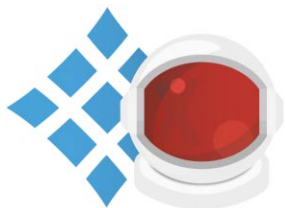


Spectronaut™ Pulsar X (DIAデータ用プロテオミクス解析ソフトウェア)



Spectronaut™ Pulsar X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解析することができます。Pulsarとは、Biognosys社独自のデータベース検索エンジンであり、Spectronaut™ Pulsar Xは、上記2つのワークフローに対応し、外部の検索エンジンを必要としません。また、Pulsar Xからスペクトルライブラリーを組み合わせることで同定数や精度を向上させるハイブリッドライブラリー機能が新たに追加されました。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。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。

NEW

ソフトウェア

● Biognosys社プロテオミクス解析ソフトウェア

■ 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。

■ Spike-in workflow

Biognosys社の新しい「PQ500™ reference peptide kit」と組み合わせることで、ヒト血漿/血清サンプル中の500を超えるタンパク質のラベルフリーによる定量を行うことができます。



directDIA™とHRM™

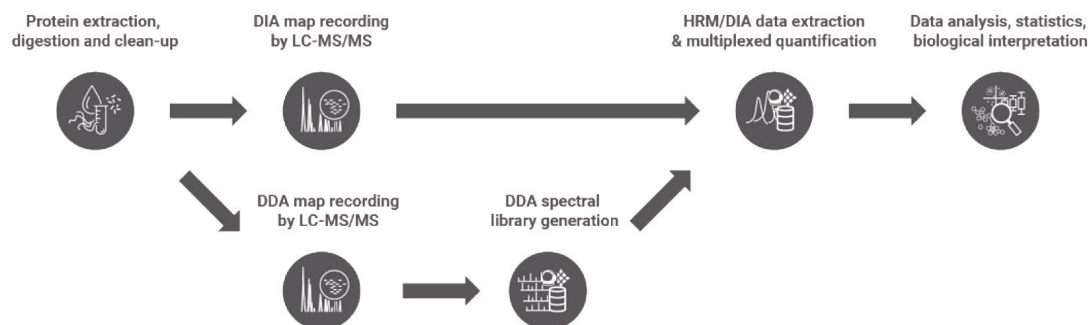
Spectronaut™ Pulsar Xは、directDIA™とHRM™のワークフローの各ステップをサポートしています。

directDIA™



新しいdirectDIA™ワークフローとSpectronaut™ Pulsar X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。

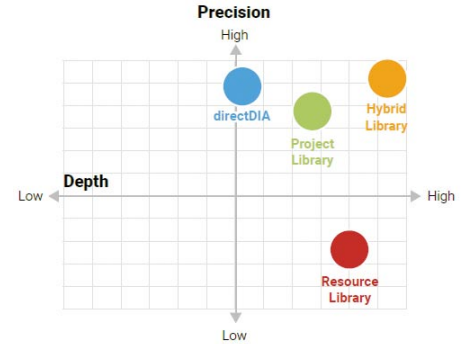
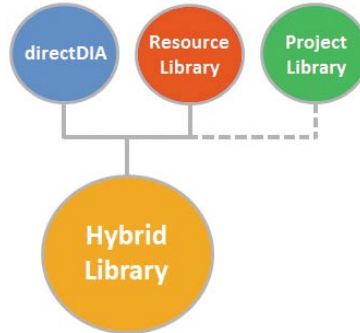
デモ版をご希望の場合は、弊社までお問い合わせください。

ハイブリットライブラリーの生成

Pulsar Xでは、タンパク質同定数や精度を向上させるため、スペクトルライブラリーを組み合わせてハイブリットライブラリーを生成する機能が追加されました。

スペクトルライブラリーには、実際解析に使用するサンプルをDDAモードで測定することで作成される「Project Library」、異なるサンプルや異なる測定装置から得られたデータで作成される「Resource Library」、directDIAワークフローによって作成される「directDIA」、の大きく分けて3つのライブラリーがあります。

これら3つのライブラリーはそれぞれ異なる特性を持ち、ハイブリットライブラリーは、コアプロテオームをResource Library (またはProject Library) でカバーし、サンプル特異的なプロテオームをdirectDIAの同定でカバーすることでライブラリーを補完し、最良の結果へと導きます。



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

SpectroDive™ (質量分析MRM法、RPM法解析ソフトウェア)



SpectroDive™は、定量用の質量分析MRM (Multiple Reaction Monitoring) 法やPRM (Parallel Reaction Monitoring) 法のシグナル解析を行うソフトウェアです。高性能なピーク・ピッキングアルゴリズムは、大規模なデータセットでも比較的高速に解析を実行できます。Biognosys社が販売するiRT Kitと併用することで、より高精度な解析を行うことが可能です。

主要機能

- 統合されたiRTキャリブレーション
- 効果的なピークスコアリング
- すばやくかつ直感的なデータ表示
- カスタマイズ・レポートニング
- 全自動クオリティコントロール
- 自動化されたMS法セットアップ、シグナル処理・解析

対応機種

- MRM法
- Thermo Scientific™ TSQ™ Series (Vantage, Quantum, Quantiva)
 - SCIEX API 4000™
 - SCIEX Triple Quad™ 5500
 - Agilent 6400 Series
- PRM法
- Thermo Scientific™ Q Exactive™ Series
 - Thermo Scientific™ Orbitrap Fusion™ Series
 - SCIEX TripleTOF® Series (5600, 5600+, 6600)

Price

製品名	ライセンスタイプ	税別価格	カタログ#
Spectronaut™ Pulsar X ¹⁾	アカデミック Single system (年間ライセンス) ²⁾	お問い合わせ	F-BGS-SPN-SS-AA
	アカデミック Single system (永久ライセンス) ³⁾	お問い合わせ	F-BGS-SPN-SS-AP
	コマーシャル Single system (年間ライセンス) ²⁾	お問い合わせ	F-BGS-SPN-SS-CA
	コマーシャル Single system (永久ライセンス) ³⁾	お問い合わせ	F-BGS-SPN-SS-CP
	Single system 年間更新 (アカデミック、コマーシャル共通)	お問い合わせ	F-BGS-SPN-SS-MUS
SpectroDive™	アカデミック Single system (年間ライセンス) ²⁾	お問い合わせ	F-BGS-SPD-SS-AA
	コマーシャル Single system (年間ライセンス) ²⁾	お問い合わせ	F-BGS-SPD-SS-CA

* directDIA™ワークフローは、Thermo Fisher Scientific製およびSCIEX製の装置にのみ対応しています。

* Protein Pilotの検索結果は、ver.5.0以降に対応しています。

1) Spectronaut™ Pulsar X上でHRM™ワークフローの解析を行うには、別売りのHRM Calibration KitまたはiRT Kitを使って質量分析したデータである必要があります。

2) ライセンス有効期間中のバグ修正のアップデートは含まれていますが、Ver.10からVer.11の様なメジャーバージョンアップの場合は、別途新規でご購入いただく必要があります。

3) 永久ライセンスには、購入後1年間のバグ修正のアップデートが含まれています。次年度は別途更新費用が発生いたします。