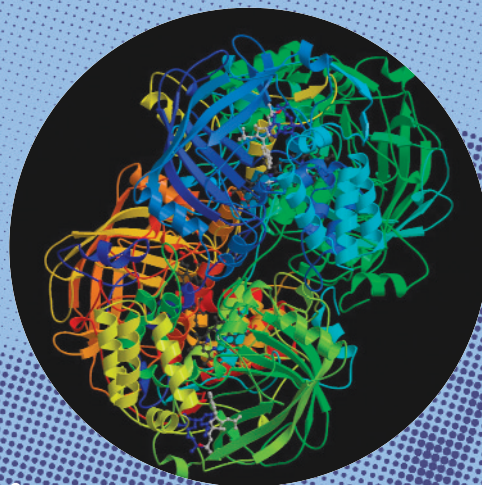




Agilent ナノフロープロテオミクスソリューション

微量タンパク質を
ハイスループットで同定



Agilent Technologies

微量タンパク質をハイスループットで同定

複雑な混合物中のタンパク質同定に最も効果的な手法を提供する方法の1つが LC/MSⁿ 分析です。Agilent のナノフロープロテオミクスソリューションは最新のナノフロー HPLC とイオントラップ MSⁿ を統合してハイスループットで微量タンパク質の分離と同定を実現しました。

優れた分離...

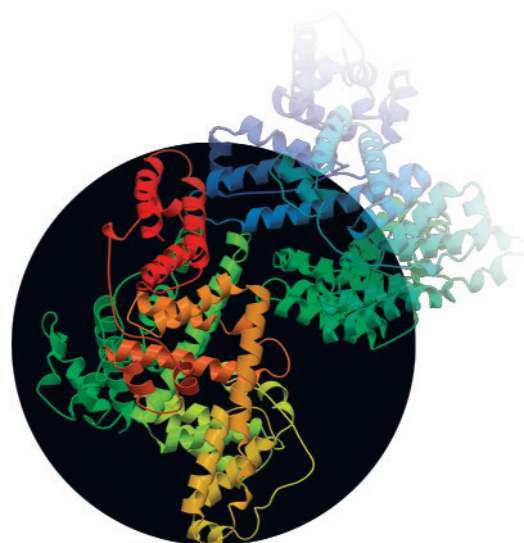
ナノフロー LC システムにはサンプルのクリーンアップと濃縮、さらに分離を効率的に行うナノカラムが標準で付属します。このシステムは、1次元分離、サンプルのクリーンアップと濃縮を伴う1次元分離、あるいは完全な2次元分離など、サンプルの特性に応じて様々なシステムアップが可能です。

検体がヒト血漿、血清、脳脊髄液などを含む場合はさらに Agilent のマルチプルアフィニティ除去システムをナノフロープロテオミクスソリューションに追加するのがお勧めです。独自設計のカラムと緩衝液が 98~99% のアルブミン、IgG、IgA、ハプトグロビン、トランスフェリン、およびアンチトリプシンをサンプルから取り除いてくれます。

ナノフロープロテオミクスソリューションは最先端の LC 技術を活用しています。例えば、その革新的なエレクトリックフローコントロール (EFC) システムはアクティブフィードバックを駆使して 100 nL/min~1 µL/min の汎用的な範囲で今までにない安定性と信頼性を実現しています。また、流路系全体が分離効率の最大化と維持を目的として設計されています。

...超高感度分析...

しかし何といてもナノフロープロテオミクスソリューションの中心となるのは、改良されて第2世代となったナノスプレーイオン源を備える Agilent の最新の高感度イオントラップ質量分析計です。この質量分析計はアトモレベルの感度ばかりでなく、優れたスキャン速度と分解能を兼ね備えています。このシステムのペプチド専用スキャンモードを使用すればさらに高度な微量タンパク質分析が可能になります。



...そして確実な同定

Spectrum Mill MS プロテオミクスワークベンチを使用すれば、MS と MS/MS データベース検索やデノボシーケンシングを含む数多くのタンパク質同定用オプションを使うことができます。インテリジェントなスペクトル抽出と処理を行う Spectrum Mill ワークベンチを活用することによって、検索スピードの向上ばかりでなく誤ったマッチング判定を下す頻度を大幅に減らすことができます。マッチングのスコアは確率ではなく含まれる情報をもとに計算されるために検索中のデータベースからは独立しており、したがって複数のデータベースにまたがるクロス比較が可能です。



優れた分離技術

微量タンパク質の同定には注意深いサンプル調製と優れた分離が必要になります。Agilent はナノフロープロテオミクスソリューションでの使用を目的として慎重にマッチングさせたサンプル調製法や分離技術を数多く用意しています。

イムノアフィニティカラムが多量に存在するタンパク質を取り除いてくれます

多くの生体サンプルのどれにも多量に存在するタンパク質があり、これが注目する微量タンパク質の存在を隠して分析を難しくします。Agilent のマルチプル除去システムはイムノアフィニティベースの LC カラムと独自に最適化した緩衝液を用いてヒト血漿や血清、脳脊髄液 (CSF) などから特に多量に存在する 6 種類のタンパク質 (アルブミン、IgG、IgA、ハプトグロビン、トランスフェリン、アンチトリプシン) を 98~99% 除去してくれます。その結果、これらのタンパク質からの干渉が殆ど無くなりますから、LC/MS やゲル電気泳動などの手法によって更に研究を進めるのが容易になります。このシステムは次のような特徴を持っています：

