

2021年7月19日

キーワードまたはキーフレーズ：

抗体スクリーニング、抗体発見、抗体医薬、
ナノボディスクリーニング、抗体特性解析、
フローサイトメトリー

抗体のスクリーニングと特性解析を加速し、 生物学的洞察を深めるための 高度フローサイトメトリーの使用

John O'Rourke¹, Nicola Bevan², Mark Carter¹

¹ Sartorius, Albuquerque, United States

² Sartorius, Hertfordshire, United Kingdom

要約

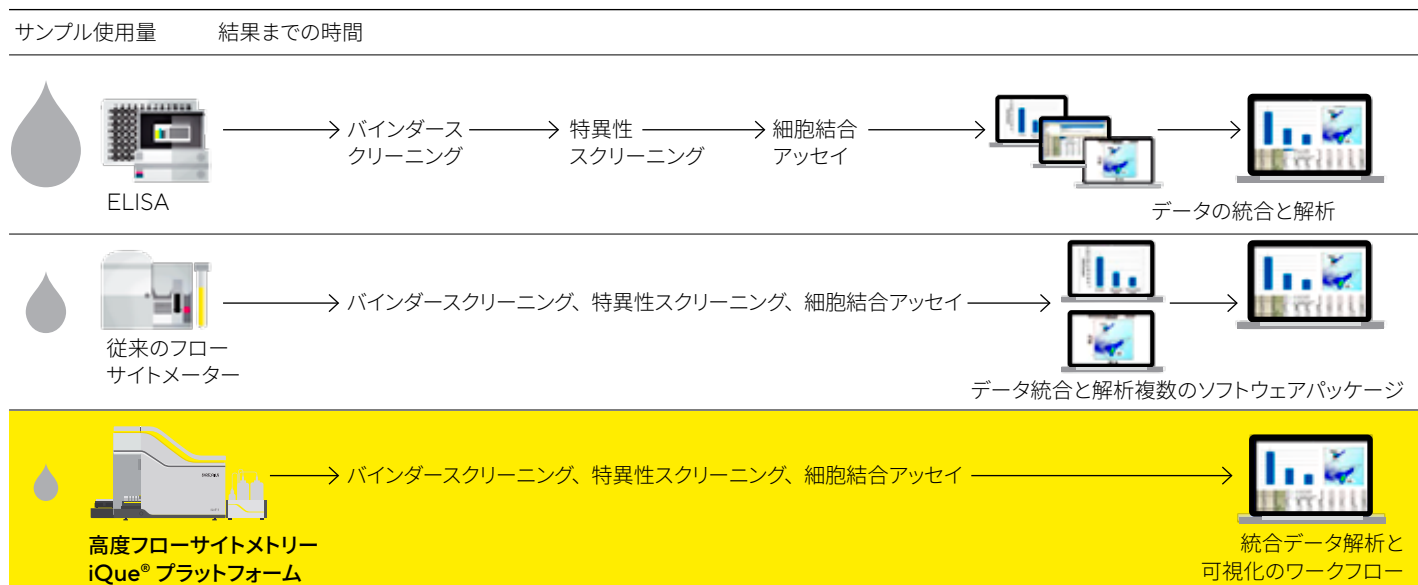
フローサイトメトリーは、複数の細胞型について複数のパラメーターを同時に調べることが可能であり、抗体発見ワークフローにおいて中心的役割を担ってきました。フローサイトメトリーのマルチプレックス機能には従来のELISAアッセイにはない利点がありますが、ロースループットであるため実用的な結果が得られるまでの時間を重視するバイオ医薬品分野での使用は厳しいことが分かっています。

従来のフローサイトメトリーとは対照的に、iQue® 高度フローサイトメトリープラットフォームはハイスループットの大規模スクリーニング用に特化してデザインされています。特許取得済み技術により迅速なデータ取得と強力な解析ソフトウェアを統合することで、これまでにないスピードと明確さでデータが得られるマルチプレックスアッセイが実現します (図1)。

- 細胞とビーズを1回の実験で同時に分離できるため、セルベース解析と同時に分泌タンパク質の定量を行うことができます。
- マルチプレックス機能によりスクリーニングワークフローが不要になり、複数のアッセイとプラットフォームを1つのシステムで置き換えることができます。
- 少量のサンプルで実験を実施できるため、貴重な材料を追加のダウンストリームアプリケーションのために取っておくことができます。
- 自動システムと接続することで連続プレートローディングが可能です。
- テンプレートを用いる自動iQue Forecyt® 解析ソフトウェアと動的データ可視化ツールにより、非常に複雑なデータセットからでも結果までの時間をさらに短縮できます。

このホワイトペーパーでは、3つのバイオ製薬会社によるハイブリッドの抗体スクリーニングと抗体特性解析でのiQue® 高度フローサイトメトリープラットフォームの使用についてご紹介します。

図1



注記：ELISA、従来のフローサイトメーター、およびザルトリウスiQue® 高度フローサイトメトリープラットフォームを用いた一般的なバイオ医薬品ワークフローにおけるサンプル使用量と結果までの時間の比較。

ハイブリッドマベースの抗体発見

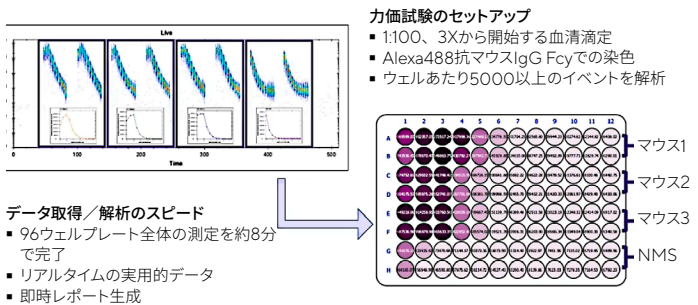
抗体が効果的ながん治療となるためには、腫瘍細胞の除去に貢献するものでなければなりません。これを達成するために、多くの治療法で抗体媒介性の細胞死が利用されています。抗体が細胞死を誘発するメカニズムにはいくつかあり、例えば細胞表面抗原の直接標的化、受容体遮断、細胞傷害性薬物の標的送達、抗体依存性細胞傷害（ADCC）、抗体依存性細胞貪食（ADCP）などがあります。その作用機序にかかわらず、発見ワークフローにおいて早い段階で腫瘍細胞の死滅を開始できる抗体を特定できるということは、腫瘍学分野で成功を収める上で欠かせません。

