

Spectronaut™ Pulsar (網羅的定量プロテオミクス解析ソフトウェア)

Spectronaut™ Pulsarは、スペクトル・ライブラリーのないワークフロー (directDIA™) 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™) 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Biognosys社独自のデータベース検索エンジンであり、Spectronaut™ 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。

■ High Content

数千種類のタンパク質を同時に測定可能で、他に類をみないタンパク質の同定数の多さです。

■ High data quality

生データには欠測値がほとんどなく、肺がんのデータセットにおいて、24回繰り返し測定を行っても、すべてのタンパク質の98%を再現性よく同定することができました。同定されたタンパク質のすべてにおいて低い技術的CV値 (変動係数・中央値10%未満) を実現しています。

■ Digital viability

測定サンプルデータは、包括的なイオン取得法にもとづいてデジタルデータに変換されます。このデータは、元のサンプルを再測定することなく、再解析や再検討することが可能です。

データベース
検索エンジン
Pulsar搭載



directDIA™とHRM™

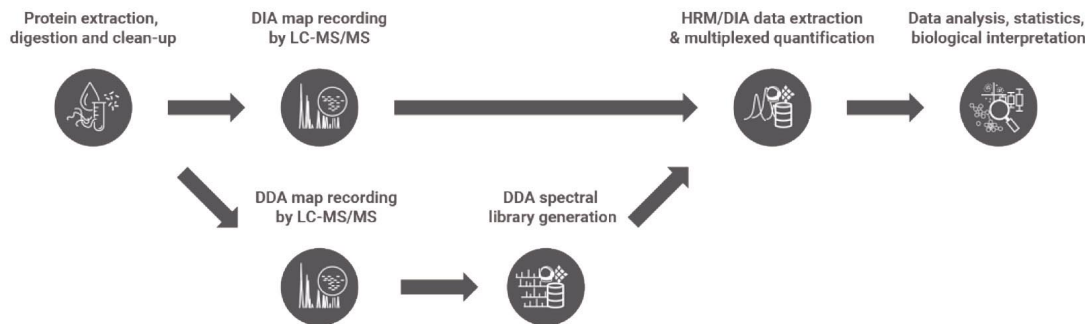
Spectronaut™ Pulsarは、directDIA™とHRM™のワークフローの各ステップをサポートしています。

directDIA™



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™



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。

対応している分析手法

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

対応機種

- 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、上記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。

デモ版ダウンロードをご希望の場合は弊社までご連絡ください