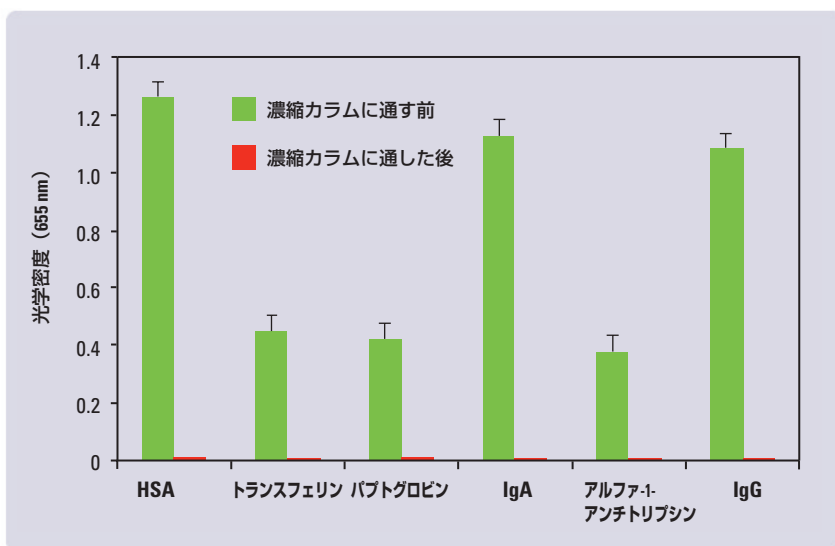
- 高効率
- 非特異的にタンパク質と結合する程度が小さく、重要なタンパク質が失われることがない
- 長いカラム寿命 (適正な条件下において、少なくとも 200 回の注入が可能)
- ほとんどの LC や HPLC システムに適合

高効率カラムで最適な分離

Agilent はナノフロープロテオミクスソリューション専用開発された何種類もの分析カラムと濃縮カラムを提供しています。これらのカラムはペプチド酵素消化物の高感度、ハイスループット分離用として理想的にご使用いただけます。

分析カラム

ナノフロープロテオミクスソリューションは、Agilent の優れた ZORBAX StableBond (SB) 技術を適用した C18/C8 ワイドポアナノカラム (内径 75 μm 、長さ 50/150 mm)



血清サンプルを Agilent のマルチプルアフィニティカラムに 1 回通す前と通した後での ELISA 分析結果を比較すると、不要な高い在量のタンパク質が 98~99+% 除去されていることが良く分ります

が含まれています。優れたペプチド分離特性と、非常に安定で耐久性にも優れているこれらの逆相 HPLC カラムは次のような特徴を備えています：

- PEEK コーティングしたフューズドシリカ
- 標準 1/16 インチフィッティング
- MS へ直結可能な柔軟性
- 100 nL/min~1 $\mu\text{L}/\text{min}$ の流量に対応

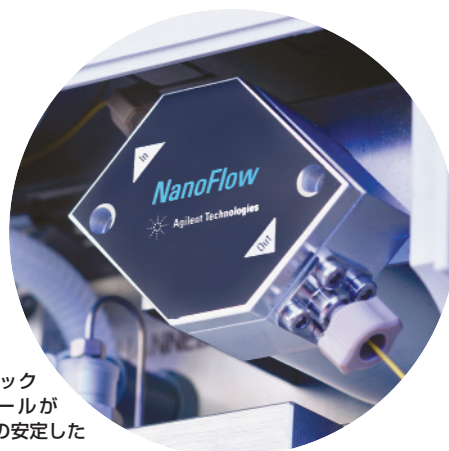
これよりもやや大きな流量にも対応する、同じ特性を持つ内径 100 μm のカラムも用意されています。

濃縮カラム

ナノフロープロテオミクスソリューションは ZORBAX 300SB の C18 と C8 濃縮カラム (0.3 $\times$ 5 mm) も含まれています。濃縮カラムは低濃度のペプチド混合液の濃縮と脱塩に大きな働きをしてくれます。この他にも、完全な 2 次元 LC 分離用として組み込み可能なイオン交換カラムも用意されています。

超低流量レベルでの感度の向上と優れた分離を実現

複雑なタンパク質混合物の高感度・ハイスループット分析に欠かせないのが超低流量で安定した分離を行うことです。ナノフロープロテオミクスソリューションは毎分ナノリットルレベルの極低流量を安定に送液し、卓越したサンプルクリーンアップと濃縮および分離を実現する最先端の LC 技術を構成要素として含んでいます。



アクティブフィードバックによる流量コントロールがナノリットルレベルの安定した流量を実現します

極めて安定した流量

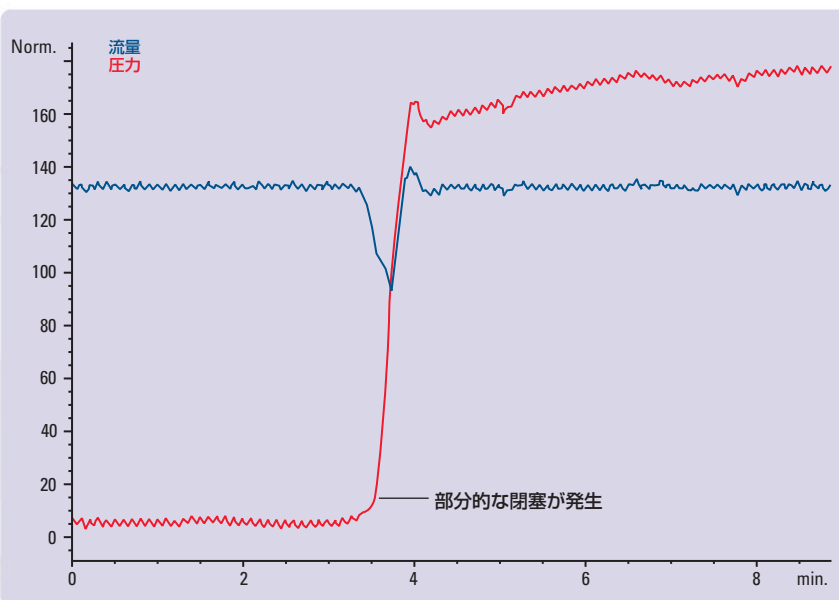
ナノフロープロテオミクスソリューションの心臓部となるのが Agilent の MS 対応 1100 シリーズナノフロー LC システムです。ナノフロー LC システムは流量を特に安定させて MS 分析の感度を上げることを目標に設計されています。このシステムの特徴はアクティブフィードバックを利用する革新的な電子流量コントロール (EFC) システムを装備することによって 100 nL/min~1 μ L/min という流量領域でいまだにない安定性を実現したことにあります。

