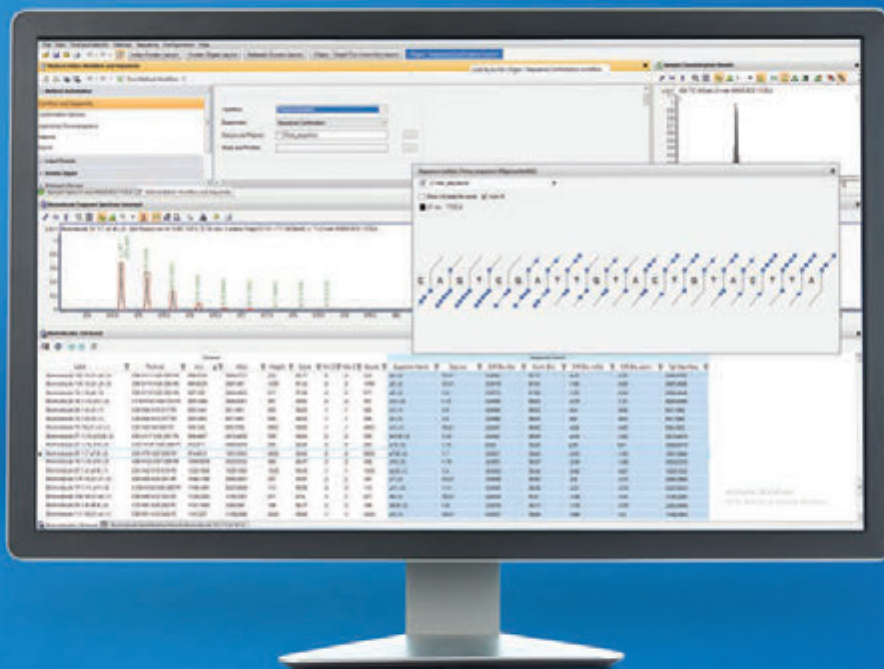


# Ein gewaltiger Fortschritt bei der Charakterisierung von Biomolekülen

Agilent MassHunter BioConfirm Software





## Zuverlässige Analyse der wichtigsten kritischen Qualitätsattribute (CQAs)

Das Verständnis der Attribute von Biologika und ihrer Herstellungsprozesse ist von zentraler Bedeutung. Die [Agilent MassHunter BioConfirm Software](#) ist eine biopharmazeutische Software, die mittels benutzerfreundlicher Arbeitsabläufe für die Oligonukleotidanalyse, die Analyse intakter Proteine, das Peptid-Mapping und die Glykan-Charakterisierung die routinemäßige Charakterisierung komplexer Biomoleküle ermöglicht.

