

신약 개발을 위한 도구, 연구의 속도를 높인다.

사용이 쉬우면서도 고품질인 생물물리학적 분석도구로 새로운 치료제 개발에 더 가까워지세요.
NanoTemper의 4가지 솔루션이 정확하고 신뢰할 수 있는 데이터를 제공합니다.

Molecular Interaction



Dianthus

고속 스크리닝을 위한 Spectral Shift 기반의
친화도 분석 플랫폼



Monolith

가장 까다로운 상호작용을 분석하거나,
정교한 보완기술이 필요할 때

Protein Characterization



Prometheus

고해상도 안정성 데이터를 통해
최적의 후보 물질 선별



Andromeda X

재조합 단백질에 대해 최적의
발현 수준과 열 안정성을 빠르게 스크리닝

Monolith X

가장 까다로운 상호작용을 분석하거나, 정교한 보완 기술이 필요할 때



Monolith X 활용 방법은 무궁무진합니다.

신뢰할 수 있는 상호 보완적 도구로 활용하여 결합 결과를 검증하세요.

SPR로는 측정하기 어려운 상황에서도 K_d 값을 얻을 수 있습니다.

Monolith X는 소량의 시료만으로도 작동하며, 다양한 분자와 버퍼 조건에서 탁월한 성능을 발휘하기 때문에, 다양한 연구 과제에도 자신 있게 활용할 수 있습니다.

SPR 결과를 고정화 없는 방식으로 검증하세요.

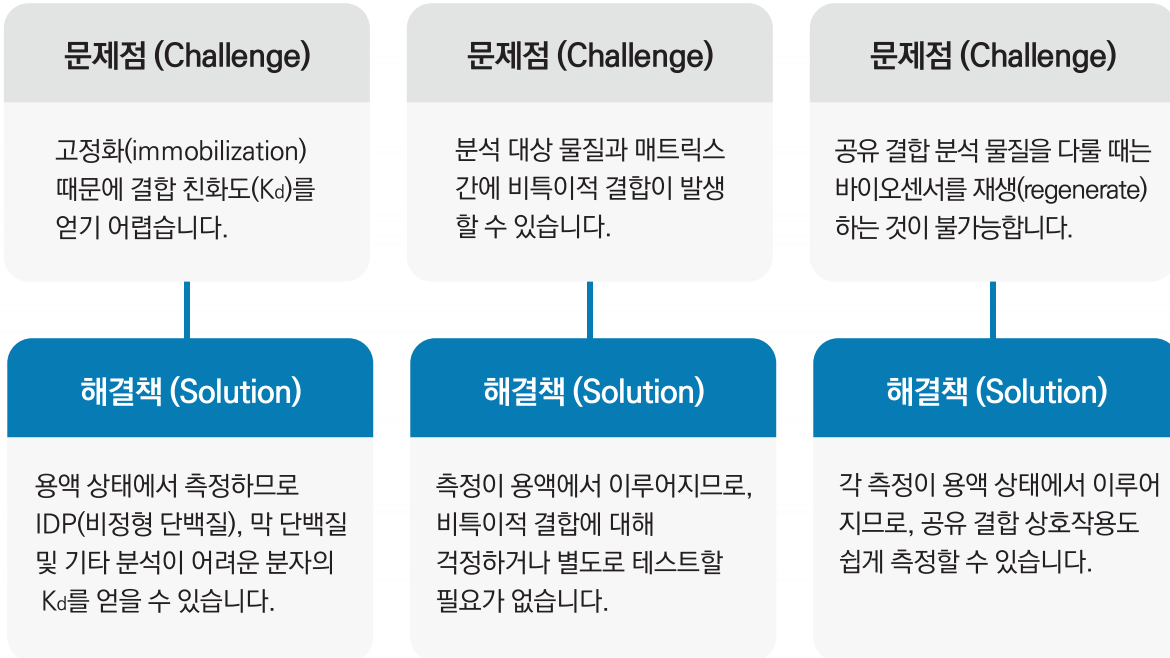
결과가 실제임을 확신하기 위해 하나 이상의 기법으로 결과를 검증하는 것은 일반적인 관행입니다.

Monolith X는 고정화가 필요 없는 측정을 제공하여 SPR 사용자를 위한 완벽한 보조 도구가 됩니다.

이 방식은 고정화로 인한 편향을 제거하고, 결과를 확인하며, 위양성을 식별하거나 1차 분석에서 놓쳤던 결합 파트너를 찾아내는 데 도움을 줍니다.

SPR로 분석하기 어려운 결합 상호작용도 다뤄보세요.

어떤 이유론 SPR로 분석하기 어려운 결합이 있을 때, Monolith X가 도움을 줄 수 있습니다.



다양한 종류의 분자 및 샘플 간의 상호작용을 정밀하게 분석하세요.

Monolith X는 고정화 없이 실험을 빠르고 효율적으로 수행할 수 있어, 거의 모든 종류의 분자와 다양한 버퍼 조건에서도 실험이 가능합니다. 또한, 소량의 샘플만으로 여러 프로젝트를 처리할 수 있어 연구 효율을 높여줍니다.

