



クイックスタートガイド

TWIST ハイスループット 抗体産生

Twist ハイスループット抗体産生は、スクリーニングと発見のため、数十から数千の多様な抗体を少量で産生できる遺伝子-タンパク質ワークフローです。本ガイドでは、配列の準備と、Twist の発注プラットフォーム内での注文プロセスについて説明します。

ワークフローは、VHH-Fc または従来の IgG 抗体のどちらかを選択し、目的の抗体シーケンスを Twist の直感的な e コマースプラットフォームに送信するところから始まります。バイオインフォマティクス的なスクリーニングにより、抗体発現に影響を及ぼす可能性のある配列上のリスクを軽減できます。注文を受領した後、Twist は抗体遺伝子を合成し、選択したベクター（カスタムベクター又は Twist の IgG スキャフォールドベクターのいずれか）にクローン化します。Twist の抗体産生は、要求された抗体を発現し、アフィニティ精製し、品質管理を行います。

事前にご確認下さい

以下の情報をご確認ください。

1. トリミングされた軽鎖可変領域（VL）及び／又は重鎖可変領域（VH）のアミノ酸又は DNA 配列であることを**確認してください**（詳細は開始前に、「[クローン遺伝子合成のための抗体配列のトリミング方法](#)」の項をご確認いただくことを推奨します）。
2. 選択したベクターシステム：
 - a. Twist は、以下のアイソタイプの定常領域を持つベクターを提供します。

従来の IgG ベクター		
アイソタイプ	重鎖ベクター	重鎖定常領域
ヒト IgG1	pTwist CMV hlgG1*	ヒト IgG1 定常領域
ヒト IgG2	pTwist CMV hlgG2*	ヒト IgG2 定常領域
ヒト IgG4	pTwist CMV hlgG4 A228P*	ヒト IgG4 定常領域
アイソタイプ	軽鎖ベクター	軽鎖定常領域の特徴
ヒト	pTwist CMV hlgGK	κ 定常領域
ヒト	pTwist CMV hlgGL2	λ 定常領域

一本鎖（VHH-Fc）ベクター		
アイソタイプ	重鎖	重鎖の特徴
ヒト IgG1 Fc	pTwist CMV hlgG1-Fc	IgG1 Fc 定常領域
ヒト IgG2 Fc	pTwist CMV hlgG2-Fc	IgG2 Fc 定常領域

空の哺乳類発現ベクター		
アイソタイプ	ベクター	機能
アグノスティック	pTwist BG CMV WPRE Neo	カスタム定常領域の送信に利用可能

**pTwist hlgGK 又は hlgGL2 にクローン化した軽鎖可変領域と同時形質導入すると、対象の抗体が産生されます。アイソタイプの定義は、参考文献 1 及び 2 に基づいています。

- b. 注意：Kozak 及び Leader ペプチド（分泌シグナル）は、Twist ベクターには含まれません。これらは、送信されたシーケンスにすでに含まれていない限り、合成された挿入部の一部として自動的に追加されます。
- c. Twist ベクターは、pTwist CMV ベクター内に以下の発現に必要な機能的要素を含みます。

PTWIST CMV BETAGLOBIN WPRE NEO ベクター要素	
コピー数	High Copy
プロモーター	哺乳類細胞における高レベルの遺伝子発現のための全長ヒトサイトメガロウイルス (CMV) プロモーター/エンハンサー
WPRE (ウッドチャック転写後調節エレメント)	クローニングサイトの下流に位置し、転写産物の発現を促進させる
薬剤耐性	安定した細胞株を選択するためのネオマイシン耐性遺伝子
ホスト	哺乳類
イントロン	導入遺伝子発現亢進のためのベータグロビン
薬剤耐性 (大腸菌培養)	アンピシリン耐性を付与するベータラクタマーゼ遺伝子をコードする AmpR

