



バイオ医薬品のワークフローソリューション

バイオ医薬品特性解析を加速

困難な分析課題へのアジレントの解決法

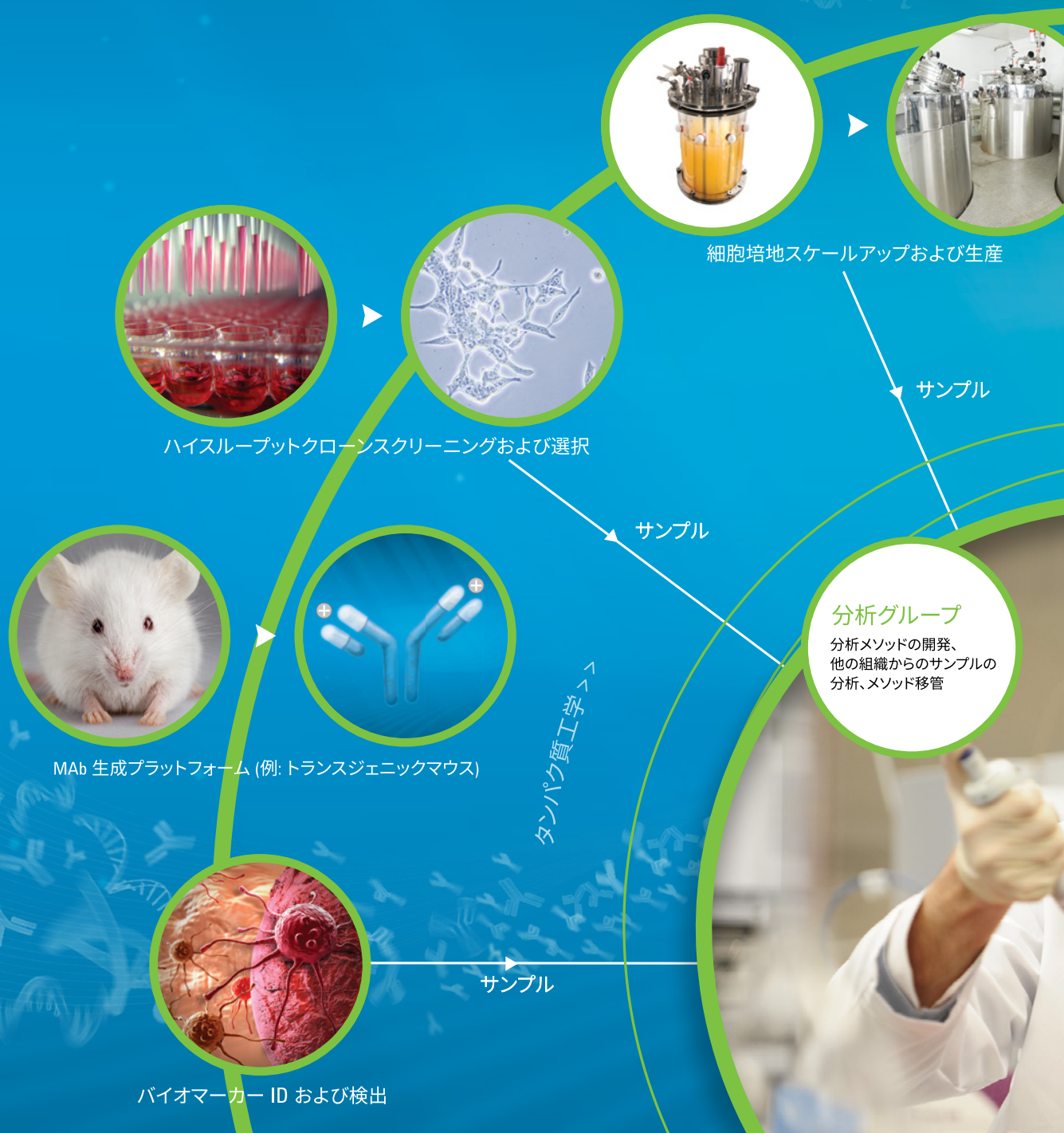


Agilent Technologies

複雑な分析課題

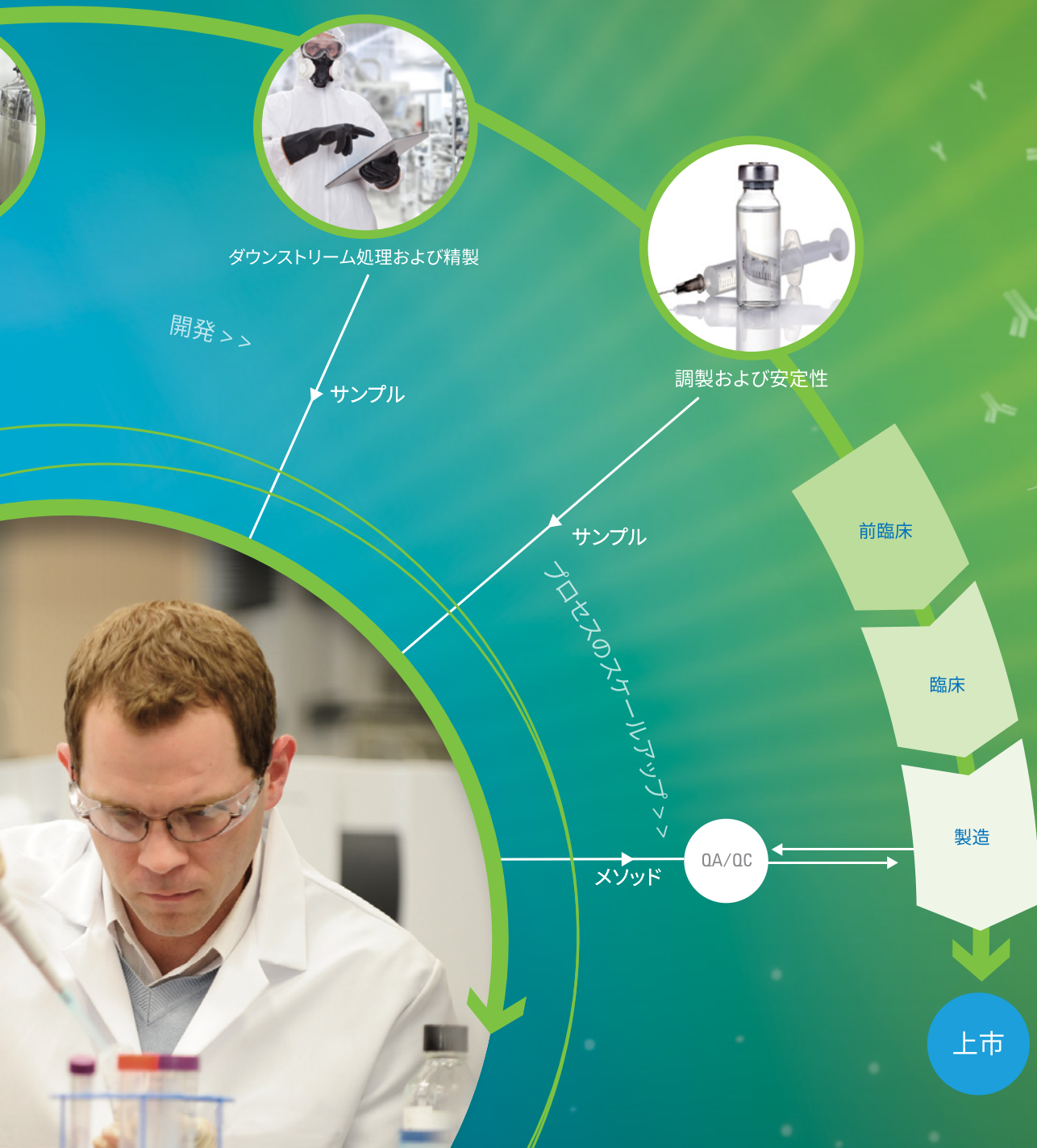
バイオ医薬の困難な特性解析、サンプル前処理を自動化・省力化

分析が必要なサンプルは実に膨大です。対象となるサンプルは、さまざまな種類のプロジェクトのさまざまな種類のソースから採取されたもので、いずれの場合も結果がすぐに求められます。必要とする結果を得るために、アジレントはお客様をサポートします。



スループットおよび生産性の課題

- パイプライン内の mAb 候補の増加
- リソースは限られていても分析対象サンプルは増加
- ハイスループットおよび高生産性のメソッドを採用する必要性の増大



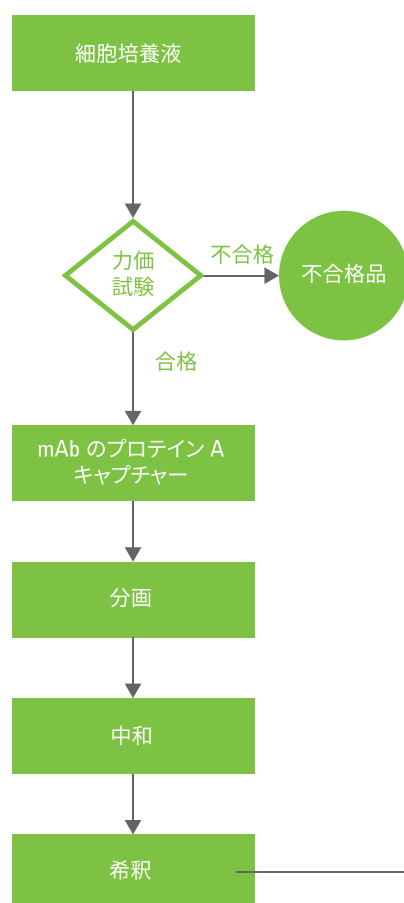
統合型ソリューション

すべてが連携する理想的なワークフロー

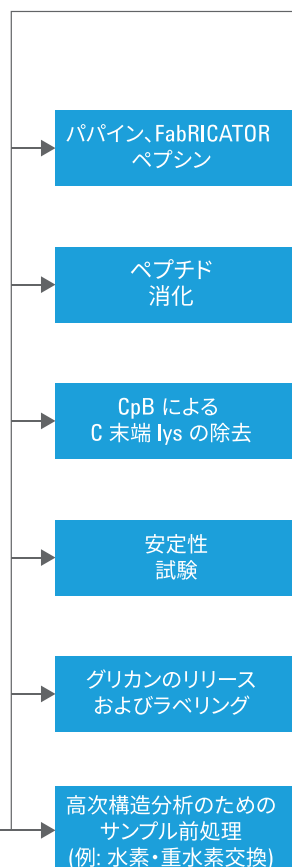
バイオ医薬品のワークフローはますます複雑化し、多大な労力と時間が要求されます。では、どうしたら正確さを犠牲にせずに、スピードアップを図り生産性を上げられるでしょうか。