以下に記載する発見戦略は、細胞表面糖タンパク質に結合するリード抗体候補を生み出すためにバイオ製薬会社が設計したものです。目的の抗体特性には、高い結合特異性、カニクイザルタンパク質への交差反応性、およびアポトーシス誘導能が含まれました。マウス交差反応性はおまけと見なされていましたが、相同性が低い（約60%）ため困難となる可能性がありました。

幅広いエピトープ抗原カバレッジで測定する抗原多様性が向上した遺伝子改変マウスモデルを用いるハイブリッドマベースのアプローチが利用されました。iQue® 高度フローサイトメトリープラットフォームを用いて、マウスで発生する免疫反応を評価しました。このプラットフォームでは、96ウェルプレート全体を約8分で解析することができ、結果はリアルタイムで可視化されました。

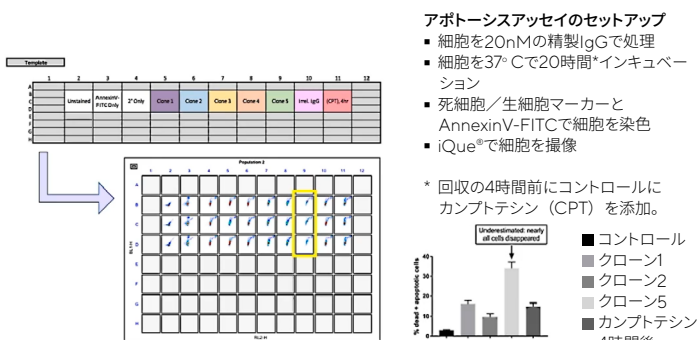
図2は、経時的に結合しない抗体を用いたリアルタイム解析の例です。代わりに血清滴定でEC₅₀を測定しました。このデータを見る別の方法がヒートマップ形式です。iQue® ソフトウェアではデータ取得完了後にヒートマップが作成されます。ヒートマップに重ね合わされた生データ値は、さらなる解析のために直接CSVファイルにエクスポートできます。また別の方法として、iQue Forecyt® ソフトウェアを使ってデータをプロットしてEC₅₀ 曲線などのタイター結果のグラフ表示を作成できます。データ表示の最終形式にかかわらず、iQue® プラットフォームではさらに迅速な意思決定が可能になるため、細胞表面スクリーニングを行う抗体発見ワークフローを前進させる役に立ちます。

図2：
iQue® プラットフォームによる抗体結合の解析とヒートマップ



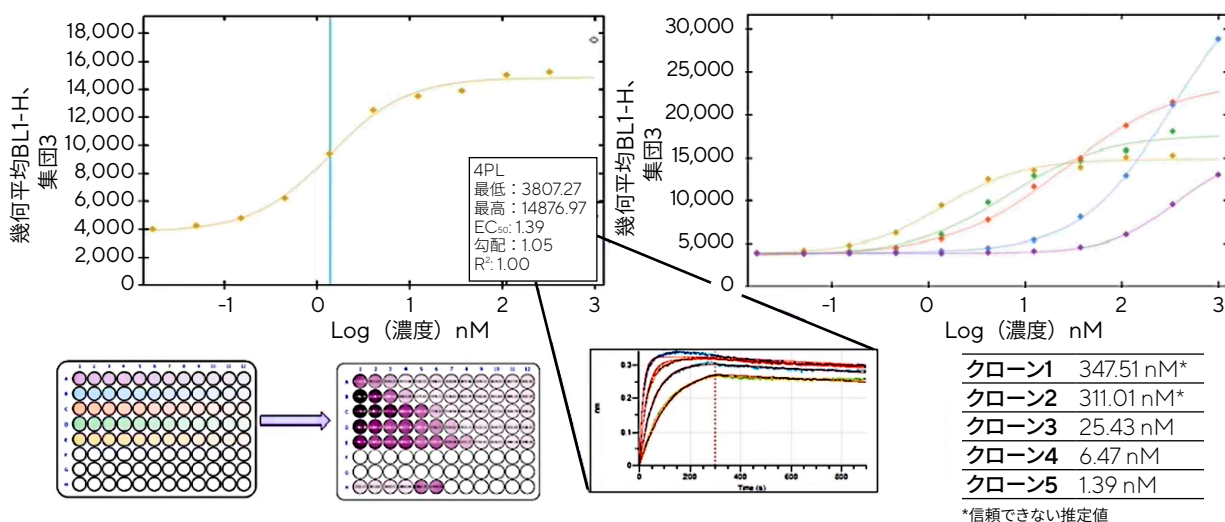
この発見戦略の一環として、iQue® プラットフォームは一部の医薬品候補の機能的特性解析にも使用されました。アポトーシスアッセイの概要は図3で説明しています。

図3：
アポトーシスアッセイの概要とプレートベースの結果ビュー



プレートビューでは、Y軸はAnnexin V FITC染色、X軸は生細胞/死細胞色素での染色を示します。集団全体の上方向へのシフトは細胞でアポトーシスが発生していることを示し、右側へのシフトは死細胞を示しています。

図4：
細胞表面の見かけの K_D のスクリーニング



結果の要約は棒グラフで示しており、3つの代表的なクローン、同位体コントロール、およびアポトーシス誘発抗がん剤カプトテシンが含まれています。中でもクローン5は、抗がん剤コントロールと比べて、死細胞とアポトーシス細胞の明らかな増加で際立っています。このクローンには、「過小評価：ほぼすべての細胞が消滅した」という注釈が付けられています。このことは、プレートベースの要約結果でも視覚的に強調されており、黄色のハイライトが付けられています。

