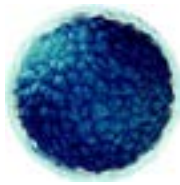


これまでにない方法でプロテオーム解析

プロテオームの複雑さをより深く理解するためには、タンパク質バリエーションの多様性と、それらが生物学的に果たす役割を研究する必要があります。既存のプロテオミクス技術の根本的な課題は、生物学的複雑さに匹敵する深さ、範囲、スケールに到達できないことです。

Seer ナノ粒子により、プロテオームを新たな方法で探索することが可能

Seer は、独自の物理化学的特性を持つナノ粒子を設計することで、血漿などの複雑なサンプル中のプロテオームを迅速かつスケーラブルなワークフローで深く偏りなく解析することを可能にする独自のアプローチを開発しました。



ワイドレンジ

サンプル中に存在するタンパク質を事前に知る必要がなく、再現性が高く選択的な結合を実現します。当社独自のナノ粒子は、プロテオームを偏りなく解析できるように設計されています。少量しか存在しないタンパク質も検出できるようになり、血漿サンプル中に存在するあらゆるタンパク質を観察できるようになります。



調節可能な物理化学的特性

独自の物理化学的特性を活かし、多様なデザインを幅広く組み合わせて構成可能です。複数のナノ粒子を組み合わせることで、サンプル中のプロテオームの多様性を網羅的に調査することが可能です。



シンプル&スケーラブル

Seer のアプローチは、サンプル、ラボ、実験を問わず、再現性の高いパフォーマンスを実現します。プロセスは自動化され、使いやすく、ワークフローを大幅に簡素化し、プロテオミクス・ラボの複雑さを 96 ウェルプレートにまで低減します。

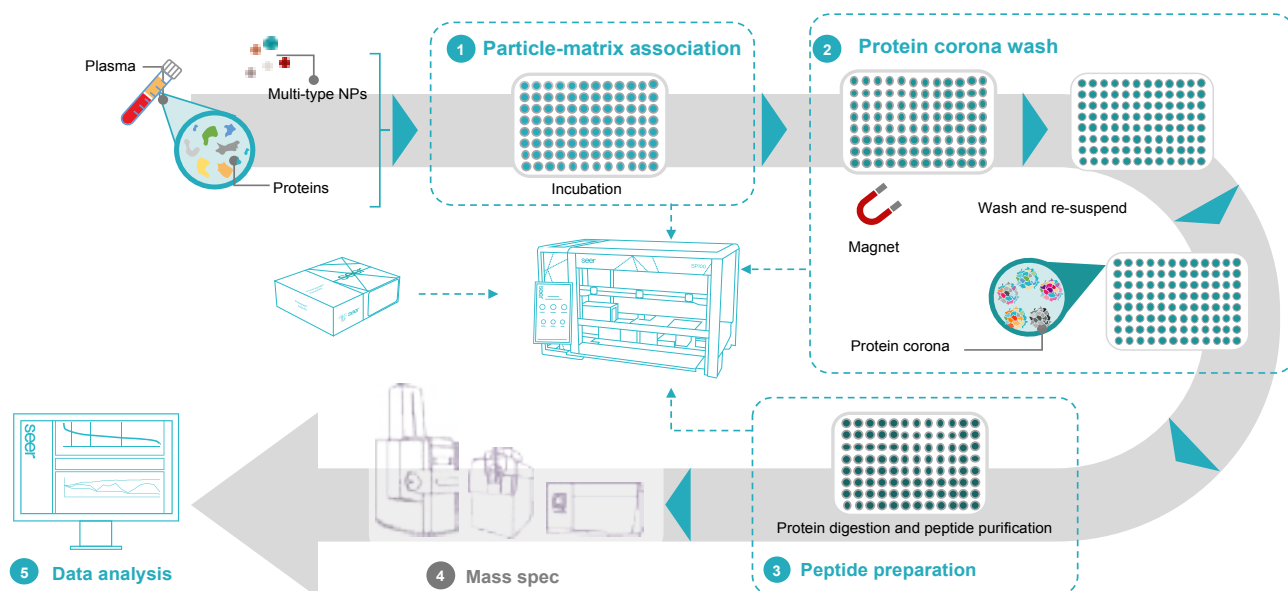
Proteograph Product Suite

Proteograph Product Suite は、消耗品、サンプル調製自動分注機、解析ソフトウェアで構成される自動化ソリューションです。LC-MS/MS に依存しないように設計されているため、あらゆるラボにおいて、バイアスなく、詳細かつ迅速なプロテオミクス研究を大規模に導入することを容易にします。