アジレントはサンプル前処理からデータ解析・管理、規制対応に及ぶ完全統合型ソリューションで、お客様と共に複雑を極めるワークフローに取り組めます。

サンプル精製

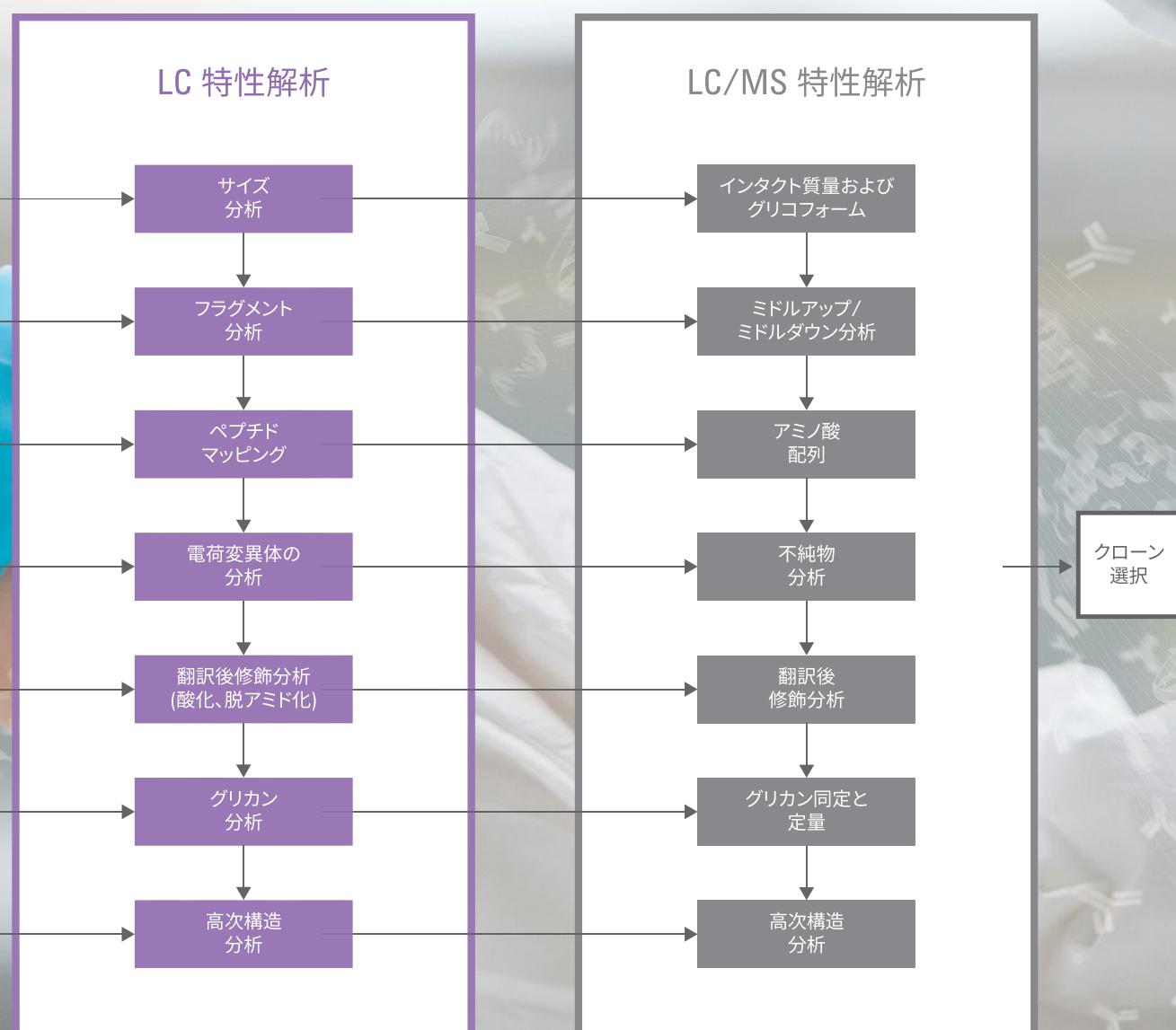


サンプル前処理



アジレントのバイオ医薬品分析ソリューション

- ハイスループットおよび高生産性を実現する、クラス最高の HPLC および UHPLC ソリューション
- ウォークアップサンプル前処理の自動化
- クラス最高のバイオカラム
- ルーチンおよびウォークアップ用の LC/MS アプリケーションのための高分解能精密質量 TOF および Q-TOF
- グリカン分析用の高分解能 2D-LC ソリューション
- CE およびシンプルなプラグアンドスプレー CE/MSソリューション
- 自動マイクロ流体チップおよび次世代シーケンシング電気泳動によるサンプル QC



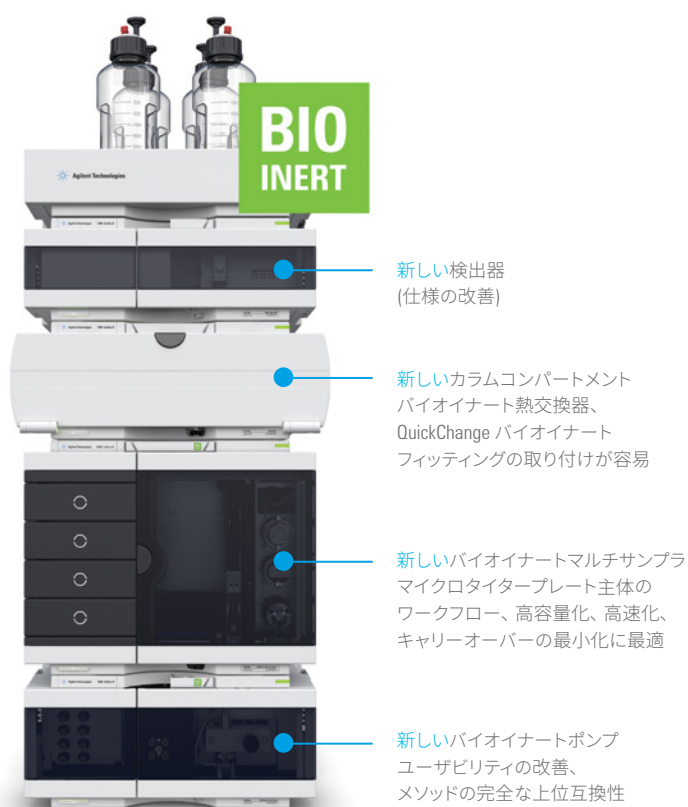
真にバイオイナートな迅速メソッド開発

システムとソフトウェアを組み合わせた、優れた分析と迅速なメソッド開発

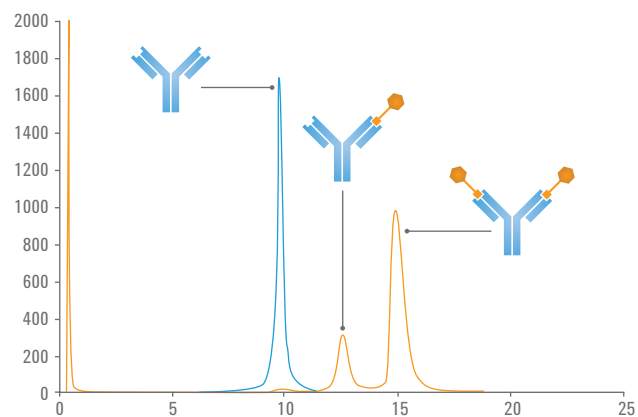
生体分子を分析する場合、結果に不純物・混入物が入ることを回避したいというご要望に基づき、アジレントのバイオイナート LC システムでは、対象サンプルのみが分析され、システム自体からの微量元素は分析対象外となることを保証いたします。

特性解析の品質向上

Agilent 1260 Infinity II バイオイナート LC システムは、2 M の硫酸アンモニウムを用いた HIC (疎水性相互作用クロマトグラフィー) による ADC 分析などの最も厳しい生体分離条件下でも分析可能のように設計されています。このシステムはサンプルエントリーの時点から、徹底してメタルフリーです。ポンプヘッド内で用いられるのはバイオイナートチタンのみで、他の問題になるような金属は使っていません。



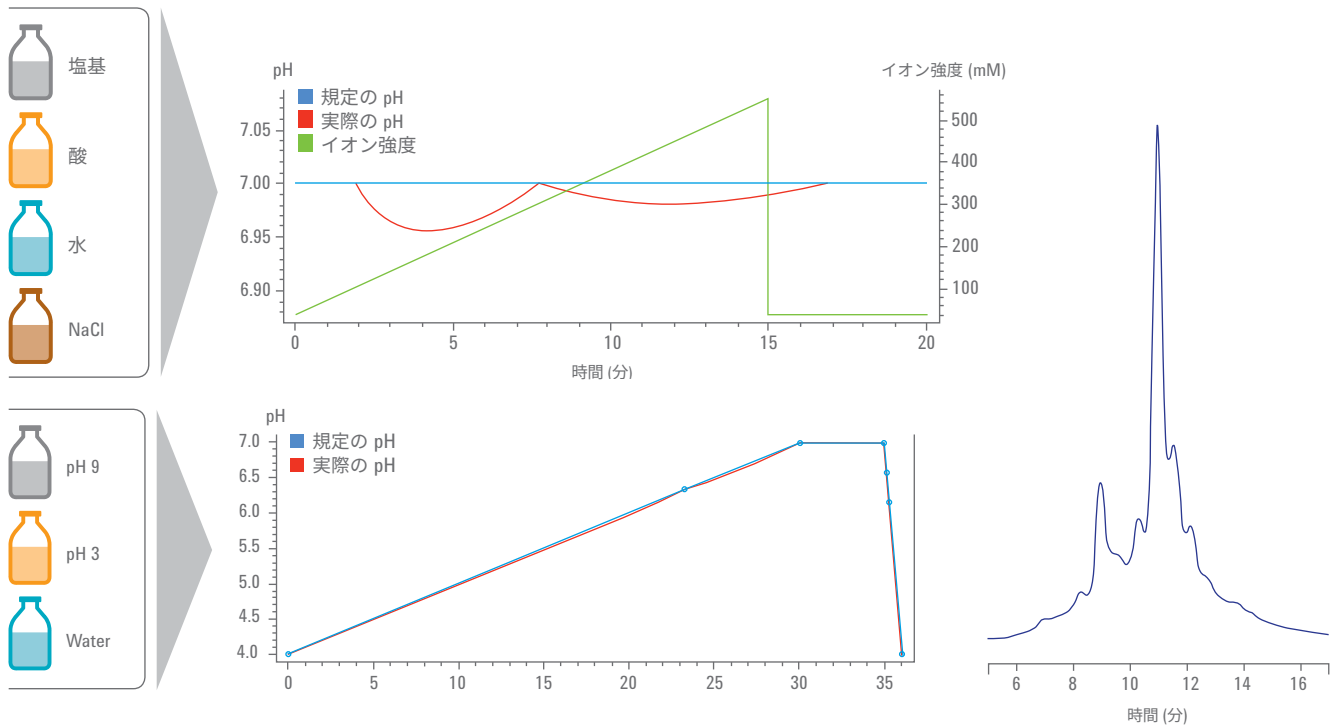
ADC の特性解析事例



HIC は ADC 薬物抗体比の決定に日常的に用いられます。これは、一部の抱合体にみられる、正常なジスルフィド結合を欠く mAb 構造をそのまま保持するためのメソッドです。HIC 2.0 M $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ の厳しい条件には、完全なバイオイナート LC システムが必要です。

Agilent Buffer Advisor を活用した分析時間の短縮および正確さの向上

Agilent Bio-MAB 5 μ m、4.6 x 50 mm カラムを用いた、pH グラジエントイオン交換クロマトグラフィーによるモノクローナル抗体の電荷変異体分析の例を以下に示します。