- **거의 모든 종류의 분자에 대한 결합 친화도 데이터를 얻으세요.**
IDP(비정형 단백질), 막 단백질, 대형 단백질 복합체, PROTAC, 소분자, 이온 등 거의 모든 종류의 분자를 대상으로 실험할 수 있습니다.
- **결합 측정 결과는 질량과 크기에 영향을 받지 않습니다.**
결합 파트너의 크기와 질량 차이에 관계없이 결과를 평가할 수 있습니다.
- **단순한 K_d 이상의 정보를 얻을 수 있습니다.**
stoichiometry* 및 열역학적 파라미터*, 경쟁 분석을 통한 상대적 친화도 평가, cooperativity* 특성화 등을 연구할 수 있습니다.

*오프라인 데이터 처리 필요, Monolith 소프트웨어에서는 지원되지 않습니다.

Monolith X는 완벽하지 않은 샘플에서도 결과를 제공하며, 유지보수가 필요 없고, 숙련된 경험 없이도 사용할 수 있습니다.

분석법 개발 부담 없이 실험할 수 있습니다.

분석법 개발에 시간을 들이지 않고도 높은 품질의 결과를 얻을 수 있으며, 샘플 응집이나 불순물의 영향을 최소화할 수 있습니다.

실험실 누구나 사용할 수 있습니다.

Monolith X는 설치 즉시 사용할 수 있습니다. 소프트웨어가 분석 준비부터 실행까지 단계별로 안내해 주기 때문에 경험이 많지 않아도 누구나 실험을 진행할 수 있습니다.

유지보수 계약은 잊으세요.

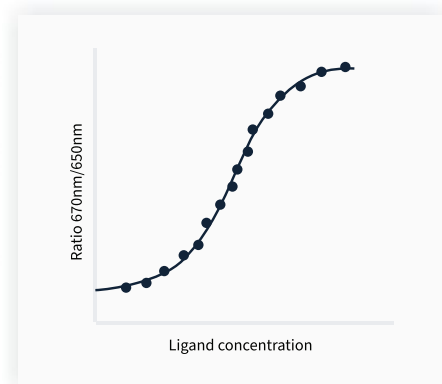
유체 시스템이 없으므로, 분석 사이에 세척이나 플러싱이 필요하지 않습니다. 사용자가 준비되었을 때 언제든지 바로 시작할 수 있습니다.

Spectral Shift 기술로 상호작용을 평가하세요.

Monolith X는 spectral shift 기술을 사용하여 표적과 리간드 사이의 분자 상호작용을 정량적으로 분석합니다. 표적에 형광물질을 표지하면 특정한 형광 방출 스펙트럼이 나타나는데, 리간드가 결합하면, 형광물질의 화학적 환경이 변하여 방출 스펙트럼의 파장이 짧아지거나(blue-shift), 길어지거나 (red-shift) 또는 스펙트럼이 넓어지게 됩니다 (오른쪽 위 그림 참고).

형광 신호는 자동으로 측정되며, 670nm/650nm의 비율이 계산되어 리간드 농도에 따라 그래프로 나타냅니다 (오른쪽 아래 그림 참고).

이 비율 기반 측정값(ratiometric measurement)은 결합 친화도(K_d)를 계산하는 데 사용되며, 별도의 복잡한 데이터 분석 없이도 실험 종료 후 자동으로 K_d 값이 산출됩니다.



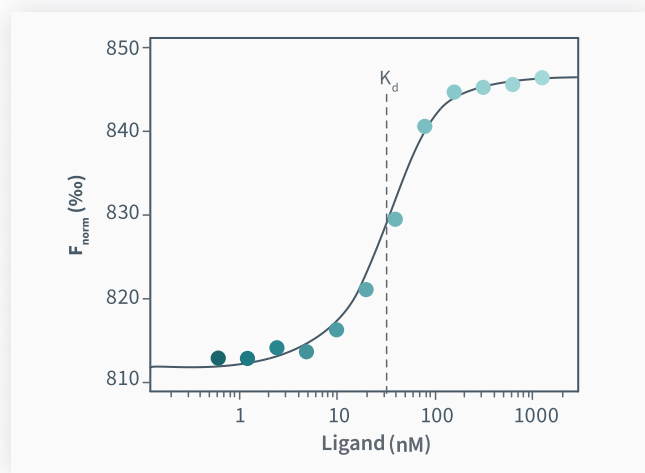
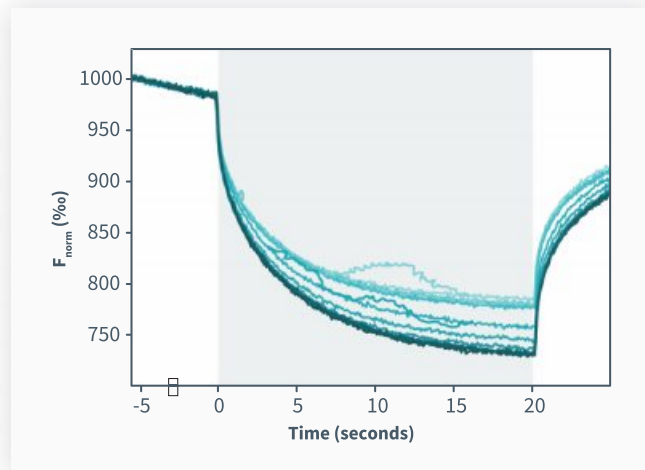
MST 기술을 활용해 응집(aggregation) 현상을 이해하세요.

