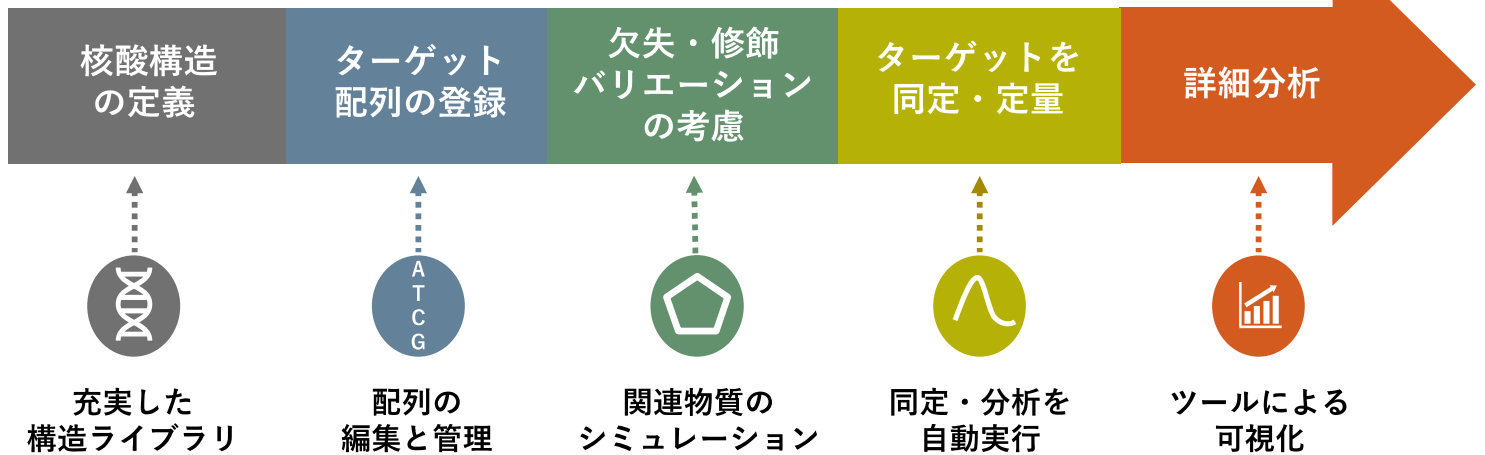




Analyze
and
Quantify
Nucleic Acids

核酸解析プラットフォーム「AQXeNA(アクジーナ)」は
正確かつ効率的な同定・分析を実現
高精度・高スループット・ベンダーフリーなソフトウェア

単一のソフトウェアで解析シーンをトータルにサポート



■ 主な特徴

- ✓ 類を見ない柔軟かつ簡便な核酸構造データベース
- ✓ 核酸フラグメントイオン同定アルゴリズム「Ariadne[※]」を搭載
- ✓ 欠失・修飾・置換を考慮した関連物質を含む包括的な分析が可能
- ✓ ヌクレアーゼ処理による数千塩基の長鎖配列の解析にも対応
- ✓ バブルチャート・群間比較などの可視化ツールによるレポート作成

※H. Nakayama et al., *Nucleic Acids Res.* 2009 Apr;37(6)

マルチベンダの
データフォーマットに対応

- Thermo Fisher Scientific (.RAW)
- Waters (.RAW)
- Sciex (.WIFF)
- Agilent (.D)
- Bruker (.D)
- MzML (.mzML)