# Agilent MassHunter BioConfirm Software, Teil des umfassenden Agilent Biopharma-Workflows

## Automatisierte Probenvorbereitung

AssayMAP Bravo



## Auftrennung

Agilent 1290 Infinity II LC-System



## Analyse und Berichterstellung

MassHunter BioConfirm Software

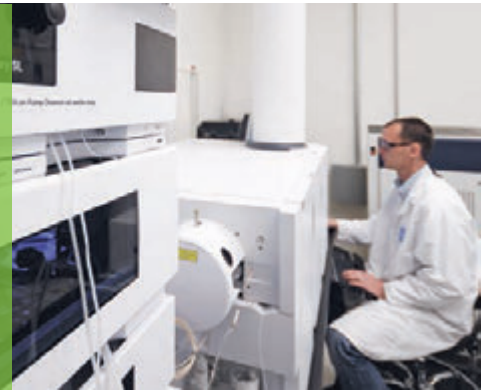


## Detektion

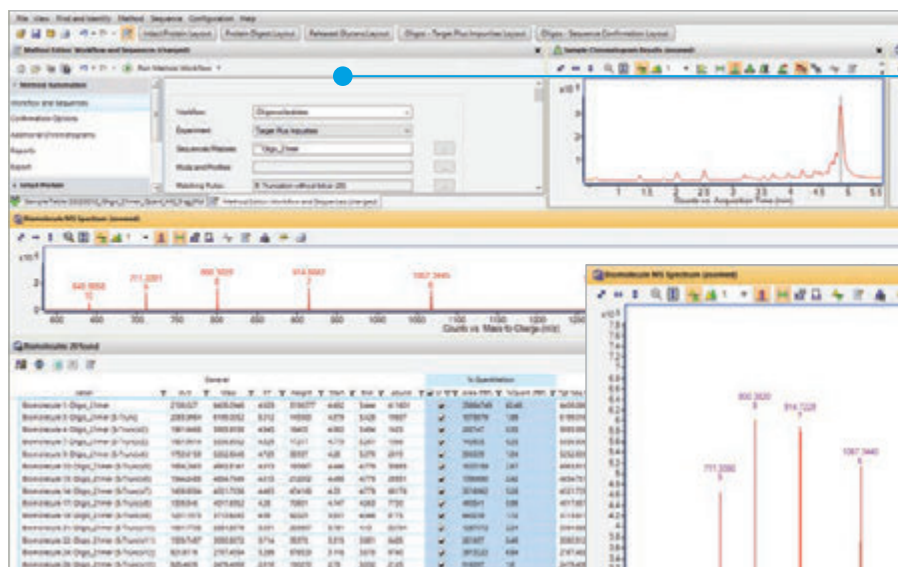
Agilent 6545XT AdvanceBio LC/Q-TOF



# Oligonukleotidcharakterisierung: Für höchste Anforderungen an Geschwindigkeit und Genauigkeit



Mit der BioConfirm Software können zwei Workflows für die Oligonukleotidbestätigung schnell eingerichtet werden: Zielverbindungen plus Verunreinigungen (Target Plus Impurities, TPI) und Sequenzbestätigung.

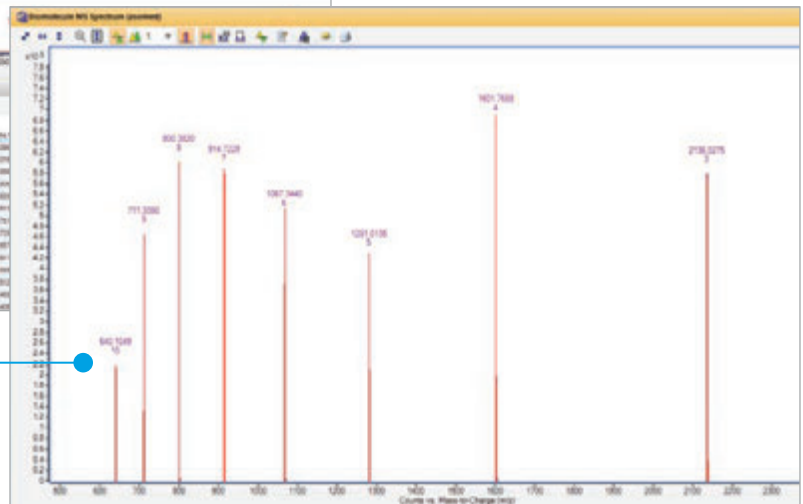


## Komplett-Layouts

Komplett-Layouts wurden für Oligonukleotide hinzugefügt, um Ergebnisse in Chromatogrammen, Spektren und Tabellen schnell und einfach prüfen zu können.

## MS-Spektren

MS-Spektren zeigen das Oligonukleotid-Biomolekül mit Annotation für jeden Ladungszustand.