MST는 샘플 내 응집체의 존재에 민감하며, K_d 이상의 정보를 얻을 수 있는 방법을 제공합니다.

MST와 Spectral Shift를 동일한 장비에서 사용하면 서로를 보완하는 두 가지 측정 방식을 통해 결합 상호작용에 대한 추가적인 정보를 얻을 수 있습니다.

MST로 분자 상호작용을 정량화하기 위해, 먼저 표적 분자에 형광 염료를 표지하고, 이를 리간드와 혼합합니다. 그 다음, 매우 정밀하고 짧은 레이저 유도 온도 변화를 가하면, 리간드가 표적에 결합할 때 발생하는 형광 강도 변화를 증폭시킬 수 있습니다(위 그림).

K_d 는 형광 변화량을 리간드 농도에 따라 그래프로 나타내어 계산합니다(아래 그림).



규격

Time it takes to get a K_d	10 minutes or less (spectral shift + MST)
Dynamic range	nM to mM
Detected molecule range	10^1 - 10^7 Daltons
Minimum sample volume measured	10 μ L
Samples per run	Up to 24
Temperature control	20-40 $^{\circ}$ C \pm 0.5 $^{\circ}$ C (actively controlled)
Fluorescent channels	1 (RED)
Dimensions	36cm W x 40 cm H x 58cm D (71cm D with drawer open)
Weight	27kg

Dianthus

Spectral Shift 기술로 여는 까다로운 친화도 스크리닝의 돌파구



SPR과 ITC에서 자주 발생하는 문제, 이제 걱정하지 마세요.

어떤 스크리닝 프로젝트든, 대부분의 과학자들이 걱정하는 공통적인 문제들을 피하기는 어렵습니다. 하지만 Dianthus를 사용하면 이러한 걱정 없이 연구에만 집중할 수 있습니다.

가장 넓은 범위의 친화도 측정 가능

pM 부터 mM 범위까지, 매우 강한 결합체부터 약한 결합체까지 모두 감지할 수 있습니다.

용액 상에서 분석 - 고정화 불필요

까다로운 타겟을 다룰 때일수록, 본래 상태와 유사한 조건에서 상호작용을 분석하는 것이 이상적입니다. Dianthus는 고정화를 필요로 하지 않으므로, 타겟의 결합 부위에 영향을 주거나 평형 조건을 제어하지 못할 걱정 없이 용액 상에서 측정할 수 있습니다.

소량의 타겟과 화합물만 사용

고가의 시료와 라이브러리 화합물을 절약함으로써 더 많은 스크리닝 캠페인과 프로젝트 수행이 가능합니다.

친화도 스크리닝 캠페인 자동화 가능

다양한 자동화 솔루션과 호환되어 장시간 연속 측정이 가능합니다.

Dianthus는 Hit부터 Lead 최적화까지 믿고 사용할 수 있는 스크리닝 플랫폼입니다.

HIT IDENTIFICATION

진짜 히트를 빠르게 찾는 것은 약물 개발 워크플로우의 효율성을 좌우합니다. Dianthus는 프래그먼트 기반이든 소분자 단일농도 스크리닝이든 상관없이, 히트를 빠르게 찾고 자신 있게 validation 단계로 이동할 수 있게 해줍니다.

LEAD VALIDATION

결합력이 강한 후보와 약한 후보를 분류하느라 시간을 낭비하지 마세요. Dianthus는 해석이 쉬운 친화도 순위표와 히스토그램을 생성하여, 적합한 후보를 빠르게 선별하고 리드 최적화를 신속하게 시작할 수 있도록 도와줍니다.

LEAD OPTIMIZATION

검증이 완료되면 이제는 타겟에 대한 특이성, 선택성, 효능을 향상시켜야 할 때입니다.

Dianthus는 결합친화도가 유지되는지를 확인하는데 사용되며, ADME, 독성, PK/PD 결과와 함께 활용하면 최고의 약물 후보 개발이 가능해집니다.

두 가지 생물물리학적 측정 기술로 성공 가능성을 높이세요.