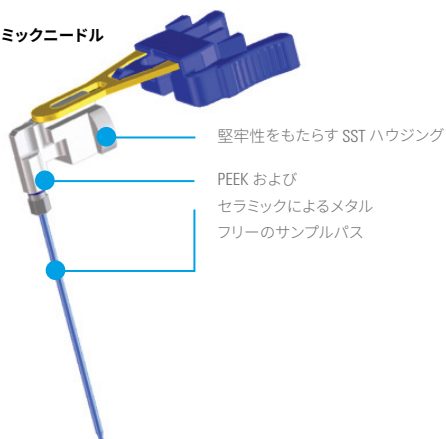
原液から塩グラジエントおよび pH グラジエントを簡単に作成することができます。

Agilent Buffer Advisor を用いた pH グラジエントによる mAb 電荷不均一性分析。

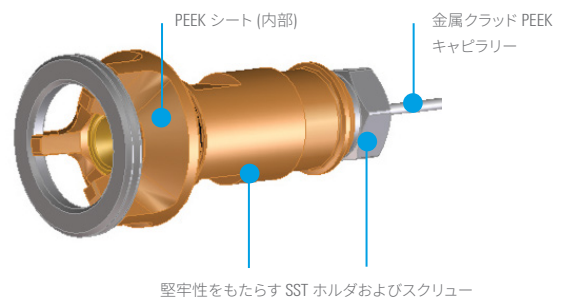
1260 Infinity II バイオイナート LC を真にバイオイナートにするものは何でしょうか

毎日の分析で堅牢性と安全な動作を約束する新しいキャピラリーおよびフィッティング技術

不活性セラミックニードル



PEEK 製のニードルシート



超高速分離

Agilent 1290 Infinity II LC が持つタンパク質分離のための独自の利点

分離時間が長いために、膨大な数のサンプルを処理できないとお考えのお客様のために、アジレントにはきわめて高性能の LC をご用意しています。1290 Infinity II システムは、卓越したスループットと分離能をお客様にお届けします。この短時間分離法は、アジレント製品でしか得られない利点です。



1290 Infinity II フレキシブルポンプ

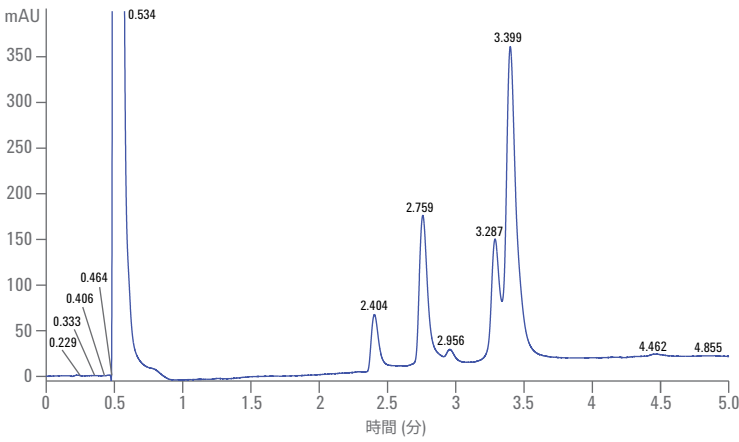
このシステムは高い性能と柔軟性を兼ね備えています。

1290 Infinity II フレキシブルポンプは、バイナリレベルの正確さと精度を実現する唯一の低圧混合クォータナリ UHPLC ポンプです。その他に、次のような利点があります。

- 最高 130 MPa および 5 mL/min に対応する UHPLC のパワーレンジ (圧力流量範囲) がもたらす超高速分析
- 精密なバッファおよび添加剤混合を容易にするブレンドアシスト (ソフトウェア) ツールによる大幅な時間短縮
- UHPLC の生産性と HPLC の所有コストの両立

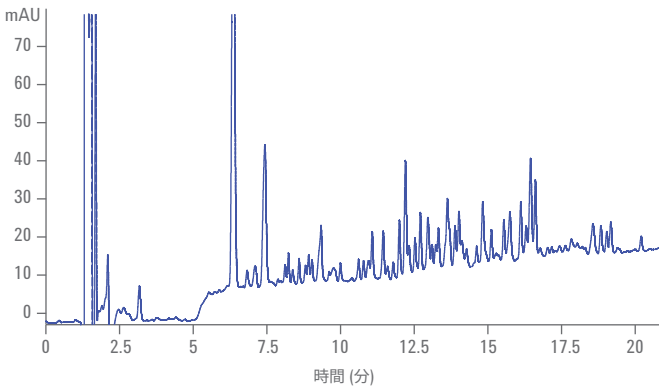
精密なバッファ混合により、メソッド開発やワークアップシステムに対応

高速モノクローナル抗体フラグメント分析

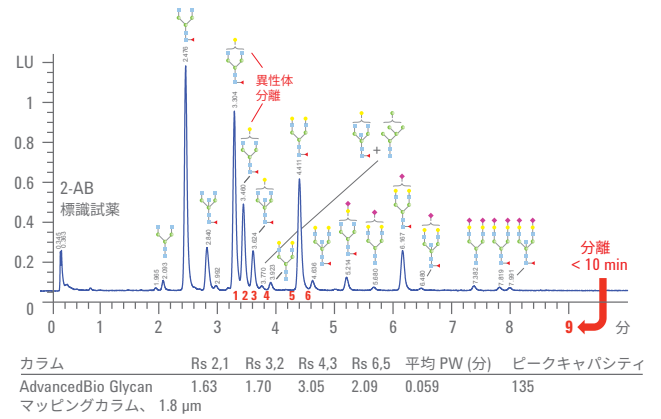


Agilent 1290 Infinity UHPLC 上で Agilent ZORBAX Rapid Resolution High Definition (RRHD) 300SB-C8、2.1 x 50 mm カラムを用いた還元モノクローナル抗体の逆相分離。
この分離は 5 分未満で達成されました。

Agilent 1200 Infinity シリーズ LC システムを用いた迅速で優れた分離



Agilent AdvanceBio ペプチドマッピングカラムを用いた、シーケンスカバー率 100% を実現する高速で効率の良い高分離ペプチドマッピング。



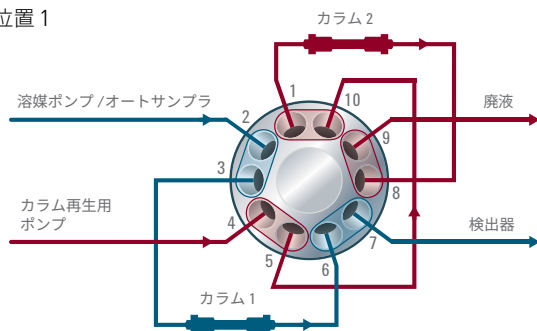
分析能力を大幅に増強

分析時間の半減をもたらす生産性向上の可能性

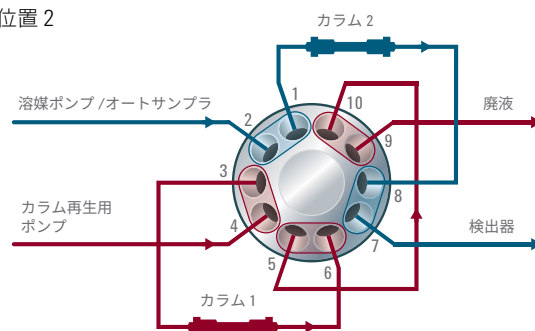
アジレントはラボの生産性向上にしっかりと焦点をあてます。そのために、超高耐圧装置およびお客様の最も緊急度の高いニーズにお応えするアプリケーションをご提供します。オフラインカラム再生 (分析時間を 50% も短縮可能) から、メソッドスカウティングやアプリケーション切換まで幅広くご用意しております。

自動オフラインカラム再生で分析時間を 20 ~ 50% 短縮

位置 1



位置 2



連続再生

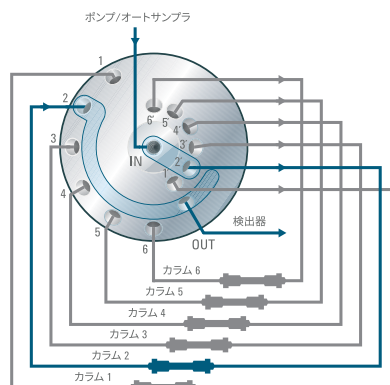


切り替え再生



自動メソッドスカウティングおよびアプリケーションスイッチング

代替の生体分離技術 (例: イオン交換、SEC、HIC、または逆相) を使ったプロセスは、新しいバルブ技術により、大幅に加速することができます。同じサンプルプレート、特性の異なる複数の分析のための自動アプリケーションスイッチングに同じ設定を使用することができ、時間やリソースを節約できます。



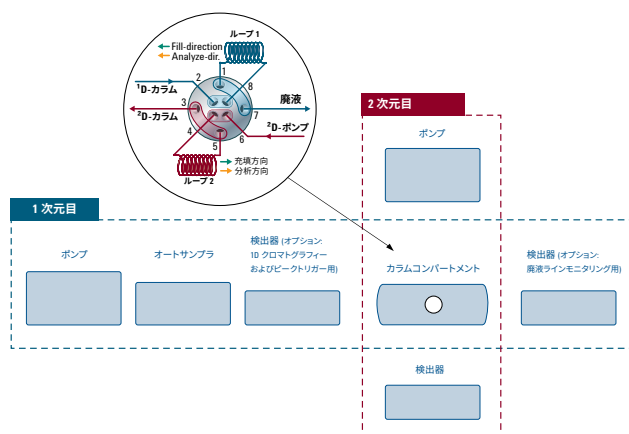
複雑なものをシンプルに

予想を超える簡便性により分析を新たな次元へ

二次元液体クロマトグラフィーはバイオ医薬品における有効なツールとして実績はあるものの、複雑すぎるものがしばしば指摘され、ラボの多くで敬遠されがちな技術でした。すぐに使用可能なアジレントの 2D-LC は初の市販製品で、その直観的なインターフェースにより簡単に設定できます。

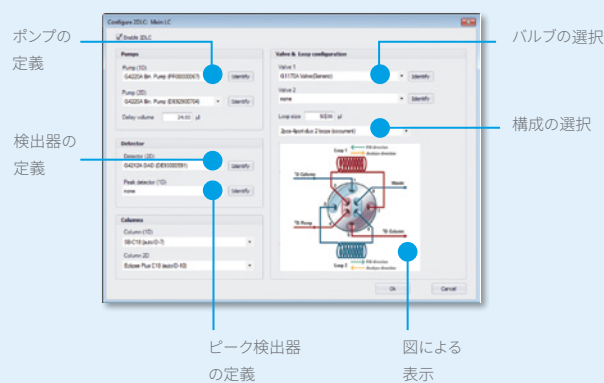
自動オンライン不純物分析の実施

Agilent 1290 Infinity II 2D-LC ソリューションは革新的で卓越した使いやすさを備えており、イオン交換、HIC、SEC、および Protein A などの厳しい条件の生体分離メソッドの製品や不純物分析の完全自動化を可能にします。

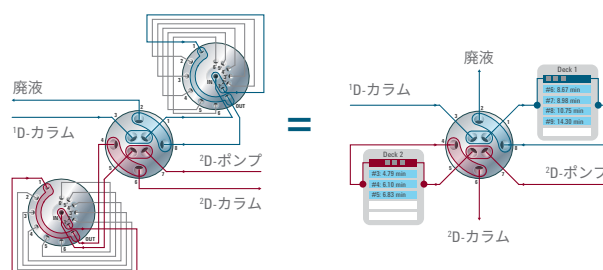
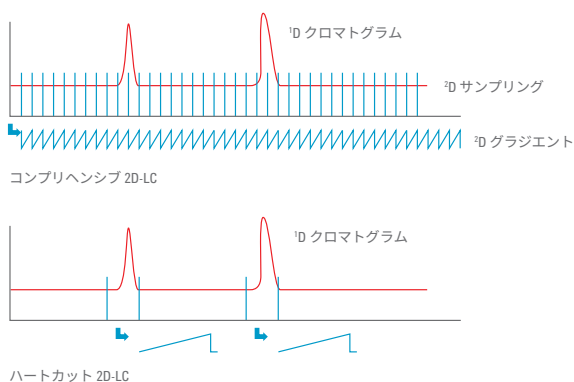