Chemical Data Dictionary Editor

Proteins Oligonucleotides

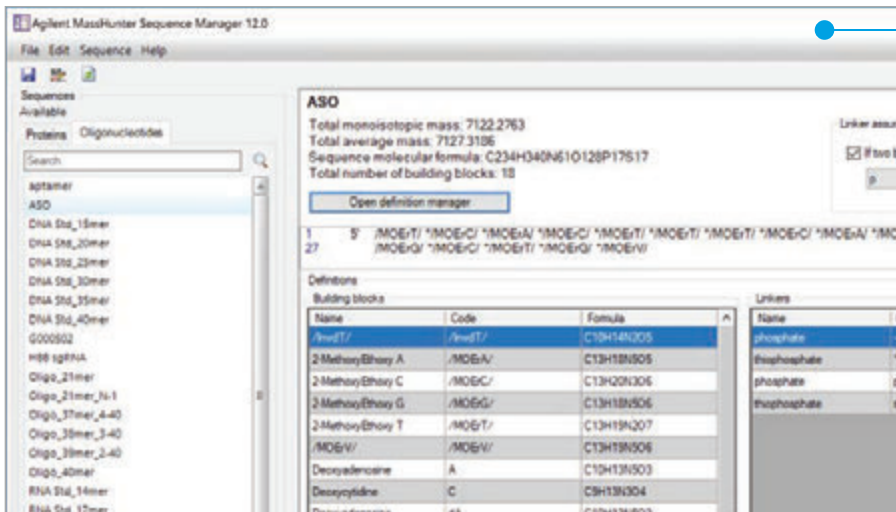
Building Blocks

Code	Name	Formula	Building Block Type
/Base/A/	Adenine	C <sub>5</sub> H <sub>5</sub> N <sub>5</sub>	Base
/Base/C/	Cytosine	C <sub>4</sub> H <sub>5</sub> N <sub>3</sub> O	Base
/Base/G/	Guanine	C <sub>5</sub> H <sub>7</sub> N <sub>5</sub> O	Base
/Base/T/	Thymine	C <sub>5</sub> H <sub>7</sub> N <sub>2</sub> O <sub>2</sub>	Base
/Base/U/	Uracil	C <sub>4</sub> H <sub>4</sub> N <sub>2</sub> O <sub>2</sub>	Base
/H/	H	H	Base
/H2O/	H <sub>2</sub> O	H <sub>2</sub> O	Base
/InrdT/	/InrdT/	C <sub>10</sub> H <sub>14</sub> N <sub>2</sub> O <sub>5</sub>	Nucleoside
/MOB/V/	2-MethoxyEthoxy A	C <sub>13</sub> H <sub>19</sub> N <sub>3</sub> O <sub>5</sub>	Nucleoside
/MOB/C/	2-MethoxyEthoxy C	C <sub>13</sub> H <sub>20</sub> N <sub>3</sub> O <sub>6</sub>	Nucleoside
/MOB/G/	2-MethoxyEthoxy G	C <sub>13</sub> H <sub>19</sub> N <sub>3</sub> O <sub>6</sub>	Nucleoside
/MOB/T/	2-MethoxyEthoxy T	C <sub>13</sub> H <sub>19</sub> N <sub>3</sub> O <sub>7</sub>	Nucleoside
/MOB/W/	/MOB/W/	C <sub>13</sub> H <sub>19</sub> N <sub>3</sub> O <sub>6</sub>	Nucleoside
/OH/	OH	OH	Base
A	Deoxyadenosine	C <sub>10</sub> H <sub>13</sub> N <sub>5</sub> O <sub>3</sub>	Nucleoside
C	Deoxycytosine	C <sub>9</sub> H <sub>13</sub> N <sub>3</sub> O <sub>4</sub>	Nucleoside

New building block code

## Verzeichnis chemischer Informationen (Chemical Data Dictionary)

Das Chemical Data Dictionary wurde verbessert, um die Definition von Oligonukleotid-Bausteinen, Linkern und Modifikationen ganz nach Bedarf zu ermöglichen.



