

# マトリックスサイエンス株式会社 取り扱い製品のご紹介

弊社では質量分析装置から得られたデータを元にタンパク質同定を中心とした解析を行うソフトウェアを提供しています。本資料では、前半では**弊社取り扱い製品全般**について、後半では **DIA 定性/定量 プロテオーム解析ソフトウェア「Scaffold DIA」** をご紹介いたします。

## 1. 弊社取り扱い製品一覧

弊社では、英国 **Matrix Science** 社にて開発されたソフトウェア「Mascot Server」並びにその関連製品 (Table.1)と、米国 **Proteome Software** 社で開発されたソフトウェア「Scaffold 4」並びにその関連製品(Table.2)を中心に取り扱っております。

製品名	製品の目的	一言
Mascot Server	タンパク質 / ペプチド配列 同定	DB 検索のグローバルスタンダード
Mascot Daemon	Server の自動検索補助	無料 (Server に付属)
Mascot Distiller	ピーク抽出、 <i>denovo</i> sequencing、定量解析	各社 raw ファイル読み込みに対応

Table.1 Matrix Science 社 取り扱い製品一覧

製品名	製品の目的	一言
Scaffold 4	MASCOT Server 結果まとめ	GUI 良く使いやすい
Scaffold Q+/Q+S	定量解析結果の拡張	Distiller の結果が必要
Scaffold PTM	ペプチド修飾の詳細解析、修飾別の定量解析	Ascore、Motif
Scaffold perSPECTives	Scaffold より高レベルな結果まとめ	scaffold 4 の結果を input とする
Scaffold Elements	低分子データの Untargeted 解析	データ取り込みから解析まで
Scaffold DIA	DIA 定性/定量プロテオミクス	データ取り込みから解析まで

Table.2 Proteome Software 社 取り扱い製品一覧

両社製品を組み合わせる事でさまざまなデータ解析を行う事が可能です (Fig.1)。

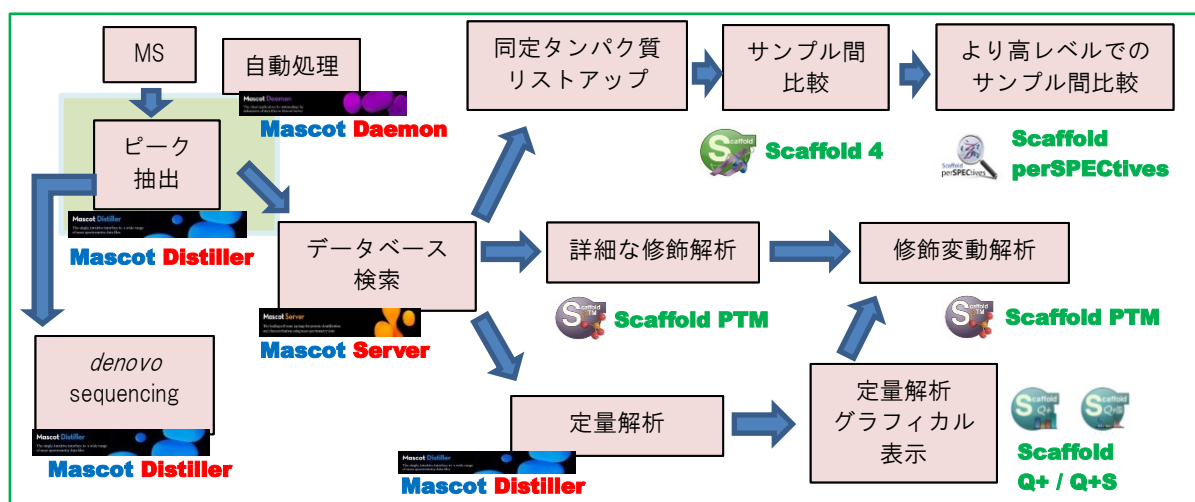


Fig.1 解析ワークフローとソフトウェア

## 2. Scaffold DIA

Proteome Software 社 新製品「**Scaffold DIA**」は **DIA の MS/MS データからタンパク質の同定と定量値の算出**を行うソフトウェアです。Scaffold DIA 上でデータ読み込みから解析まですべて遂行する事ができます。特に DIA データによるペプチド同定/定量に必要なソフトウェアをお持ちでない方におすすめです。