画面1つでシンプルに設定

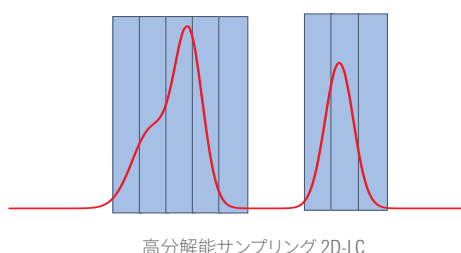
システム設定全体をシンプルなユーザー画面で行えるため、Agilent 2D-LC システムの設定はきわめて簡単です。



コンプリヘンシブ 2D-LC とハートカット 2D-LC の両方を 1 つのシステムで



新しいパーキングデッキクラスタ (PDC) を用いたマルチハートカット設定では、その後の 2次元目の解析のために最大 12 ピークのパーキングができます。



新機能：高分解能サンプリング

ハートカットとコンプリヘンシブ 2D-LC の利点を総合した機能です。1秒未満のピーク (3 μ L の小さい分画) でも採取可能。一次元目で得られた分離が維持されることに加え、二次元目の分析に十分な時間を確保できる、一次元目も二次元目も高分離を実現します。

自動化による生産性の向上

速く、間違いなく、いつでも誰でも

バイオ医薬品サンプル前処理法は非常に複雑で、タイミングが重要なステップが多いため、メソッドの再現性はしばしば分析者に依存します。だからこそ、自動化の価値があります。アジレントはユーザー体験を大きく改善するキットやシンプルなインタフェースを含めた、最新のサンプル前処理の自動化を提供いたします。

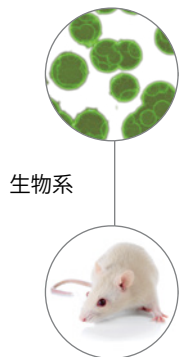
Agilent AssayMAP 自動タンパク質サンプル前処理技術を使えば、アフィニティ精製、消化、および脱塩といった手間のかかる操作を、質量分析精度向上のために設計された高精度なワークフローに効果的に統合できます。



自動化対象:

- 抗体およびペプチド濃縮
- 消化
- グリカンマッピング
- 断片化

自動サンプル前処理ソリューション



生物系

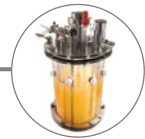
自動化なしでは

対応できなくなる段階があります

- ・ サンプル数の増加に対するデータ品質の維持
- ・ 自動化による均一性の向上

粗サンプル前処理

メソッドに固有



製造
プロセス

グリカン
プロファイリング



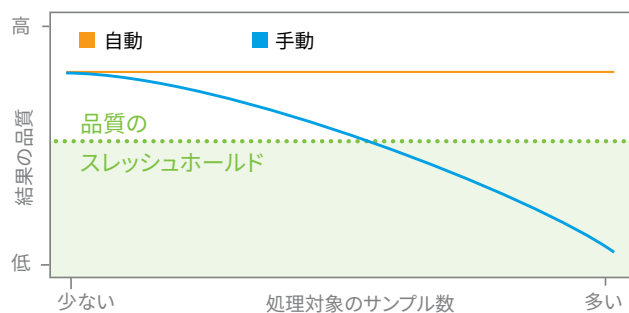
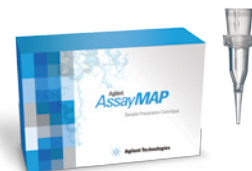
ペプチド
マッピング



酸化の
特性解析



サンプル
抗体価測定

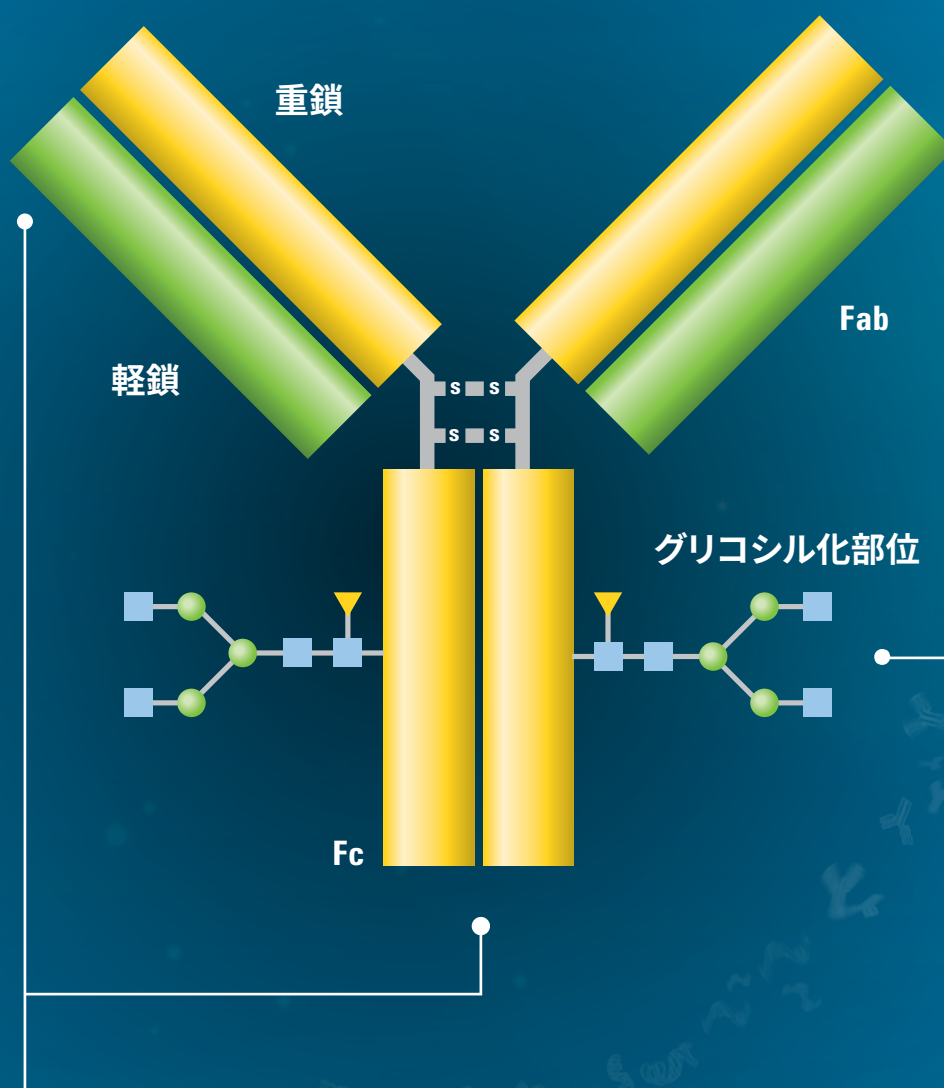


サンプル数の増加に自動で対応するため、データ品質と一貫性が維持されます。

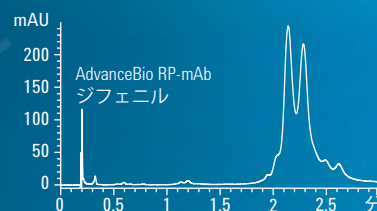
タンパク質の特性解析のための完全なツールセット

逆相、ペプチドマッピング、サイズ排除、イオン交換、およびアフィニティ技法の生産性を改善

アジレントは主要な特性解析手法すべてに先端技術を適用して、業界一広範なラインナップのバイオカラムを提供します。Agilent AdvanceBio カラムは生体分子分離の正確さおよび生産性が向上するように設計されています。



IgG2 Lambda インタクト



AdvanceBio RP-mAb ジフェニルは、この IgG2 分離用の最適な詳細レベルを提供します。

インタクトプロテイン分析: 重鎖、軽鎖、Fc 領域および絶対質量

新しい **AdvanceBio RP-mAb** では、450Å ポアサイズおよび Poroshell 技術により、高分離で高効率の mAb 特性解析が可能です。アジレントでは、逆相バイオカラムの豊富なラインナップを取り揃えています。詳細については、www.agilent.com/chem/jp をご覧ください。

細胞培地ブロスの MAb 抗体価

BioMonolith Protein A カラム、AdvanceBio カラム

- mAb の高速な捕捉
- 長いカラム寿命: 目詰まりは最小限

二量体および三量体以上の凝集体

Agilent AdvanceBio SEC を用いたサイズ排除クロマトグラフィー

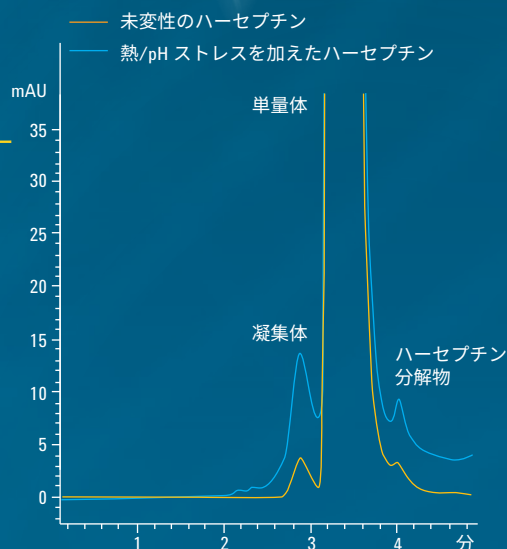
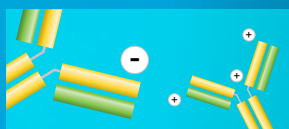
- 信頼性の高い性能: 親水性層が二次的な相互作用を最小限に抑制



電荷変異体の分析

Agilent Bio Mab および Agilent Bio SCX を用いたイオン交換クロマトグラフィー

- 親水性被膜により、ほとんどの非特異性結合を排除



Agilent AdvanceBio SEC 300 Å、4.6 × 150 mm、2.7 μm カラムを用いた、未変性 (コントロール、赤) の mAb 先発薬であるハーセプチンおよび ADC と熱/pH ストレスを加えた (青) ものとのクロマトグラムの重ね表示。

グリコシル化

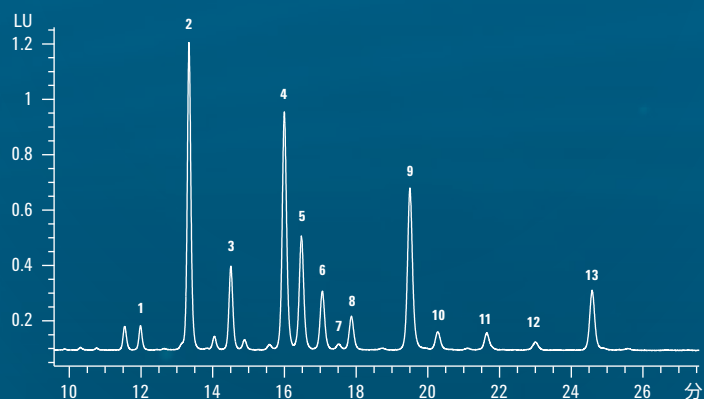
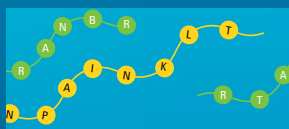
AdvanceBio Glycan マッピングカラム