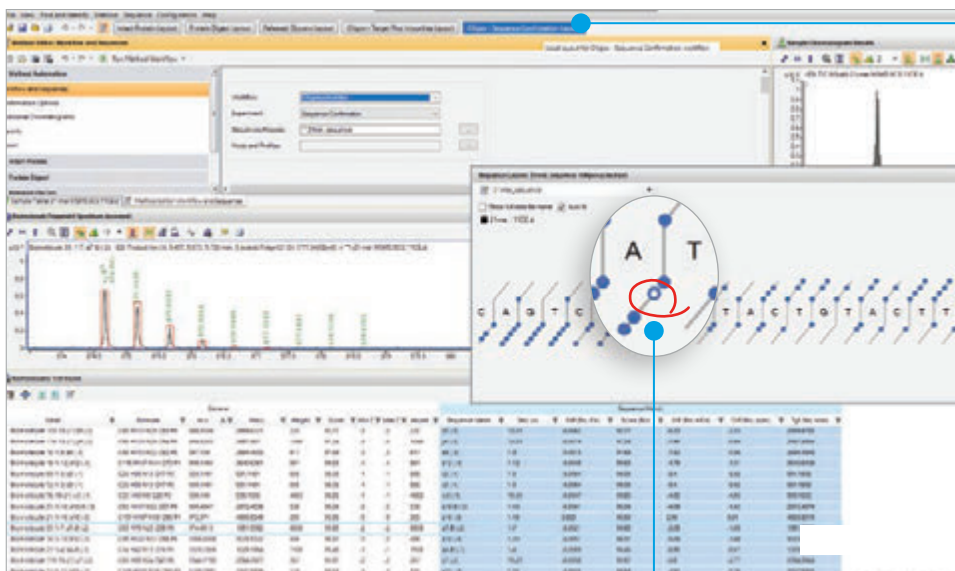
## Sequenzmanager

Der Sequenzmanager kann die Eingabe von Sequenzen basierend auf Ihren bevorzugten Definitionen für Bausteine, Linker und Modifikationen verarbeiten.

Sequence Name	Target/Impurity Name	Target/Impurity Description	Molecular Formula	Mass
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA		C206H261N73O127P20	6408.5
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)	(5-Trunc-L)	C197H249N70O121P19	6119.4
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x2	(5-Trunc-L)x2	C187H237N65O116P18	5805.3
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x3	(5-Trunc-L)x3	C177H225N60O110P17	5476.2
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x4	(5-Trunc-L)x4	C167H212N56O103P16	5172.1
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x5	(5-Trunc-L)x5	C158H200N52O97P15	4883.0
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x6	(5-Trunc-L)x6	C148H188N48O91P14	4554.0
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x7	(5-Trunc-L)x7	C138H176N44O85P13	4241.0
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x8	(5-Trunc-L)x8	C128H163N40O79P12	3937.0
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x9	(5-Trunc-L)x9	C118H150N36O73P11	3633.0
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x10	(5-Trunc-L)x10	C108H138N32O67P10	3304.0
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x11	(5-Trunc-L)x11	C98H125N28O61P9	3000.0
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x12	(5-Trunc-L)x12	C88H113N24O55P8	2687.0
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x13	(5-Trunc-L)x13	C79H101N20O49P7	2390.0
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x14	(5-Trunc-L)x14	C69H89N16O43P6	2094.0
Oligo_21mer	CAGTCGATTGACTGTACTTA(5-Trunc-L)x15	(5-Trunc-L)x15	C59H76N12O37P5	1765.0

## Zielverbindung plus Verunreinigungen (Target Plus Impurities, TPI)

TPI verwendet Oligonukleotid-MS-Daten zur Identifizierung des Produkts in voller Länge (full-length product, FLP) sowie etwaiger Verunreinigungen.



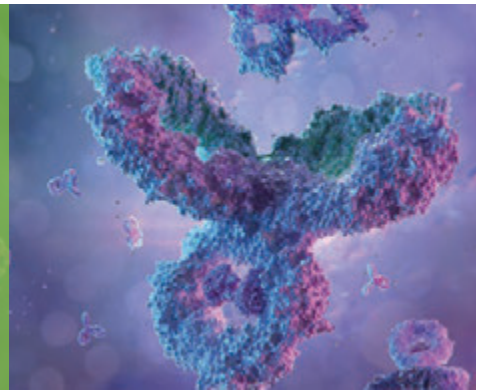
## MS/MS-basierte Sequenzbestätigung in Minuten

Die manuelle Sequenzbestätigung dauert in der Regel bis zu einer Woche. Mit der BioConfirm Software lässt sich die MS/MS-basierte Sequenzbestätigung dagegen mit nur minimalem manuellem Aufwand innerhalb von Minuten durchführen.

