

The promise of proteomics

NOW IN FULL VIEW

質量分析を用いたプロテオーム研究の最前線



Seer独自開発のナノ粒子によるノンターゲットプロテオミクス

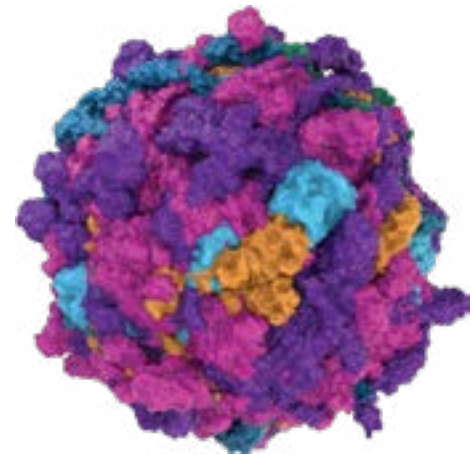
Seerではプロテオーム解析の複雑性を理解するためにナノ粒子による質量分析のサンプル前処理技術を開発しました。

この技術により、ノンターゲットで動物種に依存しない幅広いダイナミックレンジを可能にします。

Seerはプロテオミクス解析の常識を変えます

Seerは独自開発ナノ粒子によりプロテオーム研究の技術的障壁を取り除き、これまで明らかに出来なかったプロテオームの深部解析を可能にします。

Seerは様々な動物種・サンプルタイプに、この技術を展開しています。

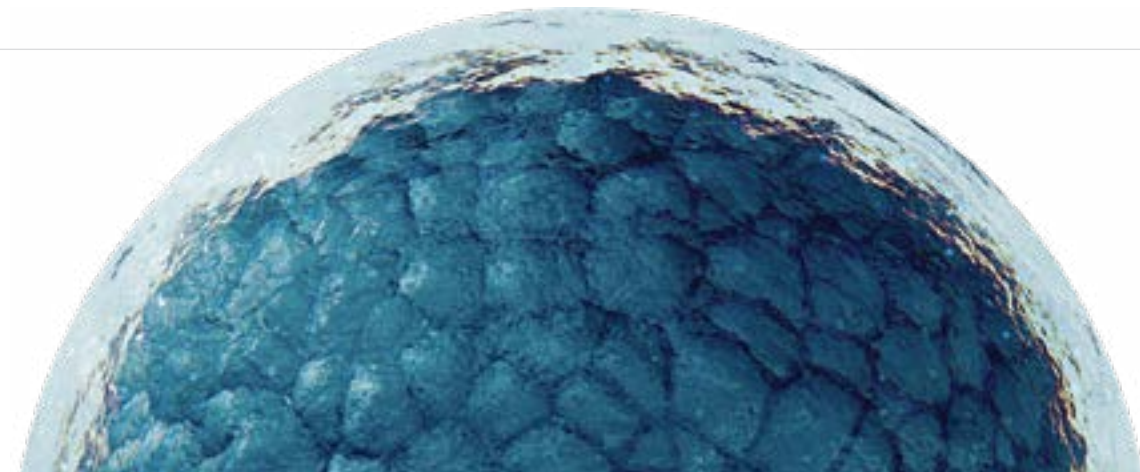


- | | |
|---------------|---------------------------|
| ・ 血漿・血清 | ・ 臓器灌流液 |
| ・ 細胞溶解液 | ・ 乾燥血液スポット/
マイクロサンプリング |
| ・ コンディショニング培地 | ・ 滑液 |
| ・ 組織ホモジネート | ・ 涙液 |
| ・ 脳脊髄液 | ・ 硝子体液 |
| ・ 生物製剤 | |

動物種に縛られない解析



Proteograph Product Suiteは複雑な生体マトリックスや低発現タンパク質に対するサンプル前処理の課題を克服し、質量分析で得られるデータの深度・精度・スケーラビリティを最大化します。



プロテオームはゲノムよりも翻訳後修飾やタンパク質間相互作用により生体内での作用機序が複雑です。しかし、その複雑さを解き明かすことができれば、前例のない画期的な発見の可能性が広がります。従来の手法では不完全なデータに頼らざるを得ず、重要な知見を見逃すことが少なくありませんでした。