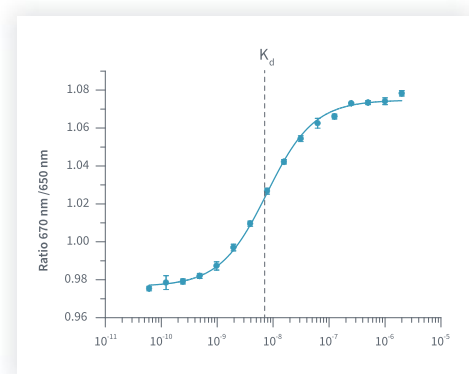
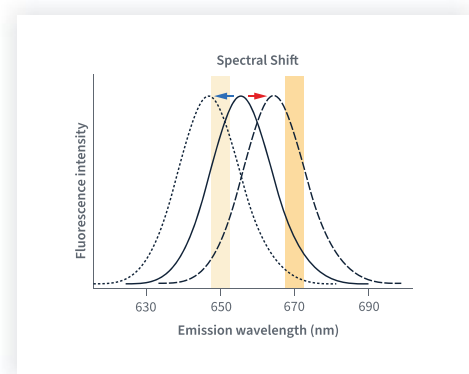
다양한 유형의 분자 간 까다로운 상호작용을 측정하려면, 기존과는 다른 접근 방식이 필요한 경우가 있습니다. 하나의 장비에서 두 가지 측정 방식을 함께 사용할 수 있다면, 실험에서 마주치는 모든 상호작용 유형을 보다 효과적으로 다룰 수 있습니다.

Dianthus는 Spectral Shift를 사용하는 최초의 친화도 스크리닝 플랫폼입니다.

Dianthus는 Spectral Shift를 활용해 친화도 상수(K_d)를 도출하는 최초의 플랫폼입니다.

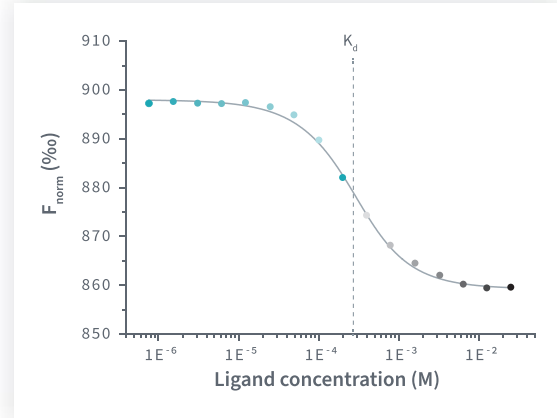
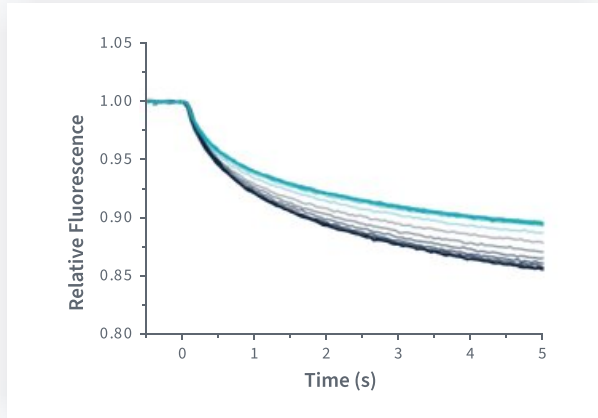
과정은 매우 간단합니다. 결합 파트너 중 하나에 형광 염료를 표지한 후, 이를 리간드의 희석 시리즈와 혼합합니다. 이 혼합물을 590nm에서 여기하면 결합이 일어날 경우 스펙트럼의 파장이 짧은 방향(블루) 또는 긴 방향(레드)으로 이동합니다. 스펙트럼 이동의 검출은 등온 환경에서 650nm와 670nm의 두 파장을 정확히 동시에 검출함으로써 이루어 집니다. 이러한 방식 덕분에 Dianthus는 매우 정밀하며, 아주 미세한 변화까지 감지할 수 있습니다.

이후 두 파장에서의 형광 세기 비율을 리간드 농도에 따라 그래프로 나타내어 K_d 를 계산합니다.



Spectral Shift를 보완하는 10년 이상 검증된 기술 TRIC을 함께 사용하세요.

TRIC 방식에서는 타깃 분자에 형광 염료를 표지하고 이를 리간드와 혼합한 뒤, 레이저를 이용해 매우 짧고 정밀한 온도 변화를 가합니다. 이 변화는 리간드가 타깃에 결합할 때 형광 강도에 생기는 변화를 증폭시킵니다. 그 결과, 형광 변화량을 리간드 농도에 따라 그래프로 나타내어 K_d 를 계산할 수 있습니다.