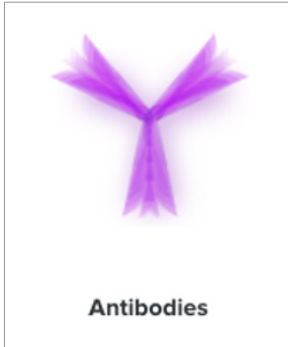
カスタムベクターの要件及び推奨事項

カスタムベクターを使用する場合は、当社の[カスタムベクター作製ガイド](#)を参照し、Twist Bioscience の新規ベクター登録に関するガイダンスを参照してください。

- a. カスタムベクターが登録され、e コマースのアカウントで利用可能であることを確認してください。ベクターが表示されない場合は、[カスタマーサポート](#)にご連絡ください。
- b. 以下の構成要件が満たされていることを確認してください。
 - プロモーター
 - Kozak 配列 – 可変領域遺伝子挿入に付加可能
 1. Twist は以下の Kozak 配列を使用します。GCCACC
 - リーダーペプチド配列（分泌シグナル配列） – 可変領域遺伝子挿入に付加可能
 1. Twist は重鎖に対して以下のリーダー配列を使用します。
ATGAAGCATCTGTGGTTCTTTCTGCTCCTGGTTGCCGCTCCCCGGTGGGTTCTGTCC
 2. Twist は、軽鎖に対して以下のリーダー配列を使用します。
ATGGTGCTGCAGACCCAAGTGTTTCATCAGTCTGCTGCTTTGGATTTCCGGGGCCTACGGC
 - 軽鎖および重鎖可変領域の選別
 - 定常領域配列
 - 停止コドン
- c. 発現を高めるための推奨要素：
 - 当社の pTwist ベクター^{3, 4} に存在するベータグロビンイントロンと同様のタンパク質発現増強イントロン
 - mRNA の 5'UTR に保持されている TPL スプライシング配列による転写（MLP）及び mRNA 翻訳を増強する要素としての、主要な後期プロモーター（MLP）及び三区分別リーダー（TPL）配列^{5, 6}
 - スキャフォールド／マトリクス結合領域（S/MAR）：DNA の核基質への固定に関わる要素で、DNA 複製及び遺伝子転写を助ける様々な因子の動員を助けます⁷
 - VA RNA I 及び RNA II：ストレスを受けた細胞における生産的な翻訳の維持に関連するアデノウイルスの非コード RNA⁸
- d. 避けるべき推奨要素：
 - 抗体発現に不必要な要素
 - 下流メチオニン又は停止コドン
 - 部分定常領域やリーダー（シグナル）ペプチド配列など、トリミングされていない配列要素。

はじめに

1. e コマースアカウント (ecommark.twistdna.com) にログインします。
2. ホームページで「Antibodies (抗体)」のアイコンをクリックします。



3. 「Project Name (プロジェクト名)」を入力します (任意)。

4. 「Start New Project (新しいプロジェクトを開始)」をクリックし、「High Throughput antibody Production (ハイスループット抗体産生)」ページに進みます。
5. 抗体の種類を選択します。
 - a. Fc 融合タンパク質では「Single Domain Antibody」を選択し、通常は Fc 領域に融合させた単一の重鎖を選択します。単ドメイン抗体については、重鎖可変領域 (VH) 配列を入力する必要があります。
 - b. 従来型の完全長抗体については「IgG Antibody」を選択します。完全長抗体については、重鎖可変領域 (VH) と軽鎖可変領域 (VL) の配列の両方を提供する必要があります。
注意: 修飾された定常領域を持つ抗体配列を送信する場合は、適切な抗体タイプを選択し、次に重鎖及び／又は軽鎖のベクターとして pTwist CMV BG WPRE Neo 又はカスタムベクターを選択します。
6. ページ右側の「Product Specifications」に目を通し、標準的な仕様と利用可能なオプションをご確認ください。詳細は「more details」又は特定の詳細については ⓘ をクリックしてください。
7. 注文の準備が整いましたら、「Order Now」を選択してください。

抗体取り込み及びクローン遺伝子に関する配列及びオプションのアップロード

8. 可変領域配列をアップロードするには、まず「Nucleotide Sequence」又は「Amino Acid Sequence」のいずれかを選択し、次にインポート方法を選択します。
 - a. **注意**：pTwist 発現ベクターを選択した場合、配列のアップロード中に Kozak 及びリーダー配列を含めないでください。配列は以降の手順で追加されます。