Seerの長年にわたるナノ粒子、ナノバイオインターフェイス、機械学習、システム生物学、これらの各分野で培ってきた知見を基に開発されたProteograph Product Suiteはハイスループット・高い再現性をもったプロテオミクス解析を可能にします。これはターゲット探索を大きく超える生化学的な知見の獲得を後押しします。

Proteograph® Product Suite は
ナノ粒子によりサンプル中のタンパク質を
バイアスなく網羅的に捕捉します。
これにより高深度なペプチドレベルでの測定を
可能にし、生物学的複雑性を明らかにします。

同定タンパク質数

36,000+

ヒトやその他
モデル生物の
タンパク質を観測

同定ペプチド数

300k+

ペプチドによる
高解像度での
プロテオーム理解

>1,900

様々な
バイオリジカルパスウェイに対応

8x

前処理したサンプルと直接消化法を比較し、
測定項目数は約8倍に増加
血漿プロテオームのフルダイナミックレンジをカバー

バイアスを排除して 未知なる発見を加速

Seer社 Proteograph Product Suite を使うことで
プロテオーム全体を大規模かつペプチドレベルで
解析することを可能にし、これまで見過ごされていた
生物学的知見や前例のない発見を可能にします。

アクセシビリティ & スケーラビリティ

・ハイスループットな自動化装置と高い再現性により、
最小限の作業時間で最先端プロテオミクスが可能になります。

コストパフォーマンス

・幅広い予算とプロジェクトのニーズに
対応する柔軟な技術アクセスオプション。
・信頼性の高い独自のナノ粒子技術により、
貴重なサンプルの研究価値を最大限に高めます。

プロテオームの複雑性を解明

Seer®は、プロテオームの複雑性を解明することに挑戦しています。そこには、研究を飛躍させる革新的な洞察が隠れているためです。多くの研究者や研究機関が、科学的ブレークスルーを実現するために Proteograph Product Suite を信頼しています。



血漿プロテオミクス技術に関する技術的評価

Proteograph Product Suite は、主要な性能指標で高評価
他メーカーとの比較において、Seerは優れた結果を示しました。

深度

Seer は、次点に優れた方法の2倍、直接消化法と比較して約8倍のタンパク質群の同定を可能にしました。ノンターゲットなプロテオミクス解析により、数多くのタンパク質を測定可能にします。