규격

Biophysical modalities	Spectral Shift and TRIC
Format	384-well plate (barcoded and sealable)
Affinity range	pM to mM
Data points per run	Up to 384
Run time for 384 data points	33 minutes (Spectral Shift) 79 minutes (Spectral Shift + TRIC)
Time it takes to get a K_d 12-point dilution series	60 seconds (Spectral Shift) 132 seconds (Spectral Shift + TRIC)
Sample volume/well	20 μ L
Molecular weight range	10 ¹ -10 ⁷ Da
Temperature control	20-25°C +/- 0.5°C (actively controlled)
Dimensions	61cm W x 42cm H x 57cm D
Weight	70kg
Automation	Able to integrate with liquid handlers and robotics
Compounds tested in 24 h (single dose, in duplicate, plate feeder)	7400
K_d s measured in 24 h (12-point dilution series, plate feeder)	1350

Prometheus Panta

DLS·SLS 기반, 까다로운 안정성 분석을 위한 새로운 표준



Prometheus Panta는 열 변성, 입자 크기 분석, 응집분석을 통합하여 후보 물질의 특성을 정밀하게 분석합니다.

다른 기술들이 놓칠 수 있는 약물 후보의 취약점을 고해상도 데이터로 확인하세요. 정말 중요한 순간에, 열 변성 과정에서의 작은 차이나 미묘한 변화를 감지할 수 있는 적절한 기술을 갖추는 것은 큰 차이를 만듭니다. 다음 단계에서 중요한 결정을 내려야하는 팀이 믿고 활용할 수 있도록, 신뢰도 높은 결과를 자신있게 전달할 수 있습니다.

열 변성, 입자 크기, 응집 특성을 온도 상승 과정 전반에 걸쳐 동시에 측정함으로써 도메인 수준의 안정성 정보를 얻으세요.

온도 변화 전과정에서 수집한 입자 크기, 열 변성, 응집 데이터 간의 상관관계를 분석함으로써, 후보 물질의 안정성을 도메인 수준에서 새롭고 깊이 이해할 수 있습니다.

유연한 처리량과 다양한 샘플 처리 옵션을 갖춘 장비를 선택하세요.

단 몇 개의 후보 물질이든, 수십 개이든 프로젝트 규모에 상관없이 대응할 수 있습니다.

바이오의약품 워크플로우 전반에 걸쳐 중요한 특성을 모니터링하세요.

후보 물질은 최종 제품이 되기까지 긴 여정과 복잡한 단계를 거칩니다. 이 과정 전반에 걸쳐 동일한 장비를 사용하면, 팀이나 사이트 간에 구조적 안정성 및 콜로이드 안정성 데이터를 비교할 때 일관성을 확보할 수 있습니다.

후보 물질을 선별하거나, 엔지니어링하거나 변형하는 초기 단계부터 제형 개발, 생산, 검증 과정 전반에 걸쳐 Prometheus Panta로 멀티파라미터 특성 분석을 시작하고, 지속적으로 비교하세요.

● 개발 가능성 평가 (Developability)

- 응집 경향성 평가
- 자가 및 비특이적 상호작용 확인
- 구조 안정성(열 안정성) 특성화

● 항체 엔지니어링 및 안정성 향상 (Antibody engineering & stability enhancement)

- 응집 경향성 평가
- 자가 및 비특이적 상호작용 확인
- 구조 안정성(열 안정성) 특성화

● 다운스트림 공정 개발 (Downstream process development)

- 공정의 스케일업 및 최적화 과정에서 구조적 안정성 및 응집 경향, 입자 크기 분포 측정

● 초기제형 및 제형 개발 (Pre-formulation & formulation)

- 구조 안정성(열 안정성) 특성화
- 응집 경향성 평가
- 완충액 및 보조제 스크리닝 및 호환성 분석 (녹는 점 스캔, 입자 크기, 크기 분포, 응집 경향성 측정 포함)

● 임상시험용 신약 (IND) 및 신약 허가 신청 (NDA)