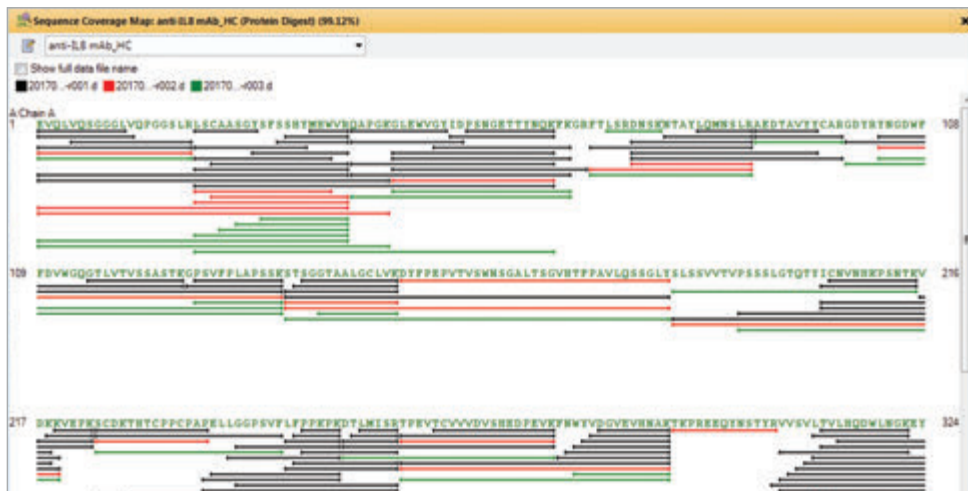
Das ausgewählte Biomolekül für Position a7-B ist auf der Sequenzleiter als offener Kreis dargestellt.



# Peptid-Mapping: Seien Sie sich Ihrer Sequenzen sicher



Der MassHunter BioConfirm Peptid-Mapping-Algorithmus verwendet MS/MS-Daten, um die Liste möglicher Peptide einzugrenzen – damit Sie weniger Zeit für die manuelle Überprüfung aufwenden müssen. Die Ergebnisse werden in Form einer Sequenzabdeckungs-Karte angezeigt, die Ihnen die Überprüfung mehrerer Proben (z. B. unterschiedlicher Verdauenzyme) gleichzeitig ermöglicht. Anhand der Histogramm-Auftragungen lassen sich mehrere PTMs oder Bedingungen vergleichen. Zudem kann das schnelle Disulfidbrücken-Mapping verwendet werden, um das Durcheinander von Disulfidbrücken in einem monoklonalen Antikörper zu entwirren.



## Sequenzabdeckungs-Kartierung

Die Sequenzabdeckungs-Kartierung macht die Überprüfung mehrerer Proben einfach und unterscheidet klar zwischen MS/MS- und Nur-MS-Sequenznachweisen.

Location	Pred Mods	File	%Quant (Height)	Height
M255 [B/D]	Oxidation (M)	NIST mAb_peptide.m	14.24	121589
Sequence	Pred Mods	Use for %Quant	Height	
LMISR		<input type="checkbox"/>	617051	
DTLMISR		<input checked="" type="checkbox"/>	723330	
TLMISR		<input type="checkbox"/>	376143	
TLMISR		<input type="checkbox"/>	278204	
LMISR		<input type="checkbox"/>	220787	
DTLMISR	Oxidation (M) 4	<input checked="" type="checkbox"/>	121589	
DTLMISR		<input checked="" type="checkbox"/>	8898	
TLMISR	Oxidation (M) 3	<input type="checkbox"/>	5981	

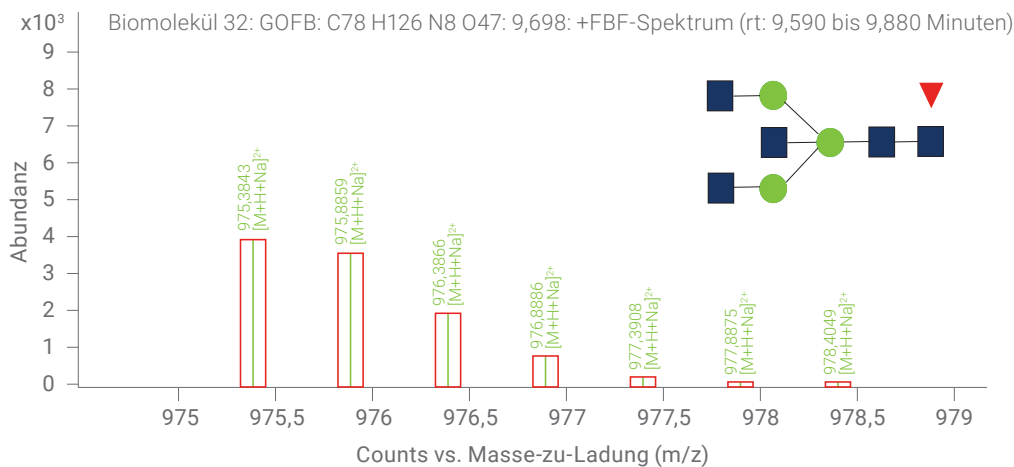
## Relative Quantifizierungsergebnisse

Führen Sie eine relative Quantifizierung modifizierter und nicht modifizierter Peptide durch.