- 高速、高分解能で再現性の高いグリカンマッピング
- 次の 2 種の UHPLC 設定から選択可能: 高い分離能と低い背圧を実現する 2.7 μm 表面多孔質カラム、および最高の分離能を実現する 粒子径 1.8 μm カラム。
- グリカン標準混合物を使用した試験により各培地ロットの性能を保証

ペプチドマッピング

AdvanceBio ペプチドマッピングカラム

- 高速、高分離で再現性の高いペプチドマッピング
- 分析が困難なペプチド混合物を使用した試験により各培地ロットの性能を保証



2.7 μm の AdvanceBio Glycan マッピングカラムにより、低背圧での高速で高分離のグリカンマッピングが可能になります。

バイオ医薬品特性解析のワークフローソリューション

アジレントはサンプル前処理からデータ解析までお客様をサポート

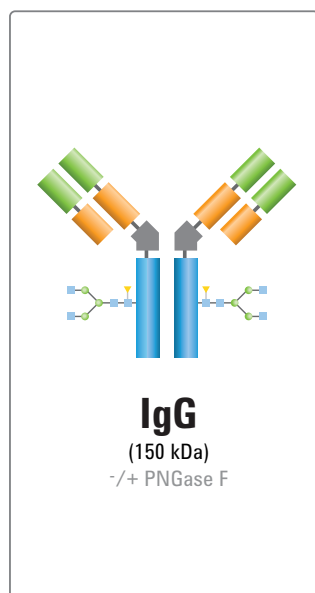
インタクトタンパク質の質量、主要なグリコフォーム、その他の翻訳後修飾 (PTM) の確認はすべて、タンパク質の特性解析とその効能および安定性を理解するために重要です。質量分析法は、高い質量精度、分析特異性、および感度を備えた 1 台のプラットフォームでこれらのすべての測定を実行できる主要なツールです。

アジレントはインタクトタンパク質の質量と一般的な PTM のルーチン測定用に開発された、きわめて精度の高いソリューションをご提供します。これは精密質量飛行時間型 LC/MS プラットフォームおよび精密質量四重極飛行時間型 LC/MS プラットフォームで実現されます。

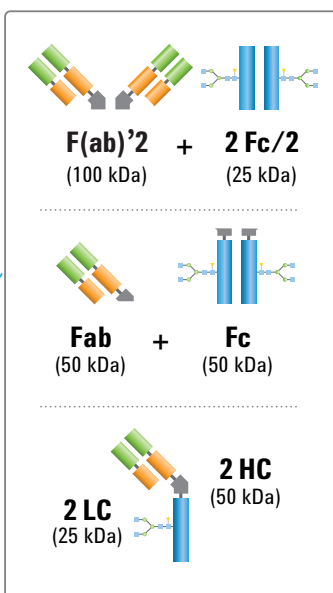
抗体の特性解析のための MS 戦略

トップダウン、ミドルダウン/ミドルアップ、ボトムアップ

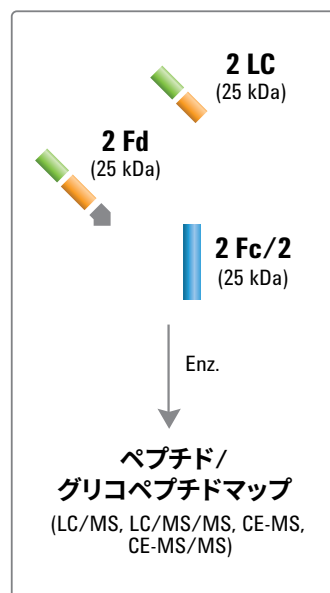
インタクト抗体分析



抗体フラグメント分析およびグリカンプロファイリング



抗体ペプチドマッピング

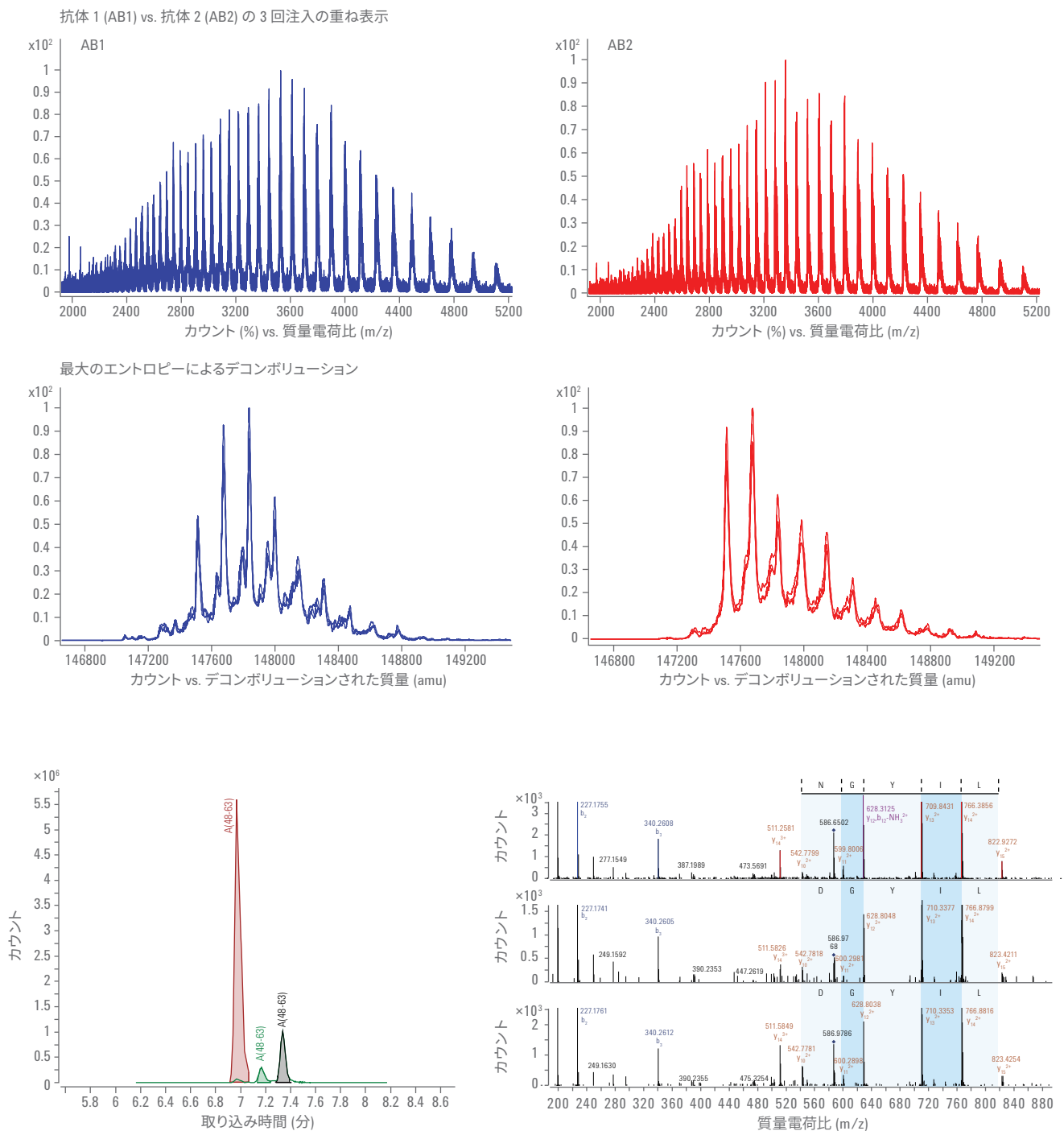


アジレントなら 2.1 mm の ID カラム (キャピラリー LC と交換) を用いて、感度を損なうことなく最高の分析感度を実現できます。

IgG は抗体全体、断片 (軽鎖および重鎖、グリカン、Fc 領域を含む)、ペプチド/グリコペプチドマッピング (LC/MS および LC/MS/MS) により特性解析されます。

信頼性の高い精密質量

この3回の分析スペクトルでの一致が、アジレントの卓越した質量精度を実証しています。

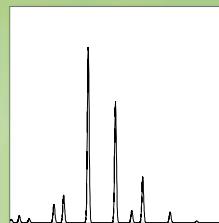
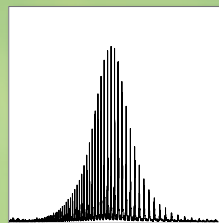
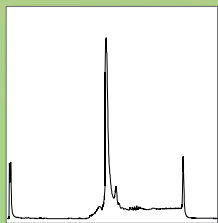


脱アミド化はペプチドマッピングでモニタリングすべき重要な翻訳後修飾です。脱アミド化は保管、製剤、およびサンプル操作中に生じる場合があります。脱アミド化はLC/MS/MS ペプチドマッピング試験によって同定することができます。

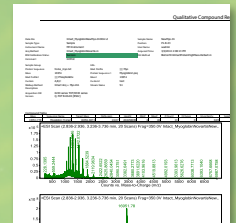
正確なタンパク質の確認分析を実現

BioConfirm ソフトウェアでは、従来の最大エントロピーデコンボリューションと拡張型のピークモデリング (pMod) デコンボリューションの両方を用いたインタクトタンパク質の分子量測定が可能です。ADC (Antibody Drug Conjugation) DAR (Drug Antibody Ratio) カリキュレータは自動的に薬物抗体比を計算し、データ解析プロセスを効率化します。

インタクトプロテインのワークフロー



Compound List		
Automatically Show Color		
Seq Name		
mAb3		
mAb3	1*G	
mAb3		
mAb3		
mAb3		



データ採取

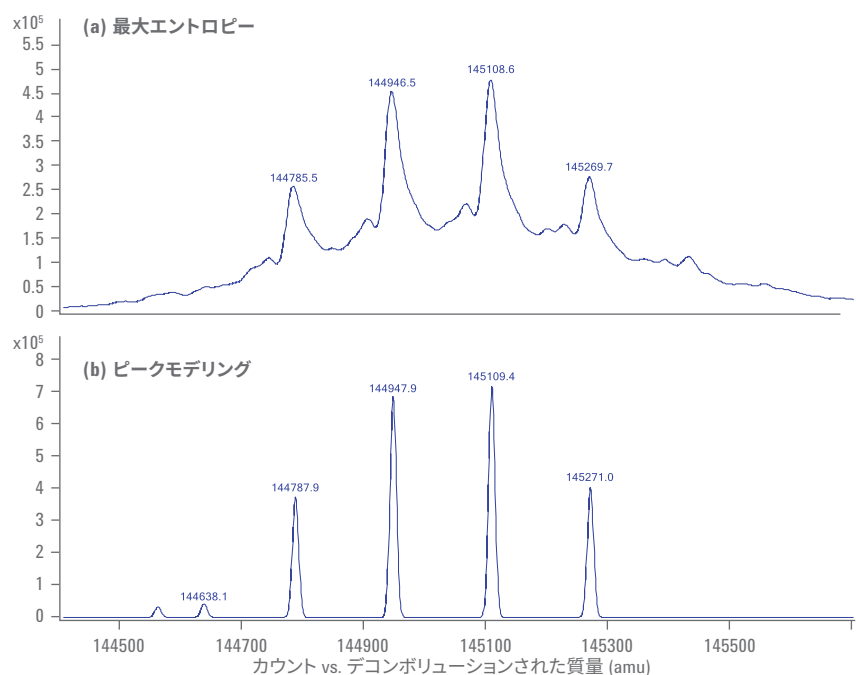
MS の積分および
抽出

デコンボリューション

タンパク質配列
および
予測 PTM の
マッチング

レポート作成

最大エントロピーデコンボリューションにより、多荷チャージ質量分析データを精密なタンパク質の質量に高速変換することができます。ピークモデリング (pMod) アルゴリズムでは、いくつかのステップが追加され、アーチファクトを削減し分解能を高めることができます。そのため、ピークのオーバーラップが解消されてクリーンなデータが得やすくなり、判定結果に対する信頼度が向上します。