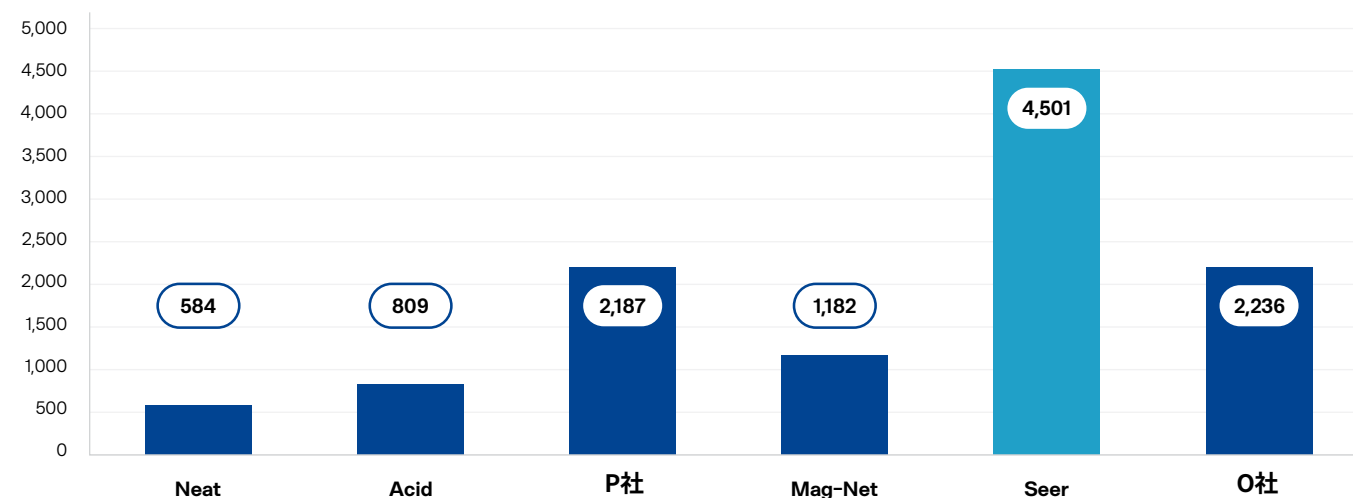
定量性

最も困難な希釈レベルにおいて、Seerは検出限界および定量結果の両方で、次点に優れた方法の4倍の定量可能なタンパク質数を達成しました。極限条件下でも高い定量性能を発揮します。

精度と再現性

Seerの中央値CVは10%程度であり、これは、直接消化法を除くすべての方法を上回り、処理済みサンプルにおける再現性の新たな基準を打ち立てました。この高い再現性により、信頼性の高い結果を提供します。

DEPTH OF COVERAGE



Source: Joshua J. Coon. A Technical Evaluation of Plasma Proteomics Technologies. Journal of Proteome Research. <https://pubs.acs.org/doi/10.1021/acs.jproteome.5c00221>

Weill Cornell Medicine-Qatar

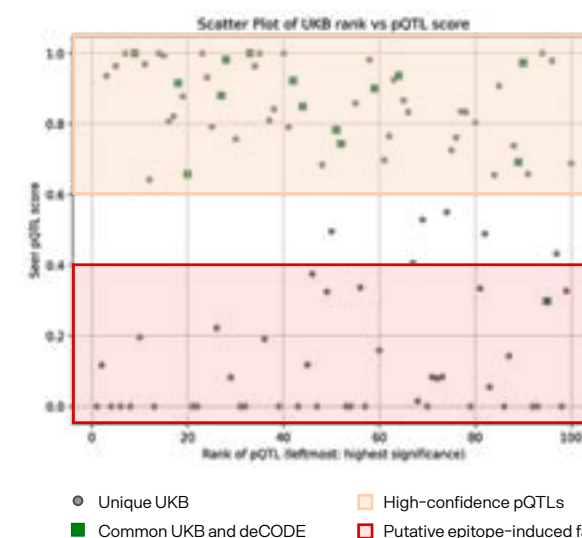
タンパク質発現に影響を与える遺伝子変異を正確に発見する

ペプチドレベルでの解析により、pQTLの正確な検出を可能にします。

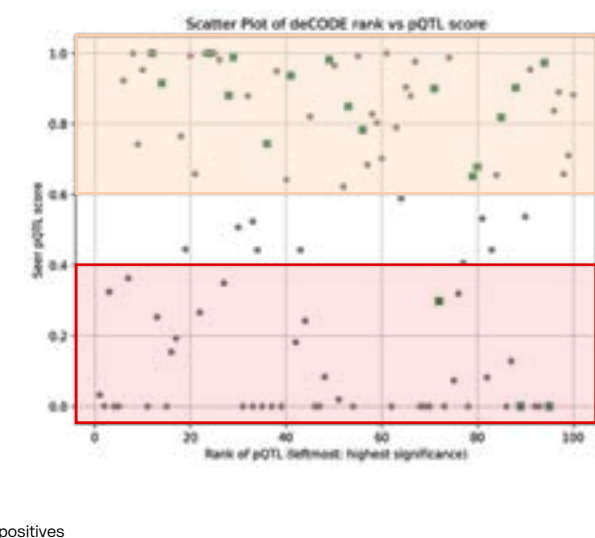
この研究は、深く偏りのないプロテオームデータを用いて、タンパク質発現に影響を与える遺伝的変異 (pQTL: タンパク質発現に関連する遺伝子座) を発見するために実施されました。対象は1,525名のコホート (Harvard、Cornell) で、Proteograph Product Suiteを使用しました。

Seerのデータは、UK BiobankおよびdeCODE Icelandで以前に同定されたpQTLの評価に活用されました。両方のアフィニティ技術で共通して検出されたpQTLは高評価を得ましたが、どちらか一方の技術でのみ検出されたpQTLは、Seerデータによる評価で低いスコアを示しました。これらのどちらか一方にのみ検出されたpQTLは、エピトープ効果による偽陽性の可能性が高いことを示唆しています。