研究スケールに合わせて拡張できるワークフロー

装置は各サンプルを2つのアリコートに分割し、各アリコートにナノ粒子を添加します。それぞれ異なる機能を持つナノ粒子は、サンプルに含まれるタンパク質から、その粒子の特性に基づいて選択された特異的かつ再現性のあるコロナを生成します(ステップ①)。次に、サンプルはインキュベートされ、ナノ粒子の磁性を利用して洗浄されます(ステップ②)。洗浄後、タンパク質は粒子上で直接変性・分解され、トリプシンペプチドが生成されます(ステップ③)。トリプシンペプチドは、装置内で固相抽出法を用いて精製されます。これらのペプチドは乾燥され、質量分析計にインジェクションする準備が整います(ステップ④)。ダイナミックレンジの再現性の高い圧縮により、より多くのタンパク質をより短時間で定量することが可能になります。Proteograph Analysis Suite (ステップ⑤) を使用してデータ解析に進みます。



参考文献

1. Carreras-Gallo N, Chen Q, et al. (2025) Leveraging DNA methylation to create Epigenetic Biomarker Proxies that inform clinical care: A new framework for Precision Medicine. <https://doi.org/10.1101/2024.12.06.24318612>
2. Beimers W, Overmyer K, et al. (2025) A Technical Evaluation of Plasma Proteomics Technologies. <https://doi.org/10.1101/2025.01.08.632035>
3. Li Z, Weller C A, et al. (2024) ProtPipe: A Multifunctional Data Analysis Pipeline for Proteomics and Peptidomics. GPB <https://doi.org/10.1093/gpbjnl/qzae083>
4. Gaither C, Popp R, et al. (2024) Reproducible protein quantitation of 270 human proteins at increased depth using nanoparticle-based fractionation and multiple reaction monitoring mass spectrometry with stable isotope-labelled internal standards. Analyst. <https://doi.org/10.1039/D4AN00967C>
5. Guturu H, Nichols A, et al. (2024) Cloud-enabled Scalable Analysis of Large Proteomics Cohorts. JPR <https://doi.org/10.1101/2024.09.05.611509>
6. Van Rosmalen L, Zhu J, et al. (2024) Multi-organ transcriptome atlas of a mouse model of relative energy deficiency in sport. Cell Metab. <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2024.08.001>
7. Olinger B, Banarjee R et al. (2024) A plasma proteomic signature links secretome of senescent monocytes to aging- and obesity-related clinical outcomes in humans. <https://doi.org/10.1101/2024.08.01.24311368>
8. Huang C-F, Hollas M et al. (2024) Deep Profiling of Plasma Proteoforms with Engineered Nanoparticles for Top-down Proteomics. Journal of Proteome Research <https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.4c00621>
9. Chang M.E, Lange J et al. (2024) A Scaled Proteomic Discovery Study for Prostate Cancer Diagnostic Markers Using Proteograph™ and Trapped Ion Mobility Mass Spectrometry. Int. J. Mol. Sci. <https://doi.org/10.3390/ijms25158010>
10. Mason C, Green J et al. (2024) A second space age spanning omics, platforms and medicine across orbits. Nature. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-07586-8>

輸入販売元



本社 大阪府箕面市船場西三丁目10番3号
〒562-0036 TEL 072(730)6790 FAX 072(730)6795
東京支社 神奈川県川崎市中原区新丸子東三丁目1200番地 KDX武蔵小杉ビル
〒211-0004 TEL 044(430)3245 FAX 044(433)4390

<https://www.kiko-tech.co.jp/>



- ・掲載内容は2025年4月現在のものです。
- ・掲載内容は予告なしに変更する場合がありますので予めご了承ください。
- ・掲載製品は試験研究目的のみにご使用いただけます。