

鉄を含まない流路による メタボロミクス分析の改善

メタボロミクスにおける Agilent 1290 Infinity II Bio LC システムと Agilent 1290 Infinity II LC システムの比較



概要

メタボロミクスは、細胞や生命体の生理学的状態を解読・理解するための手段です。近年は液体クロマ トグラフィー /質量分析法が一般的に用いられる分析技法となっています。ただし、堅牢性と使いやすさを 向上させる余地はまだまだあります。本アプリケーションノートは、生体適合性のある流路がステンレスに 比べて大きな利点があることを示します。その利点は、Agilent 1290 Infinity II Bio LC と Agilent 1290 Infinity II LC を比較することで証明されました。1290 Infinity II Bio LC では、1290 Infinity II LC と 比較して、吸着効果が見られず、ヌクレオチドや糖リン酸などのリン酸化合物のピーク形状と分離能が 向上していることが示されました。Saccharomyces cerevisiae 由来の細胞内代謝物抽出物について、 0.1 % という優れたリテンションタイムの RSD 値が得られました。これらのデータは、アデニル酸エネ ルギー電荷などの生理学的パラメータの測定に不可欠な代謝物を、安定して分析できることを示して います。まとめると、ここで得られた結果は、1290 Infinity II Bio LC がメタボロミクスのシームレスで 堅牢な分析に最適であることを示しています。

著者

André Feith Agilent Technologies, Inc. Waldbronn, Germany

Steven Minden, Attila Teleki, and Ralf Takors Institute of Biochemical Engineering University of Stuttgart, Germany

はじめに

メタボロミクスと呼ばれる科学分野は、生体細胞、 組織、器官、生命体の代謝物が関与する化学 プロセスを説明します。メタボロミクスは、ゲノミ クスやプロテオミクスなどの包括的なシステムズ バイオロジーに関連するオミクス技術の1つと して、すべての調節メカニズムの共通部分を対 象とし、細胞の生理学的状態と表現型を可能な 限り正確に表現します。¹最先端の分析ツールは、 核磁気共鳴分光分析(NMR)から、ガス(GC) または液体クロマトグラフィー(LC)と組み合わ せたエレクトロスプレーイオン化質量分析(ESI-MS) まで多岐にわたります。親水性相互作用 クロマトグラフィー(HILIC)に基づく液体クロ マトグラフィー/質量分析メソッドは、包括的なメタ ボロミクス研究の標準分析法と見なされています。2 ただし、ステンレスベースの従来の HPLC システム では、ヌクレオチドやリン酸化糖などの代謝物の ピークテーリングと吸着が深刻な問題になる ことがあります。これらの望ましくない副作用は 従来、LC システム全体を不動態化するか、移動相 を鉄キレート化合物で処理することにより軽減して きました。³⁴残念ながら、これらの対策にも欠点が あります。不動態化は定期的に再処理する必要が あって、システムの寿命を縮める可能性があり、 また移動相への添加剤は不要な MS イオン化 抑制を引き起こすおそれがあります。したがって、 メタボロミクスに最適な LC システムとは、完全 に鉄分を含まず、特別な処理が不要なシステム です。このアプリケーションノートでは、生体適 合性のある Agilent 1290 Infinity II Bio LC を 同等のステンレスベースの LC システムと比較 しながら、メタボロミクスでの使用について評価 します。1290 Infinity II Bio LC の鉄を含まない 流路は、リン酸化合物の分析に優れた性能を 発揮することを示します。

実験方法

装置

Agilent 1290 Infinity II Bio LC システムのモジュール 構成は次のとおりです。

- Agilent 1290 Infinity II Bio フレキシブル ポンプ (G7131A)
- Agilent 1290 Infinity II Bio マルチサンプラ (G7137A)、Agilent InfinityLab サンプル サーモスタット付属(オプション101)
- Agilent 1290 Infinity II マルチカラムサーモ スタット (G7116B)、Agilent クイックコネ クト Bio 熱交換器標準 (G7116-60071) と 2 台の Agilent 熱平衡化デバイス (G7116-60013) 付属
- Agilent 6546 LC/Q-TOF (G6546A)

