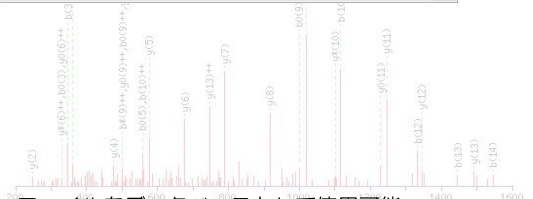
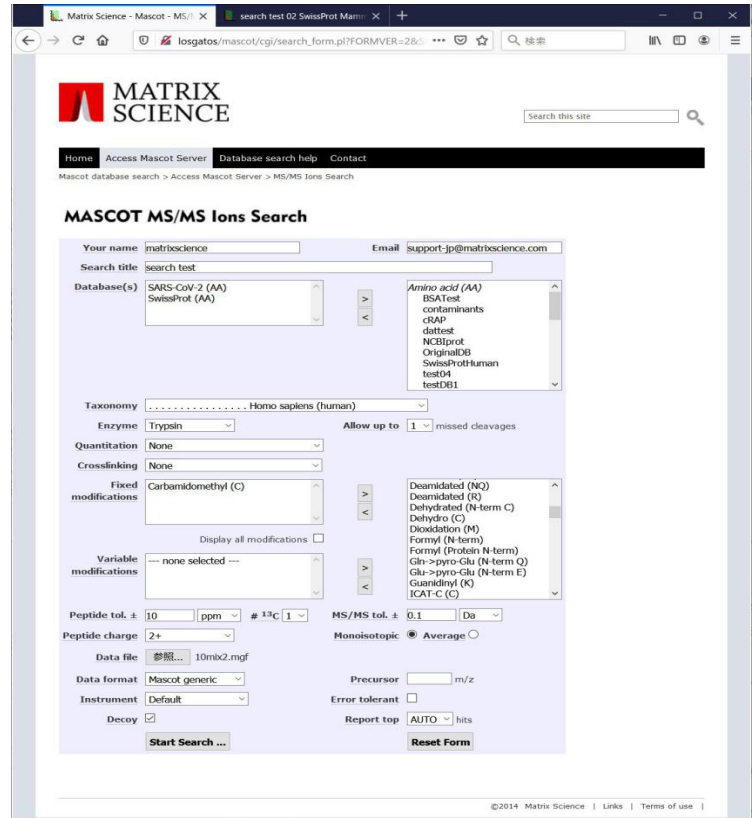


MASCOT Server Ver3.0

MASCOT Server は質量分析計から得られた質量データにマッチするアミノ酸配列を蛋白質やゲノムの配列データベースから検索し、測定サンプルに含まれる蛋白質・ペプチドを同定・解析するための蛋白質同定ソフトウェアです。確率的なスコアリングアルゴリズムを採用しており、統計的に有意な蛋白質・ペプチドをスコアによって明確に区別・可視化することができます。また、**MASCOT Daemon**、**Distiller** と組み合わせることにより、質量分析計システムが出力する RAW データを起点にした蛋白質同定作業の自動化、実験情報・検索結果の管理、検索結果の解析など、プロテオミクスの実験プロセスを効率的に進めるためのデータ管理・解析システムを構築することができます。



#	b	b ⁺	b ⁰	Seq.	y	y ⁺	y ⁰	#
1	114.09			I				10
2	201.12			S	1068.55	1071.53	1070.54	9
3	315.17	298.14	297.16	N	1001.52	984.49	983.51	8
4	414.23	397.21	396.22	V	887.48	870.45	869.47	7
5	561.30	544.28	543.29	F	788.41	771.38	770.40	6
6	662.35	645.32	644.34	T	641.34	624.31	623.33	5
7	809.42						3.27	4
8	880.46						6.20	3
9	1027.52	10					5.16	2
10							8.09	1