- 채용해, 희석, 혼합 전후 시점에서 열 안정성과 입자 크기 분석
- 강제 분해 시험 및 광안정성 시험에서 열 안정성과 입자 크기 분석

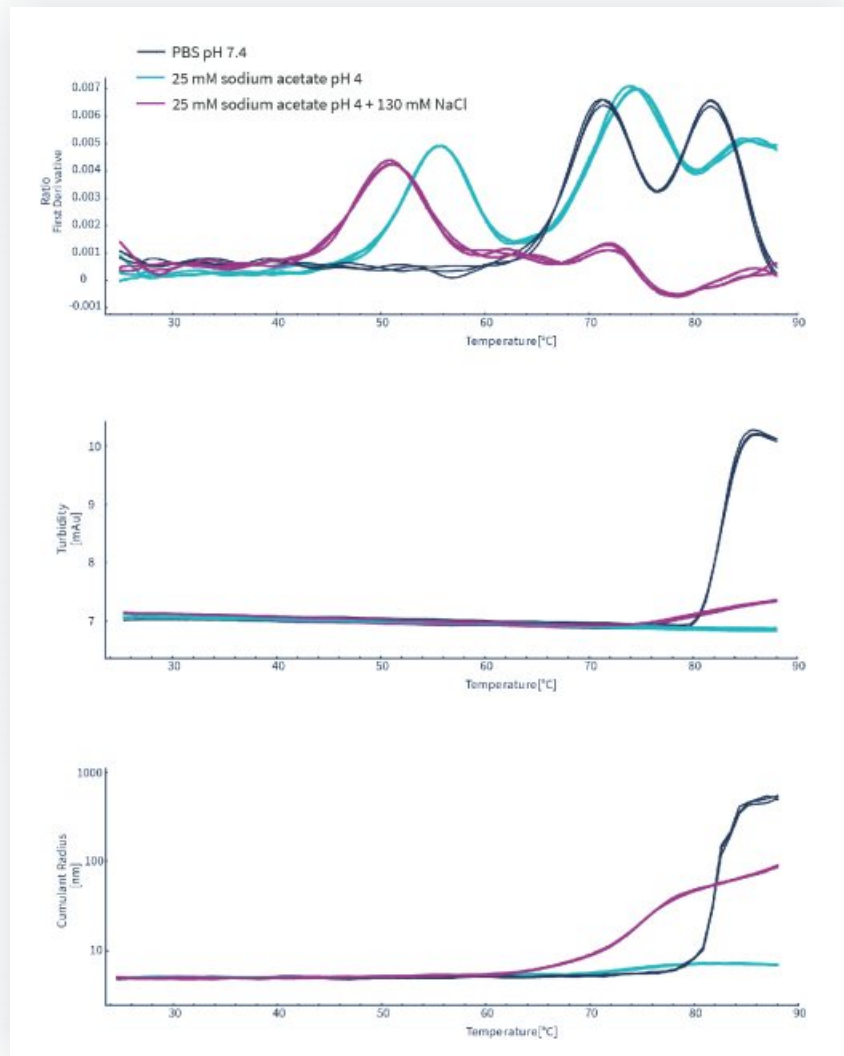
● 동등성 평가 (Comparability assessment)

- 넓은 농도 범위 및 가속 스트레스 조건 포함하여 구조 안정성 분석
- 입자 크기 분포 측정

동시 측정으로 더 효율적으로 작업하고, 명확하고 활용 가능한 결과를 더 빨리 공유하세요.

여러 파라미터를 측정해야 할 때, 명확하고 바로 활용 가능한 결과를 제공하는 것은 훨씬 더 복잡해집니다. 마감 기한이 촉박하고 동료들이 신뢰할 수 있는 결과를 기다리고 있다면, 압박감을 느끼지 않을 수 없습니다. Prometheus Panta를 사용하면, 온도 상승 동안 T_m , $T_{turbidity}$, r_H 등 여러 파라미터를 동시에 측정함으로써 업무 효율성을 높일 수 있습니다. 그 결과, 동료들에게 더 빠르게 명확하고 활용 가능한 안정성 결과를 제공할 수 있습니다.

세 가지 다른 버퍼 조건에서 Herceptin을 대상으로 온도 상승 과정 전반에서 nanoDSF, backreflection, SLS, DLS 데이터를 동시에 수집하여 안정성 정보를 정밀하게 분석할 수 있습니다.



규격

Sample handling format	Capillaries or capillary chip
Throughput in one run	Up to 48 capillaries or 24 in capillary chip
Sample volume	10 μ L
Temperature range	15 – 95°C
Heating rate range	0.1 – 7°C/min
Precision of 1°C/min thermal ramp	\pm 0.1°C
Dimensions	35cm W x 51cm H x 52cm D
Weight	35kg

nanoDSF

Measurement parameters	Ratio : T_{onset} , T_m , E_a , reversibility of unfolding 330nm, 350nm : T_m Excitation : 280nm
Concentration range	5 μ g/mL – 250mg/mL
Inflection point precision @ 75°C	\pm 0.1°C
Ratio precision/reproducibility	0.008

DLS

Measurement parameters	$T_{scattering}$, T_{size} , r_H , PDI, k_D
Laser wavelength	405nm \pm 5nm
Concentration range	0.5 mg/mL for a 15 kDa protein, up to 40% w/v
Size resolution	Down to 0.5nm – 2 μ m

SLS

Measurement parameters	Molecular weight, B_{22} , $T_{scattering}$, average scattering intensity
Measurement accuracy	\leq 10% molecular weight

Backreflection

Measurement parameters	$T_{turbidity}$
Size resolution	Larger than 12.5nm radius

Andromeda X

가장 까다로운 재조합 단백질에 대해 최적의 발현 수준과 열 안정성을 빠르게 스크리닝하세요.

Andromeda X는 단백질 생산 팀의 효율을 높여줍니다.

정제 없이 빠르게, 더 많은 발현 조건을 스크리닝하세요. 최대 48개의 crude lysate 샘플을 30분 이내에 분석 할 수 있습니다.

기존 워크플로우에서는 SDS-PAGE, SEC, 또는 FSEC과 같은 여러 방법을 병행해 발현 및 추출 조건을 확인했지만, 이들은 시간이 많이 걸리고 처리량이 낮습니다. Andromeda X는 이러한 기존 방식 대신 더 빠르고 효율적인 대안입니다.