Agilent 1290 Infinity II LC システムのモジュール 構成は次のとおりです。

- Agilent 1290 Infinity II フレキシブルポンプ (G7104A)
- Agilent 1290 Infinity II マルチサンプラ (G7167A)、Agilent InfinityLab サンプル サーモスタット付属(オプション101)
- Agilent 1290 Infinity II マルチカラムサーモ スタット (G7116B)、Agilent InfinityLab クイックコネクト熱交換器標準 (G7116-60015) と 2 台の Agilent 熱平衡化デバイス (G7116-60013) 付属
- Agilent 6546 LC/Q-TOF (G6546A)

ソフトウェア

- Agilent MassHunter ワークステーション ソフトウェア(B.09.00以降)
- Agilent MassHunter Qualitative Analysis (10.0 以降)

カラム

Agilent InfinityLab Poroshell 120 HILIC-Z、 2.1 × 100 mm、2.7 µm、PEEK ライナ付き (部品番号 675775-924)

試薬

Agilent InfinityLab Ultrapure LC/MS アセトニ トリル (部品番号 5191-4496) および Agilent InfinityLab Ultrapure LC/MS 水 (部品番号 5191-4498) を使用しました。酢酸アンモニウム と水酸化アンモニウムは VWR (ダルムシュタット、 ドイツ) から入手しました。すべての代謝物標準 (付録の省略記号表を参照) は、Sigma-Aldrich (シュタインハイム、ドイツ) から購入しました。

培養とサンプリング

ー倍体の原栄養性 Saccharomyces cerevisiae モデル株 CEN.PK 113-7D は、合成培地中の3L ステンレス製ベンチトップバイオリアクター (Bioengineering、ヴァルド、スイス)で好気的 に培養しました。このプロセスは、0.1 h⁻¹の希釈 レートで、グルコース制限下での連続発酵として 操作しました。定常状態の参照サンプル(タイム ポイント0秒)は、オフガス信号とバイオマス濃度 が滞留時間の5倍にわたって一定であるときに 抽出しました。次に、ブドウ糖の供給を120秒 間遮断することで飢餓刺激を培養に与え、この 時間枠(20~130秒)の間に6回サンプルを 採取しました。

サンプリングは、カスタムメイドの半自動サンプ リングデバイスを使用して実現し、正確な量を迅速 に採取することができました(1~5mLの量で 誤差は2%未満でした)。この実験では、1.5mL のブロスを-40℃×タノール10mLに1秒以内 で直接収集することによりサンプルをクエンチ しました。次に、サンプルを5,000gで5分間、 -11℃でさらに洗浄せずに遠心分離ステップに かけました。得られたペレットを直接急速凍結 しました。 抽出のために、凍結したペレットを、50% (v/v) メタノール、100 mM 酢酸アンモニウム (水酸化 アンモニウムで pH 9.2 に調整)、100 µM L-ノル バリン、および 2.5 mM 3-メルカプトプロピオン酸 からなる -28 ℃の抽出バッファ 1 mL に再懸濁 しました。サンプル温度は、-40 ℃のクライオ スタットで一定のボルテックスと中間冷却により -20 ℃未満に維持しました。次に、完全に再懸濁 したサンプルを 1 mL の -28 ℃のクロロホルム と混合し、激しくボルテックスをかけ、ロータリー オーバーヘッドシェーカーに 3 時間入れました。 抽出物を 20,000 g、4 ℃で 10 分間遠心分離 しました。すべての極性代謝物を含む上部の水性 メタノール相を回収し、-70 ℃で保存しました。

サンプル調製

代謝物サンプルは、60% アセトニトリルおよび 10 mM 酢酸アンモニウム pH 9 で調製しました。 酵母由来の代謝物抽出物をさらに 1:10 に希釈 しました。 **表 1.** Agilent 1290 Infinity II Bio LC および Agilent 1290 Infinity II LC を使用したメタボロ ミクス分析の LC メソッド