# Charakterisierung freier Glykane: Verbesserte Empfindlichkeit



Glykane sind eine PTM, deren Charakterisierung aufgrund der Diversität ihrer Zusammensetzung sowie der Erforderlichkeit einer chemischen Markierung zur Gewährleistung der analytischen Empfindlichkeit mit Herausforderungen verbunden ist. Der BioConfirm Workflow für freigesetzte Glykane erleichtert die Einrichtung und kann mit vielen kommerziellen und benutzerdefinierten Markierungen verwendet werden. Sie haben außerdem Zugang zu einer kuratierten Glykan-Datenbank, welche sich mithilfe der Tools der MassHunter Software ganz leicht um benutzerdefinierte Glykane erweitern lässt. Erfahren Sie mehr über die N-Glykan-Analyse unter [www.agilent.com/chem/glycan-sampleprep](http://www.agilent.com/chem/glycan-sampleprep)



Die Ergebnisse für freigesetzte Glykane umfassen Spektren, die Annotationen der Glykan-Struktur und der theoretischen Isotopenverteilung enthalten. Der Agilent Find-by-Formula-Algorithmus macht sich die Tendenz der Glykane zur Ionisierung mit mehreren Addukten zunutze, was zum Auffinden von Spezies wie z. B. M+H+Na führt und eine größere Spezifität ermöglicht.

# Berichterstellung einfach gemacht – auf Ihre Weise

Der PDF Report Builder macht das Erstellen von Berichten in Ihrem bevorzugten Layout einfach. Es sind Vorlagen für alle Workflows verfügbar, die so modifiziert werden können, dass alle für Sie wichtigen Informationen hervorgehoben werden.



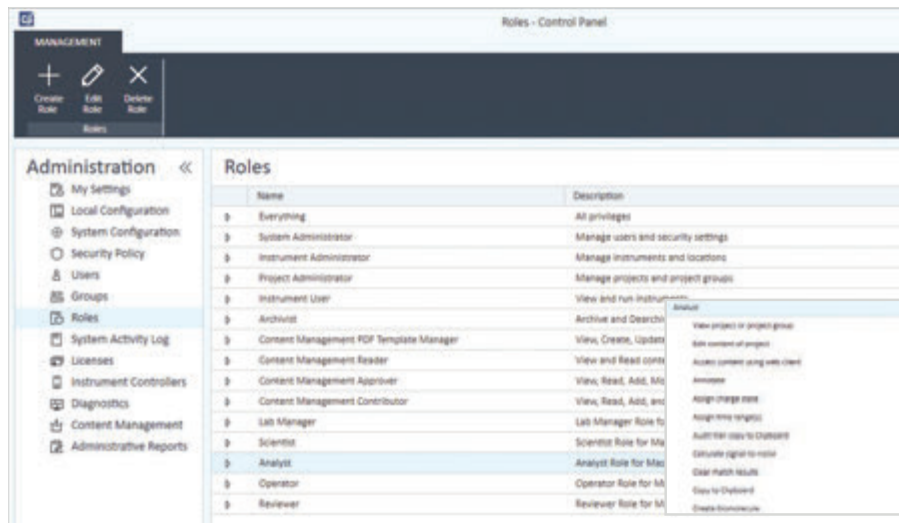
Erstellen Sie im Handumdrehen PDF-Berichte

