいます。キットを使用してLCシステムをキャリブレーションすることで、解析精度が飛躍的に向上します。iRT値は容易にデータベースに保存でき、共有することが可能です。

Biognosys社の技術 HRM法

Hyper Reaction Monitoring (HRM)は、Biognosys社で開発したラベルフリーのプロテオミクス探索技術で、SWATHをベースとし、ショットガン法とMRM法の利点を組み合わせた技術です。これにより1サンプルあたり最大9,000個のタンパク質を再現かつ正確に定量化し、比類のないプロテオームカバレッジを有します。HRMワークフローは、発現差のあるタンパク質の同定や、プロテオームレベルで高度に多重化されたタンパク質の定量化に最適です。



質量分析用リファレンスペプチドキット PlasmaDive™ / PlasmaDeepDive™

BIOGNOSYS
NEXT GENERATION PROTEOMICS

概要

Biognosys社(スイス)では、一度の測定で100種類のタンパク質を定量を可能にするリファレンスペプチドを販売しています。

リファレンスペプチドキット - PlasmaDive™ / PlasmaDeepDive™



PlasmaDive™ Reference Peptides Kit

キット内容(品番 : Ki-3016、サイズ : 48または96サンプル)

- Reference Peptides Mix
- LC Solution
- Dissolution Buffer
- PlasmaDive™ MRM or PRM Panel Plug-ins for SpectroDive
- PlasmaDive™ reference peptides amounts, mass and transition list
- PlasmaDive™ Reference Peptide Kit Manual

本製品は、ヒト血漿、血清サンプル中の100種類のタンパク質を絶対定量するためのリファレンスペプチドです。スケジュール機能を使用したMRMまたはPRMで、100のペプチドを一度に測定することができます。キットに含まれるペプチドは、主にがんや心臓血管、代謝バイオマーカーとされる代表的なヒト血漿タンパク質に対応しています。



PlasmaDeepDive™ Reference Peptides Kit

キット内容(品番 : Ki-3017、サイズ : 48または96サンプル)

- Reference Peptides Mix
- LC Solution
- Dissolution Buffer
- PlasmaDeepDive™ MRM or PRM Panel Plug-ins for SpectroDive
- PlasmaDeepDive™ reference peptides amounts, mass and transition list
- PlasmaDeepDive™ Assay Panel Manual

本製品は、ヒト血漿中の100種類のタンパク質を絶対定量するためのリファレンスペプチドです。スケジュール機能を使用したMRMまたはPRMで、100のペプチドを一度に測定することができます。キットに含まれるペプチドは、16種の典型的に欠失が見られるタンパク質、9種のハウスキーピングタンパク質、75種のバイオマーカースクリーニング用の標的タンパク質に対応しています。

上記のPlasmaDive™ / PlasmaDeepDive™は、別途専用ソフトウェア「SpectroDive™」が必要です。



詳しくは
P30.へ

■対応装置

MRM (triple quadrupole -QQQ- and hybrid quadrupole-linear ion trap -QTrap- MS)

- Thermo Scientific™ TSQ Series
- SCIEX API Series™ / Triple Quad™ / QTRAP Series
- Agilent 6400 Series
- Waters Xevo TQ-S

PRM (hybrid quadrupole-Orbitrap -Q-OT- and quadrupole time-of-flight -Q-TOF- MS)

