

Byologic® (修飾・配列変異ペプチド解析ソフトウェア)

Byologic®は、ペプチドのアミノ酸配列の変化や修飾を検出・定量を行い、レポート出力までを行うことができるソフトウェアです。同社Byonic™ソフトウェアと連携させることで、効率的に解析を行うことができます。



特長

- MS1データ、または同社Byonic™ソフトウェアでMS/MSサーチを行ったMS2 IDsデータの解析が可能
- シーケンスバリエーションや翻訳後修飾、および0.1%以下の未修飾物の分解などの同定
- 偽陽性データの高速除去
- シーケンスバリエーションまたは翻訳後修飾があったMS1、MS2スペクトルを可視化して比較が可能
- クロマトグラム (XIC: Extracted Ion Chromatogram) による修飾/非修飾タンパク質のラベルフリー相対定量解析
- 解析結果の図やテーブルのファイル出力

Byomap™ (ペプチドマッピング解析ソフトウェア)

Byomap™は、ペプチドのマッピングを行い、ピークの比較を行うソフトウェアです。同社Byonic™ソフトウェアと連携させることで、効率的に解析を行うことができます。



特長

- LC & MS1データ、または同社Byonic™ソフトウェアで、MS/MSサーチを行ったMS2 IDsデータの解析が可能
- In silico* 消化またはMS2検索データを使用し、ペプチドの溶出ピークを自動でアノテーション付け
- MS1、MS2に基づいたアノテーション付けと評価
- マッピングされた10UV or TIC (Total Ion Chromatogram) ペプチドの正確なアライメントと定量による比較
- 同時溶出ピークの同定
- 許容外強度のピークの重要品質特性 (CQA) の追跡
- 解析結果の図やテーブルのファイル出力

Intact Mass™ (未消化タンパク質解析ソフトウェア)

Intact Mass™は、インタクト (未消化) タンパク質の解析用のソフトウェアです。スペクトルのデコンボリューションとサンプル間のデータ比較、レポートの作成までを簡単な操作で実行可能です。



特長

- 各メーカーの質量分析機器のMS1データの解析が可能
- 自動または手動によるクロマトグラフトタイムウインドウ
- 荷電状態のデコンボリューションによる、m/zスペクトルからマススペクトルへの変換
- m/zピークの自動捕捉と強度の計算
- 複数サンプルデータの対照比較
- 解析結果の図やテーブルのファイル出力

Supernovo™ (モノクローナル抗体 *De Novo* シークエンス解析ソフトウェア)

Supernovo™は、モノクローナル抗体の *De Novo* シークエンシングを行うソフトウェアです。検出されたペプチド配列データから、自動でアセンブルを実行し、抗体のアミノ酸配列データを得ることが可能です。



特長

- 各メーカーの質量分析装置からのMS/MSデータの解析が可能
- 高度なMS2スコアリングアルゴリズムによって、自動で *De Novo* シークエンシングを実行
- ドラッグ&ドロップによるMS/MS生データファイルの簡単インポート
- MS1, MS2, XICの全てのペプチドの表示を行う、ユーザーフレンドリーなビューワーを搭載
- シーケンスバリエーションまたは、翻訳後修飾があったMS1, MS2スペクトルを可視化して比較が可能
- MS1, MS2のアミノ酸残基間の開裂をまとめたサマリーを作成
- クロマトグラム (XIC: Extracted Ion Chromatogram) による修飾/非修飾タンパク質のラベルフリー相対定量解析
- 様々なフォーマットでの解析結果の図やテーブルのファイル出力

Price

製品名	ライセンスタイプ	税別価格	カタログ#
Byologic®	アカデミック (年間ライセンス)	お問い合わせ	PM-BLO-A
	コマーシャル (年間ライセンス)		PM-BLO-C
Byomap™	アカデミック (年間ライセンス)		PM-BMP-A
	コマーシャル (年間ライセンス)		PM-BMP-C
Intact Mass™	アカデミック (年間ライセンス)		PM-ITM-A
	コマーシャル (年間ライセンス)		PM-ITM-C
Supernovo™	お問い合わせ	PM-SNV	

* 本ソフトウェアは年間ライセンスとなります。

* テクニカルサポートは、電話、あるいは、電子メールでの対応のみとなります。