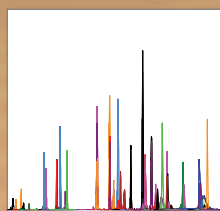
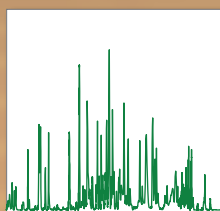


最大エントロピーおよび pMod アルゴリズムによるデコンボリュートされたスペクトル

パワフルなペプチドマッピング機能を実現

BioConfirm ソフトウェアは、MS/MS データの高度な処理機能により、効率的なマッピングおよびデータ解析を実現します。

ペプチドマッピングのワークフロー



Sequence	Score	Rank	Protein	Accession
1. S-T-GLN-DIGTQFFTLNAYVETTCASLH- GLR	10.0	1	Protein X	Protein X
11. TLTSLQLQDQATTCFGQSTFFFGQSTVEIKNTVAPEY	9.5	2	Protein Y	Protein Y
151. NALQNSQSVYTKQKSDSTSLSTLRLKADYVERVYACK	9.0	3	Protein Z	Protein Z

Sequence	Score	Rank	Protein	Accession
1. S-T-GLN-DIGTQFFTLNAYVETTCASLH- GLR	10.0	1	Protein X	Protein X
11. TLTSLQLQDQATTCFGQSTFFFGQSTVEIKNTVAPEY	9.5	2	Protein Y	Protein Y
151. NALQNSQSVYTKQKSDSTSLSTLRLKADYVERVYACK	9.0	3	Protein Z	Protein Z

Sequence	Score	Rank	Protein	Accession
1. S-T-GLN-DIGTQFFTLNAYVETTCASLH- GLR	10.0	1	Protein X	Protein X
11. TLTSLQLQDQATTCFGQSTFFFGQSTVEIKNTVAPEY	9.5	2	Protein Y	Protein Y
151. NALQNSQSVYTKQKSDSTSLSTLRLKADYVERVYACK	9.0	3	Protein Z	Protein Z

データ採取

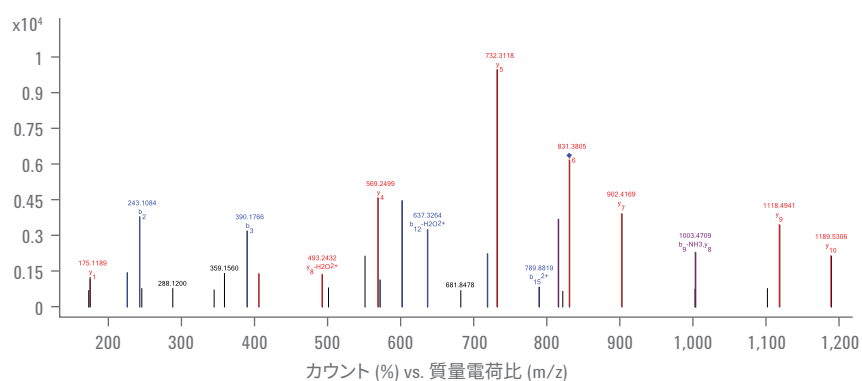
化合物の
抽出

タンパク質配列の
マッチングと
PTM の同定

シーケンス
カバー率の
視覚化

レポート作成

BioConfirm ソフトウェアは、MS/MS スペクトル中のペプチドの質量およびプロダクトイオン (b、y、インモニウムイオン) をもとに、ペプチドおよび PTM を同定します。これにより、ペプチドマッピングにおける MS/MS データの処理を迅速化かつ効率化することが可能です。



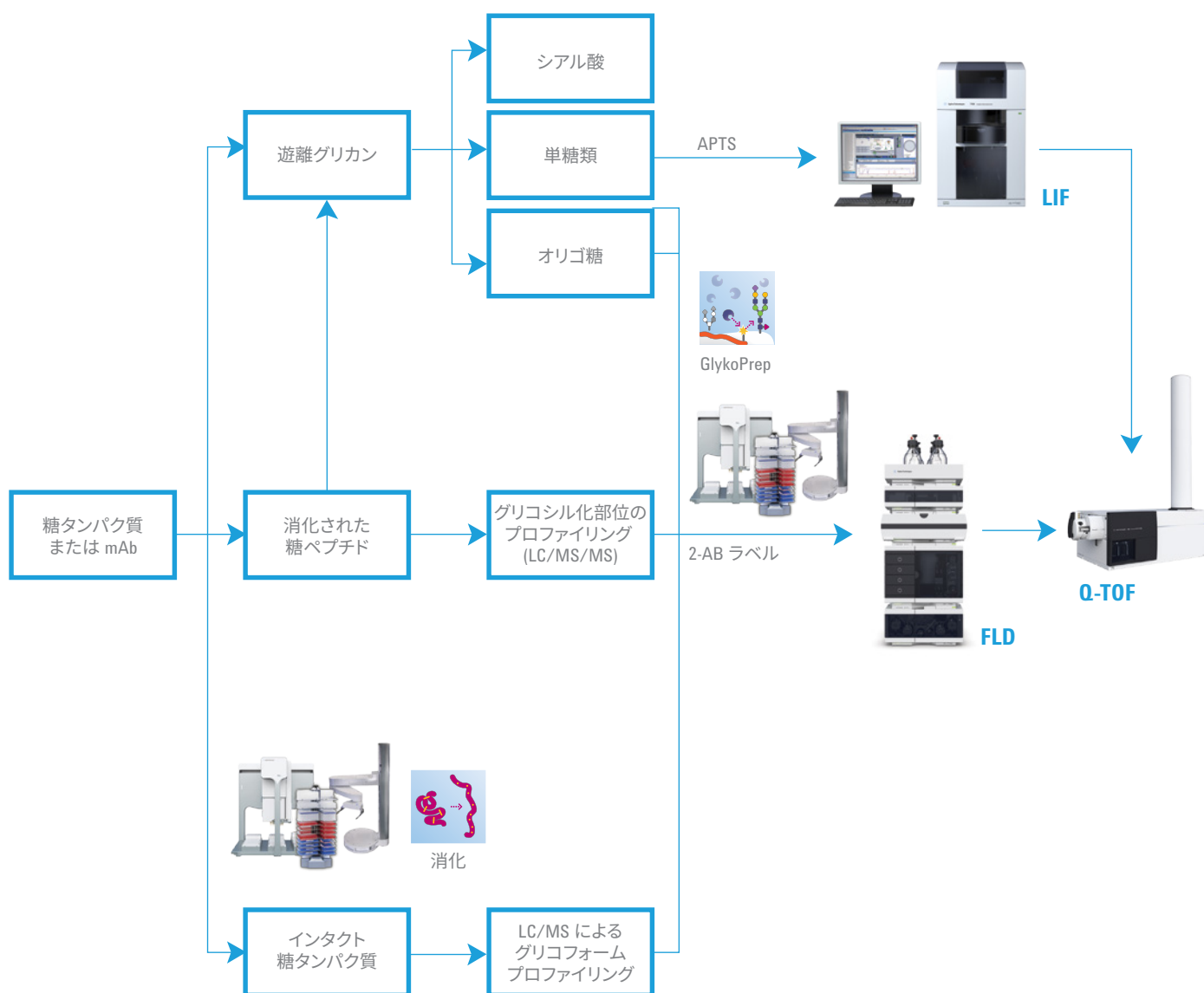
ペプチド MS/MS スペクトルのプロダクトイオンの割り当て

グリカンの特性解析

迅速で完全自動化された分析戦略

グリカン解析は非常に複雑なため、最善の分析戦略を決めかねる場合があります。アジレントでは、グリカン分析のあらゆる局面に対応できる実績あるソリューションをご提供いたします。

インタクトグリコフォームプロファイリング、グリコペプチドおよびグリコシル化部位の同定、および遊離グリカンの分析のための戦略

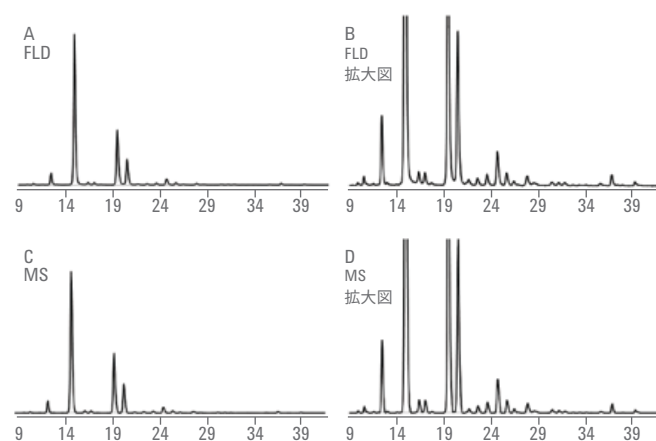
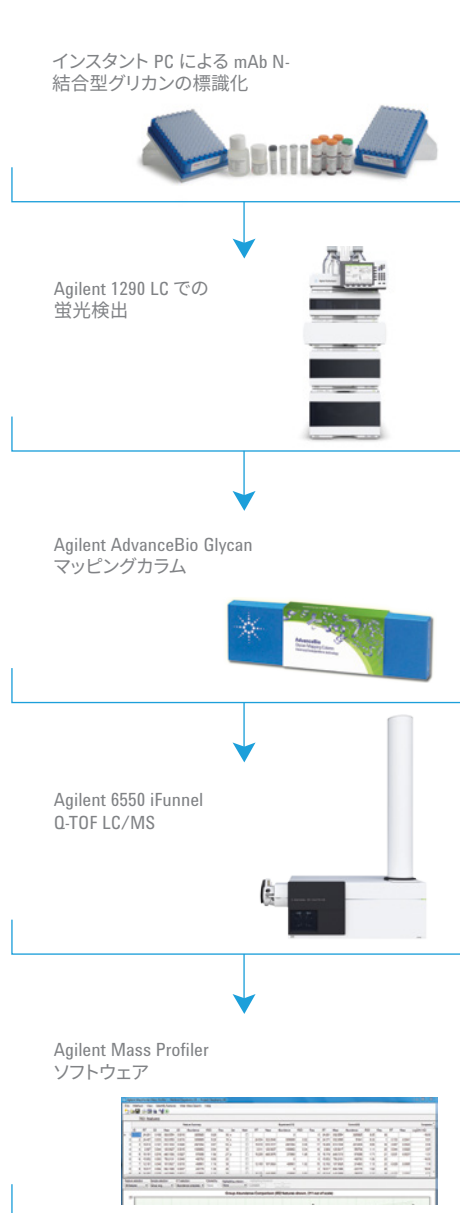