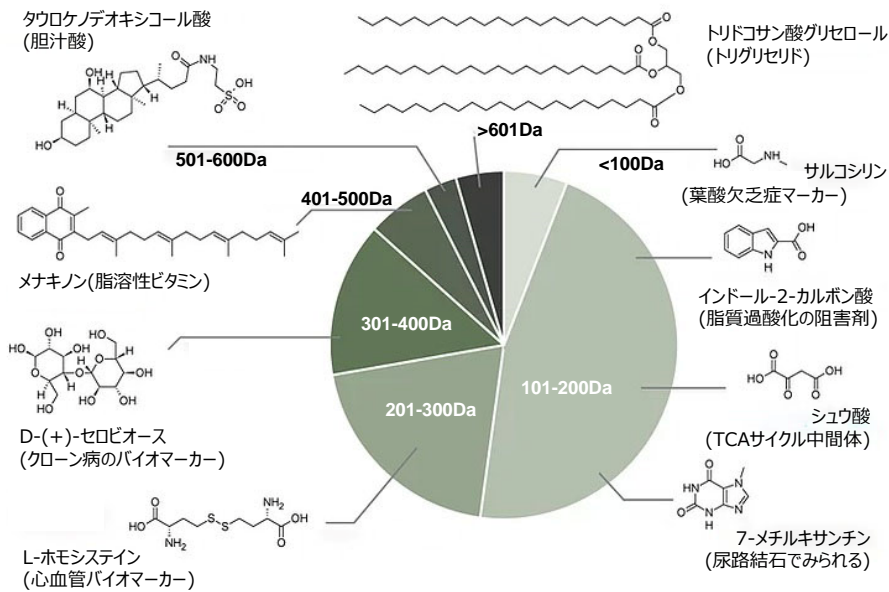
- Thermo Scientific™ Q Exactive™ Series / Orbitrap Fusion™ Series
- SCIEX TripleTOF® Series

ライブラリー管理システム 高品質低分子化合物ライブラリー

概要

MetaSci社(カナダ)では、高品質な低分子化合物ライブラリーを製造・販売しています。特にヒト代謝物ライブラリーにおいては約1,000種類以上の低分子化合物を提供しています。ハイスループットスクリーニング、定量的メタボロミクス、代謝経路分析など多くのアプリケーションに有用です。オートサンプラーの琥珀色バイアル(5~10mg)で提供しているため、必要な化合物のみ選択して独自のカスタムライブラリーを作成することが可能です。

約1000種類のヒト代謝物 一例



Comprehensive High quality Customizable

主な製品カテゴリー

- ・ヒト代謝物 (約1200種類)
- ・植物代謝物 (約1000種類)
- ・糞便代謝物 (約500種類)
- ・有機酸 (約500種類)
- ・尿中の有機酸 (約100種類)
- ・大腸菌代謝物 (約250種類)
- ・脂肪酸とエステル (約80種類)
- ・ビタミンと補因子 (約50種類)
- ・食品成分 (約1000種類)
- ・食品添加物 (約350種類)
- ・プリン代謝物 (約30種類)
- ・チロシン代謝物 (約20種類)
- ・フェニルアラニン経路 (約20種類)

ライブラリー管理システム MSI+ Library Management system

MetaSci社のライブラリー管理システム「MSI+ Library Management system」は、ボックス内のバイアル配置図、構造、CAS番号、分子量、HMDB ID、正確な質量、経路、溶解度、SDS、スペクトルなど、ライブラリー内の各化合物の完全なアノテーションと情報を含むオンラインライブラリー管理システムです。MetaSci社のライブラリーを管理するためには、このシステムの使用を推奨します。ユーザーアカウントには最大5人のユーザーを割り当てることができます。

管理システム 参考例

MSI+ for Inosine (HMDB0000195)

Compound Information

Library: MSI001551

Name: Inosine

CAS: 58-03-9

HMDB ID: HMDB0000195

Synonyms: Inosine, 1-β-D-ribofuranosyl-6H-purin-6-one, 1-β-D-ribofuranosyl-6H-purin-9-one, 1-β-D-ribofuranosyl-6H-purin-9-one, 1-β-D-ribofuranosyl-6H-purin-9-one, 1-β-D-ribofuranosyl-6H-purin-9-one, 1-β-D-ribofuranosyl-6H-purin-9-one, 1-β-D-ribofuranosyl-6H-purin-9-one

Molecular formula: C10H12N4O5

Average molecular weight: 268.23

Solubility Guide

H2O (pH) 9 8 7

Concentration Calculator

Find the volume

Weight (mg)