9. 配列ファイルを初めてアップロードする場合は、「Download Template」をクリックしてください。テンプレートを開き、IgG 名、VH 名及び配列（シングルドメイン抗体を選択した場合はここまで）、VL 名及び配列（従来の IgG 抗体を選択した場合）を挿入します。完了後、「Upload Sequence File」を選択し、ファイルをドラッグ & ドロップするか、「Choose Files」を選択し、ファイルを直接アップロードする場所に移動します。
 - a. 「Continue」をクリックします。

10. 以下の選択肢から選択してください。
 - a. IgG アイソタイプ (IgG1、IgG2、IgG4S228P、又は複数のアイソタイプが送信されている場合にはその他)
 - b. 軽鎖サブタイプ (Lambda 又は Kappa)。

注：軽鎖のサブタイプを選択すると、そのサブタイプがすべての軽鎖抗体に順番に適用されます。複数の軽鎖タイプがある場合は、そのサブタイプをすべての軽鎖に適用し、次ページで鎖型を変更する必要があります。
 - c. クローン遺伝子の構成：
 - i. VH 配列のベクターの種類を選択 — pTwist 発現ベクター又は登録済みカスタムベクター
 1. 定常領域とともに可変領域をアップロードする場合、pTwist CMV BG WPRE Neo、挿入部位 NotI-XbaI 又はカスタムベクターを選択してください。
 - ii. Kozak とリーダー配列を選択します。
 1. pTwist 発現ベクターを選択した場合、Kozak 及びリーダー配列を変更する必要はありません。
 2. カスタムベクターを選択した場合、以下のシナリオに従い、「Twist sequence」を選択するか、又は Kozak 及びリーダー配列のヌクレオチド配列を入力してください。
 - a. Kozak とリーダー配列の両方がカスタムベクターに完全に含まれている場合、ベクターに正確なヌクレオチド配列を入力します。
 - b. アップロードされたテンプレートファイルに Kozak とリーダー配列の両方が記載されている場合、正確なヌクレオチド配列を入力します。
 - c. リーダー配列の一部がベクターに含まれている場合：リーダーのヌクレオチドの**全**配列を入力します

注：アップロードするテンプレートファイルにカスタムの Kozak 及びリーダー配列、又はカスタムベクターにそれらの配列が含まれる場合は、Kozak 及びリーダー配列のヌクレオチド配列を正確にオプションページに入力しなければなりません。
 - iii. VL 配列のベクターの種類を選択します — pTwist 発現ベクター又は登録済みカスタムベクター
 1. 定常領域とともに可変領域をアップロードする場合、pTwist CMV BG WPRE Neo、挿入部位 NotI-XbaI 又はカスタムベクターを選択してください。
 - iv. Kozak とリーダー配列を選択します。
 1. pTwist 発現ベクターを選択した場合、Kozak 及びリーダー配列で変更する必要はありません。
 2. カスタムベクターを選択した場合、以下のシナリオに従い、「Twist sequence」を選択するか、又は Kozak 及びリーダー配列のヌクレオチド配列を入力してください。
 - a. Kozak とリーダー配列の両方がカスタムベクターに完全に含まれている場合、ベクターに正確なヌクレオチド配列を入力します。
 - b. アップロードされたテンプレートファイルに Kozak とリーダー配列の両方が記載されている場合、正確なヌクレオチド配列を入力します。
 - c. リーダー配列の一部がベクターに含まれている場合は、リーダー配列のヌクレオチドの**全**配列を入力します。

***注** 配列のアップロード時に、タンパク発現に影響を及ぼす可能性のある問題を特定するため、バイオインフォマティクス画面が起動します。これには数分かかることがあります。問題が発生した場合は、ウィンドウの右下にある e コマースのチャット機能を使用するか、customersupport@twistbioscience.com に連絡してサポートを受けてください。

