

第68回日本生物工学会大会

サイエックス ランチョンセミナー

日時 9月28日(水) 11:45-12:45

会場 富山国際会議場-ANA クラウンプラザ富山

SCIEIX

QTOFシステムとBioPharmaView™ソフトウェアを使用したバイオ医薬品特性解析例
横山 亮 (サイエックス)

バイオ医薬品の分析では、メジャーなピーク中からマイナーなピークの構造解析や定量解析が求められたため、その複雑性に対応するための広いダイナミックレンジ、定量再現性、データ取得スピードが必要となります。また、膨大なデータをマニュアルで解析をすることは非生産的であり、専門的なノウハウを詰め込んだ専用の解析ソフトウェアが必要となります。今回のセミナーでは、QTOFシステムとBioPharmaView™ソフトウェアを活用したバイオ医薬品の不均質性を解析するワークフローをご紹介します。

招待講演

State-of-the Art Characterization of Biopharmaceuticals Using High Speed and High Resolution Mass Spectrometry

Head of R&D Division and Director of Center for Biomedical Mass Spectrometry,
Diatech Korea Co., Ltd., Seoul, Korea
Je-Hyun Baek

Mass Spectrometry has been increasingly recognizing as a critical tool for structural characterization of biopharmaceuticals such as erythropoietin (EPO), antibody-drug conjugates, and new protein drugs. Full characterization of biopharmaceuticals is essential for the CMC (Chemistry, Manufacturing, and Controls) process in the biologics development. In general, protein characterization is achieved by mass spectrometry and includes various qualitative analyses: intact protein, amino acid sequence, enzymatic peptides, disulfide linkages, carbohydrates, various post translational modifications, and so on. Several applications based on high resolution mass spectrometry is increasingly in high demand owing to their greater reliability, assessment, and safety (e.g. contamination of host-cell proteins) for developing drugs in the CMC process. Here, I would like to introduce good examples of protein characterization, and how it can be completed by high resolution mass spectrometry in advance of clinical trials.

SCIEIX

株式会社エービー・サイエックス

本社: 〒140-0001 東京都品川区北品川4-7-35 御殿山トラストタワー21F
TEL: 0120 (318) 551 FAX: 0120 (318) 040
大阪: 〒531-0072 大阪府大阪市北区豊崎3-19-3 ピアスタワー
<http://www.sciex.jp> Email: jp_sales@sciex.com