

タンパク同定数 飛躍的向上！ フィジクロン (Physikron) New ソフトウェア

■ プロテオミクスアプリケーション

1. バイオマーカー探索
2. 新規治療ターゲット蛋白質の探索
3. 蛋白質の翻訳後修飾解析
4. 細胞や組織、血液などのプロファイリング
5. 多数の蛋白質が複合するサンプル解析
6. メタプロテオミクス
7. ニュートリションプロテオミクス
8. 臨床プロテオミクス
9. 植物プロテオミクス
10. ファーマコプロテオミクス

■ 特長

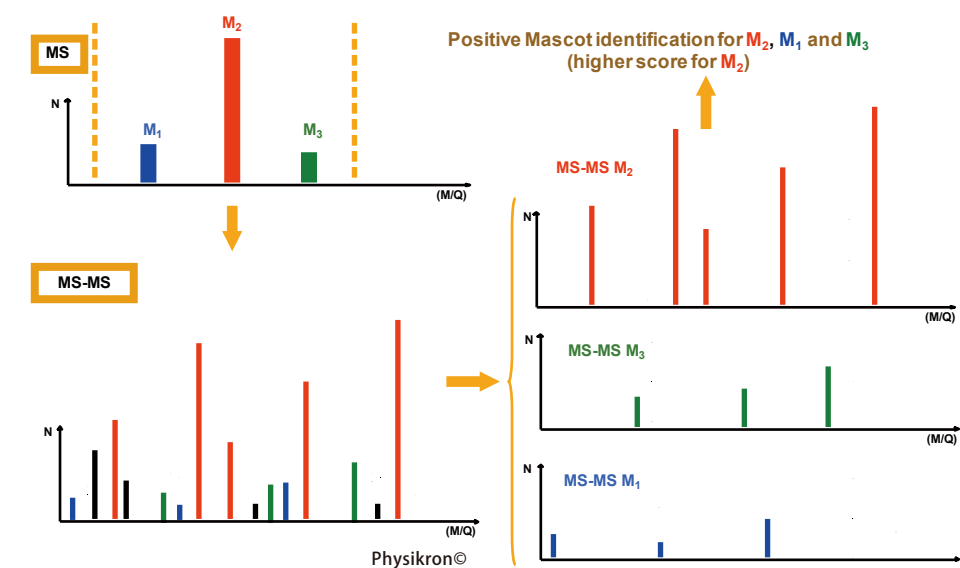
- ◎ ペプチド、蛋白質の同定率が飛躍的に向上
- ◎ 高分解能 MS/MS を取得できる質量分析装置に対応
- ◎ 既存の検索エンジンソフトウェアが使用可能
- ◎ 分析装置はデータ解析パラメータを簡単に変更するだけで機能を発揮

■ Physikron Technology

Physikron ソフトウェアは特殊なアルゴリズムを駆使することにより LC-MS/MS 解析でのペプチド、蛋白質の同定数を飛躍的に向上することが可能です。

通常の解析では指定された範囲で強度の強い1つのプレカーサーイオンが利用されてその MS/MS データに基づいて解析が進みますが Physikron 社の特許であるアルゴリズムを利用することにより、その範囲内にある他のすべてのプレカーサーイオン及びそれらの MS/MS データを処理することが可能です。