分離効率を最大化

流路系全体が分離効率を最大化して安定に維持することを目的として設計されています。切換バルブやフィッティング、コネクタ、PEEK 被覆されたフューズドシリカ配管など、すべての構成要素はデッドボリューム (死容積) を最小限に押さえるために慎重に選択されたものばかりです。

さまざまな分離のためのオプション

ナノフロー LC システムにはサンプルのクリーンアップと濃縮、さらに分離を効率的に行うナノカラムが標準で付属します。このシステムは、1 次元分離、サンプルのクリーンアップと濃縮を伴う 1 次元分離、あるいは完全な 2 次元分離など、サンプルの特性に応じて様々なシステムアップが可能です。



パッシブスプリッターとは異なり、アクティブフィードバックを使用するエレクトリックフローコントロールならば流路に部分的な閉塞が発生してもそれを補正できますから貴重な時間とサンプルを無駄にすることがありません。流量と圧力のリアルタイム表示が可能となったことから、液漏れや詰まり等の診断が劇的に簡単になりました。

優れた MS/MS パフォーマンス

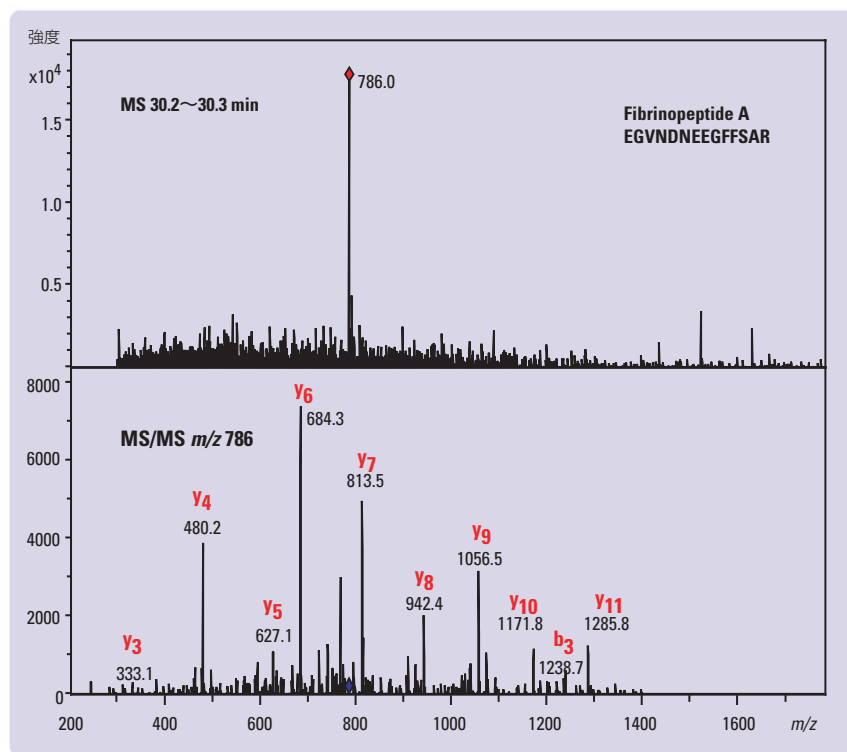
微量タンパク質の同定には並外れた感度と選択性が必要になります。ナノフロープロテオミクスソリューションは、第 2 世代ナノスプレーイオン源を備えた Agilent の最も高感度なイオントラップ質量分析計を使用します。これらにより、アトモルレベルの感度と MSⁿデータの特異性を提供します。

感度と分解能、そしてスキャン速度がタンパク質の同定を容易に

ナノフロープロテオミクスソリューションは Agilent の MSⁿ 分析計の中で最高の感度を持つ Agilent 1100 シリーズ LC/MSD Trap XCT を使用します。LC/MSD Trap XCT の特徴はハイキャパシティイオントラップを採用して高感度を実現していることです。これと同時に、真の 3 次元イオントラップ本来の利点である分解能とスキャン速度もそのまま維持しています。LC/MSD Trap XCT は分解能とスキャン速度を高度なレベルで組合せ、さらに微量タンパク質分析の感度を高めるペプチド専用のスキャンモードを備えています。コリジョンエネルギーをランピングさせる機能である SmartFrag はメソッド開発を単純にするばかりでなく、個々のペプチドに適正なコリジョンエネルギーを与えて分離させることが可能になります。

究極のオンライン分析を実現するナノスプレー

Agilent のナノイオンスプレーイオン源はタンパク質分解酵素で消化されたタンパク質のオンライン LC 分離でアトモルレベルの感度を実現できる第 2 世代イオン源です。Agilent が特許を取得している直交スプレー技術はイオン源の調節をほとんど必要とせず、キャピラリーやイオン光学系を清浄に保つ独自技術ですが、この方式を組み込むこ



100 アトモルの Fibrinopeptide A をオンカラム注入したときの LC/MS/MS 分析例

とができるのはこのナノスプレーイオン源だけです。さらに、容量の大きな乾燥ガスによって溶媒クラスターや移動相付加体が減少してスペクトルの品質、感度、および

再現性が向上しました。このナノスプレーイオン源は外部と切り離されていますから、人体に危険を及ぼす可能性のある生体試料でもより安全に取り扱うことができます。

インテリジェントデータ採取によりさらに良好な結果を

ナノフロープロテオミクスソリューションのソフトウェアが提供する高度な第 2 世代データディペンデント（データ依存型）採取機能は重複を排除して独自性のあるデータの量を増やして情報の品質を高め、分析の目的に達する可能性を向上させます。

独自性のあるデータの採取量を増大

微量タンパク質を研究する場合、最も多い成分は注目すべき成分ではないということが頻繁に起こります。ナノフロープロテオミクスソリューションのソフトウェアはデータの性質を合理的に判断して実際に欲しいデータだけを取り込むための多くの機能を提供していますから、毎回のスキャンから独自性を持つデータだけを自動的に選別して取り込むことができます。