パラメータ	設定値			
カラム	Agilent InfinityLab Poroshell 120 HILIC-Z、2.1 × 100 mm、2.7 µm、PEEK ライナ付き			
溶媒	A) アセトニトリル B) 水 C) 500 mM 酢酸アンモニウム、pH 9			
グラジエント	時間(分)A (%)B (%)C (%)0.00801820.668018213.506038213.511088214.501088214.518018220.0080182			
流量	0.300 mL/min			
温度	40 °C、Agilent 熱平衡デバイス(G7116-60013) 搭載			
MS 検出	表2を参照			
注入	注入量:1 µL サンプル温度:4 ℃ 洗浄:アセトニトリル/水 9:1 で 3 秒間(フラッシュポート)			

表 2. Agilent 1290 Infinity II Bio LC および Agilent 1290 Infinity II LC を 使用したメタボロミクス分析のソースおよび MS パラメータ

パラメータ	設定値
機器	Agilent 6546 LC/Q-TOF
ガス温度	320 °C
ドライガス流量	8 L/min
ネブライザ	35 psi
シースガス温度	350 °C
シースガス流量	11 L/min
Vcap	3,500 V
ノズル電圧	1,000 V
フラグメンタ	125 V
スキマ電圧	65 V
Oct 1 RF Vpp	750 V
取り込みモード	ネガティブ、低(m/z 1,700) 質量範囲
質量範囲	m/z 25 ~ 1,700
取り込みレート	2 スペクトル/秒
リファレンス質量	m/z 112.985587, m/z 1,033.988109

結果と考察

メタボロミクスにステンレス製 HPLC システムを 使用すると、鉄表面への分析対象物の吸着や 鉄複合体の生成により悪影響が生じる可能性が あり、MS データが劣化するおそれがあります。 吸着はサンプルの注入後、直ちに起こります。 したがって、注入ニードル、ニードルシート、 およびサンプルループが最も吸着が起こりやすい 場所です。1290 Infinity II Bio LC と Infinity II 1290 LC の吸着の違いを調べるために、新しい ニードル、ニードルシート、およびサンプルループ を両方のシステムに取り付けて、注入の不動 態化の影響を軽減しました。 PEEK ライナ付き InfinityLab Poroshell 120 HILIC-Z カラムを 用いて、カラム内の鉄の相互作用を排除し、吸着 効果があるとすれば LC システムのみであるよう にしました。交換直後に、まったく同じカラムを 使用して、両方のシステムでさまざまな代謝物 標準の連続注入を2回実行しました(付録の 省略記号表にある全代謝物のリストを参照)。 これらの注入のクロマトグラムを図1に示します。 1290 Infinity II LC の1回目と2回目の注入 の間には驚くべきことに、33 % (ATP) と 38 % (GTP)の面積差がありました。これは金属表面 へ大量の吸着があったことを示しています。それと 比較して、1290 Infinity II Bio LC は、注入間の 面積偏差はわずか2%(ATP)と3%(GTP)で あり、これはメソッドの精度の範囲内です。

これらのシステム間の吸着の違いを精査するために、この実験レイアウトで30種類の代謝物の分析も行いました。図2に、すべての代謝物の違いをパーセンテージで示します。結果は、1290 Infinity II Bio LC が優れていることを示しています。



図 1. ATP 吸着実験からのサンプルクロマトグラム (上)、および GTP 吸着実験からのサンプルクロマトグラム (下)



図2.32 種類の代謝物の新しい注入流路における1回目と2回目の注入の面積差

1290 Infinity II Bio LC では、特に ATP、GTP、 CTP、UTP などの高度にリン酸化されたヌクレ オチドの吸着は観察されませんでした。これは、 メタボロミクス分析に最適な性能です。

鉄表面による分析対象物の吸着に加えて、LC システムとの二次的反応によって引き起こされる テーリングや、好ましくないピーク形状も、メタ ボロミクスにおいてよくある問題になる可能性が あります。ピーク形状をよりよく理解して比較する ために、前に示した ATP のクロマトグラムをスケー リングして図3に示しました。