標識されていない遊離グリカンも MS 分析の対象となります。

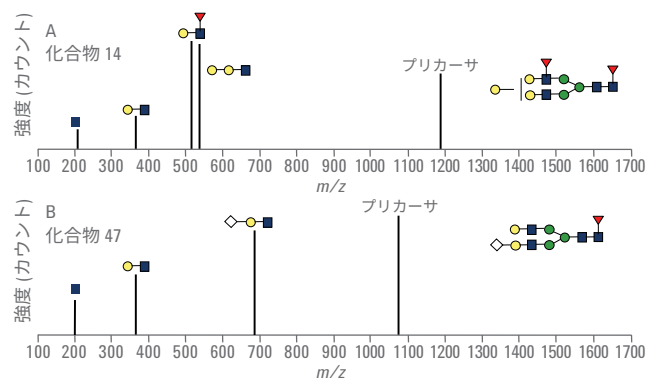
グリカンの同定と定量を同時実施

Agilent LC/FLD システムを用いて、グリカンプロファイルの精密定量が可能です。また、研究者は LC/MS システムを使って、グリカンの同定および MS に基づく定量の両方を行うことができます。高品質の Q-TOF MS データにより、FLD で検出されたグリカンそれぞれの精密質量および MS/MS 情報が入手でき、ピーク割り当てがきわめて容易になります。

N- 結合型グリカンの同定と定量ワークフロー



mAb 1 の FLD と MS のクロマトグラム比較。A) mAb 1 グリカンの FLD クロマトグラム。B) mAb 1 グリカンの FLD クロマトグラムの拡大図。C) mAb 1 グリカンの MS クロマトグラム。D) mAb 1 グリカンの MS のクロマトグラムの拡大図。



グリカンすべてにタンデム MS データが得られました。測定された精密質量が不十分な場合は、MS/MS が化合物同定を支援しています。上記 2 例は、gal-gal および外腕フコース (A) および NeuGC (B) 修飾と一致しています。

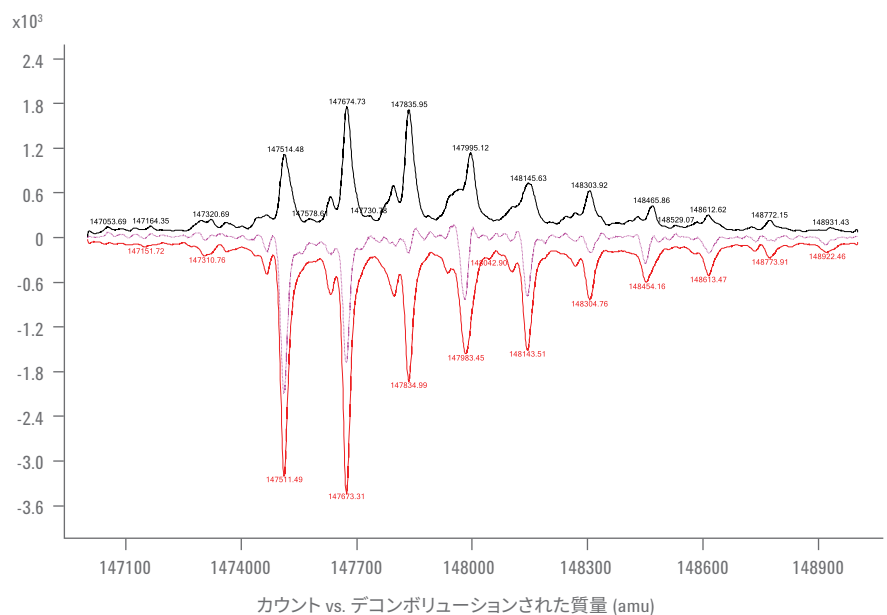
容易なバッチ間比較を実現

MassHunter BioConfirm ソフトウェアでは、複数サンプルを視覚的かつ簡単に比較することが可能です。そのため、タンパク質レベルとペプチドレベルの両方で、高速バッチ間分析が実現します。

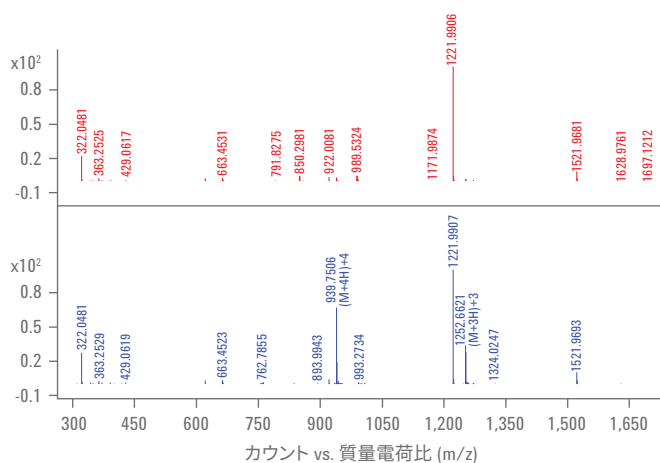
ミラープロット機能を使えば、2 バッチの合成タンパク質やバイオシミラーといった 2 つのサンプルを迅速かつ確実に比較することができます。ミラープロット中のサンプルは、データの再処理を行わずに、迅速に切り替えることが可能です。

サンプルとリファレンスの迅速な比較によるバイオシミラーおよびバッチ間変動のモニタリング

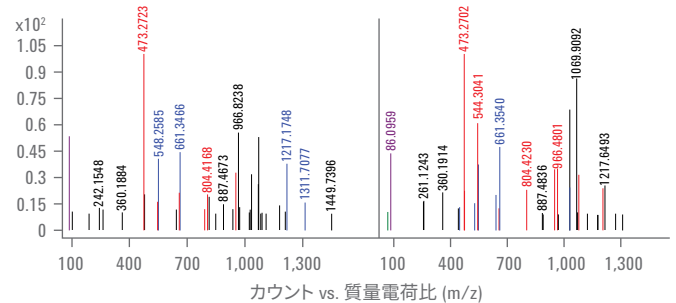
比較分析機能を使えば、2 バッチのデータ間の差異を特定および視覚化し、解析を容易にすることができます。クロマトグラム、MS および MS/MS スペクトルを用いたサンプルとリファレンスの比較が可能です。



2 つの合成タンパク質のミラープロット



MS スペクトル比較結果



MS/MS スペクトル比較結果

誰もがウォークアップ (オープンアクセス) 可能

生物学者各々が LC/MS 特性解析の力を利用可能

リソースの価値は、簡単にアクセスでき、恩恵を受けることができることで高まります。そのため、アジレントは Agilent MassHunter Walkup ソフトウェアを開発いたしました。これにより、より多くの人がラボの LC/MS 機器を容易に利用できるようになります。トレーニングを受けていないユーザーでも、忙しいスタッフの手を煩わすことなく、その恩恵を受けられます。この使い勝手の良いソフトウェアによってスキルレベルを問わず、ユーザーは自動化されたワークフローに従って LC および LC/MS 分析を自力で実行できます。必要な操作は、指示どおりに基本的な情報を入力し、メソッドを選択してサンプルを挿入するだけです。分析結果は自動的に担当者の受信箱に送信されます。



MassHunter Walkup ユーザーインターフェースを簡素化。結果に至る 3 ステップ



さまざまなワークフローの自動化をサポート

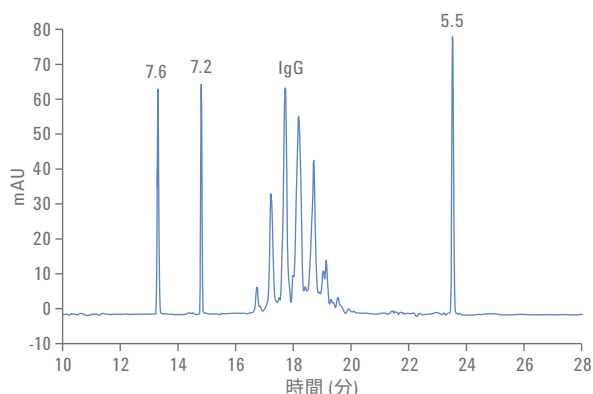
グリカン、電荷変異体、およびペプチドの分析を支援する CE および CE/MS

複雑なアプリケーションを支援するアジレントのソリューション

CE/MS はキャピラリー電気泳動の短い分析時間や高い分離効率を実現しながら、質量分析の分子重量および分子構造の情報を得ることができます。この技法は複雑なサンプルマトリックス中の種々の化合物を分析するために用いられてきました。

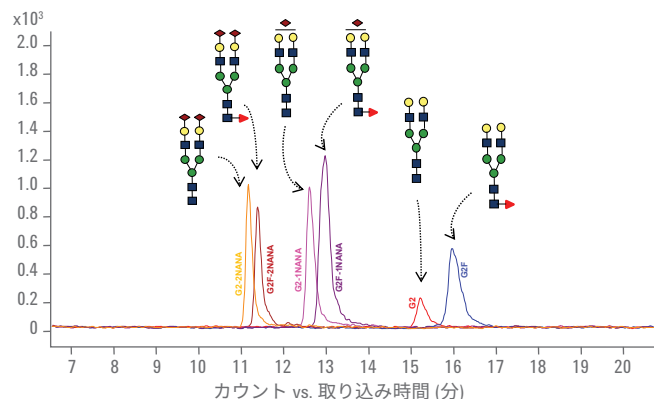
キャピラリーおよびマイクロ流体電気泳動のアプリケーション例

cIEF による電荷不均一性分析



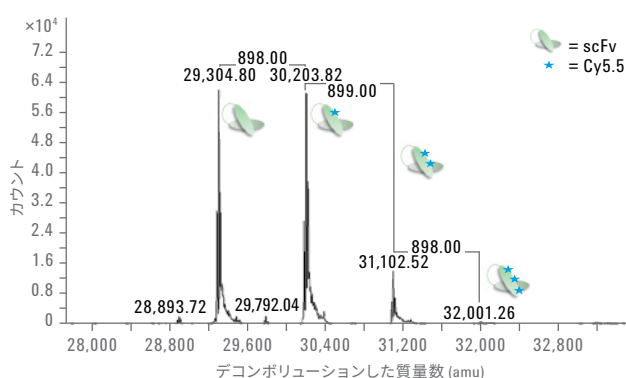
キャピラリー等電点電気泳動による真に pI ベースの高分解能モノクローナル抗体電荷不均一性分析

CZE-MS Q-TOF によるグリカン分析



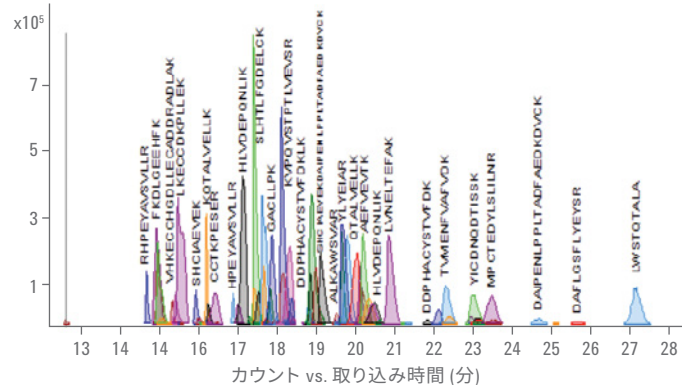
Agilent 7100 CE システムを用いた、質量電荷比に基づく中性グリカンおよびシアル酸付加されたグリカン混合物の分離