アクティブ排除

アクティブ排除（Active Exclusion）はインテリジェンスと自動化をイオン排除にもたらしめます。リピートカウント機能は

ユーザーが指定する回数以上は同一プレカーションからの MS/MS データを取り込まないようにすることによって、他とは異なるデータの採取量を増やします。

同じ m/z 値を持つイオンが 2 つ以上のクロマトグラムピーク上に現われてもそれを見逃すことがないようにするため、ユーザーが指定した時間を経過するとアクティブ排除リストからイオンが削除されます。

絶対存在量と相対存在量しきい値を指定したリストに加えて、固定または優先イオン排除リストを適用することも可能です。

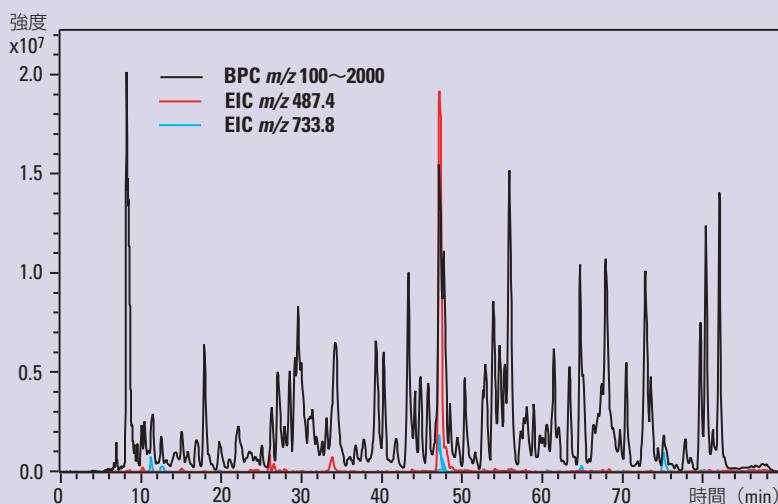
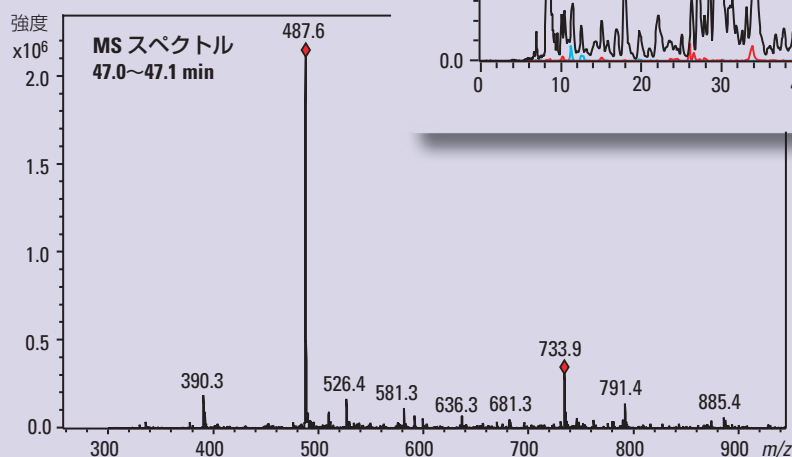
同位体排除

同位体は不要な質量スペクトルデータを取り込む原因になります。同位体排除機能は同位体の MS/MS データ採取を防止します。

N モストアバンダントプレカーサ

N モストアバンダントプレカーサを指定できる機能を使用すればデータ取り込みの対象となるユニークなプレカーサの数を指定することができます。この機能は、例えば共溶出ピークに含まれるそれほど存在量の多くないプレカーサからデータを取り込みたい場合に有用です。

N モストアバンダントプレカーサを指定する機能を利用すると、16 種類のタンパク質を含む複雑な試料から同一時刻に溶出するピークに含まれる存在量の少ないペプチドフラグメントを自動的に多量に存在するペプチドフラグメントと同じように同定することができます。

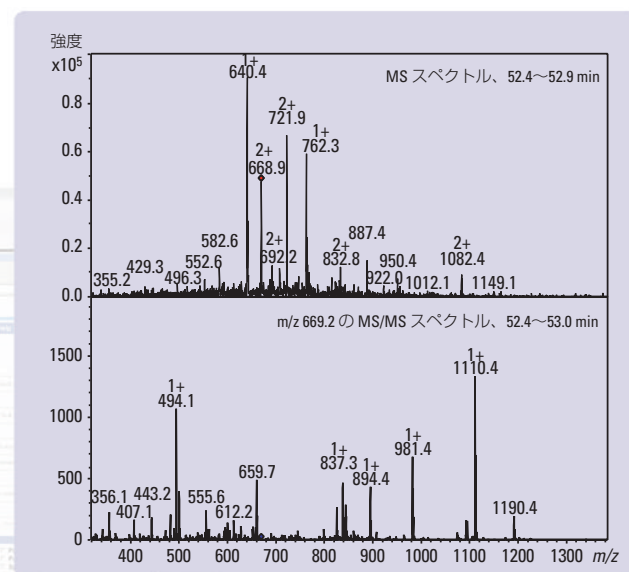


高品質のデータから、より優れた マッチングへ

正確なマッチングの確率を高めるためには可能な限りの高品質データを取得する必要があります。ナノフロープロテオミクスソリューションのソフトウェアはデータの品質を高める様々な機能を提供しています。

チャージステートの選択機能

一般的に、衝突誘起解離 (CID) によって生ずるスペクトルデータの中でタンパク質のデータベース検索とマッチングに最も有用なデータを提供するのは二価に荷電してイオンです。チャージステート選択機能はこれらの二価に荷電したイオンを優先的に選択してくれます。

