

GC-MSデータ解析用ソフトウェア

# GC-Analyzer

GCxGC-MSデータ解析用ソフトウェア

# GCxGC-Analyzer

LC-MS/GC-MSデータ解析用ソフトウェア

# MsXelerator



GC-MSデータ解析用ソフトウェア

## GC-Analyzer

### メジャーなベンダーの質量分析データに対応

メジャーなベンダーの質量分析データをインポートし、マススペクトルやTIC・EICの表示を行ったり、グラフのアライメントなどのコントロールを行ったりすることができます (.D, .raw, .qgd, .cdfなどに対応)。

### サンプル間の比較解析

サンプル間でクロマトグラムの比較解析を行い、サンプル/コントロール間で差がある要素の検出を行うことで、製品管理などに応用可能です。比較解析結果は、ドットやバブルプロットのインタラクティブなグラフで表示され、差があるイオンを容易に検索可能です。

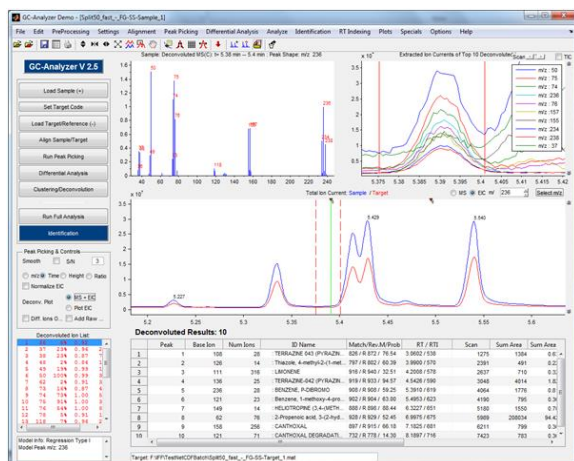
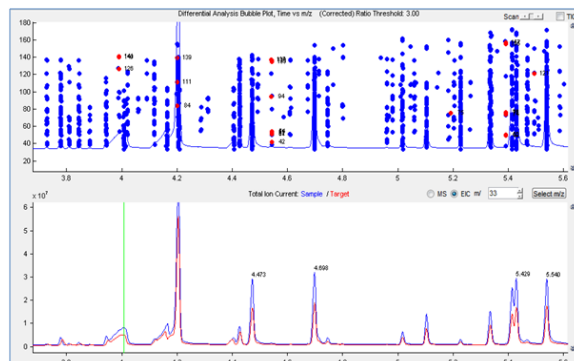
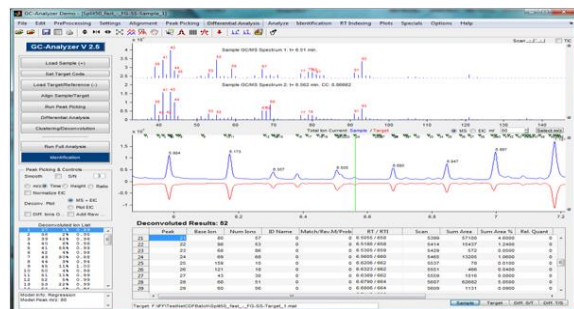
### 優れたデコンボリューションアルゴリズム

GC-Analyzerでは、データの複雑度に合わせて適切なデコンボリューションを実行可能で、ピークの形状とイオン保持時間に基づいて、各イオンを、それが由来する化合物に正確に帰属させることができます。

また、GC-AnalyzerをNIST MS Search プログラムにダイレクトにリンクさせることが可能で、それによりピーク成分の同定を行うことができます。

### FID クロマトグラムのインポートにも対応

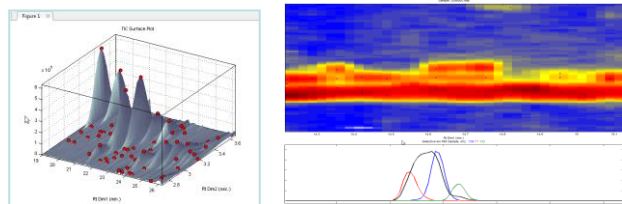
GC-Analyzerでは、質量分析計から得られたTICに加え、FIDから得られたクロマトグラムも一緒にインポート可能です。質量分析データと定量応答範囲の高いFIDデータを組み合わせることで、感度が向上し、香料などの天然物由来試料の高精度な分析が可能になります。