配列を確認し、アイソタイプ、軽鎖又はベクターのオプションを変更します。

11. 従来の抗体の場合、VH 及び VL 配列は全長 IgG 名（配列アップロードファイルに入力）の欄に記載があることに留意してください。
- a. IgG アイソタイプ及び軽鎖タイプはいずれも、マスターチェックボックス及びマスタードロップダウン矢印、ならびに表メニューオプション上部（緑色丸でハイライト）を用いて、個別に又は一括で変更することができます。
 - i. 軽鎖の種類を一括で変更するには、マスターチェックボックス（「Name」フィールドのすぐ左にあります）の横にあるドロップダウン矢印を選択し、「VL」を選択してから、「Light Chain」メニューオプションにカーソルを合わせ、λ 又は κ を選択します。
 - ii. 1つの軽鎖を変更するには：IgG 名の横にある左矢印を選択し、写真のように VH 及び VL のライン項目を展開します。軽鎖の横にあるドロップダウン矢印をクリックし、λ 又は κ を選択します。
 - b. ベクター又はクローン性遺伝子設定（Kozak 又はリーダー配列）に修飾を加えるため、同様の手順に従うことができます。
 - i. 一括でベクターを変更するには、マスターチェックボックス（「Name」フィールドの左にあります）の横にあるドロップダウン矢印を選択し、「VH」又は「VL」を選択してから、「Change Vector」メニューオプションにカーソルを合わせて目的のベクターを選択します。
 - ii. 単一のベクターを変更する場合、名前の横にある左矢印をクリックして、写真のように VH と VL のライン項目を展開します。ベクターの横にあるドロップダウン矢印をクリックして、目的のベクターを選択します。

ISOType	Light Chain	KOZAK Sequence	Leader Peptide Sequence	Change Vector	0 Selected	+ IgG	Sequences	Q			
>	<input type="checkbox"/>	#	NAME	ISOTYPE	LIGHT CHAIN	KOZAK SEQUENCE	LEADER PEPTIDE	BP	VECTOR	SCORE	PRICE (USD)
▼	<input type="checkbox"/>	1	IgG1	Human IgG1	κ						
	<input type="checkbox"/>	1.1	VH: VH_1			Twist Sequence	Twist Sequence	426	pTwist CMV hl...	●	\$38.34
	<input type="checkbox"/>	1.2	VL: VL_1			Twist Sequence	Twist Sequence	387	pTwist CMV hl...	●	\$34.83

* この段階で抗体オプションに変更を加える場合、バイオインフォマティクス画面を処理するのに数秒かかることに留意してください。

- iii. 抗体の送信を継続する前に、配列の最終確認を実施してください。「Download Sequences」をクリックし、慎重に確認してください。
 注：注文を送信すると、配列を変更することはできません。チェックボックスをクリックして、配列のダウンロードと点検を確認します。
- iv. レビューが完了したら、「Continue」をクリックしてください。各列には特に注意を払い、正常な発現に必要な配列と要素があることを確認してください。

i

Final Sequence Review

To help ensure success, please use the **Download Sequences** feature and review the Construct Sequence, Open Reading Frame, and Amino Acid Sequence.

After review, please check the "I have downloaded and reviewed my sequences" box, then click Continue.

To download the sequences in GenBank format please click back and use the "Download Sequences" button above the table.

I downloaded and reviewed my sequences

Note: Antibody sequences cannot be changed after the order is submitted.

抗体産生オプションの選択

12. 培養スケールの選択

- a. 精製後の範囲及び各培養スケールのポジティブコントロールによる合格基準については、表を参照してください。

	1 mL 培養	8 mL 培養
典型的な精製後の収率範囲	15 ~ 300 µg*	15 ~ 2,000 µg*
ポジコン最小収率	100 µg	1,000 µg