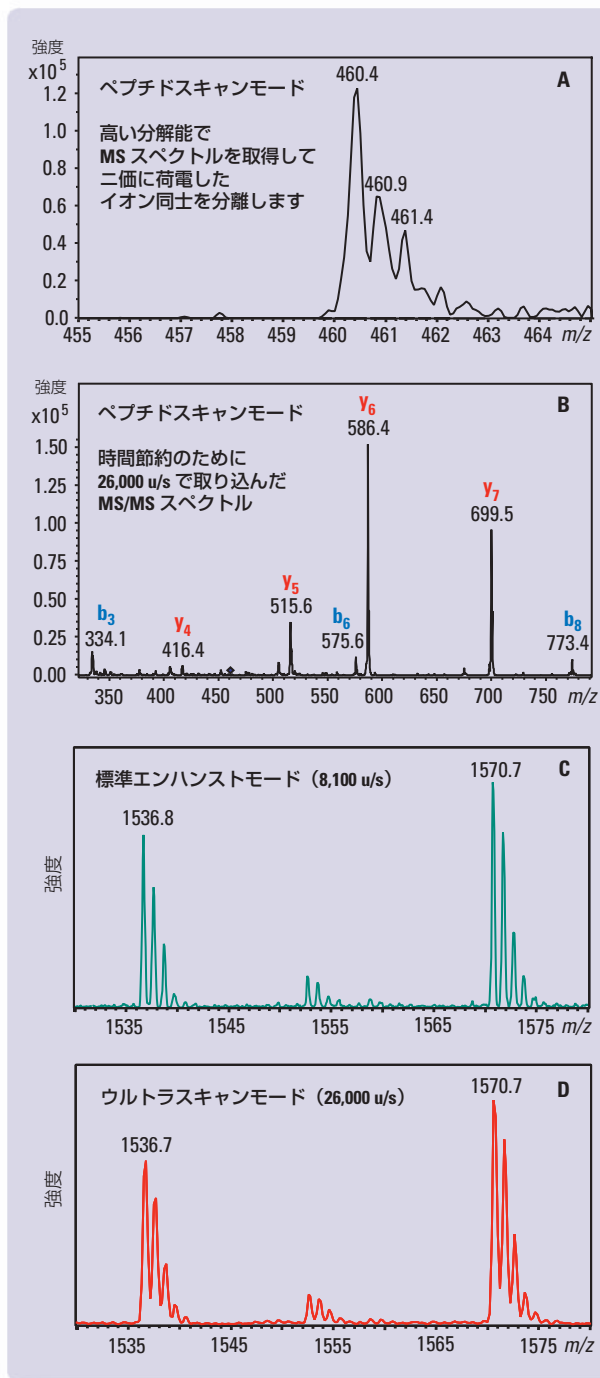


優先チャージステート選択 (+2) と N モストアバンダントイオン (2) の両機能を使用することにより、通常ならば MS/MS 用として選択されないような存在量の小さなペプチドフラグメントから MS/MS データを取得することができます。

タンパク質の識別を容易にする ペプチドスキャンモード

ペプチドスキャンモードは LC/MSD Trap XCT のエンハンストおよびウルトラスキャンモードを組み合わせることでさらに優れた MS/MS、MSⁿ 分析を実現します。このモードは、MS¹ ではより分解能の高いエンハストモードを用いて +1、+2、および +3

に荷電したペプチドの荷電状態を正確に決定します。MS² 以降ではより高速なウルトラスキャンモードに切換えて全体の実験サイクル時間を短く保ちます。全体として、複雑なペプチド酵素消化混合物からより多くのタンパク質を効率的に同定することができます。



ペプチドスキャンモード (A,B) はスキャン速度と分解能という相反する要素を MS と MS/MS に巧みに組み合わせることによりペプチド分析の効率化を実現しています。一価に荷電した AP-MALDI イオンから取り込めるデータならばエンハンストモードまたはウルトラスキャンモード (C、D) を使用してうまく取得することができます。

ハイスループット MS プロテオミクスデータ解析に 最先端の機能を提供

Agilent の Spectrum Mill MS プロテオミクスワークベンチは質量分析計を使用するハイスループットプロテオミクスの効率化に有効なソフトウェアツールを網羅したパッケージです。ナノフロープロテオミクスソリューションにも是非お奨めしたいソフトウェアです。

広い範囲をカバーする多くの機能

Agilent の Spectrum Mill MS プロテオミクスワークベンチは次のような機能を備えています：

- インテリジェントなスペクトル抽出と品質評価
- データベース検索とデノボ (de novo) シークエンシング
- 結果の自動、および対話操作によるバリデーション
- 定量、半定量分析
- クロス分析結果のサマリ

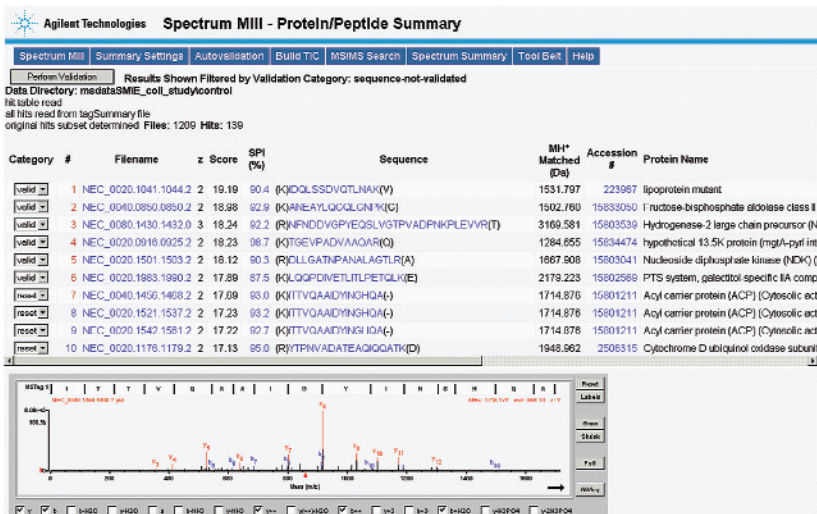
プラットフォーム依存性のないこのソフトウェアは異なる種類の MS や異なるメーカーの質量スペクトルデータを同じように処理することができます。