단일 분석으로 발현 수준과 단백질 여부를 동시에 확인할 수 있습니다.

열 안정성을 측정하려면 보통 단백질을 정제하거나, crude lysate에서는 처리량이 낮고 번거로운 FSEC-TS를 수행해야 합니다. Andromeda X는 crude lysate 상태에서도 충분한 발현량과 올바른 접힘 상태를 모두 충족하는 조건을 쉽게 선별할 수 있습니다. 단백질의 안정성을 더 이른 시점에 확인할 수 있어, 조건을 다시 스크리닝할 필요가 줄어듭니다.

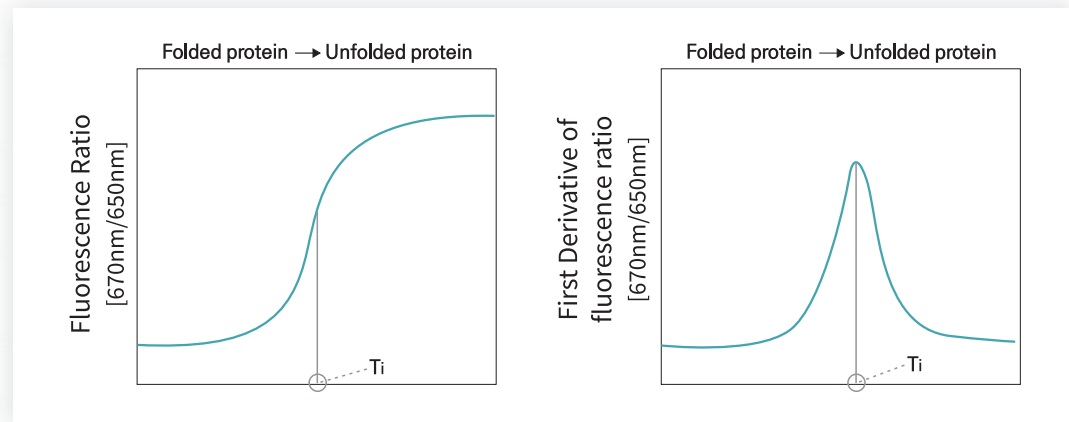
정제 전에 thermal shift assay로 단백질의 결합 활성을 평가할 수 있습니다.

결합 분석 실험용 단백질을 생산할 때는, 충분한 양의 구조적으로 안정된 단백질이 요구됩니다. Andromeda X는 소규모 발현 단계에서, crude lysate 에 리간드를 첨가하여 단백질 열 안정성을 빠르게 평가할 수 있습니다.



고감도 Spectral Shift 광학 기술이 lysate 내 타깃 단백질을 선택적으로 감지합니다.

단순히, 관심 있는 단백질이 포함된 lysate에 Nanotemper RED 형광 라벨만 간단히 섞어주세요. 라벨링 키트는 His-tag 또는 biotinylated site specific 등 다양한 옵션을 제공합니다. 단백질이 라벨링되면, 온도 상승 동안 형광 특성을 모니터링하여 단백질 변성 및 발현 수준을 확인할 수 있습니다.



● 비용 절감 효과

- 스케일업이나 정제 없이도 소규모 단계에서 발현 조건 최적화

● 고객에게 더 짧은 납기 시간 제공

- 여러 발현 조건을 동시에 모니터링하여 정제 단계까지의 시간을 단축

● 고비용 스케일업이나 정제 전에 깊이 있는 정보를 미리 확보

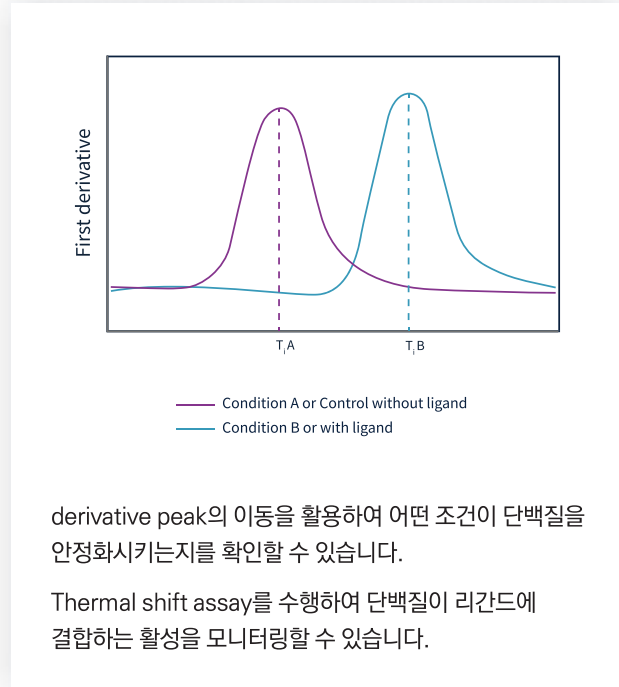
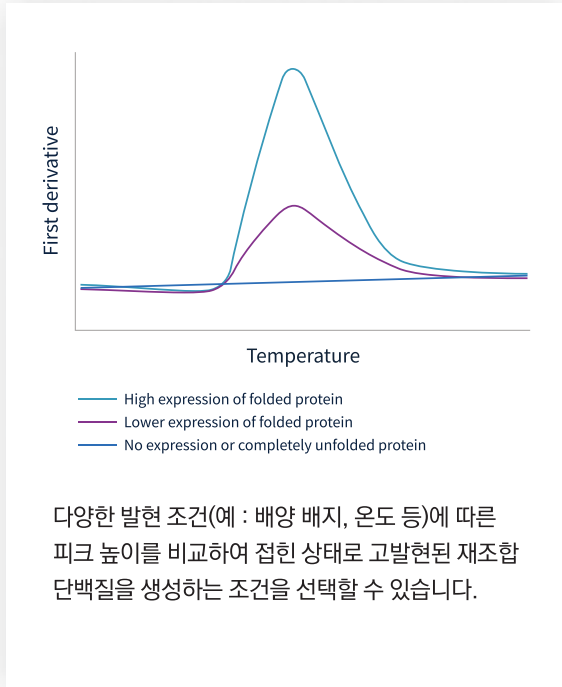
- 발현 수준뿐만 아니라 안정성 정보까지 동시에 확보