* タンパク産生量は、抗体配列、ベクター要素及び重鎖・軽鎖の組合せによって異なります。

- b. 精製スケールは、Fc 領域と共にご提出された抗体についてのみ選択することができます。
- i. ご提出された抗体配列は、Protein A/G で精製可能でなければなりません。Twist では、scFv、ナノボディ又は Fab フラグメントを精製できません。抗体の Protein A/G への親和性について不明な点がある場合は、FAQ をご覧いただくか、追加のサポートについてお問い合わせください。
- c. Protein A/G への結合親和性が低い抗体断片及び抗体を産生し、上清として送付することができます。

13. 溶出緩衝液の選択。

- a. 使用可能な溶出緩衝液は 2 種類あります。
- i. 43 mM クエン酸塩、148 mM HEPES pH 6（アミンフリー：一級アミンベースのラベリングやカップリングを行う場合に推奨）
- ii. 83 mM グリシン、167 mM Tris-HCl pH 6
- b. 標準使用量は、1 mL スケールで 220 µL、8 mL スケールで 500 µL です。

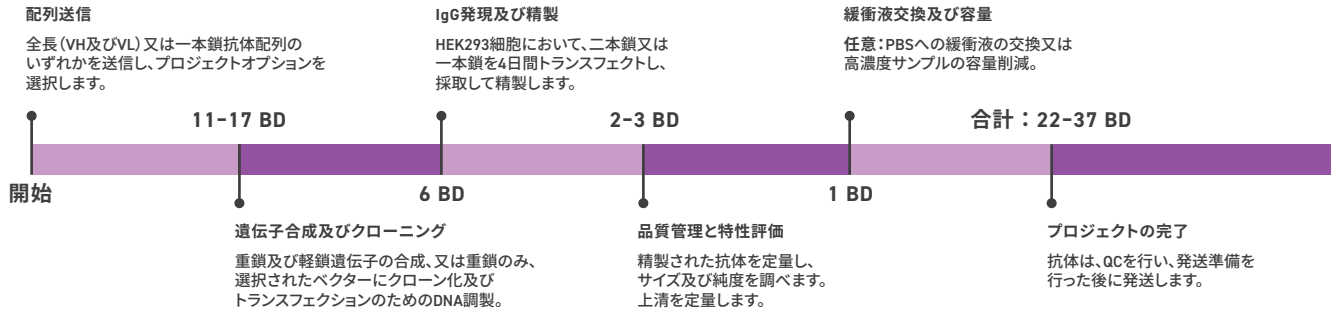
14. デリバリー形式の選択

- a. 利用可能な形式：
- i. 2 mL チューブ
- ii. 96 ディープウェルプレート
- iii. 1.4 mL マイクロチューブ
- iv. 4 mL マイクロチューブ
- v. 10 mL コニカルチューブ（8 mL の上清生産スケールでのみ利用可能）

発送、支払い、注文の詳細の確認

15. ご注文内容が正確かつ完全であることを確認し、注文を送信してください。
16. グリセロールストックは、発現抗体に加えて、当社の標準的な DNA 納入品であることに注意してください。Twist が抗体配列構成を合成し、正しくクローン化できない場合、グリセロールストックは送付されず、これらの抗体の DNA 合成、クローン化、IgG 発現、精製の請求書も送付されません。

プロセスの概要と予想される納期：



クローン遺伝子合成のための抗体配列の調整方法

抗体配列が適切に準備され、提出されるかどうかを理解するために優れた方法は、抗体可変領域を認識するためのツールに慣れることです。VH 及び VL はいずれも V 遺伝子及び J 遺伝子で構成されています。これらの遺伝子内には、保存されたセグメント、すなわちフレームワーク (FWK) 及び相補的決定領域 (CDR) があります。FWK は通常、高度に保存されており、Geneious Prime バイオインフォマティクスソフトウェアプラットフォームや ANARCI などのバイオインフォマティクスツールなどのソフトウェアの支援により、注釈の参照として使用することができます。

以下は、pTwist 発現ベクターを含む定常領域が選択された場合、又はクローン遺伝子合成に Kozak、リーダー及び定常領域配列を含むカスタムベクターが選択された場合に、それらを単離し、可変領域のみを送信するための利用可能なツールです。