デモンストレーション動画公開中

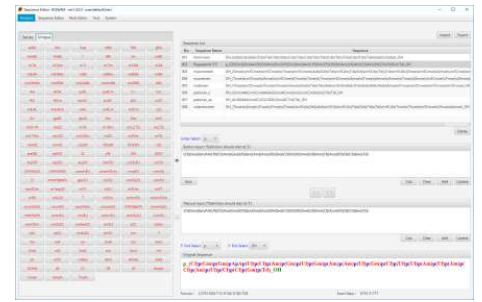


<https://www.mki.co.jp/knowledge/column107.html>

核酸構造
の定義

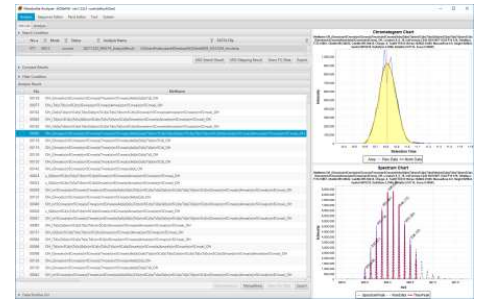
充実した核酸構造ライブラリ

- 核酸医薬に頻用される人工核酸、mRNAキャップ構造とそれらのフラグメントイオンを搭載したデータベース
- ユーザー自身でヌクレオチド・リンカー・5'/3'末端修飾基の各構造を定義し、新規の核酸構造を登録可能
- MS/MSで生じるフラグメントイオンについても、配列や配列からの脱離断片をそれぞれ定義可能

ターゲット
配列の登録

解析対象配列の編集と管理

- 核酸構造ライブラリと連携した天然/人工核酸配列の編集・管理機能
- ユーザーフレンドリーなインターフェースによる簡便な操作性

欠失・修飾
バリエーション
の考慮

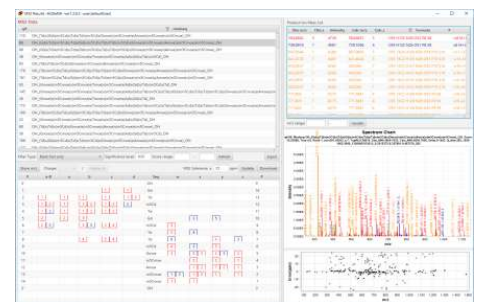
関連物質のシミュレーション

- 配列末端や配列中央での核酸の欠失、ヌクレオチドやリンカーへの修飾や置換を自動で考慮に加え、対象配列から多様な配列をシミュレートして解析結果に反映

ターゲットを
同定・定量

ピークの同定・定量分析を自動実行

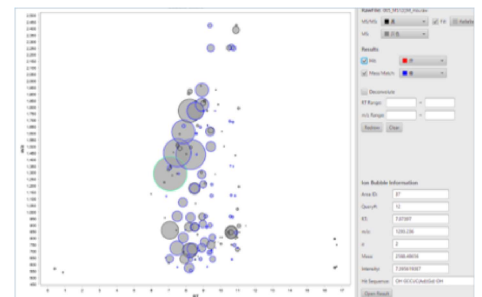
- 同位体クラスターパターンからピークを抽出、核酸関連物質を高精度・高ハイスループットに一括同定・分析
- マスクロマトグラムの波形分離を行い、面積値を元に定量計算を実行
- MS/MSから得られるデータを独自アルゴリズムを用いてデコンボリューションすることにより正確にフラグメントイオンを同定
- 測定MS/MSスペクトルに共溶出している代謝物フラグメントを分離し一致する核酸代謝候補を高速で検索
- 独自のスコアリングアルゴリズムによって同定信頼性の評価も可能
- **ヌクレアーゼで前処理した配列断片のピークを自動で抽出**。得られたMS/MSスペクトルに配列断片をアサインし、配列全長に対してカバレッジを表示することにより、**数千塩基の長鎖配列の解析に対応**




詳細分析

データ可視化ツールによる詳細分析

- ターゲットとなる核酸配列同定後のより詳細な分析が可能
- 同定後のデータと集計した多価イオンを用いたTreat/controlの群間比較
- バブルチャートによるMS/MSスペクトルの解析結果の可視化ツール搭載



※三井情報、MKI及びロゴは三井情報株式会社の商標または登録商標です。※このカタログに記載されているその他の社名・商品名は、各社の商標または登録商標です。

 **三井情報株式会社**

www.mki.co.jp

〒105-6215 東京都港区愛宕2-5-1 愛宕グリーンヒルズMORIタワー

【本製品サービスに関するお問い合わせ先】

DX営業本部DX・バイオ・ヘルスケア営業部

TEL : 03-6376-1291

E-mail : bio-contact-dg@mki.co.jp

20201130_1 MKI