Molecular mass (g/mol) 268.23

Required conc (mM)

Solvent volume (mL)

All samples should be kept at -20 °C

試薬・消耗品

ライブラリーの一例

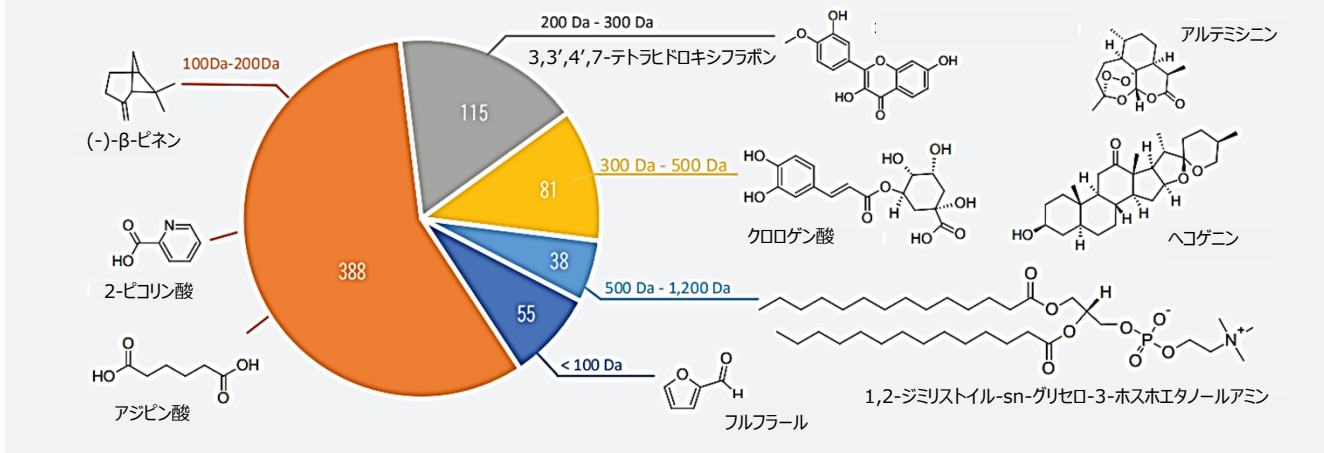
植物代謝物ライブラリー

※詳細なラインアップについてはお問い合わせください。

植物代謝物は、植物の生理学や生物学のさまざまな側面を調査するための重要なツールです。代謝経路分析やハイスループット分析など、さまざまなメタボロミクス手法に有用な約1000種類以上の植物代謝産物ライブラリーを提供しています。LC-MS、GC-MS、NMRなどの多くの分析プラットフォームと互換性があり、メソッド開発、機器固有のスペクトル収集などのさまざまなアプリケーションに使用できます。