主な特徴

- (1) Web ベースの検索環境の構築。
- (2) 3つの蛋白質同定検索モード (PMF、SQ、MIS) をサポート
- (3) アミノ酸配列および塩基配列データベースの検索に対応。ユーザー側で準備した FASTA ファイルをデータベースとして使用可能。
- (4) ペプチド配列と結びついたピークリストライブラリへの検索に対応。また配列検索の結果からピークリストライブラリの作成が可能。
- (5) 確率的なスコアリングアルゴリズムにより蛋白質・ペプチドを同定。
- (6) **New**: 機械学習アルゴリズムによる同定ペプチド数の増加。
- (7) すべての種類の質量分析計システムのデータフォーマットに対応。
- (8) 検索可能な MS/MS データ数(クエリー数) に制限がなく、MudPIT などの大規模な実験データに対応。
- (9) シングルコア/マルチコア CPU、マルチ CPU、CPU クラスタ (**Mascot Server Cluster**) に対応した柔軟なスケールビリティ。
- (10) 検索を自動化するためのクライアントソフトウェア **Mascot Daemon** を標準バンドル(無料)。
- (11) 様々な定量解析法に対応 (iTRAQ、emPAI、ICAT、SILAC、¹⁸O など) * 一部 **Mascot Distiller** が必要となる定量解析があります
- (12) 実在データベースに対応する Decoy データベースの自動生成および同時検索、peptide/protein False Discovery Rate の表示
- (13) クロスリンク結合または共有結合したペプチドの検索をサポート
- (14) ¹³C、¹³C₂ ピークを考慮した検索をサポート
- (15) 一定の同定基準を超える蛋白質について、追加修飾やアミノ酸置換を考慮した検索を実施可能 [Automatic Error Tolerant search]
- (16) 検索結果のファイル出力 (XML、CSV) をサポート
- (17) 配列データベースの自動更新、検索結果ファイルの自動バックアップをサポート
- (18) エディタを利用した修飾、消化酵素の編集機能
- (19) ロールに基づく強力なユーザー管理機能

動作環境

Windows、Linux ※ /64bit

公開試用サイト

<http://www.matrixscience.com/>
(**MASCOT** のリンクをクリックください)

Web サイト <http://www.matrixscience.co.jp>
もご参照下さい。



プロテオミクスとともに・・・
マトリックスサイエンス株式会社

〒110-0015 東京都台東区東上野1-6-10 ARTビル1階
電話：03-5807-7895 ファクシミリ：03-5807-7896
電子メール：info-jp@matrixscience.com

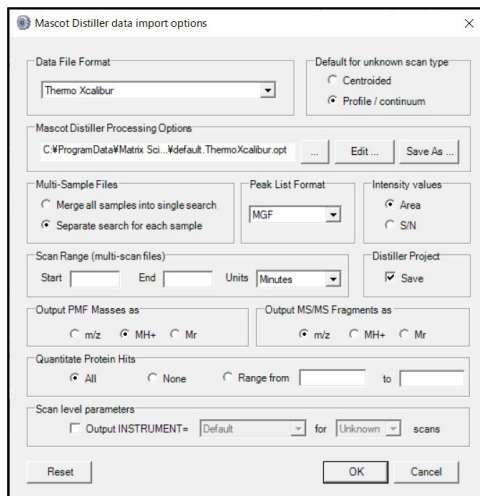
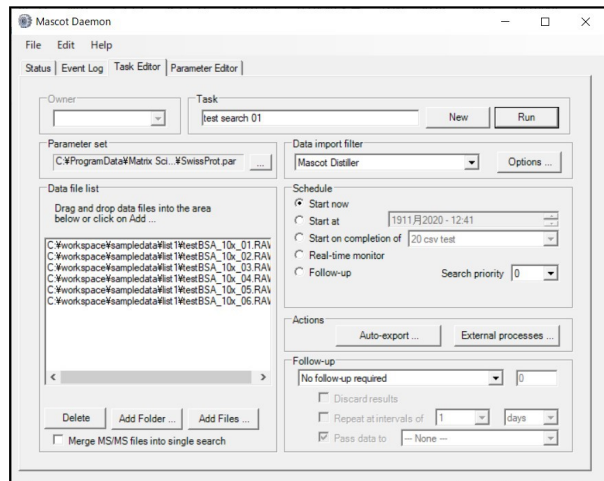
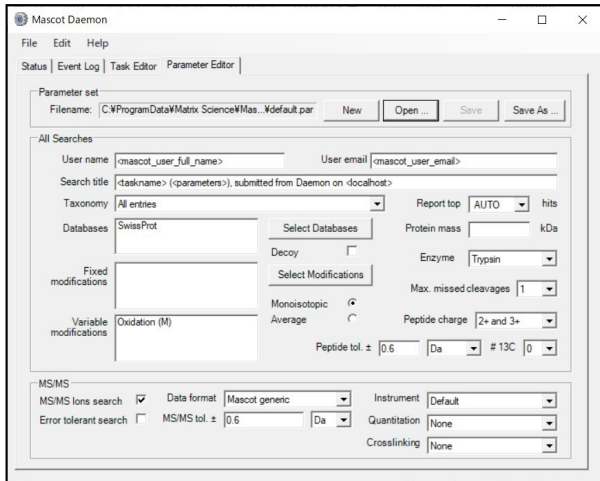
検索自動化クライアントソフトウェア