● 고객 서비스 차별화

- 단백질 분석 서비스 업체들 사이에서 최고의 선택지로 자리잡을 수 있음

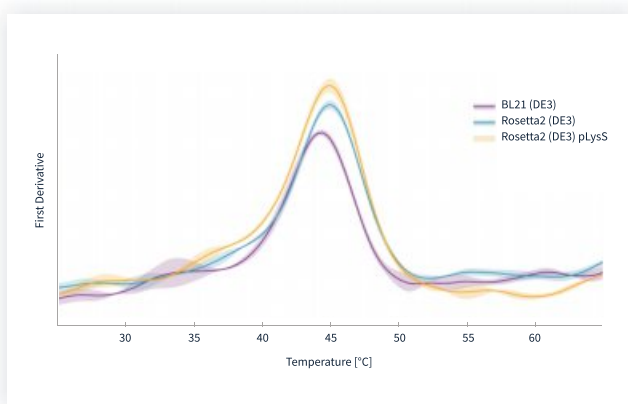
발현 수준, 열 안정성, 리간드 결합 정보 확인

Andromeda X는 열 변성을 활용하여 단백질의 안정성을 보장할 수 있는 발현 조건을 선택하도록 도와줍니다. 수집한 데이터는 재조합 단백질에 대한 다양한 정보를 제공합니다. 아래는 데이터가 어떻게 보이는지, 그리고 이 데이터를 활용해 안정적이고 기능적인 단백질을 생산할 수 있는 조건을 찾는 방법을 보여줍니다.



최적의 숙주(host) 스크리닝

단백질을 원래의 숙주가 아닌 다른 생물에서 발현할 경우 여러 가지 문제가 발생할 수 있습니다. 예를 들어, 유전자 조작된 E. coli 균주는 독성 문제나 낮은 번역 효율을 극복할 수 있도록 개선된 기능을 가지고 있습니다. 이 실험에서는 His-tag이 부착된 HRV3C 단백질을 세 가지 E. coli 균주에 발현시킨 후, 정제된 lysates를 Andromeda로 분석하여 가장 안정적으로 접힌 단백질을 고발현한 숙주를 확인했습니다.



1차 미분 곡선(derivative traces)은 각 균주에서 접힌 단백질의 수율 차이를 보여주며, Rosetta2 (DE3) pLysS 균주가 가장 높은 수준으로 안정적인 His-tagged HRV3C를 발현했음을 나타냅니다.

변성 곡선(unfolding profile)은 최소 3회 이상 반복(technical replicate)의 평균값을 나타냅니다.

음영 처리된 영역은 모든 반복 간의 표준 편차를 의미합니다.

규격

Sample volume	10 μ L	
Sample handling format	Individual Capillaries	Capillary Chip
Samples analysed per run	Up to 48 in single capillarie	24 in capillary chip
Temperature range	15 – 95 °C	
Heating rate range	0.1 – 7.0 °C/min	
Time per experiment (48 samples measured from 20–95 °C at 7.0 °C/min heating rate)	<11 minutes	
Fluorescent channel	RED Spectral Shift (650 nm and 670 nm)	
AN.Control Software Design, set up, and run experiments with ease	Included	
AN.Stability Analysis Software Perform advanced data analysis across runs, merge replicates, and get instant statistics	Included	
Dimensions	35 cm W x 51 cm H x 52 cm D	
Weight	30 kg	



주식회사 오믹스파트너

서울특별시 금천구 벚꽃로 244, 1313호 (가산동, 벽산디지털밸리 5차)

TEL : 02.6954.0953 FAX : 070.7507.7506 E-Mail : omicspartner@omicspartner.com