O社で特定された PQTLS



S社で特定された PQTLS



Source: Suhre, K., et al. A genome-wide association study of mass spectrometry proteomics using the Seer Proteograph platform. Nature Genetics



信頼あるパートナーシップ

これまでは、**ターゲット型プロテオミクス解析**に頼らざるを得ませんでした。

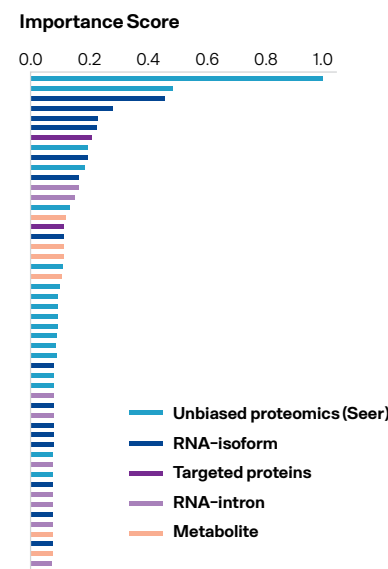
Seerは、ノンターゲットなプロテオミクス解析を可能にする革新的な技術を提供し、研究の新たな可能性を切り開きます。商業・学術研究の両分野で採用され、再現性・精度・スループットを兼ね備えた次世代のソリューションです。

ONCOLOGY



画期的なマルチオミクス研究で
早期肺がんのバイオマーカーを発見

血漿を用いた最大規模のマルチオミクス観察研究の一つとして、PrognomiQは早期肺がん(ステージI)において感度80%、特異度89%という業界最高水準の性能を持つ疾患分類モデルを開発しました。682種類の解析対象から重要度スコアで上位50の特徴には、Proteographによって発見された多数のマーカーが含まれています。これらの発見は、Proteograph Product Suiteが提供する大規模な高深度ノンターゲットプロテオーム解析によって初めて可能になりました。



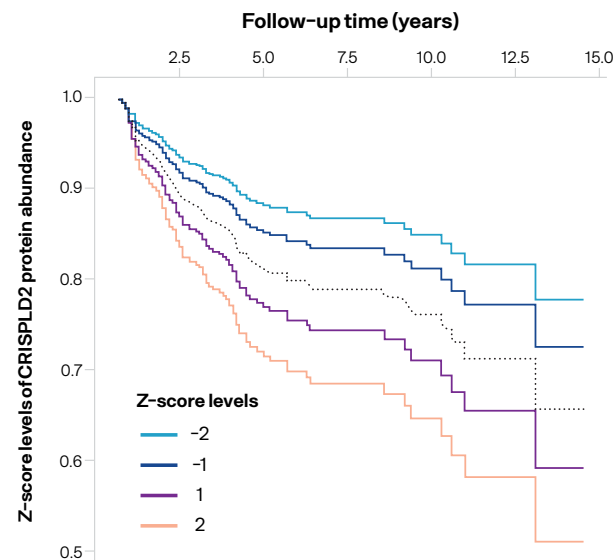
Source: <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/21024.01.03.24300798v1>

NEUROLOGY



アルツハイマー病進行に関連するバイオマーカーを解明

マサチューセッツ州アルツハイマー病研究センターのコホートを対象とした12年間の研究は、報告されている中で最大規模の高深度ノンターゲットプロテオーム解析であり、94種類の新規疾患関連マーカーを明らかにしました。さらに、認知機能低下の進行速度を区別する8つのマーカーを特定し、そのうち6つは従来の高多重アフィニティパネルでは検出できませんでした。8つのマーカーのうち1つは、過剰発現(正のZスコア)で進行が遅く、不足(負のZスコア)で進行が速いことと関連していました。