Fügen Sie Ihr Firmenlogo hinzu

Setzen Sie Tabellen, Chromatogramme und Spektren an die gewünschte Position

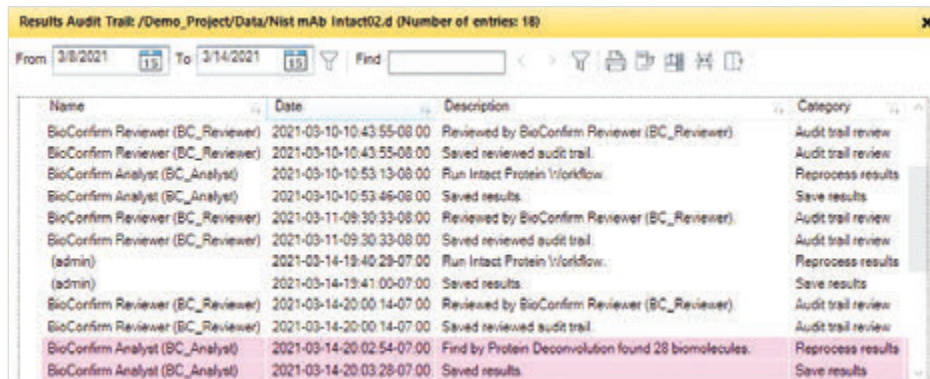
# Compliance-Lösungen für die volle Kontrolle

Mit fortschrittlichen Sicherheitsfunktionen und integrierten technischen Kontrollen minimiert die vernetzte BioConfirm-Workstation Sicherheitsrisiken und hilft, die Datenintegrität zu wahren.



## Control Panel

Das Control Panel erlaubt Ihnen die Einrichtung von Rollen und Genehmigungen zur Erfüllung regulatorischer Richtlinien wie z. B. 21 CFR Part 11 und Annex 11.



## Audit Trails

Audit Trails werden durch das Hervorheben von Einträgen, die einer Überprüfung bedürfen, ganz einfach. Eine Manipulationserkennung mittels Prüfsummen ist automatisch enthalten.



## Welche Version der BioConfirm Software ist die richtige für mich?

Die MassHunter BioConfirm Software ist Teil des Agilent Biopharma-Workflows, der alle Schritte von der Probenvorbereitung, -aufreinigung und -detektion bis hin zur Datenanalyse und Berichterstellung umfasst. Diese Tabelle hilft Ihnen, die Version der biopharmazeutischen BioConfirm Software für LC/Q-TOF zu finden, die sich für Ihr Labor am besten eignet.

	Workstation	Vernetzte Workstation
Software und Lizenz	•	•
Oligonukleotid-Workflow	•	•
Workflow für intakte Proteine	•	•
Proteinverdau-Workflow	•	•
Workflow für freigesetzte Glykane	•	•
Zugriffskontrolle	○	•
Audit Trails	○	•
Empfohlen für GxP-Labore		•
Serverbasiertes Content Management		•
Ein einziger Zugriffspunkt für Daten aus verschiedenen Quellen		•

○ = optionale Funktion

## Zur Unterstützung Ihres Erfolgs

Agilent CrossLab ist ein Leistungsangebot von Agilent, das Services und Verbrauchsmaterialien integriert, um den Erfolg von Arbeitsabläufen zu unterstützen, die Produktivität zu verbessern und die Betriebseffizienz zu steigern. Mit CrossLab gibt Ihnen Agilent Einblicke in jede Interaktion und hilft Ihnen, Ihre Geräteinvestition optimal zu nutzen und Ihre Geschäftsziele zu erreichen. Agilent CrossLab unterstützt sowohl Geräte von Agilent als auch eine Auswahl von Geräten anderer Hersteller als Agilent. Wir bieten außerdem einen beratenden Support für die Workflow-Umsetzung, Analytik des Labors, Erfüllung regulatorischer Vorgaben, das Bestandsmanagement und Anlagenmanagement einschließlich Umzugs-service an.

Mehr Infos über CrossLab unter [www.agilent.com/crosslab](http://www.agilent.com/crosslab)



Erfahren Sie mehr:

[www.agilent.com/chem/bioconfirm](http://www.agilent.com/chem/bioconfirm)

Online-Store:

[www.agilent.com/chem/store](http://www.agilent.com/chem/store)

### Deutschland

0800-603 1000

[CustomerCare\\_Germany@agilent.com](mailto:CustomerCare_Germany@agilent.com)

Europa

[info\\_agilent@agilent.com](mailto:info_agilent@agilent.com)

Asien und Pazifik

[inquiry\\_lsca@agilent.com](mailto:inquiry_lsca@agilent.com)

DE15514378

Änderungen vorbehalten.

© Agilent Technologies, Inc. 2022  
Veröffentlicht in den USA, 6. Juni 2022  
5991-8466DEE