MASCOT Daemon

- +  8: dta single file
 - +  9: mgf merge
 -  10: test search
-  msmsSample-0.mgf

MASCOT Daemon は蛋白質同定プロセスを自動化するためのクライアントソフトウェアです。 **MASCOT Server**、 **MASCOT Distiller**、 主要な質量分析計データ処理ソフトウェアのユーザーインターフェース機能を提供するとともに、 Oracle や MySQL などの DBMS に接続し、 検索情報をデータベース化することができます。

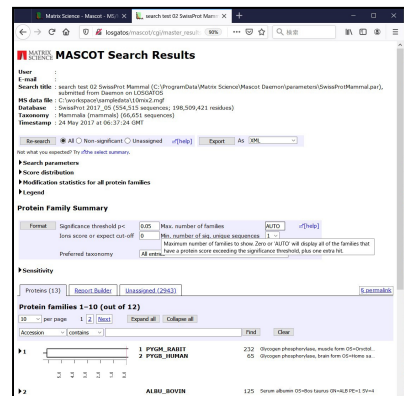
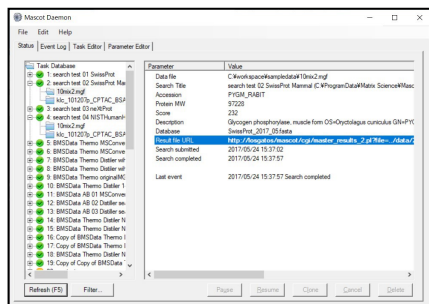
MASCOT Server のユーザーインターフェースとして機能し、 質量データ群のバッチ検索処理、 処理のスケジューリング、 質量データの発生状況監視および検索実行、 異なるデータベースに対する再検索を行うことができます。



MASCOT Distiller、 質量分析計データ処理ソフトウェアが持つピーク検出プログラムのユーザーインターフェースとして機能するため、 質量分析計システムから出力される RAW データに対するピークリストの作成から蛋白質の同定までの流れを連続化・自動化することができます。

- Applied Biosystems : Data Explorer (Voyager)
- Applied Biosystems | MDS Sciex : Analyst (QStar, QTrap)
- Bruker : XMASS/XTOF (Reflex, Biflex 等)
- Bruker/Agilent : yep format (Esquire, LC/MSD Trap)
- Shimadzu (Kratos) : Launchpad (Axima)
- Thermo Finnigan : Xcalibur (LCQ, Deca)
- Waters (Micromass) : Masslynx (QTof, M@lDi, TofSpec)
- その他、 共通フォーマットの mzML, mzXML に対応

Daemon から Mascot Server の結果を確認することができます。



動作環境

Windows



プロテオミクスとともに・・・
マトリックスサイエンス株式会社

〒110-0015 東京都台東区東上野1-6-10 ARTビル1階
電話 : 03-5807-7895 ファクシミリ : 03-5807-7896
電子メール : info-jp@matrixscience.com