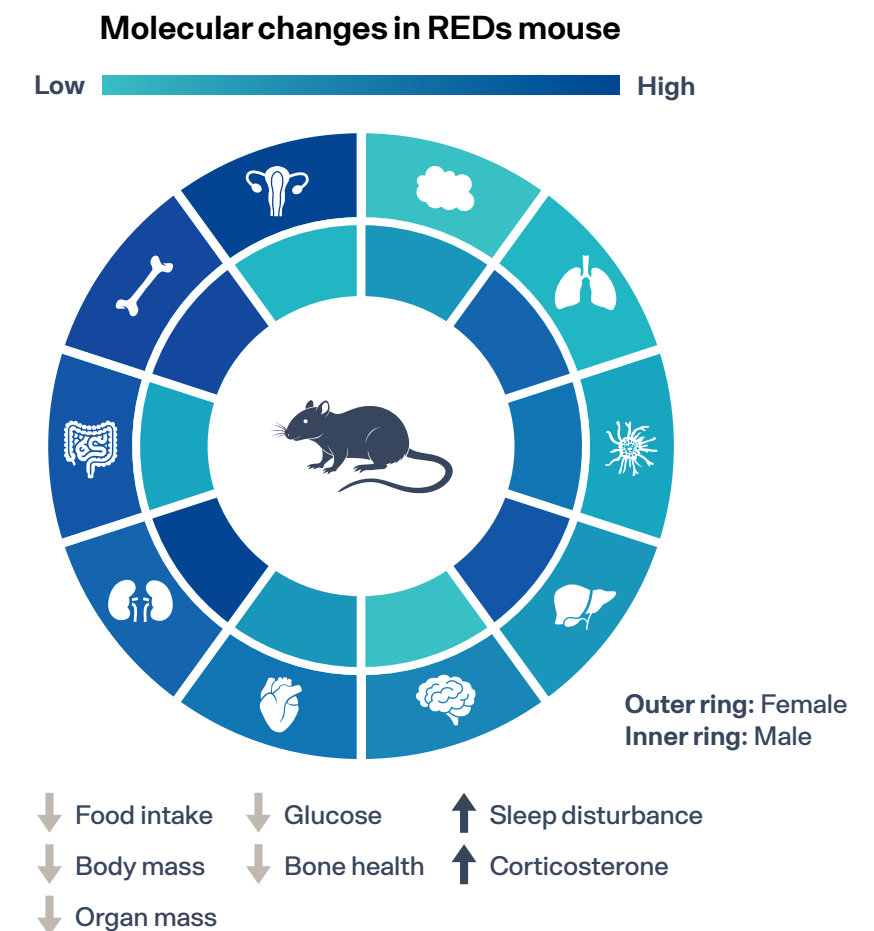
Source: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2024.01.05.574446v1.full>

CARDIOMETABOLICS



スポーツにおける相対的エネルギー不足 (REDs) の分子基盤を解明

Proteograph Produce Suite は、ペプチドレベルの分解能でプロテオームを直接解析し、複数種にわたる包括的な分子情報を提供します。この研究では、分子経路全体への偏りのないアクセスにより、性差に特有のプロテオーム変化、骨・組織の構造変化、代謝、免疫応答タンパク質の変化が明らかになりました。



Source: Van Rosmalen L, Zhu J, et al. Multi-organ transcriptome atlas of a mouse model of relative energy deficiency in sport. Cell Metabolism, Volume 36, Issue 9, 2015–2037.e



プロテオミクスの 未来を切り拓く



Proteograph Product Suite を活用することで、
プロテオームに隠された発見を引き出します。
より多くのプロテオーム情報を明らかにし、
世界に新しい発見をもたらしましょう。

プロテオミクス解析のスタートは驚くほど簡単です

Seerは、ノンターゲットで、高深度、迅速なプロテオミクス解析を大規模に実現します。
Proteograph Product Suiteは、あらゆるプロジェクトの予算や運用ニーズに対応する
複数の利用形態を提供し、研究を加速します。

1

Proteograph Product Suite
を導入

2

Seer認定プロバイダーで
プロジェクトを実行

3

STACサービスで
プロジェクトを実行

Seerは、深層プロテオーム解析を
通じて、研究者がこれまで到達でき
なかった領域を開拓し、革新的な
発見を可能にします。



輸入販売元



本 社 大阪府箕面市船場南三丁目4番17号 箕面千里ビル
〒562-0035 TEL 072(730)6790 FAX 072(730)6798
東 京 支 社 神奈川県横浜市中区新丸子東三丁目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2026年1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。

SE_PO_2601_v2