インテリジェントなスペクトル抽出が タンパク質同定のスピードアップを実現

Spectrum Mill ワークベンチがタンパク質データベースを検索する驚くべき速度と効率をもたらすのは、質量スペクトルをインテリジェント抽出する能力によるものです。Spectrum Mill の抽出ソフトウェアはシーケンスタグの長さや S/N 比を基準として MS/MS スペクトルの品質を評価します。あまり質の良くないスペクトルに含まれるノイズスペクトルをあらかじめ識別、除去してから検索を実施することにより検索速度が大幅に向上するだけでなく、誤ったヒットの数を減らすことができます。

タンパク質同定に柔軟性を与える複数の オプション

Spectrum Mill MS プロテオミクスワークベンチはタンパク質の同定とキャラクタリゼーションに次のような選択肢を提供します。イオントラップとハイフネーテッド質量分



対話操作によるバリデーションは提案されたマッチと実際の MS/MS スペクトルを効果的に比較します

解析のどちらからでも MS/MS スペクトル検索が可能です。また、MALDI-TOF や類似の質量分析計で取得した質量スペクトルの処理にもペプチドマスフィンガープリンティング (PMF) を適用することができます。

Spectrum Mill が使用する革新的 MS/MS データベース検索アルゴリズムはインテリジェントな並行処理を行うことによって、巨大なインデックスファイルを作り出すことなく迅速処理を実現しています。修飾されていないペプチド検索用としてアイデンティティモード、変性/修飾ペプチド検索用としてホモロジーモードの両方のモードで動作します。

スコア付けを確率ではなくスペクトルが持つ情報の内容 (スコア付けされたピークの強度、フラグメントイオンのタイプなど) を基準として行われます。この方法によるスコアは検索するデータベースからは独立していますから、複数のデータベースを使用するクロス検索が可能です。

マッチングの自動/手動バリデーション

データベースのマッチングは全体のスコアとパーセントでスコア付けされてピーク強度を基準として評価されます。明らかに正しいマッチングに付随するスペクトルはバリデーションされていないマッチングのスペクトルとは明確に区別されます。バリデーションの終わっていないスペクトルについては対話操作によるバリデーションが可能であり、この作業を迅速かつ簡単にするために多数の機能が用意されています。マッチングの確証の得られなかった残りのスペクトルについては別なパラメータやデータベースを使用して再検索することができます。

データベースではヒットしない ペプチドのスペクトルを新規に解釈

デノボ (de novo) シーケンシングアルゴリズムは高度なグラフ理論を用いて可能性のあるペプチド配列にランク付けを行い、その一覧表を作成します。その際、非現実的な解は捨てて、ノイズや不完全フラグメンテーションなどの全部に共通する問題点の補正を行います。データベース検索の結果とデノボ処理の結果の両方を同時に表示することができます。

定性だけでなく定量情報にも対応

Spectrum Mill ワークベンチはタンパク質の相対的な存在量を比較するユニークな機能を備えています。比較の基準となるのはタンパク質から派生するすべてのコンポーネントペプチドの平均ピーク強度です。これは半定量的な手法ですが、相対存在量の2から5倍程度の変化を明らかにするのに十分な精度を持っています。より精密な定量を必要とする研究者のために Spectrum Mill ワークベンチは ICAT 解析もサポートしています。Cys 修飾には D₀/D₈ と ¹²C/¹³C ICAT ラベリングを含む方法を使用します。

複雑なデータにもアクセス可能

Spectrum Mill ワークベンチは得られた情報が質量分析の専門家ばかりでなく生物学や生化学研究者にも容易に理解できるように結果のまとめと相互の関連付けを行います。質量分析の専門家ならばペプチドの質量と質量スペクトル、分子量を表示させながらマッチング品質の順にペプチドを調べることができます。生物学や生化学の研究者ならば同じデータを検討してタンパク質名やマッチングスコア、パーセントカバレッジ、相対的なタンパク質存在量を調べることができます。

ユーザーは複数のサンプルを見直して、発現レベルなどの情報を比較することも可能です。また、複数の実験から得られた複数の大型データセットにまたがる比較を行い、その結果をタンパク質レベルでまとめることができます。

マルチベンダーデータとの互換性

Spectrum Mill MS プロテオミクスワークベンチで Agilent 以外のデータ形式を処理できるようにするアドオンモジュールを用意

- .RAW (Thermo Finnigan)
- .wiff (SCIEX LC/MS)
- .pkl (ピークリスト) と結合マルチスペクトル
- .pkl (Waters/Micromass その他)

データ採取に用いたそれぞれの質量分析計独自の質量スペクトルの特性に合わせてデータ抽出モジュールの最適化が行われます。


Agilent Technologies Spectrum Mill - Protein/Peptide Summary

Spectrum Mill | Summary Settings | Autovalidation | Build TIC | MS/MS Search | Spectrum Summary | Tool Belt | Help

Mean intensity: sum of intensity for all spectra of peptides belonging to protein / # spectra