植物代謝物ライブラリー 一例



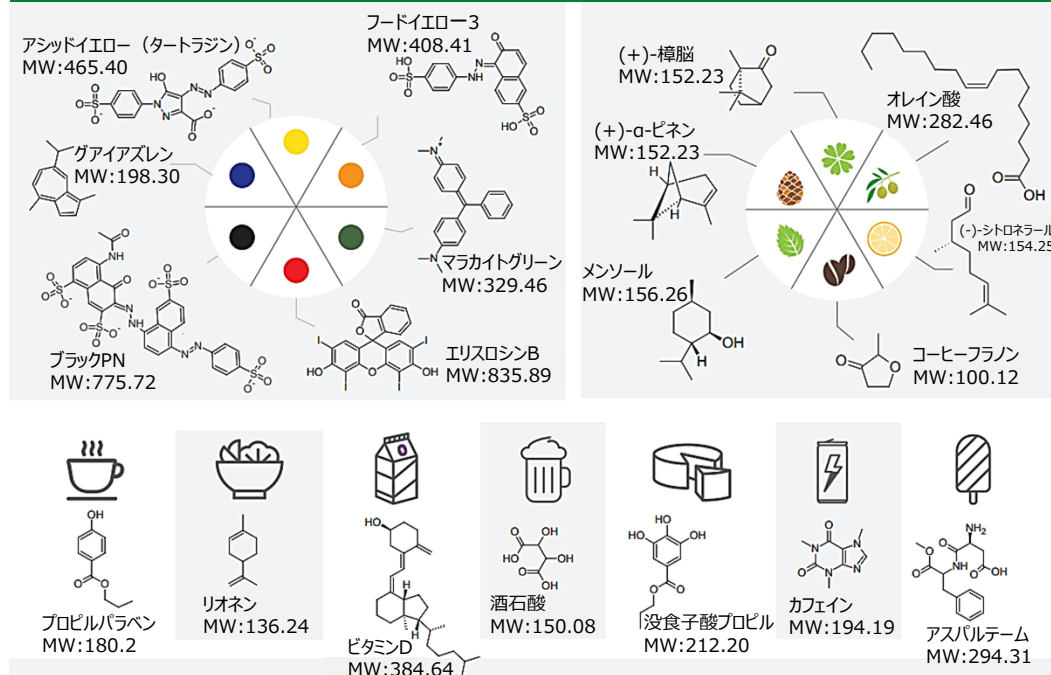
食品成分・食品添加物ライブラリー

※詳細なラインアップについてはお問い合わせください。

MetaSci社の食品成分ライブラリーでは食物摂取によりヒトの代謝に見られる代謝物(ヒトの内因性代謝物を含む)および、プリン代謝経路に関与する代謝産物を取り揃えています。食品添加物ライブラリーでは、食品の異物混入を防ぎ品質を向上させるため、甘味料、ビタミン、防腐剤、香料、脂肪酸、酸性化剤、染料、可塑剤、抗酸化剤など、幅広くカバーしています。



食品添加物ライブラリー 一例



LC-MS内部標準用 安定同位体標識タンパク質

概要

Promise Proteomics社(フランス)は、安定同位体標識および非標識の完全長組み換えタンパク質製品をラインアップしています。安定同位体標識タンパク質は、LC-MSを使用したタンパク質の絶対定量に最適な内部標準であり、「ゴールドスタンダード内部標準」とされています。内部標準は、サンプル調整の開始時に導入でき、実験手順全体を通して目的のタンパク質とともに処理されるので、タンパク質の分離、消化、LC-MSでのイオン化による変動を補正できます。

アプリケーション

- バイオマーカーの評価・検証
- バイオセラピューティクス(生物学的製剤)の薬物動態研究
- 認証標準物質(Certified Reference Material)の開発
- 治療用モノクローナル抗体の定量

特長

- 高いタンパク質純度
- 99%以上の同位体取り込み
- ペプチド選択の柔軟性
- 天然タンパク質と同じ配列
- 標的と同じ消化速度
- サンプル処理における分析物との同一性
- 複雑なサンプルマトリックスで使用可能
- 高い安定性

ワークフロー



製品カテゴリー

腎臓バイオマーカー、神経変性疾患、ペプチドホルモン、RASタンパク質、敗血症分野の $^{13}\text{C}_{15}$ 標識または U_{15} 標識、非標識タンパク質をラインアップしています。内部標準として用いることで、質量分析でのタンパク質の定量にご使用いただけます。

- ヒト成長ホルモン
- α -シヌクレイン
- Tau-441
- ヒト血清アルブミン
- プロカルシトニン
- KRAS
- ヒトエリスロポエチン
- カルボキシペプチダーゼB2
- ビタミンD結合タンパク質
- トロポニン I
- ニューロフィラメント
- α -フェトプロテイン
- クラスτεリン
- シスタチンC
- アポリポタンパク質



特性評価データ例 (SIL-Tau内部標準タンパク質)

● ペプチドシーケンスと同位体取り込みデータ

2 μg の非標識Tauタンパク質と標識Tauタンパク質を、トリプシンで別々に消化し、分析しました。標識Tauと非標識Tauのカバー率は同様に、62.4% (275/441)でした。標的タンパク質と同じ配列であるため、消化速度とプロテオタイプペプチドを正確に反映できます。