# GCxGC-Analyzer

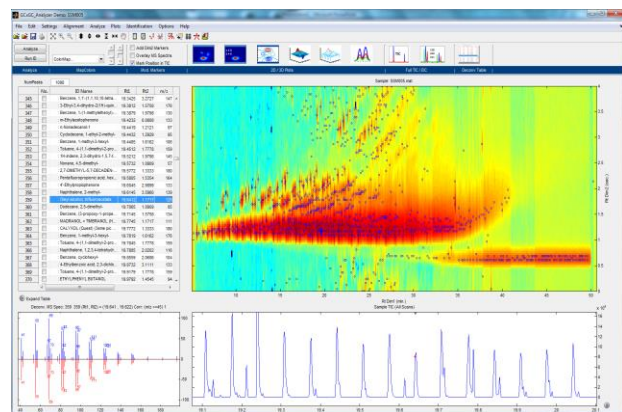
## 豊富なグラフィックスビュー

GC-Analyzerと同様、メジャーなベンダーの質量分析データをインポートすることができます。また、データ量の大きいGCxGC-MSデータの分析するために、3Dプロットや、2次元時間軸に対するマススペクトルやTICのクロマトグラムなど多彩なグラフを表示することができます。



## サンプル間の比較解析

簡単な操作でピーク検出・サンプル間の差分比較・デコンボリューションを行うことができます。デコンボリューションされたサンプルは、NIST MS Searchに基づいて成分の同定が行われます。また、all ionモードを使用すれば、サンプル中の微小成分についても同様なプロセスで解析を行うことができます。



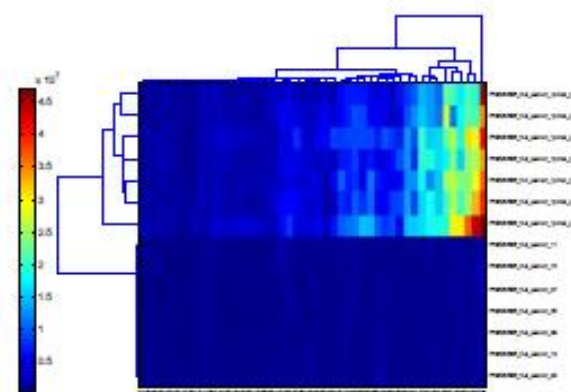
# MSXelerator

## 同位体標識による代謝プロファイリング および定量プロテオミクス

MSXeleratorに含まれるIPeaksモジュールでは、同位体パターンに基づいてピークを検出・定量化することができます。安定同位体を用いた薬剤代謝プロファイリングやSILAC法に定量プロテオミクスを行うことができます。

## バイオマーカー分析とメタボロミクス解析

MSXeleratorに含まれるMPeaksモジュールでは、高性能ピークピッキングアルゴリズムを使用し、さまざまな感度でクロマトグラムからピークを抽出することができます。また、抽出したピークリストを使用し、サンプル間の差分比較や各種ライブラリーに基づいた成分の同定が可能です。また、MsCompareモジュールでは、Mpeaksでモジュールで取得したピークのリストに対し、グループ間比較およびプロットの作成を行うことができます。



**フィルジェン 株式会社**

【お問い合わせ】 バイオインフォマティクス部

TEL : 052-624-4388 FAX : 052-624-4389

メール : support@filgen.jp URL : https://filgen.jp/

**Filgen**<sup>®</sup>  
biosciences & nanosciences

代理店