

# 年末キャンペーン！

**BIOGNOSYS**  
PROTEOMICS - NEXT GENERATION

キャンペーン期間:2017年12月27日ご注文分まで

網羅的定量プロテオミクス解析ソフトウェア

# spectronaut<sup>TM</sup> pulsar

約50%OFF

アカデミックユーザー(Single system 年間ライセンス)

キャンペーン価格

**930,000円** (税別価格)

\*上記の価格は購入後1年間のサポート&アップグレードが含まれております。

データ独立取得(DIA)は、網羅的な定量プロテオミクス解析においてマス・スペクトロメトリー・プロテオミクスの強力な技術です。DIA実験は、1回の測定ですべての生成されたペプチド・フラグメントイオンのデータを高感度に記録します。

Spectronaut<sup>TM</sup> Pulsarは、スペクトル・ライブラリー・フリーのワークフロー(directDIA<sup>TM</sup>)によって取得したデータの解析やスペクトル・ライブラリーを使った(Hyper Reaction Monitoring - HRM<sup>TM</sup>)データのターゲット解析のどちらも行うことができます。PulsarはBiongosys社独自のデータベース検索エンジンであり、

Spectronaut<sup>TM</sup> Pulsarは上記2つのワークフローをサポートし、外部の検索エンジンを必要としません。また、解析結果は、各サンプル中の各タンパク質ごとの正確な定量値が入った単純なデータですので、プロテオミクスの専門的な知識がなくても、どんな研究者によっても解釈できるデータです。

## Spectronaut Pulsarの特長

- ◆ 比類なきタンパク質同定数：理想的なディスカバリー・プロテオミクスアプリケーション
- ◆ 最小限のバイオインフォマティクス・リソースで大規模データセットを高速解析
- ◆ 完全なワークフロークオリティーコントロールでデータの信頼度を高めます。
- ◆ 簡単で使いやすく、質量分析装置メーカーの種類に依存しません。
- ◆ スペクトルライブラリーのないワークフローもスペクトルライブラリーを使ったDIAデータのターゲット解析もどちらにも対応しています。

Spectronaut Pulsarは30日間無料のデモ版があります。詳細は弊社までお問い合わせください。

# directDIA™ とHRM™

Biognosysのソリューションは、directDIA™ とHRM™のワークフローの各ステップをサポートしています。

## directDIA™

\*Direct™ワークフローは、Thermo Scientific™製の装置に対応しています。

Protein extraction,  
digestion and clean-up



DIA map recording  
by LC-MS/MS



directDIA™ data extraction  
& multiplexed quantification



Data analysis, statistics,  
biological interpretation



新しいdirectDIA™ワークフローとSpectronaut™ Pulsarを組み合わせることで、DDAベースのスペクトルライブラリーなしに、1回の測定で数千種類のタンパク質を再現よく高精度に解析できます。

## HRM™

Protein extraction,  
digestion and clean-up



DIA map recording  
by LC-MS/MS



HRM/DIA data extraction  
& multiplexed quantification



Data analysis, statistics,  
biological interpretation



DDA map recording  
by LC-MS/MS



DDA spectral  
library generation



HRM™ はDIAベースのワークフローで、データ解析中のペプチド同定のためのテンプレートとしてスペクトルライブラリーが必要です。HRM™ はタンパク質の同定数と定量を最大にするために最適化されています。

## 対応している質量分析装置

- Thermo Scientific™ Q Exactive™ Series
- Thermo Scientific™ Orbitrap Fusion™ Series
- SCIEX TripleTOF® Series (5600, 5600+, 6600)
- Bruker Q-TOF Series
- Waters Xevo G2-XS QTof

HRM™ ワークフローは、左記のすべての質量分析装置に対応しています。DirectDIA™ ワークフローは、Thermo Scientific™ 製の装置に対応しています。

## 対応している分析手法

- DIA
- WiSIM-DIA
- SWATH™
- SWATH™ 2.0
- SONAR™

左記手法のMS1とMS2スキャンデータ、またはMS2スキャンデータのみが必要となります。分析法のサイクルタイムは、分析法のサイクルタイムは、平均ピーク幅に応じて1-3秒の範囲でなければなりません。気相分画にも対応しています。



Biognosys社 日本正規販売代理店

**フィルジェン株式会社**

**Filgen®**  
biosciences & nanosciences

【お問い合わせ】 バイオサイエンス部

TEL: 052-624-4388 (9:00~17:00) FAX: 052-624-4389

Email: biosupport@filgen.jp

URL: www.filgen.jp

代理店