解析するイベント数が決まっている従来のフローサイトメーターとは異なり、iQue® プラットフォームは、プレート上の各ウェルから特定量のサンプルを採取する設定時間 (SIP 時間) に応じて動作します。ウェルあたり同数の細胞がプレATINGされたという前提で、各ウェルでほぼ同じ数のイベントをキャプチャします。この研究では、設定数の細胞が各ウェルに割り当てられ、対応するIgGサンプルで処理されました。翌日、サンプルは全体として一緒に取り扱われ、各ウェルで同じ設定SIP時間を用いてサンプリングされました。クローン5と共にインキュベーションされた3つのサンプルを除くすべてのサンプルに関して、ほぼ同数のイベントが収集されました。クローン5が入っているこの3つのウェルでは分析のイベント数が目に見えて低下していることから、細胞が20時間のインキュベーションの過程でアポトーシスや細胞死へと進行した可能性が示唆されました。これらの知見の原因をさらに解明するには、複数回の濃縮やインキュベーション時間を含む追加解析が必要になります。

アポトーシス解析に加えて、iQue® プラットフォームを用いて目的の上位5つの各候補に関して細胞表面の見かけの K_D を測定しました (図4)。既知の抗体濃度を用いて一連の滴定を実施した後、iQue Forecyt® ソフトウェアに入力し、そこでイベントが収集され、非線形回帰アルゴリズムが実施されて K_D 50応答測定値が決定されました。

わずか数秒で、ソフトウェアは推定 K_D 値を出力しました。Sartorius Octet® システムで測定したこのクローンの推定 K_D 値は、細胞表面の見かけの K_D 解析で測定されたものとはほぼ同じでした。これらの結果は図4の一番下に示しています。予想どおりではあるものの残念なことに、すべてのクローンにおいてOctet® で測定した K_D と細胞表面の見かけの K_D による K_D 測定値で同等のものが認められたわけではありませんでした。これは、組換えタンパク質への結合と細胞表面で発現したタンパク質への結合との間には違いが確認されていたことを考えると、当然のことです。

残りのクローンも、細胞表面の見かけの K_D を用いて解析され、得られた滴定曲線は図4の右側に示しています。グラフの下には、iQue® から戻された実際の K_D 測定値を示しています。分析された上位5クローンのうち2つは、標的の近傍に

対して非常に低い親和性を発揮しているようであり、最高濃度（1マイクロモル）では不飽和プロファイルが確認されました。

発見プロセスの初期段階で特異性や機能などの生物学的特性を試験できる能力は、リード候補の発見を円滑に改善する役に立ち、最終的にはより良い臨床候補が得られます。最も有望な抗体候補を特定するには、ハイスループットスクリーニングと関連するダウンストリーム構成をできるだけ早い時期に取り入れることが不可欠です。この研究で示されるように、高度フローサイトメトリーはこのトリアージプロセスに対処する有益な方法です。このバイオ製薬会社は、iQue® 高度フローサイトメーターを使用することで、標的に対する1桁のナノモルレベルの親和性でアポトーシス誘導能を発揮できるリード治療薬候補を特定することができました。

ナノボディスクリーニングと特性解析のマルチプレックス

この研究は、あるバイオテクノロジー企業が重鎖抗体の単一可変領域であるラクダナノボディのスクリーニングと特性解析のためにiQue® プラットフォームを使用した例です。ナノボディには、治療薬として使用する上でいくつかの利点があり、例えば難しい標的をブロックできること、複数の経路を介した送達、数時間から数週間への半減期のカスタマイズ、および製造が容易であることなどです。

ナノボディ発見ワークフローは、合成ライブラリーまたは免疫化ラクダから始まり、一次結合、機能スクリーニングアッセイ、および特性解析と力価の最適化のためにハイスループットのiQue® フローサイトメーターを取り入れています。

近年、このバイオテクノロジー企業では、使用しているアプローチを、スループットを大幅に高めることができる抗体発見ワークフローへと進化させました（表1）。この企業で元々使用されていた一般的な結合プロトコールでは、標的を発現する細胞をナノボディと混合し、その混合物をインキュベーションして未結合のナノボディを洗い流すことが必要でした。続いて、マウス抗タグ抗体が添加され、インキュベーションと

洗浄の後に、標識した抗マウス抗体と共にインキュベーションして洗浄されました。このワークフローの一番のネックは、新鮮細胞を使用することでした。実験当日には、分析のために大量の細胞が必要でした。2009年、この企業は、96ウェルプレートで20分で処理でき、1日合計8枚のプレートに対応できるプレートアタッチメントを備えた蛍光活性化セルソーティング（FACS）システムを購入しました。2014年には、さまざまな色素を用いるマルチプレックスアッセイを開発しており、このアッセイでは新鮮細胞と凍結細胞を使用でき、スループットが1日384データ点から2304に増加しました。

iQue® プラットフォームを採用したことで、データ解析用のiQue Forecyt® ソフトウェアを併用した場合、ウェルあたり5つの細胞株でスループットはさらに96ウェルプレート1日10枚へと増加し、1日あたり合計4800のデータ点を得られるようになりました。最近では、収集された細胞株あたりのライブイベント数をさらに400に増加して、384ウェルプレートに切り替えることにしました。さらに、2種類の色素の代わりに1種類の色素の強度の違いを利用した新しいマルチプレックスアッセイを開発しました。

表1:

ナノボディスクリーニングプロセスのハイスループットマルチプレックスアプローチまでの進化。

| | 2006 ~ 2012 | 2013 ~ 2014 | 2015 ~ 2017 |
|----------------|------------------------------|--|---|
| 細胞株数/ウェル | 1 | 3 | 5 |
| セットアップ | 死細胞染色 + 標的染色 | マルチプレックスの死細胞染色+標的染色 | マルチプレックスの死細胞染色+標的染色 |
| 細胞数/ウェル | 200,000 | 100,000 | 50,000 |
| ライビイベント数/収集細胞数 | 20,000 | 10,000 | 1,000 |
| セルストック | 新鮮 | 新鮮/凍結 | 新鮮/凍結 |
| アッセイプレート | 96ウェル | 96ウェル | 96ウェル |
| 装置 | FACSアレイ | FACSアレイ + FACSコントロール | iQue® スクリーナー |
| 最大スループット | 4 X 96ウェルプレート/日 (384データ点) | 4 ~ 8 X 96ウェルプレート/日 X 3細胞株/ウェル (2304データ点) | 10 X 96ウェルプレート/日 X 5細胞株/ウェル (4800データ点) |
| データ解析 | 各プロットを個別でエクスポート | バッチ解析用ソフトウェア | Forecyt® |