MAEPRQEFVEMEDHAGTYGLGDRK**D**QGGYTMHQDQEGD**T**DAGL**K**ESPLQTPTEDGSEEPGSETSD
AKSTPTAEDVTPALVDEGAPG**K**QAAAQPHTEIPEGTAAEEAGIGDTPSLEDEAAGHV**T**QAR**M**VSKSKD
GTGSDDKKAKGADG**K**TKIATPRGAAPP**G**Q**K**GQANATRIPAK**T**PPAP**K**TPPSSGEP**P**KSGDR**S**GYSSPG
SPGTPG**S**RSR**T**PSLPT**P**PT**R**EPK**V**AVV**R**TPPK**S**PSAK**S**RLQTAPV**P**MPD**L**K**N**VK**S**KIGSTEN**L**K**H**QPG
GG**K**YQ**I**N**K**L**D**LSNVQ**S**K**G**CKGSKD**N**IK**H**VPGGGSVQ**I**V**K**PVD**L**SK**V**TS**K**CGSLG**N**I**H**HK**P**GGGQ**V**EV
K**S**E**K**L**D**FK**D**R**V**Q**S**K**I**GSLDN**I**TH**V**PGGG**N**K**I**ETH**K**LT**F**RE**N**AK**A**K**T**D**H**GAE**I**V**Y**K**S**P**V**V**S**G**D**T**S**PR**H**LS
N**V**S**T**G**S**ID**M**V**D**S**P**QL**A**T**L**A**D**E**V**S**A**S**L**A**K**O**G**L

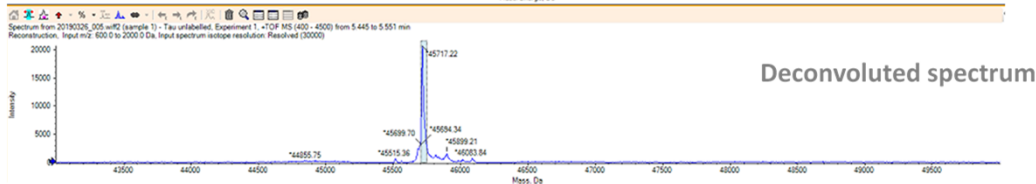
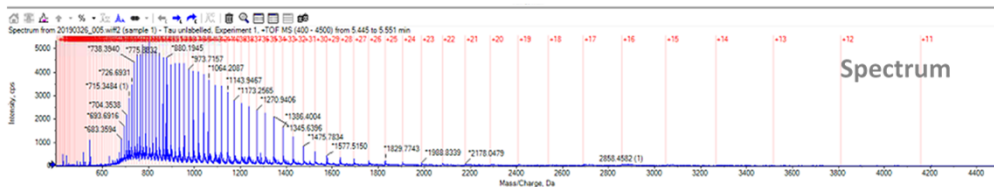
下線：検出されたペプチド 青字：トリプシン切断部位

特性評価データ例 (SIL-Tau内部標準タンパク質)

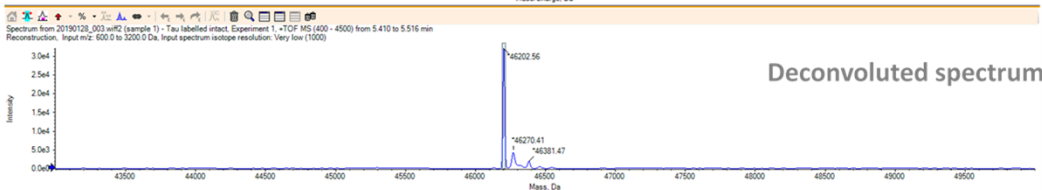
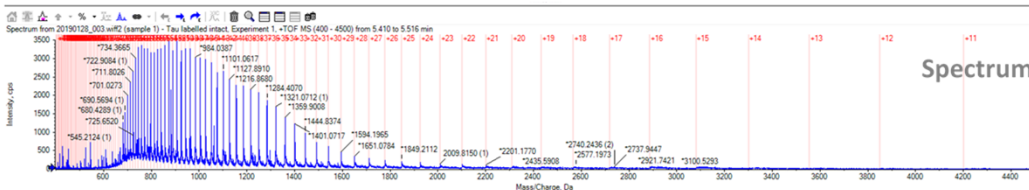
● インタクト質量分析