E_coli_study/heatshock # spectra mean intensity	E_coli_study/control # spectra mean intensity	Protein MW (Da)	Database Accession #	%AA Coverage	Distinct Peptides (#)	Distinct Summed MS/MS Search Score	Group #	Protein Name
10 2.77e+007	11 1.83e+007	69115.3	15799694	21	8	131.81	1	Chaperone protein dnaK (Heat shock protein 70) (Heat shock 70 kDa protein) (HSP70)
85 3.05e+007	13 1.78e+007	57269.1	41617	18	7	119.29	2	groEL gene
13 7.26e+007	23 3.26e+007	43283.8	15803852	24	6	96.30	3	translation elongation factor EF-Tu.A [validated]
8 4.40e+007	10 2.14e+007	77581.7	15803853	12	5	89.56	4	Elongation factor G (EF-G)
4 3.50e+007	11 2.82e+007	56231.1	15834105	13	5	77.75	5	Glycerol kinase (ATP:glycerol 3-phosphotransferase) (Glycerokinase) (GK)
3 8.63e+007	9 3.11e+007	31076.5	16130747	17	4	61.65	6	4-deoxy-L-threo-5-hexosulose-uronate ketol-isomerase (5-keto-4-deoxyuronate isomerase)
14 7.33e+007	21 4.19e+007	30127.9	10185917	19	3	54.99	7	malate dehydrogenase
1 4.66e+007	4 2.17e+007	35712.8	16130088	16	3	47.68	8	D-galactose-binding periplasmic protein precursor (GBP) (D-galactose/ D-glucose binding
1 4.18e+007	5 1.09e+007	80010.2	146535	7	3	45.28	9	catalase HP1
6 1.34e+007	6 1.02e+007	48414.3	15830232	9	3	43.43	10	Seryl-tRNA synthetase (Serine-tRNA ligase) (SerRS)

Summarize Results for Review
Summarize Save Settings Reset
Mode: Protein - Protein Centric Columns
Group results by: File Directory
Data directories: Select...
☒ E_coli_study/heatshock
☒ E_coli_study/control

Validation and Sorting
Filter results by: valid
Validation preset: none
Sort proteins by: Score
Filter by protein score: > 13.0

Review Fields
☒ Filename ☒ Protein MW ☐ Excel export
☒ Score ☐ Protein pl ☐ Cysteines
☒ Mean Intensity ☐ Species ☐ Category
☒ Accession #
☒ Protein name

タンパク質-タンパク質モードはマルチサンプルからのデータ比較を容易にしてくれます（例えば相対存在量情報が色分けされて表示されます）

AP-MALDI — タンパク質同定のための補完的なアプローチ

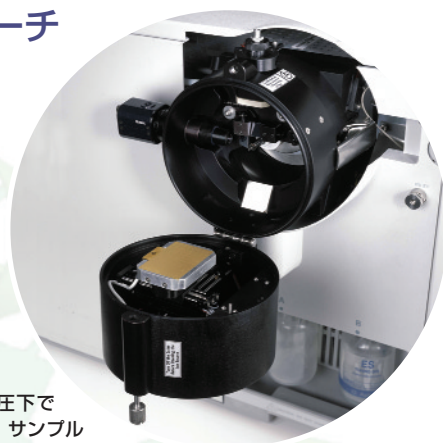
それほど高度な LC 分離が必要とされないケースでは、Agilent の革新的な大気圧マトリックス支援レーザー脱離/イオン化 (AP-MALDI) イオン源を備えた LC/MSD Trap XCT がナノスプレーイオン化に代わる選択肢として非常に高速かつ簡単で、極めて高い感度を提供してくれます。

簡単な操作で高速分析

例えばトリプシン消化物の 2 次元ゲルスポットのように多数のサンプルを処理したい場合は LC/MSD Trap と AP-MALDI イオン源が非常に迅速な分析手段を提供してくれます。対象となるサンプルスポットを手動操作で位置合わせするか、または初期位置を決定して後は自動的にサンプルプレートを移動させて一様なサンプリングを実現できます。96-ウェルサンプルプレートはロボットによる操作に対応しています。

アトモルレベルの感度

分析は高速ですが、それによって感度を犠牲にすることはありません。AP-MALDI を備えた LC/MSD Trap XCT はアトモルレベルの感度を示します。これは標準のナノフロープロテオミクスソリューションが提供する感度に相当し、場合によってはさらに優れた感度が得られることもあります。



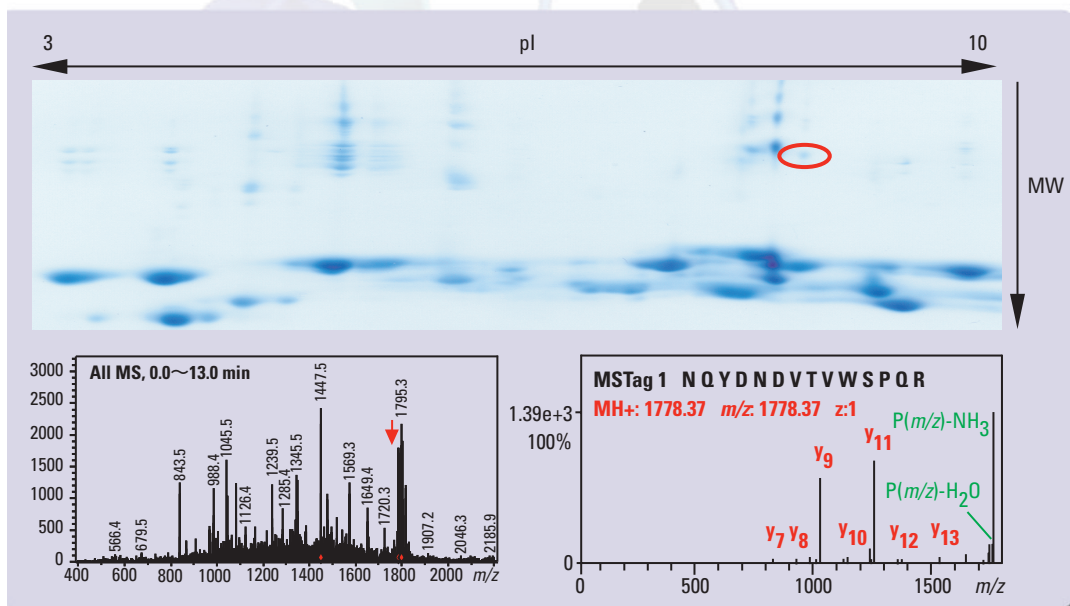
イオン化は大気圧下で行われますから、サンプルプレートのロード/アンロードは非常に簡単かつ迅速です。

検索可能な MS/MS スペクトル

フラグメント情報を得るためにポストソースディケイプロセスを使用する MALDI-TOF とは異なり、AP-MALDI イオン源を用いる LC/MSD Trap XCT ならばクリーンで検索可能な MS/MS スペクトルを簡単に得ることができます。さらに MS/MS データの特異性も向上しますから、カバレッジを低くしても十分なデータが得られます。