プロセス改善

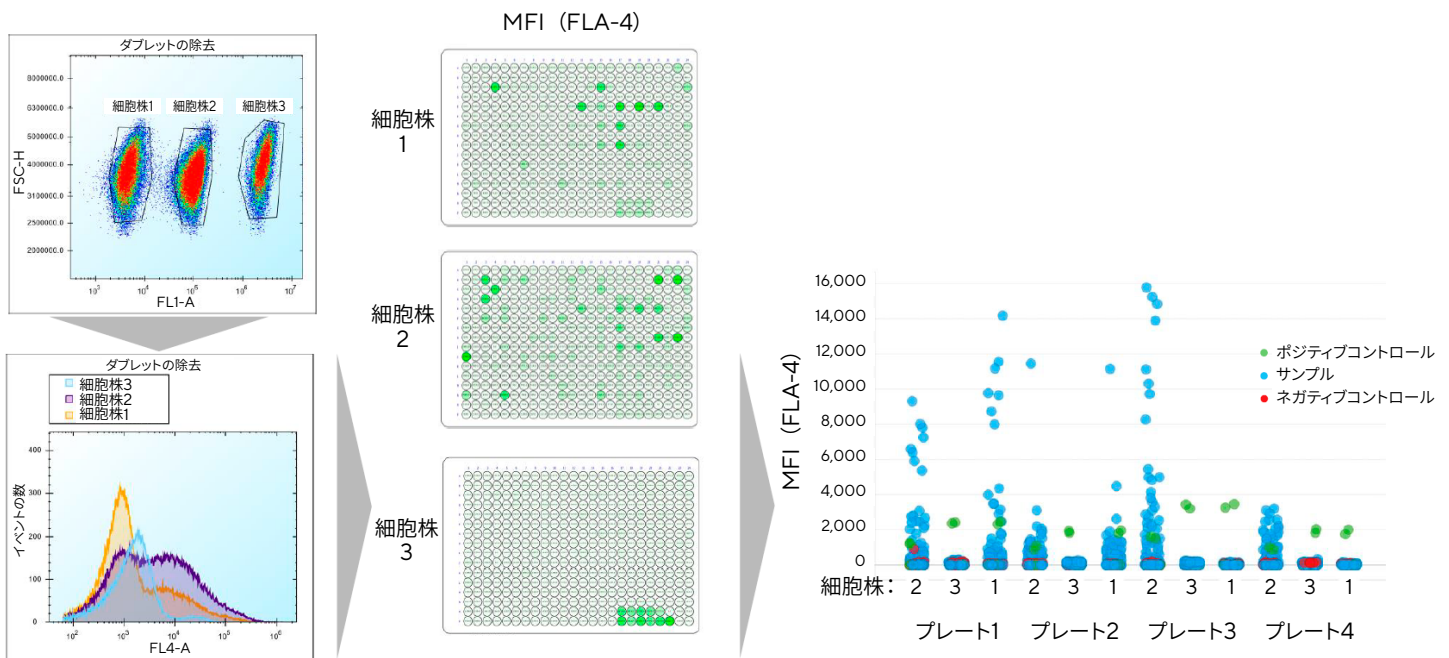
異なる強度を染色するのに使用された色素の比較では、iQue® Cell Membrane Cell Encoding B/Green色素で最高の結果が得られ、各ウェルで無染色コントロールを含めた5種類の細胞株のマルチプレックスが実現しました。この色素は、他の色素と比べて漏出が少ないことが確認されました。

標的タンパク質のヒトバージョンとカニクイザルバージョンを発現しています。ヒストグラムは、3種類すべての細胞株に対するプレートレベルのナノボディ結合を示しています。iQue Forecyt® のヒートマップ機能を使用してデータのデコンボリューションが実施され、特定の細胞株に対する各ウェルにおける結合が示されています。このデータは、標的タンパク質のヒトバージョンとカニクイザルバージョンへの結合を示していますが、親細胞株への結合はポジティブコントロールウェル以外では確認されませんでした。

図5は、96ウェルフォーマットでのマルチプレックスアッセイの例です。最初のドットプロットでは、異なる細胞株が分離されていることがわかります。1つは親細胞株で、残り2つは

図5:

iQue® プラットフォームで実施されたナノボディスクリーニング試験

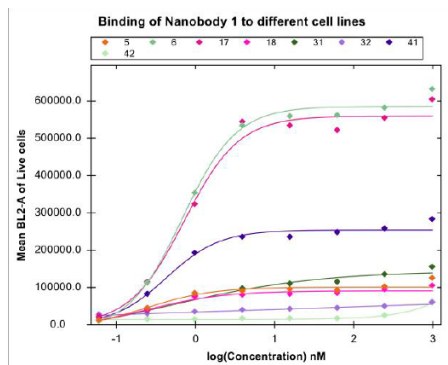


注記: iQue Forecyt® ソフトウェアのデザインタブを用いて、滴定曲線を設計し、一次特性解析の重要なパラメーターとモデルが選択されました。過去には、Graphpad Prismを使ってカーブフィッティングとEC₅₀ 統計値が生成されていました。しかしながら、Graphpad Prismは多大な労力が必要であることが分かり、データのエクスポートとペーストが必要でした。現在、iQue Forecyt® ソフトウェアを使用して自動カーブフィッティングを行っており、滴定実験から得られたEC₅₀ 統計値により効率的なデータ解析が実現しています。