非標識および¹³C₁₅N標識Tauタンパク質を、最終濃度0.1mg/mLになるように個別に希釈し、解析しました。予想される質量が観測された質量に近いことから、注入中にタンパク質が分解されていないこと(タンパク質の完全性)が確認できます。また、デコンボリューションスペクトルは、注入されたバッチの最後にTauタンパク質のみが存在することを示しており、純度が高いことがわかります。

非標識Tau (0.1 mg/mL)



標識Tau (0.1 ng/mL)



測定された質量 (Da)	予想される質量 (Da)
45717.22	45849.91
46202.56	46338.35
質量誤差 (Da)	解釈
132.69	メチオンなしの非標識 Tau 1-441
135.79	メチオンなしの標識 Tau 1-441

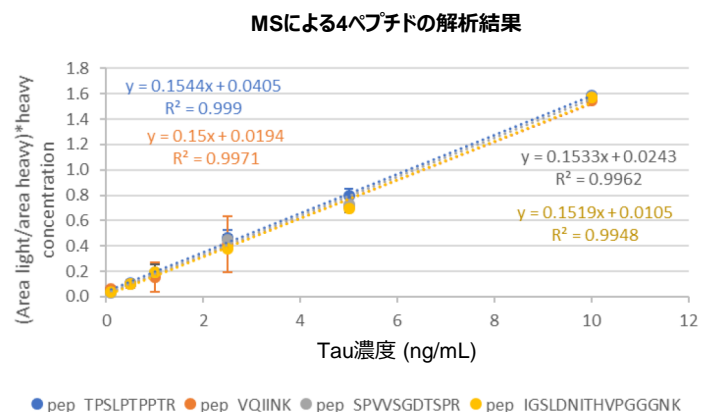
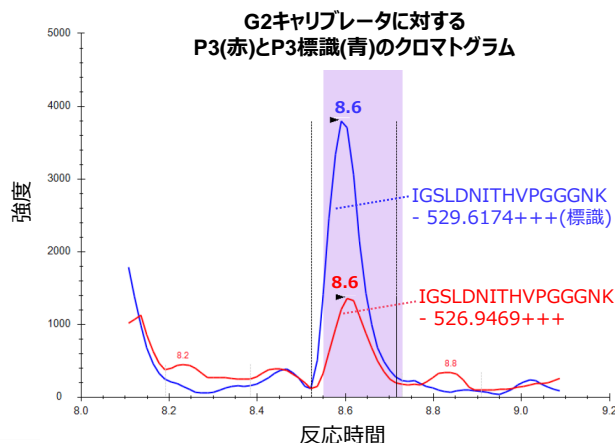
アプリケーション例 (LC-MS/MS SRM法によるTauタンパク質定量)

● サンプル調製手順

7つのキャリブレーションは、0.5%血清で0.1-10 ng/mLの範囲で調製し、0.3 ng/mLの標識Tau-441を添加しました。

● Tauタンパク質検出結果

酵素消化により生じたTauタンパク質ペプチドは、0.1 ng/mLで良好な感度で検出されました。ターゲットから得られたシグナルは、SIL-Tauのシグナル比でノーマライゼーションされました。これにより、分析精度が大幅に向上します。選択されたプロテオタイプペプチドは、測定されたダイナミックレンジ全体でTau定量化に対して高い一貫性を示します。