※ PRODUCTION OF MULTIPLEXED MS/MS SPECTRA



【品名】 フィジクロン タンパク質解析ソフト

【品番】 PHYSIKRON

【定価】 ¥5,000,000

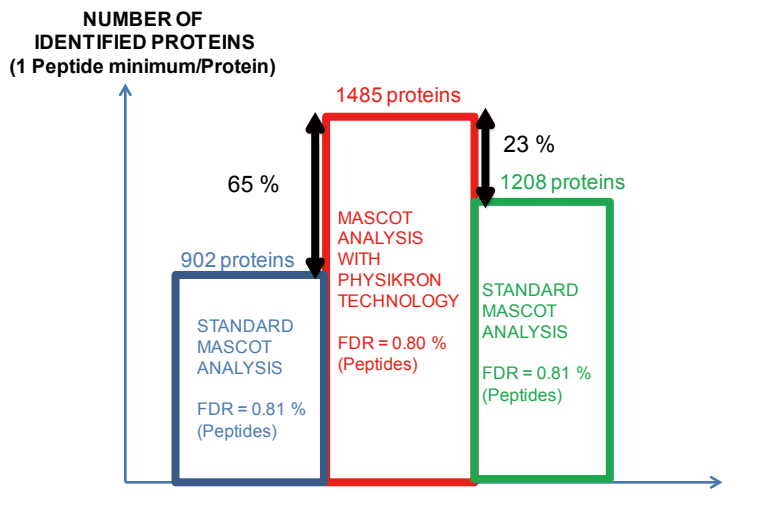
Orbitrap *Velos* LC-MS/MSでの解析例

ORBITRAP VELOS LC-MS/MS DATA

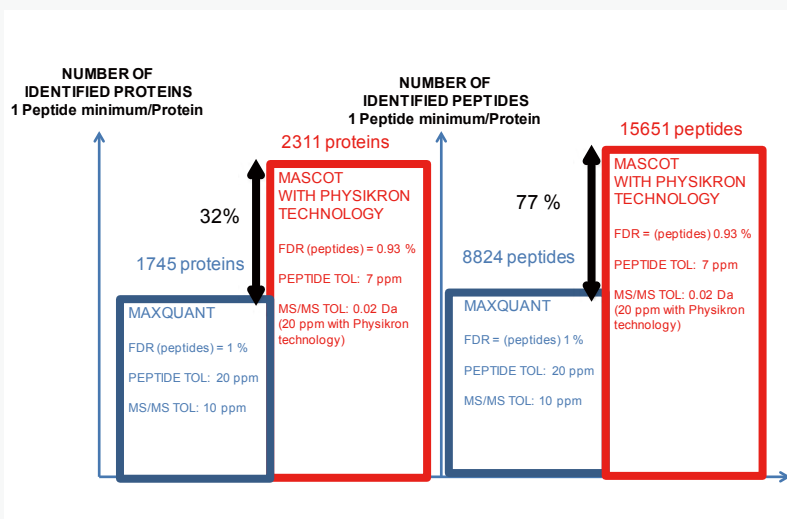
- 1 µg Human cell sample; trypsin digest;
- HCD mode; 30000 MS and 7500 MS-MS resolution (400 m/z)
- Standard Mascot analysis: Isolation Windows = 3 Th;
- Physikron Mascot analysis: Isolation Windows = 6 Th
- LTQ mode: 60000 MS (400 m/z) and 1 Da MS-MS Resolution;
- 2 ppm MS and 0.5 Da MS-MS accuracy;
- Standard Mascot analysis: Isolation windows = 3 Th

MASCOT SEARCH PARAMETERS

- DATA BASE: SwissProt 57-15; TAXONOMY: Homo sapiens
- ENZYME: Trypsin MISSED CLEAVAGE: 1; PEPTIDE TOL.: 4 ppm
- MS/MS TOL: HCD Mode=0.01 Da (10 ppm with Physikron technology), LTQ Mode=0.05 Da
- FIXED MODIFICATIONS: Carbamidomethyl (C)
- VARIABLE MODIFICATIONS: Oxydation (M), INSTRUMENT: Default



Orbitrap *ELITE* LC-MS/MSでの解析例



LC-MS/MS DATA HCD ORBITRAP ELITE

- 120000 MS and 15000 MS-MS Resolution (400 m/z)
- 20110804_HELA_HCD15_120_1 sample; Isolation window width = 2 Th
- Standard MaxQuant analysis
- Physikron Mascot analysis

MASCOT SRCH PARAMETERS

- DATA BASE: IPL_HUMAN_V3.87
- ENZYME: Trypsin
- FIXED MODIFICATIONS: Carbamidomethyl (C)
- VARIABLE MODIFICATIONS: Oxydation (M), Acetyl (Protein N-term)

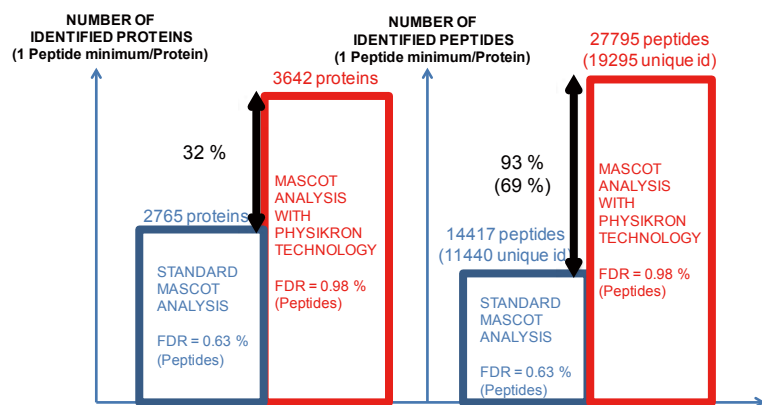
Orbitrap *Q-Exactive* LC-MS/MSでの解析例

ORBITRAP Q-EXACTIVE LC-MS/MS DATA

- HEK 273 Human sample; trypsin digest
- HCD mode; 70000 MS and 17500 MS-MS resolution (200 m/z);
- Isolation window width = 2 Th

MASCOT SEARCH PARAMETERS

- DATA BASE: SwissProt 57-15; TAXONOMY: Homo sapiens
- ENZYME: Trypsin,
- MISSED CLEAVAGE: 1,
- PEPTIDE TOL.: 10 ppm
- MS/MS TOL: 0.02 Da (20 ppm with Physikron technology)
- FIXED MODIFICATIONS: Carbamidomethyl (C)
- VARIABLE MODIFICATIONS: Oxydation (M),
- INSTRUMENT: Default



販売店

エーエムアール株式会社

〒152-0031 東京都目黒区中根 2-13-18 第百生命都立大駅前ビル 5F

TEL: (03) 5731-2281 FAX: (03) 5731-2283 URL: <http://www.amr-inc.co.jp>

Email: marketing@amr-inc.co.jp