図6：
iQue® プラットフォームで実施し、iQue Forecyt® ソフトウェアを用いて解析された48のナノボディの特性解析

系列希釈を
Forecyt® ソフトウェアに挿入する

パラメーターと
モデルを選択する



- csvファイルでエクスポートされたカーブフィット値
- 直接データと関連しているカーブフィッティング

注記： 統合iQue Forecyt® ソフトウェアと組み合わせたiQue® システムにより、このバイオ製薬会社はナノボディスクリーニング戦略のスループットを、従来のフローサイトメトリーと比べて少なくとも4倍に増加することができました。初期スクリーニングにおける細胞株のマルチプレックスにより、種交差反応性ならびに標的の結合エピトープの選択性に関する洞察が得られました。さらに、一次特性解析におけるカーブフィッティングデータ解析では、さらに時間を節約することができました。

特異性と種交差反応性のマルチプレックス

ハイブリドーマは、抗体発見のアプローチとして十分に開発され成熟した方法ですが、さらにプロセスを効率化させることができます。これらの目的を達成するために革新的技術が使用されている重要なステップの1つが標的特定です。これまで、ハイブリドーマ上清からバインダーをスクリーニングするための最も広く使用されていた方法はELISAでした。しかしながら、ELISAには直接法またはサンドイッチ法で使用される組換えタンパク質が、特に表面への結合後、標的のエピトープを明らかにするのに適した構造になっているのだろうかという大きな懸念があります。ELISAでは、ダイナミックウィンドウが限られており、飽和に達成しやすくなっています。また、非特異的結合により偽陽性率が高まります。

細胞表面結合アッセイは生理学的により適切なものになりますが、一次スクリーニングツールとしての使用も制限するいくつかの課題があります。従来のフローサイトメーターは、小規模研究にのみ適しており、自動化に適しておらず、データ取得と管理能力に限界があるため、必要なスループットを

達成することが難しくなります。一方、iQue® プラットフォームは、少量のサンプルを用いて高速で高品質データを取得でき、第三者のソフトウェア解析パッケージへの転送することなく、直接iQue Forecyt® ソフトウェアで大量のデータセットを処理や管理することもできます。

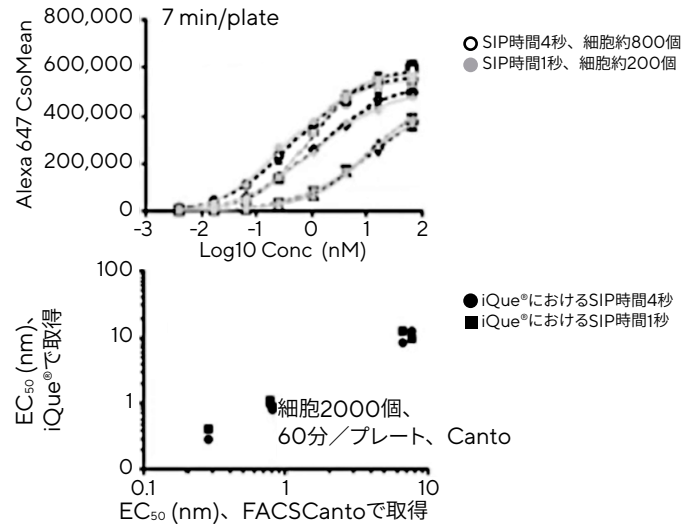
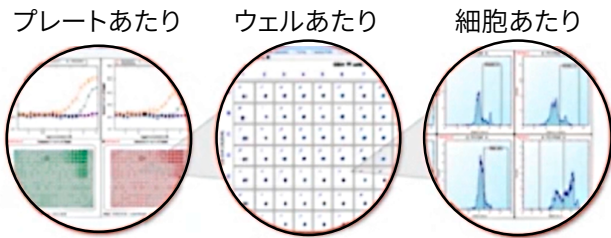
図7は、iQue® プラットフォームと96ウェルプレートの使用に限定されるオプションのプレートローダーを備えた従来のフローサイトメーターとの比較を示しています。iQue® プラットフォームは、FACSと一致する高品質データを生成できただけでなく、それを高速かつ少量のサンプルで達成することができました。

iQue® プラットフォームは、384ウェルプレートを24分でサンプリングでき、従来のフローサイトメーターは96ウェルプレート1枚を1時間でサンプリングできました。このスピードにより、細胞表面結合アッセイはハイブリドーマ戦略のための一次スクリーニングツールとして使用することができます。

図7:

iQue® プラットフォームで実施し、iQue Forecyt® ソフトウェアを用いて解析された48のナノボディの特性解析

- 細胞、微生物、ビーズ、およびこれらの混合物の HTスクリーニング
- レーザー構成: 13色のVBR
- 固定PMT: ラン間や研究者間で一貫している
- 96ウェルプレートあたり5分、384ウェルプレートあたり25分
- アッセイ小型化: 1µLの吸引、デッドボリュームなし
- 自動化されたオンザフライのデータ解析
- 自動化が容易