動作モード間の変換が容易

AP-MALDI は別な質量分析計を購入する必要なしにナノスプレーに有用な補完分析法を提供してくれます。Agilent の標準イオン源マウントシステムをそのまま使用できますから、ナノスプレーと AP-MALDI (さらに他の Agilent 製 LC/MS イオン源も) を数分で交互に交換することができます。



ラットプロテオソーム (50 μ g) のタンパク質分解生成物を 2D PAGE 分離した小型スポットの AP-MALDI 質量分析。Spectrum Mill ワークベンチを使用した検索でポジティブな同定結果が得られました。

プロテオミクスが提起する困難な問題に Agilent は多様なソリューションで応えます

Agilent はプロテオミクスの困難な課題に対応するためにナノフロープロテオミクスソリューション以外にも多くのソリューションを提供しています。

少ないリソースでより多くの仕事をこなす バイオアナライザとプロテインアッセイ

組み換えタンパク質発現に関わる細胞溶解物のチェックやカラムによるフラクション中に存在する注目するタンパク質の同定、あるいはタンパク質純度の評価などが必要ですか？改良型 Protein 200 Plus LabChip® キットを備えた Agilent 2100 バイオアナライザが短時間でより多くの情報を得るのに役立ちます。各チップはCaliper Technologies Corporation の LabChip 法を応用して 10 種類の異なるタンパク質サンプルのサイズと純度、および濃度に関する情報を30分以内に取り出します。

バイオアナライザと LabChip キットを使用する方法は従来法に比べてはるかに分析が簡単です。

LabChip と LabChip ロゴは Caliper Technologies Corp.の米国およびその他の国における登録商標です。

- ゲルやバッファ液、煩雑な染色とイメージングはもう必要ありません。タンパク質をチップに添加してスタートさせれば、後はリアルタイムデータディスプレイを監視するだけです。
- あらかじめパッケージ化されている試薬と標準化されたアッセイプロトコルのおかげで信頼性と再現性に優れた結果が得られます。
- 別なデータ表示オプションを選択すればゲルイメージ、エレクトロフェログラム（電気泳動図）、および表形式でデータを表示することができます。
- データはデジタル化されていますから同僚とデータを共有したり、発表のためにエクスポート、アーカイブ作成なども容易です。



タンパク質精製が簡単になります

業界の最先端に行く Agilent 1100 シリーズ HPLC システムをベースに開発された 1100 シリーズ精製装置は分析スケールから分取スケールまでのタンパク質精製を 1 つのプラットフォームで統一的にハイスループット処理します。この装置は分離するサンプル量や必要な純度、希望するスループットと分析コストに応じて様々な構成を変化させることが可能であり、次のような特徴を備えています：

- スループットへの要求とサンプル量に応じてポンプ、自動サンプラー、フラクションコレクタ、検出器、およびフローセルを選択できます。
- MS 検出器（オプション）を使用すれば時間、ピーク、または質量の組合せというユニークな基準を使用したフラクション捕集が可能になります。
- アプリケーションに特化した精製ソフトウェアと、アクセスを容易にしてくれるオプションソフトウェアを使用すればエキスパートでなくても簡単に操作することができます。
- 装置、用品、サポートなど必要なものはすべて Agilent 一社が提供します。



サービスとサポート — 地域レベルからワールドワイドまで

サービスおよびサポートに関して Agilent がプレミア・サプライヤーであることは世界的に有名です。弊社の高度な通信技術およびインフラストラクチャにより、40 各国を越える国々で継ぎ目無く営業を行うことができ、したがって、どこの地域のお客様であろうと弊社はお手伝いすることができます。弊社は、グローバルな視点を大事にしていますが、細部にいたるまで必ず対応します。



Agilent の世界中を網羅したサポートサービスネットワークはラボの管理を簡単にするばかりでなくメンテナンスと修理に関する不安を解消してくれます。弊社が提供する広範なオプション群を吟味していただければ必ずお客様の組織と予算にぴったりの製品が見つかるはずで、しかもコストの予測がつきますから予算策定も円滑に進められます。サポートパッケージには保証範囲の拡大、予防メンテナンス、トラブルシューティング/修理サービス、さらに規定準拠のためのサポートなどを含めることができます。サポートサービスは装置と年間契約あるいは随時契約として装置購入と同時にご購入いただけます。

Agilent とサービスパートナー契約を結べると、ISO 9001 工場プログラムに従ってトレーニングを受けた熟練サービスエンジニアがお客様のために迅速に対応します。これらの熟練した専門技術者は Agilent の純正交換部品だけを用い、生産性を最大限に高める作業手順と仕様にしたがって作業を進めますから製品の整合性を失うことなくお客様の装置の寿命をさらに長くできます。

弊社の契約サポートサービスは修理専門のエリートからアプリケーションスペシャリスト、さらには装置の設計技術者までを段階的に巻き込んでどんな困難な問題も迅速な解決を図ります。

さらに詳しくは

Agilent ナノフロープロテオミクスソリューションやその他の Agilent ソリューション、あるいは個別の液体クロマトグラフや質量分析計について更に詳しい情報をご希望のお客様は次の無料電話でお問い合わせください：

お問い合わせは
横河アナリティカルシステムズ株式会社
本社/〒 192-0033 東京都八王子市高倉町 9-1
●カスタムコンタクトセンター
TEL 0120-477-111
www.agilent.co.jp/chem/yan

弊社の WWW サイトでも詳しい情報をご覧になれます：

www.agilent.com/chem/proteomics

Agilent Technologies がお届けするライフサイエンス分野の機器は ISO 9001 に登録された品質管理システムの管理下で設計、製造されています。

本資料に記載の情報、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。

© Agilent Technologies, Inc. 2003

Printed in U.S.A. October 31, 2003
5988-3621JAJP



Agilent Technologies