1290 Infinity II LC(SST LC)と 1290 Infinity II Bio LC(Bio LC)を並べて比較してみると、生体 適合性バージョンと比較して、ステンレス製 LC を使用したものには大きなテーリングが見られ ます。前のグラフで説明した吸着は、カラムが PEEK でライニングされていても、テーリングを 増加させています。次に、リン酸化代謝物のテー リングファクター (T_f)を計算して、LC システム の間での違いを定量化しました。これを表 3 に 示します。1290 Infinity II Bio LC のテーリング ファクターは、分析したすべての代謝物に対して より優れたものになっており、偏差は 0.1 ~ 2.7 T_f 単位です。



図 3. Agilent 1290 Infinity II Bio LC および Agilent 1290 Infinity II LC における ATP のスケーリングされたクロ マトグラム

表 3. Agilent 1290 Infinity II Bio LC および Agilent 1290 Infinity II LC におけるリン酸化代謝物のテーリングファクタ

	テーリングファクター (T _r)		
代謝物	Agilent 1290 Infinity II LC	Agilent 1290 Infinity II Bio LC	ΔT _f
G6P	2.8	2.5	0.4
F6P	3.5	3.0	0.5
R5P	3.1	2.7	0.4
AMP	3.1	2.6	0.5
ADP	3.4	2.2	1.2
ATP	4.0	2.3	1.7
GMP	2.6	2.2	0.4
GDP	5.3	2.6	2.7
GTP	4.3	2.5	1.8
CMP	3.0	2.4	0.6
CDP	3.2	2.8	0.4
CTP	3.4	2.3	1.1
UMP	3.4	2.4	1.1
UDP	2.4	2.3	0.1
UTP	2.3	1.9	0.4

メタボロミクスは、大半の分析ケースで MS 検出 に依存します。したがって、通常、質量検出による 別のレベルの選択性があるため、ピークの形状と 分解能が化学者にとって常に最優先事項である とは限りません。ただし、G6P と F6P、または ロイシンとイソロイシンなどの一部の同重体代謝 物では、包括的な分析を適切な LC 分離に依存 しています。例えば図 4 は、両方のシステムで 分析された標準として、2 つの同重体糖リン酸 G6P と F6P を示しています。

1290 Infinity II LC は、鉄ベースの流路が起こす 吸着とピークテーリングのために、2 つの糖リン 酸をベースライン分離できません。一方 1290 Infinity II Bio LC では、メタボロミクス分析に十分 な分離能で2 つの糖リン酸を識別できています。

これまでのデータはすべて、制御された詳細分析 用の分析標準を使用して生成されたものでした。 しかし、実際のメタボロミクス分析では、化学 分析で最も複雑なサンプルの1つである、細胞 内または細胞外の代謝物抽出物を使用します。 これらの抽出物は、数千もの異なる代謝物で 構成されていることがあります。例えば、ラボ の大腸菌 K-12 株には、約1,500 の細胞内低 分子が含まれています。⁵現実の複雑なマトリッ クスに対処する Agilent 1290 Infinity II Bio LC の能力を調べるために、本物の細胞内 Saccharomycescerevisiae 代謝物抽出物を 分析しました。G6P、F6P、AMP、ADP、および ATP のすべてのクロマトグラムの概要を、図5 および6に示します。







図 5. Agilent 1290 Infinity II Bio LC での G6P および F6P のダイナミック EIC の重ね表示。 優れたリテンション タイム (RT) 精度を示します。

10回の連続注入に基づいて、相対標準偏差 (RSD)を計算し、図内の対応する表に示してい ます。偏差に関して約0.1%という優れた RSD値 が得られ、複雑なマトリックスでのメタボロミクス 分析における1290 Infinity II Bio LC の並外れた 性能が証明されました。また、G6P と F6P の同重 体ピークは、優れたピーク形状と分離能のおかげ で、細胞内へキソースリン酸のさらに明確な分析 が可能になりました。これらの代謝物は糖消費 後の最初の代謝の分岐点を構成するため、この 分析は特に重要です。

すべての AxP 種は、リン酸化の程度に関係なく、 同様のピーク形状で分析できます。ATP、ADP、 および AMP は、アデニル酸エネルギー電荷を 通じて細胞のエネルギー状態を反映します。⁶ したがって、細胞の生理機能に関する高品質データ を得るには、これらの分析対象物の堅牢な分析 が必須です。