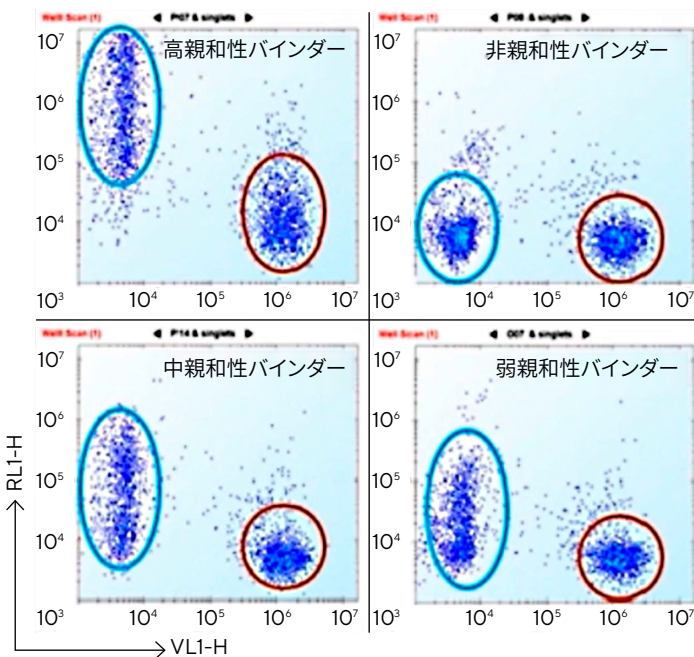


iQue® では、ED FACSCantoと一貫した結果が得られますが、サンプル使用量が減り、時間は短縮されます。

以下のケーススタディでは、ハイブリドーマスクリーニングに使用された細胞表面結合アッセイと精製抗体親和性アセスメントを説明しています。バイオレット細胞をコードする色素で標識した親細胞と未標識の標識発現細胞という2つの細胞集団を用いたスクリーニングが使用されました。細胞型は、スクリーニングのために同一ウェル内で1対1で混合しました。バイオレットチャンネルの強度に基づいて、これらの2つの細胞型を特定することができました。ドットプロット (図8) では、赤色の丸で囲まれた親細胞と青色の丸で囲まれた標的発現細胞を示しています。高親和性バインダー、中親和性バインダー、低親和性バインダー、および非親和性バインダーを簡単に見分けることができました。

図8:

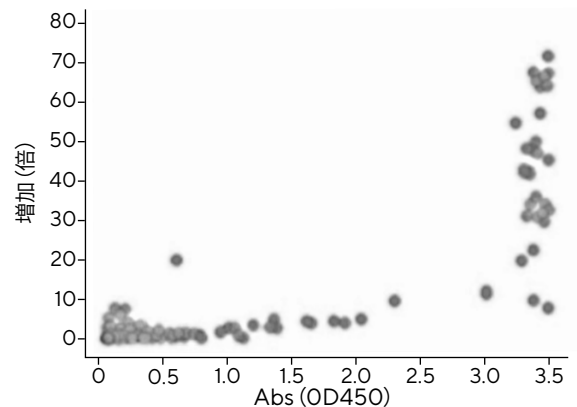
親細胞と標的発現細胞のドットプロット



細胞表面結合データとELISAデータとの比較により、細胞表面結合アッセイで特定されたヒットのほとんどはELISAでは差を観察できないほど飽和していたことから、細胞表面結合アッセイはELISAよりダイナミックレンジが広がったことが示されました (図9)。さらに、ELISAでは見逃された1つのヒットが細胞表面結合アッセイで特定されました。これは、ELISAで使用される組換えタンパク質と比較した場合の標的アプローチにおける細胞表面の構造における違いを反映している可能性があります。全体として、この研究では、ハイスループットフローサイトメトリーにおける標的細胞と親細胞のマルチプレックスは、抗体スクリーニングの生理学的に適した強力な技術であることが証明されました。このマルチプレックスアプローチは、異種間活動のスクリーニングにも使用できます (図10)。

図9:

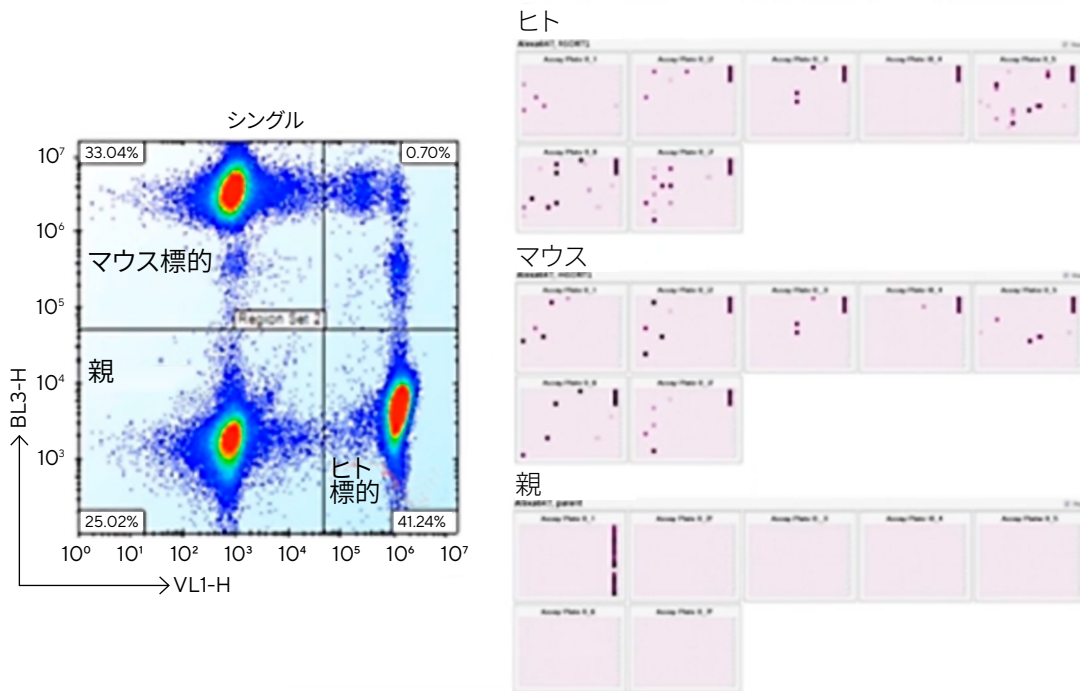
細胞表面結合アッセイではELISAよりレーザーダイナミックレンジが拡張していました。



- 細胞表面結合アッセイでは5x希釈、ELISAでは40x希釈
- 組換え細胞表面抗原と生理的な細胞表面抗原との比較
- FACSでは1つのウェルで親細胞とマルチプレックスが可能

図10：

複数の細胞型のマルチプレックスにより、ハイブリドーマスクリーニングでさらにスループットが向上



IgG力価決定

IgGキャプチャビーズには、細胞からの区別が可能な散乱パターンがあり、細胞とマルチプレックスしてハイブリドーマIgG濃度を測定することができるため、ヒット選択を導くさらなる洞察が得られます。