CE/MS による ADC 分析



scFv-A 複合体のデコンボリュートした質量スペクトル。割り当てられた構造は、デコンボリュートした質量に基づいています。

ペプチドマッピング分析



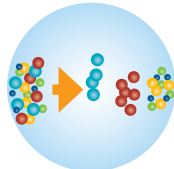
CE/MS によるペプチドマッピングは日常的にシーケンスカバー率 100% を可能にし、LC/MS ペプチドマッピングの相補的 (オルソゴナル) メソッドとして定期的に使用されます。

Agilent CE/MS の技術



サンプル

無機イオンから天然タンパク質までの荷電分子のサンプルの複雑な混合物。
CE ではわずかなサンプル前処理で最小の注入量 (nL レベル) が可能です。

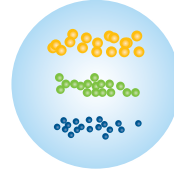


CE 用キャピラリー

電場の移動性に基づく分離は、水溶性緩衝液で満たされた 50 ~ 100 cm (通常フューズドシリカ) のキャピラリー内で発生します。

Agilent iFunnel MS

Agilent Jet Stream (イオンを脱溶媒化し濃縮する精密スプレー)、ヘキサポアキャピラリー (より多くのイオンをサンプリングするためのキャピラリーのアレイ) およびデュアルステージイオンファンネル (イオンを集中させて効率的にガスを除去するため) を組み合わせます。

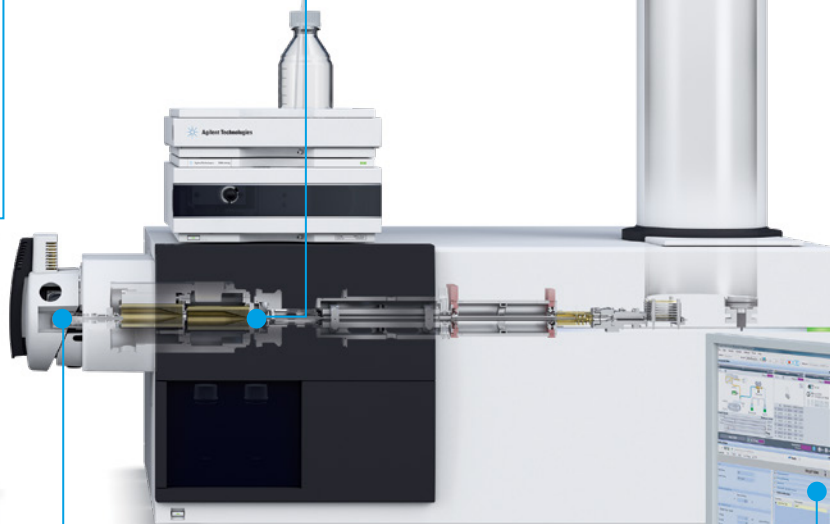


TOF-MS 分析

真空断熱シェル付きのフライトチューブによって、温度変化による熱質量ドリフトが掃かれ、質量精度が向上します。
リフレクトロンおよび長いフライトチューブにより質量分解能が向上します。



Agilent 7100 CE システム



Agilent 6550 Accurate-Mass Q-ToF

CE/MS カセット

CE/MS インタフェースの最初の部分であり、分離キャピラリーを収納し、温度を制御します。さらに、UV 検出ウィンドウおよび外部検出器への出口を提供します。

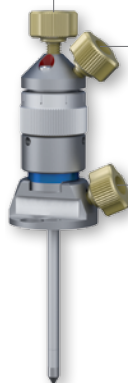
CE-ESI/MS スプレー

三重管構造のインタフェースにより、CE キャピラリーとシース液が組み合わせられ、安定した流量および電気的接点ができます。さらに、MS のイオン化から分離ケミストリを単離します。噴霧化ガスは ESI を促進します。

CE 用キャピラリー

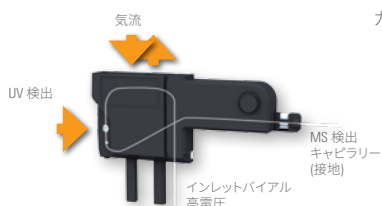
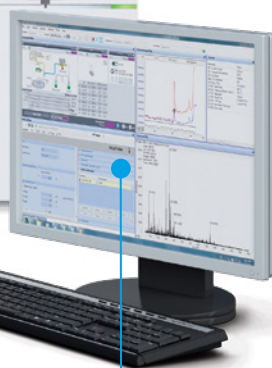
HPLC シース液

窒素
噴霧化
ガス



データ分析

統合型ソフトウェアパッケージは CE/MS システムをコントロールし、分析中に生成された大量のデータを解釈してフィルタリングします。



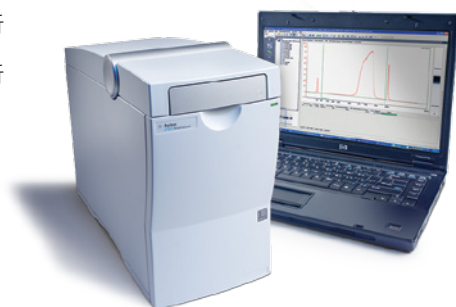
自動電気泳動

分析が容易ではないサンプルの品質管理

Agilent 2100 バイオアナライザシステムには Protein 80、Protein 230、および High Sensitivity Protein 250 キットが付属され、使いやすいベンチトップ型プラットフォーム上でのタンパク質の濃度、同定、および純度の評価の信頼度を高めることができます。Agilent 4200 TapeStation および Agilent 2200 TapeStation システムを用いる DNA ScreenTape 分析は、最大 5,000 塩基ペアの DNA フラグメントおよびライブラリの分離および分析のために開発されました。Agilent RNA ScreenTape 分析では、真核生物または原核生物の total RNA サンプルの効率的で信頼性の高い分析が可能であり、品質、数量、およびサイジング情報が入手できます。押しボタン 1 つで、DNA または RNA のサンプルを自動的にロード、分離、撮像、および分析することができます。

アプリケーション

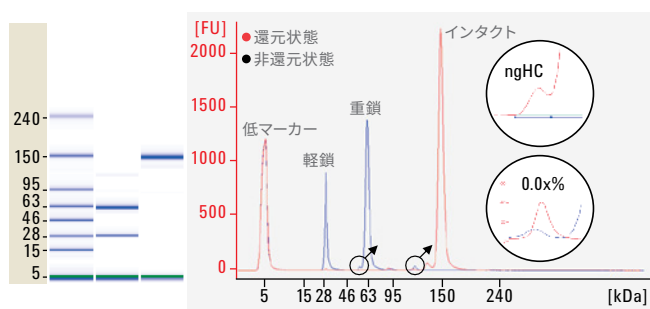
- 抗体 QA/QC
- タンパク質精製の分析
- タンパク質発現の分析



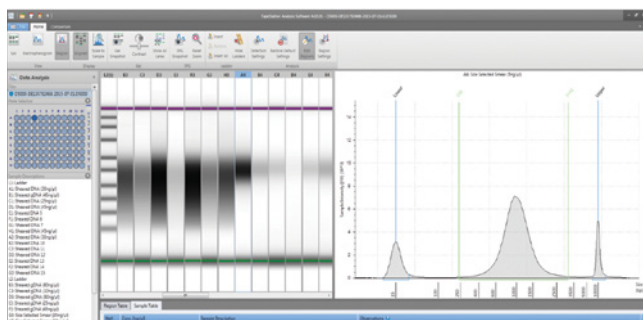
Agilent 2100 バイオアナライザシステム



Agilent 4200 TapeStation システム



2100 バイオアナライザシステム上の High Sensitivity Protein 250 キットにより、SDS-PAGE 銀染色と同等かそれ以上の最高感度の抗体分析が可能です。ダイナミックレンジにより、不純物検出は pg/uL のレベルまで可能になります。還元 (青) および非還元 (赤) の状態は、同じチップ上で並行して分析することができます。



結果は、頻繁に使うゲルビューあるいはエレクトロフェログラムビューから参照できます。

これらのシステムについて詳しくは、以下にアクセスしてください。

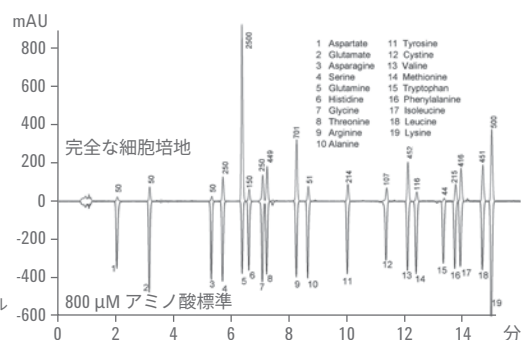
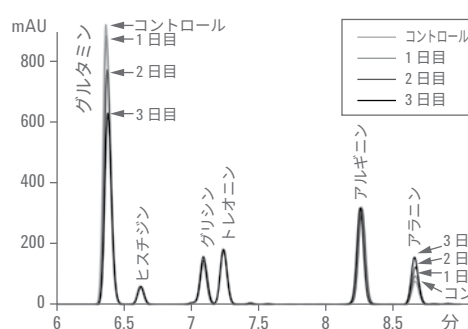
<http://AgilentGenomics.jp>

www.agilent.com/chem/jp

ソリューションの幅広いラインナップ

アジレントには UHPLC、GC、および ICP-MS による原料、培地、アミノ酸、および溶出物 (抽出物、浸出物) や抽出物の分析のためにお客様が必要とするものが揃っています

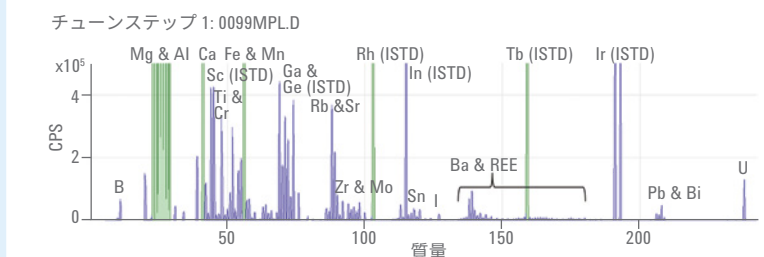
きわめて重要なことは、お客様が発酵プロセス内の各種パラメータ (アミノ酸、糖、有機酸) をモニタリングすることであり、堅牢で十分に確立された分析メソッドを用いることです。最終製品にはいずれかのソースからの溶出物がないことを確認する必要があります。例えば、ステンレス発酵槽からの金属混入遺物などです。アジレントは GC、ICP-MS、および UHPLC 機器を始めとする包括的なソリューションおよびソフトウェアを用意しております。



Agilent 1200 Infinity II UHPLC シリーズは、アミノ酸分析に必要な出力範囲と性能を提供します。Agilent ZORBAX アミノ酸分析 (AAA) カラムはアミノ酸の高分離能分析を提供します。



Agilent ICP-MS は、USP <232>/<233> に従った分解サンプルや元素不純物の分析に適しています。



市販の制酸剤のサンプルのこの十分な質量分析結果は、ヘリウムモードでの Agilent ICP-MS のスクリーニング能力を示します。

ホームページ

www.agilent.com/chem/jp

カスタマコンタクトセンタ

0120-477-111

email_japan@agilent.com

本製品は一般的な実験用途での使用を想定しており、
医薬品医療機器等法に基づく登録を行っておりません。
本文書に記載の情報、説明、製品仕様等は予告なしに
変更されることがあります。

アジレント・テクノロジー株式会社

© Agilent Technologies, Inc. 2017

Printed in Japan, February 13, 2017

5991-5235JAJP



Agilent Technologies