概要

Chromsystems Instruments & Chemical社(ドイツ)は、HPLCおよびLC-MS/MS用の400種類を超える試薬を製造・販売しています。すべての製品は、厳格な品質管理下で自社製造しており、高精度で費用対効果の高い製品を提供しています。アミノ酸解析、新生児スクリーニング、治療薬モニタリング、生体アミン、ステロイドなど12分野の製品をご用意しています。

製品一例

Mass Chrom® Amino Acids and Acylcarnitines from dried blood spots

本製品は、タンデム質量分析を使用したアミノ酸および脂肪酸代謝障害の新生児スクリーニングの一部として、乾燥血液スポットサンプルからのアミノ酸、アシルカルニチン、およびスクシニルアセトンの迅速で信頼性の高い測定が可能です。サンプル準備は、血液スポットからの分析物の効果的な抽出に基づいています。キャリブレーションと測定に安定同位体標識内部標準を使用することで、分析物の信頼性が高く正確な定量ができます。※スクシニルアセトンの測定にはアップグレードセットが別途必要です。



キットの種類

誘導体化の有無により2種類のキットをご用意しています。誘導体化を用いたアッセイは、最高の感度と非常に低い干渉を兼ね備えています。誘導体化を行わないアッセイは、サンプル調製がより短く、より速くなることを特長としています。ウェルプレートまたはウェルフィルタープレートの2種類のフォーマットがあり、フィルタープレートでは、遠心分離で液相の除去を行うため、通常のプレートよりも素早く前処理を行うことができます。スクシニルアセトンを測定するためのアップグレードセットは、誘導体化の有無にかかわらず、簡単に統合できます。

キット内容物 (品番55000または55000/Fの場合)

- 移動相 2 x 1000 mL
- 内部標準(凍結乾燥) 4 x 50 mL
- 誘導化試薬 2 x 30 mL
- 再構成用バッファー 1 x 100 mL
- すすぎ液 2 x 1000 mL
- 抽出バッファー 1 x 200 mL
- 96ウェルプレート 3 x 10 pcs. (※55000/Fの場合3 x 5 pcs.)
- 96ウェルフィルタープレート 3 x 5 pcs. (※55000/Fの場合のみ)
- 96ウェルプレート用保護シート 3 x 10 pcs. (※55000/Fの場合2 x 5 pcs.)
- アミノ酸・アシルカルニチン乾燥血液スポットコントロール, bi-level (I + II) 2 x 3 spots

テスト項目

アミノ酸とスクシニルアセトン

- Alanine
- Arginine
- Aspartic acid
- Citrulline
- Glutamic acid
- Glycine
- Leucine
- Methionine
- Ornithine
- Phenylalanine
- Proline
- Tyrosine
- Valine
- Succinylacetone (※アップグレードセットを組み込んだ場合)

アシルカルニチンと遊離カルニチン

- Free Carnitine
- C2-Carnitine
- C3-Carnitine
- C4-Carnitine
- C5-Carnitine
- C5DC-Carnitine
- C6-Carnitine
- C8-Carnitine
- C10-Carnitine
- C12-Carnitine
- C14-Carnitine
- C16-Carnitine
- C18-Carnitine

品名	容量	フォーマット	品番
【誘導体化あり】 Mass Chrom® Amino Acids and Acylcarnitines from dried blood spots	960テスト	96ウェルプレート	55000
		96ウェルフィルタープレート	55000/F
96ウェルプレート		57000	
96ウェルフィルタープレート		57000/F	
【誘導体化なし】 MassChrom® Amino Acids and Acylcarnitines from Dried Blood / Non Derivatized			
【アップグレードセット】 Succinylacetone Upgrade Set	960テスト	55000用	55000
		57000用	57111
		57000/F用	57111/F

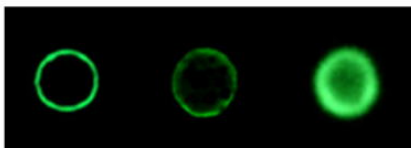
※その他のラインアップについてはお問い合わせください。

精製用磁性微粒子 MagReSyn®シリーズ



概要

ReSyn biosciences社(南アフリカ)では独自のポリマー微粒子テクノロジーを採用し、卓越した結合能力を有した質量分析用サンプル精製キットを販売しています。