散布図は、細胞集団がキャプチャビーズ集団から明確に区別されたことを示しています (図11)。キャプチャビーズは、

マウスIgG型コントロール上で、IgGの含まれないバッファークontrolと比較して100倍のシグナルウィンドウでマウス血漿を検出することができました。キャプチャビーズは、大きなシグナルウィンドウで血漿からマウスIgGを検出することができました。これにより、ハイブリドーマからIgGを定量化する能力に対する信頼が得られました。

図11：

細胞とキャプチャビーズのマルチプレックス

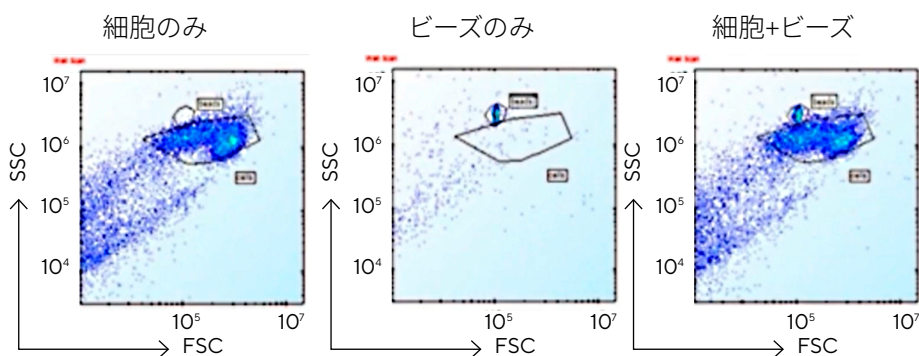
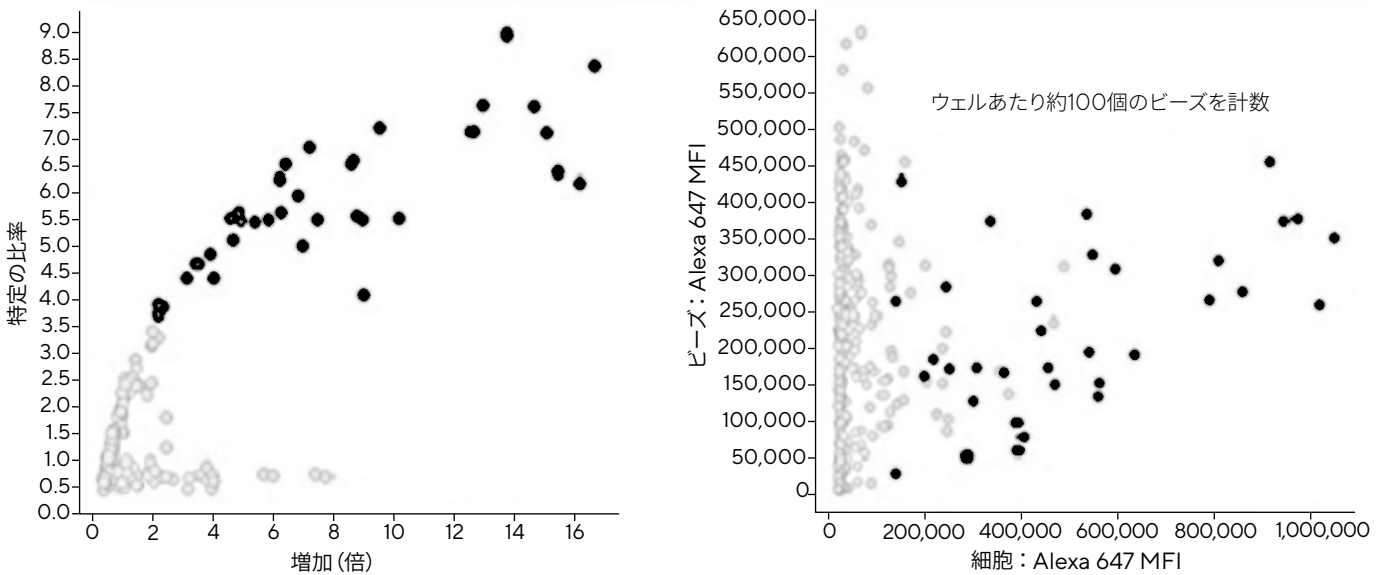


図12は、細胞表面結合アッセイにおける2種類の細胞のマルチプレックスの一例を示しています。左側のグラフでは、特定の比率と増加(倍)基準を用いた細胞ベース解析からのハイブリドーマスクリーニングからのヒットが特定されています。

ヒットはグラフ内の濃い灰色で特定されました。右のグラフでは、各ハイブリドーマサンプルでIgGの相対的濃度が測定されました。

図12 :

IgG濃度はハイブリドーマ一次スクリーニングで検出可能

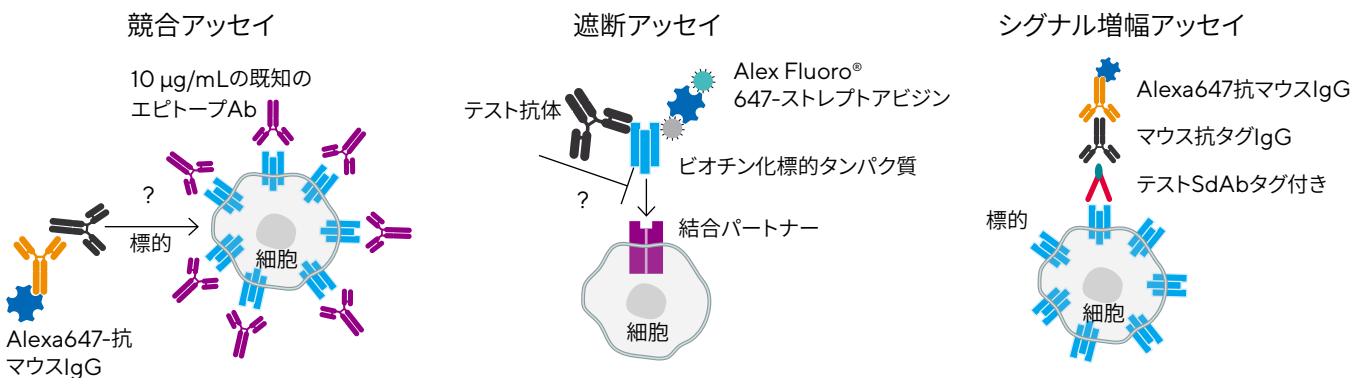


その他に、抗体発見ワークフローで使用されるさらに複雑な細胞表面結合アッセイは、iQue® ハイスループットフローサイトメトリープラットフォームに簡単に適応させることができます。