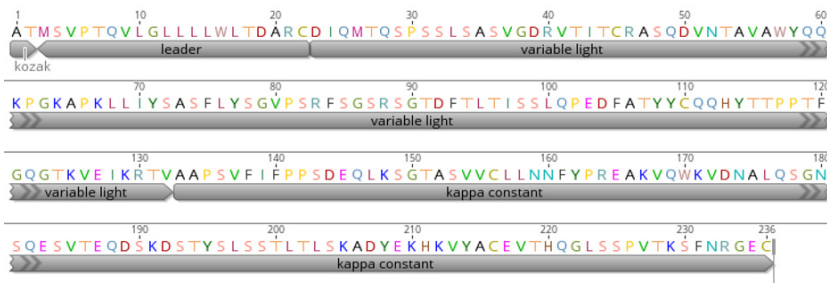
配列のトリミング用リソース:

1. **abYsis** は、1つ以上の抗体について、統合、包括的、注釈付き配列評価を提供します。abYsis は、抗体配列の完全な領域内訳を提供して、可変領域の開始位置と終了位置をすばやく特定します。リーダー、FWK 及び CDR 配列、並びにテール又は定常領域配列の表形式の内訳も提供されます。

以下は抗体例の軽鎖のリードアウト例です。このリードアウトは、可変領域の提出の指針となる配列に注釈を付けるために使用できます。

Region	Sequence Fragment	Residues	Length
Leader	ATMSVPTQVLGLLLLLWLT DARC	1 - 22	22
LFR1	DIQMTQSPSSLSASVGD RVTITC	23 - 45	23
CDR-L1	RASQDVNTAVA	46 - 56	11
LFR2	WYQQKPKAPKLLIY	57 - 71	15
CDR-L2	SASFLYS	72 - 78	7
LFR3	GVPSRFSGSRSGTDFTLTISLQPEDFATYYC	79 - 110	32
CDR-L3	QQHYTTPPT	111 - 119	9
LFR4	FGQGTKVEIKRTV	120 - 132	13
Tail	AAPSVFI PPSDEQLKSGTASVVC LLNMFY PREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK D STYLSLSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT KSFNRGEC	132 - 236	104
			236

2. バイオインフォマティクスプログラムを使用して、abYsis から提供された注釈を配列に適用し、可変領域を視覚化して分離するのに役立ちます。以下は、abYsis の注釈が適用された Geneious Prime ソフトウェアプラットフォームにインポートされる配列の例です。

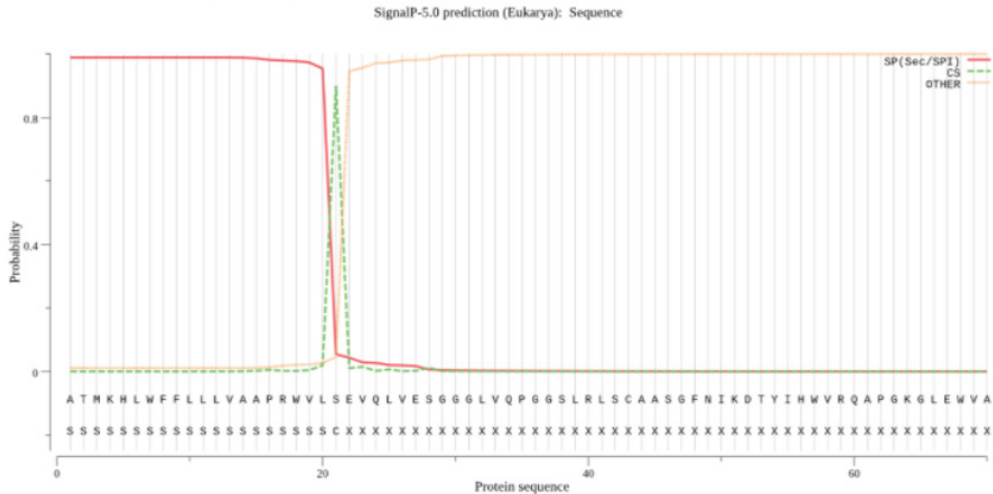


3. リーダー又はシグナルペプチドの配列を除去するための2つ目の選択肢は [SignalP5.0](#) です。これは、タンパク質におけるシグナルペプチドの存在及び切断部位の位置を同定し、予測するのに有用です。これは、既存のリーダーペプチド配列が可変領域に添付されていますが、Twist リーダー配列の使用を必要とする pTwist ベクターでその構成概念を合成することを望む個人に有用な場合があります。