MagReSyn®の特長

- **酸化に強い**
安定性と貯蔵寿命が向上し、サンプル汚染の低減や再現性が向上します。
- **磁気による迅速な回収(<10秒)**
研究効率を向上でき、実験時間の短縮に繋がるほか、自動化されたハイスループットなプラットフォームにも互換性があります。

◀左からSolid微粒子、Cracked微粒子、ReSyn微粒子への蛍光標識BSAの浸透度合いを示す微粒子断面の共焦点顕微鏡画像です。他二つの表面吸着とは対照的にReSyn微粒子は微粒子全体への生体分子の浸透を可能にします。

製品一例

質量分析前のクリーンアップに

正味電荷の違いを利用した

MagReSyn®SAX (品番 : MR-SAX)

本製品は正に帯電した独自の磁性ビーズで、タンパク質/ペプチド、酵素、抗体、DNA、RNAなどの生体分子の分離、精製、回収が可能です。

質量分析前に複雑な生物学的混合物(血清、血漿、尿、CSF、細胞溶解液、培養上清など)を分画するのに最適です。

親水性相互作用クロマトグラフィーを利用した

MagReSyn®HILIC (品番 : MR-HLC)

本製品は、両親媒性生体分子を有機移動相に適用し、固定相表面に形成された水層の間に閉じ込めることで極性の低い化合物から生体分子を分離することが可能です。

SDS、CHAPS、NP-40、尿素などの日常的な汚染物質から複雑な生物学的混合物(血清、血漿、培養上清、組織抽出物など)をサンプル調製するのに理想的です。

質量分析のためのタンパク質消化に

トリプシン消化用

MagReSyn®Trypsin (品番 : MR-TRP)

本製品は独自の磁性ビーズにシーケンスグレードのトリプシンが固定化されています。従来のビーズ技術とは異なり超多孔質ポリマーネットワークにより微粒子の体積全体にタンパク質を浸透可能なため、トリプシンの多点共有結合が可能になり、酵素が安定化され、自己消化が防止されます。高濃度のトリプシンにより、迅速かつ効率的なタンパク質消化が可能です。

キモトリプシン消化用

MagReSyn®Chymotrypsin (品番 : MR-CHY)

本製品は独自の磁性ビーズにシーケンスグレードのキモトリプシンが固定化されています。従来のビーズ技術とは異なり超多孔質ポリマーネットワークにより微粒子内部への浸透が可能のため、キモトリプシンの多点結合により、酵素が安定化され、自己消化が防止されます。高濃度のキモトリプシンにより、迅速で効率的なタンパク質消化が可能です。

リン酸化ペプチド濃縮に

チタンイオンを用いた

MagReSyn® Ti-IMAC HP (品番 : MR-THP)

本製品はReSynポリマー微粒子およびキレート化されたチタンイオン(Ti4)で構成されており、トリプシン消化タンパク質混合物などから、質量分析ベースのプロテオミクスアプリケーションに適したリン酸化ペプチド濃縮を行うための非常に特異的な製品です。

ジルコニウムイオンを用いた

MagReSyn® Zr-IMAC HP (品番 : MR-ZHP)

本製品はReSynポリマー微粒子およびキレート化されたジルコニウムイオン(Zr4)で構成されており、トリプシン消化タンパク質混合物などから、リン酸化ペプチド濃縮を行うための、シンプルで便利、効率的かつ特異的な方法を提供します。特に少量のサンプルからの回収率とカバレッジが向上する可能性があり、チタンIMACよりも安定した長期保存が可能です。

このほか、様々な用途に合わせて製品をご用意しています!! 詳細は弊社HPをご覧ください!!

【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。
- ◆ 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 : biosupport@filgen.jp URL : <https://filgen.jp/>

代理店

(Dec.,2021)