代謝物抽出物は、グルコース制限/飢餓下で連続 培養された酵母から採取されたため、特徴的な 動的代謝物プロファイルを図7で特定できます。 グルコース飢餓のため、G6PとF6Pの面積強度 は時間の経過とともに低下し、同時に細胞の エネルギーに相当するATPの量も低下します。 ただしAMPとADPは、グルコース飢餓のため に再リン酸化が遅くなるに従って増加します。



図 6. Agilent 1290 Infinity II Bio LC での AMP、ADP、および ATP のダイナミック EIC の重ね表示。優れたリテンション タイム(RT)精度を示します。



図7. グルコース飢餓実験中の G6P と F6P (A)、AMP、ADP、ATP (B) の面積強度

結論

複雑なメタボロミクスサンプルの分析は、分析 対象物が不安定で要求が厳しいため、煩雑で エラーが発生しやすくなります。ステンレス製の LC システムは不動態化する必要があります。 そうでない場合は、特定の移動相添加剤を使用 する必要があります。このアプリケーションノート は、Agilent 1290 Infinity II Bio LC がメタボロミ クスに最適な選択肢であることを示しています。 分析が困難なリン酸化合物に対して、吸着がなく、 ピーク形状が良好で、高分離能の分析を実現 しました。生体適合性のある流路を用いることに より、従来行っていた処理が不要になりました。 複雑なマトリックスにおける堅牢な性能と、優れた 精度を組み合わせた Agilent 1290 Infinity II Bio LC は、LC/MS ベースのメタボロミクス分析に 最適なフロントエンドです。

ホームページ

www.agilent.com/chem/jp

カスト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。

DE29473172

アジレント・テクノロジー株式会社 © Agilent Technologies, Inc. 2022 Printed in Japan, March 24, 2022 5994-4622JAJP

付録

代謝物の省略記号

省略記号	化合物
G6P	グルコース 6-リン酸
F6P	フルクトース 6-ホスフェート
R5P	リボース 5-ホスフェート
Succ	コハク酸
AMP	アデノシン一リン酸
ADP	アデノシン二リン酸
ATP	アデノシン三リン酸
GMP	グアノシン一リン酸
GDP	グアノシンニリン酸
GTP	グアノシン三リン酸
CMP	シチジルーリン酸
CDP	シチジンニリン酸
CTP	シチジン三リン酸
UMP	ウリジンーリン酸
UDP	ウリジンニリン酸
UTP	ウリジン三リン酸
AKG	α-ケトグルタル酸
ALA	L-アラニン
ARG	L-アルギニン
ASP	L-アスパラギン酸
CYS	L-シスチン
GLU	L-グルタミン酸
HIS	L-ヒスチジン
ILE	L-イソロイシン
LEU	L-ロイシン
LYS	L-リジン
MET	L-メチオニン
PHE	L-フェニルアラニン
PRO	L-プロリン
SER	L-セリン
TYR	L-チロシン
VAL	L-バリン

参考文献

- Fiehn, O.; Weckwerth, W. Deciphering metabolic networks. Eur. J. Biochem. 2003, 270, 579–588.
- Feith, A. et al. HILIC-Enabled 13C Metabolomics Strategies: Comparing Quantitative Precision and Spectral Accuracy of QTOF High- and QQQ Low-Resolution Mass Spectrometry. Metabolites **2019**, 9, 63.
- Wakamatsu, A. et al. A Severe Peak Tailing of Phosphate Compounds Caused by Interaction with Stainless Steel Used for Liquid Chromatography and Electrospray Mass Spectrometry. J. Sep. Sci. 2005, 28, 1823–1830.
- Hsiao, J. et al. Improved LC/MS Methods for the Analysis of Metal-Sensitive Analytes Using Medronic Acid as a Mobile Phase Additive. Anal. Chem. 2018, 90, 9457–9464.
- Weaver, D. et al. A genome-scale metabolic flux model of Escherichia coli K–12 derived from the EcoCyc database. Biol. **2014**, 8, 79.
- De la Fuente, I. et al. On the Dynamics of the Adenylate Energy System: Homeorhesis vs Homeostasis. PLoS One **2014**, 9, e108676.