このプログラムは、複数の構成概念の切断位置を示すために使用できますが、処理に数分かかる場合があります。重鎖の切断部位の特定例を以下に示します。

Protein type	Signal Peptide (Sec/SPI)	Other
Likelihood	0.9888	0.0112

Download: [PNG](#) / [EPS](#) / [Tabular](#)



4. リーダー、変数、及び定常領域の包括的な内訳を提供する可能性のあるもう1つの選択肢は、[ANARCI](#) です。結果の解析では、赤でハイライトされた正確な可変領域配列が提示され、その後、当社の e コマースウェブサイトにて抗体アプリケーションにアップロードできます。また、ANARCI は軽鎖ドメインの種類及び配列種の詳細も提供しています。
5. 最後に、可変領域配列はメチオニン (M) で開始しないことにご留意ください。アミノ酸 M 又はヌクレオチド ATG で始まる配列をアップロードし、pTwist ベクターの使用を計画している場合は、サポートにお問い合わせください。

Twist は、上記のパッケージの設定、編集、実行、トラブルシューティングはサポートしていません。Twist は、上記のパッケージの出力が正確であること、又は参照パッケージが特定の使用に適することを保証するものではありません。

FAQs

1. 私の抗体はどのように産生されますか？

Twist の抗体は、HEK293 の一過性発現系を用いて合成、クローン化、NGS 配列の検証及び組換え法により産生されます。抗体は Protein A/G アフィニティクロマトグラフィーを用いて精製します。抗体の遺伝子組換え産生により、バッチ間の一貫性により高い収率が得られる可能性が高まります。

2. 抗体の品質検査はどのように行われますか？

Twist は、還元条件下で、全ての抗体産物の収率 (µg)、純度 (%) 及びサイズ (kDa) を検査します。各抗体は LabChip (CD-SDS) を介して検査し、個々の重鎖及び軽鎖の純度及びサイズを検査します。収率は A280 の測定値を用いて定量化されます。上清検体は、力価測定法を用いて定量します。最終的な文書では、各抗体の純度率、重鎖及び軽鎖のサイズに加え、容量、収率及び濃度が報告されます。上述した記録により、低、中又は高発現レベルの抗体価発現レベルを示します。

3. 抗体の収率が低いのはなぜですか？

抗体収率が低い理由はさまざまです。発現不良、重鎖と軽鎖のペアリング不良、分泌不良、又は Protein A/G に対する親和性不良を引き起こす可能性がある配列又はベクター要素のいずれかにしばしば生じます。配列がリーダー領域又は定常領域において重複している場合、得られる量は予想よりもはるかに低いです。

予想よりも低い収率を経験している場合は、以下のトラブルシューティング手順が推奨されます。

1. まず、哺乳類 Kozak、哺乳類リーダー配列、又は Protein A/G の精製に一致する Fc 領域などの発現要素の欠損を除外します。
2. 次に、選択した発現ベクターが哺乳類発現に適合することを確認します。例えば、ベクターに CMV プロモーター又はその他の適合する哺乳類プロモーターが含まれていることを確認します。
3. さらに、「Download Sequence」リンクをクリックして、提供された最終コンストラクトを確認することが不可欠です。以下の項目が**含まれていない**ことを確認してください。
 - リーダー配列の繰り返し
 - 一部繰り返しのリーダー配列
 - ダブルシグナル配列
 - 部分的に繰り返しの Fc 領域
 - 二重の Fc 領域 — 挿入配列は非常に長くなります!
- b. Twist ハイスループット抗体産生は、1 mL 又は 8 mL スケールの細胞培養で抗体配列を発現します。IgG の発現レベルが、想定される収量を下回らないよう努力いたします。