### 【主な特徴】

- ◆ 3種の検索対象に対応
  - FASTA**(タンパク質の配列)/**DDA データ**検索由来の**ライブラリ**/**DIA データ**検索由来の**ライブラリ**
- ◆ ProteoWizard の MSConvert.exe プログラムが対応する各社装置データを読み込み可能
- ◆ Scaffold シリーズに共通した、安定して使いやすい GUI
- ◆ 各種グラフ/統計解析に対応：**volcano plot, PCA, t-test, ANOVA, Permutation Test**
- ◆ Viewer を使って解析結果を簡単にシェア

### 【見やすい GUI】

解析データはタンパク質を基本として結果がまとめられます(Fig.2 右)。同定されたペプチドやその定量値の確認画面にもスムーズにアクセスできます (Fig.2 左上：ペプチド別の定量値、左下：フラグメント別 RT- intensity)。

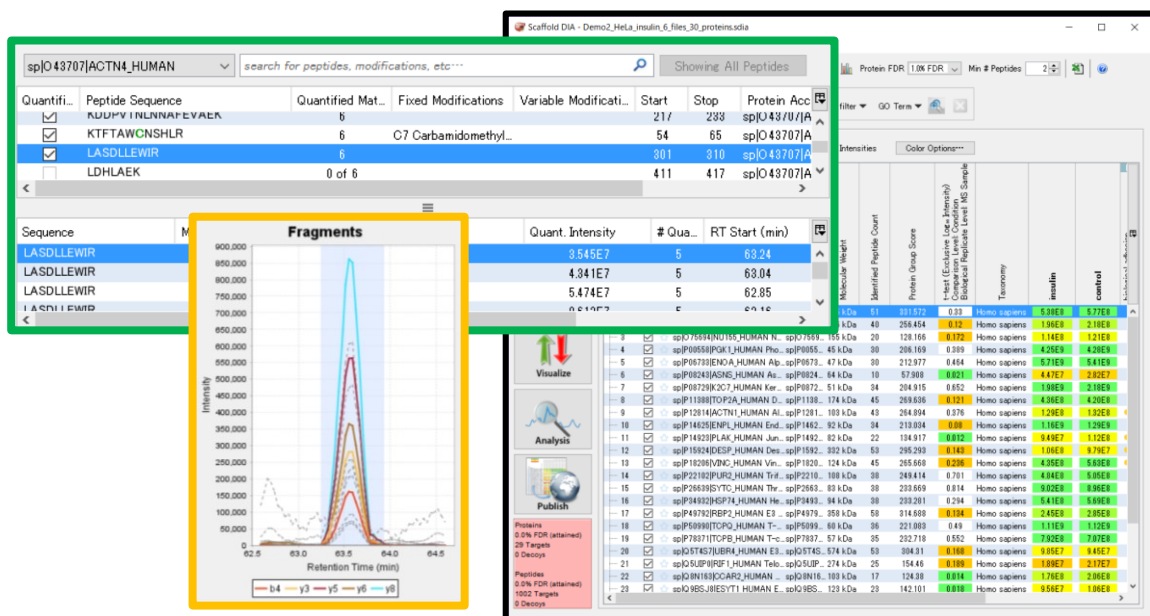


Fig.2 タンパク質ベースの結果画面(右)、ペプチド毎の定量値表示 (左上)、fragment 別の intensity 確認(左下)

弊社取り扱い製品に関するお問い合わせ先：

TEL : 03-5807-7895

メール：[info-jp@matrixscience.com](mailto:info-jp@matrixscience.com)