図13に示すように、これには競合アッセイ、遮断アッセイ、シグナル増幅アッセイなどがあります。

図13 :

iQue® プラットフォームを用いて、幅広い複雑な細胞表面結合アッセイを加速し効率化することができます



結論

抗体治療薬を発見できるかどうかは、優れた特異的反応性と最適な機能性を有する候補分子の迅速な同定と特性評価にかかっています。歴史的に、抗体発見ワークフローはELISAの使用が中心でしたが、ELISAでは単一抗原への抗体結合が分かり、アッセイプレートのウェルをコーティングするために標的タンパク質を大量に必要となります。

iQue® プラットフォームを使用すると、さまざまな細胞型とパラメーターを同一のウェルで評価することができるため、複数のデータが生成され、発見を導き加速するのに必要なデータと洞察が得られます。さらなる利点としては、標的タンパク質

がプラスチック製ウェルの人工的な環境ではなく細胞表面に提示されていることがあります。標的が本来の構造であることで、より生物学的に関連があり、*in vivo*活動をより正確に示すアッセイ結果が得られます。

要約すると、iQue® 高度フローサイトメトリープラットフォームでは、迅速なマルチプレックス分析法の開発と実行のために比類のない幅広さと汎用性が得られます。新治療薬の開発競争において、このハイスループットプラットフォームは他では得ることのできない洞察をもたらし、複雑な生物学を解明することで新たな洞察をもたらして意思決定を加速させます。

参考文献

Image Credits

| | |
|---------|---|
| 1 | na |
| 2 | <i>Ex webinar: High Throughput Antibody Discovery targeting Glycoproteins</i> , by Tracey Mullen, Chief Operating Officer, Abveris and AbX Biologics |
| 3 | <i>Ex webinar: High Throughput Antibody Discovery targeting Glycoproteins</i> , by Tracey Mullen, Chief Operating Officer, Abveris and AbX Biologics |
| 4 | <i>Ex webinar: High Throughput Antibody Discovery targeting Glycoproteins</i> , by Tracey Mullen, Chief Operating Officer, Abveris and AbX Biologics |
| 5 | <i>Ex webinar: Accelerating Nanobody Discovery Workflows with High-Throughput Flow Cytometry</i> , by: Dr. Pieter Kennis, Ablynx, a Sanofi Company |
| 6 | <i>Ex webinar: Accelerating Nanobody Discovery Workflows with High-Throughput Flow Cytometry</i> , by: Dr. Pieter Kennis, Ablynx, a Sanofi Company |
| 7 | <i>Ex webinar: Multiplexing Species Specificity and Species Cross Reactivity Assays in Biologics Discovery</i> , by Yana Wang, Takeda Pharmaceuticals and Robert Ford, Avacta Life Sciences |
| 8 | <i>Ex webinar: Multiplexing Species Specificity and Species Cross Reactivity Assays in Biologics Discovery</i> , by Yana Wang, Takeda Pharmaceuticals and Robert Ford, Avacta Life Sciences |
| 9 | <i>Ex webinar: Multiplexing Species Specificity and Species Cross Reactivity Assays in Biologics Discovery</i> , by Yana Wang, Takeda Pharmaceuticals and Robert Ford, Avacta Life Sciences |
| 10 | <i>Ex webinar: Multiplexing Species Specificity and Species Cross Reactivity Assays in Biologics Discovery</i> , by Yana Wang, Takeda Pharmaceuticals and Robert Ford, Avacta Life Sciences |
| 11 | <i>Ex webinar: Multiplexing Species Specificity and Species Cross Reactivity Assays in Biologics Discovery</i> , by Yana Wang, Takeda Pharmaceuticals and Robert Ford, Avacta Life Sciences |
| 12 | <i>Ex webinar: Multiplexing Species Specificity and Species Cross Reactivity Assays in Biologics Discovery</i> , by Yana Wang, Takeda Pharmaceuticals and Robert Ford, Avacta Life Sciences |
| 13 | <i>Ex webinar: Multiplexing Species Specificity and Species Cross Reactivity Assays in Biologics Discovery</i> , by Yana Wang, Takeda Pharmaceuticals and Robert Ford, Avacta Life Sciences |
| Table 1 | <i>Ex webinar: Accelerating Nanobody Discovery Workflows with High-Throughput Flow Cytometry</i> , by: Dr. Pieter Kennis, Ablynx, a Sanofi Company |

ザルトリウス・ジャパン株式会社

東京本社

〒140-0001

東京都品川区北品川1-8-11

Daiwa 品川Northビル4階

Phone: 03 6478 5200 Fax: 03 6478 5494

Email: hp.info@sartorius.com

名古屋営業所

〒461-0002

名古屋市東区代官町35-16


Phone: 03 6478 5204

Fax: 03 6478 5497

大阪営業所

〒532-0003

大阪市淀川区宮原4-3-39

 For further contacts, visit
www.sartorius.com/ique

Essen BioScience, A Sartorius Company

掲載されている内容は、予告なく変更される場合がありますことをあらかじめご了承ください。
© 2021. All rights reserved. Incucyte, Essen BioScience, and all names of Essen BioScience products are registered trademarks and the property of Essen BioScience unless otherwise specified. Essen BioScience is a Sartorius Company.
iQue-Accelerate-AB-Screening-Characterization-whitepaper-en-L-13050-Sartorius
Status: 07|2021