4. 抗体活性が以前の実験と異なるのはなぜですか？

結合親和性が低い又は異なる理由は様々です。いくつかの理由は、選択した発現系、溶出緩衝液、抗体及び抗原の品質及び純度、又は親和性の評価に使用される技術の実験的特性に起因する可能性があります。結合親和性は平衡定数です。そのため、バッファー条件、抗体／抗原の純度、濃度、及び温度設定などのシステム属性に基づいて変更されます。

注：Twist は抗体親和性のスクリーニングを行わず、結合親和性に関する QC データを提供することはできません。

5. 抗体は、どのような用途に使用でき、抗体はどのくらい必要ですか？

必要なアプリケーションと数量の詳細については、以下の表を参照してください。

アプリケーション：	最小 濃度	最小 分量	スループット
LSA SPR	0.1 µg/µL (10 µg)	100 µL	高
ELIZA	0.15 µg/µL (40 µg)	250 µL	低
SEC	0.3 µg/µL	60 µL	低
LSA SPR を用いたエピトープ結合	> 0.1 µg (70 ~ 100 µg)	100 µL	高
熱安定性	0.5 µg/ µL (20 µg)	40 µL	中
LC-MS	1 mg/mL	1µL	低
エンドキシン検査	0.1 µg/µL	30 µL	低

6. 抗体は Protein A/G アフィニティクロマトグラフィーで精製できますか？

Fc のカノニカル構造を含む抗体は、Protein A/G を用いて精製できます。

参考文献

- Vidarsson, Gestur et al. "IgG subclasses and allotypes: from structure to effector functions." *Frontiers in immunology* vol. 5 520. 20 Oct. 2014, doi:10.3389/fimmu.2014.00520
- Schroeder, Harry W Jr, and Lisa Cavacini. "Structure and function of immunoglobulins." *The Journal of allergy and clinical immunology* vol. 125,2 Suppl 2 (2010): S41-52. doi:10.1016/j.jaci.2009.09.046
- NOTT, A. "A Quantitative Analysis of Intron Effects on Mammalian Gene Expression." *RNA*, vol. 9, no. 5, 1 May 2003, pp. 607–617, 10.1261/rna.5250403.
- Rose, Alan B. "Introns as Gene Regulators: A Brick on the Accelerator." *Frontiers in Genetics*, vol. 9, 7 Feb. 2019, www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2018.00672/full, 10.3389/fgene.2018.00672.
- Berkner, Kathleen L., and Phillip A. Sharp. "Effect of the Tripartite Leader on Synthesis of a Non-Viral Protein in an Adenovirus 5 Recombinant." *Nucleic Acids Research*, vol. 13, no. 3, 1985, pp. 841–857, 10.1093/nar/13.3.841.
- Lu, H et al. "The initiator element of the adenovirus major late promoter has an important role in transcription initiation in vivo." *Journal of virology* vol. 71,1 (1997): 102-9. doi:10.1128/JVI.71.1.102-109.1997
- Narwade, Nitin, et al. "Mapping of Scaffold/Matrix Attachment Regions in Human Genome: A Data Mining Exercise." *Nucleic Acids Research*, vol. 47, no. 14, 2 July 2019, pp. 7247–7261, 10.1093/nar/gkz562.
- Liao, H.-J., et al. "Activities of Adenovirus Virus-Associated RNAs: Purification and Characterization of RNA Binding Proteins." *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 95, no. 15, 21 July 1998, pp. 8514–8519, 10.1073/pnas.95.15.8514.
- "Tech Tip #34: Binding characteristics of antibody-binding proteins: Protein A, Protein G, Protein A/G and Protein L" Thermo Fischer Scientific, 2013, TR0034.4, https://tools.thermofisher.com/content/sfs/brochures/TR0034-Ab-binding-proteins.pdf

ここで使用されている Twist Bioscience 及び Twist の各種ロゴは、Twist Bioscience Corporation の商標です。その他のすべての商標は、それぞれの所有者に帰属します。
©2022 Twist Bioscience Corporation. 無断複写・転載を禁じます。