

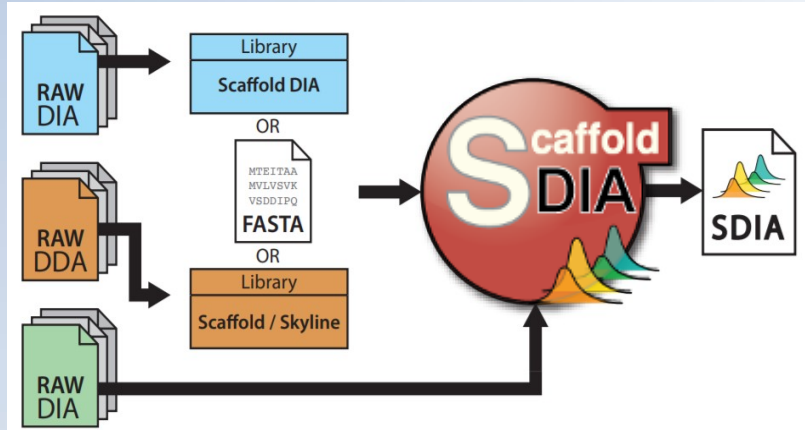
Scaffold DIA

The look and feel of Scaffold, the power of DIA

DIA定量プロテオミクス解析において、RAWデータ読込から解析、解析結果表示までの一連作業がワンパッケージ行えるソフトウェアです。

<主な特徴>

- ◆3種の検索対象に対応
 - FASTA
 - 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が対応する各社装置データに対応。
- ◆Scaffoldシリーズに共通した安定して使いやすいGUI。
- ◆Viewerを使って解析結果を簡単にシェア
- ◆コマンドラインベースでの使用も可能。



Scaffold DIA Viewer - Demo_1_SwathGoldStandard_Water/Yeast.sdia

File Edit View Experiment Export Help

Summarization Background Protein: FDR 1.0% FDR Min # Peptides 2

Filters Show Hidden Name/Accession p-value filter

Table

Display Type: Log_e Intensity Normalized Color Options...

#	Visible	State	Protein Name	Accession Number	Molecular Weight	Identified Peptide Count	Protein Group Score	Water	Yeast
1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_HMLaneB	AQU_38 kDa	30	261.955	3.94	3.55	
2	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_MycoplasmaSch...	AQU_36 kDa	28	217.993	3.88	3.13	
3	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_HMLaneE	AQU_31 kDa	23	205.007	3.85	3.30	
4	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_PombeSchmidt	AQU_31 kDa	22	203.837	3.92	3.14	
5	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_Spyo	AQU_29 kDa	23	201.845	3.89	3.06	
6	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_Tuberculosis	AQU_28 kDa	24	198.694	3.82	3.18	
7	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_MouseSabido	AQU_28 kDa	24	194.299	3.80	3.24	
8	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_HMLaneA	AQU_25 kDa	21	181.184	3.89	3.40	
9	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_Lepto	AQU_28 kDa	23	180.389	3.72	3.33	
10	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_HMLaneF	AQU_27 kDa	21	176.757	3.88	3.22	
11	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_YeastB	AQU_29 kDa	21	174.209	3.23	3.38	
12	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_HMLaneD	AQU_26 kDa	20	171.427	3.81	2.81	
13	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_...	AQU_29 kDa	20	163.354	3.80	3.08	
14	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_...	AQU_29 kDa	20	163.354	3.80	3.08	
15	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_...	AQU_29 kDa	20	163.354	3.80	3.08	
16	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_...	AQU_29 kDa	20	163.354	3.80	3.08	

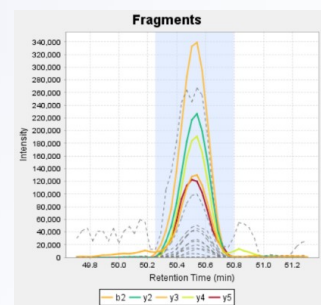
Quantifi...	Peptide Sequence	Quantified Mat...	Modifications	Start	Stop	Protein Accessi...	Proba...
<input checked="" type="checkbox"/>	CGLEINFNTLQTK	6	C1 Carbamidomethyl...	351	363	sp O43707 ACTN...	100%
<input checked="" type="checkbox"/>	DDPVTNLNNAFEVAEK	6		218	233	sp O43707 ACTN...	100%
<input checked="" type="checkbox"/>	DGLAFNALHR	6		194	204	sp O43707 ACTN...	100%
<input checked="" type="checkbox"/>	DHALLEEGSK	6		604	643	sp O43707 ACTN...	100%
<input checked="" type="checkbox"/>	DYETATLSDIK	6		440	450	sp O43707 ACTN...	97%

Sequence	Modifications	Charge	Quant. Intensity	# Qua...	RT Start (min)
DGLAFNALHR		3	1.894E7	5	50.52
DGLAFNALHR	Control_1	3	9.995E6	5	50.22
DGLAFNALHR	Control_2	3	1.974E7	5	50.25
DGLAFNALHR	Insulin_1	3	1.788E7	5	50.54

<見やすい GUI>

- ◆タンパク質ベースの定量解析が簡単に

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。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。データ削除やデータ解析対象レベルの切り替え操作にもインタラクティブに対応します。



<EncyclopeDIA>

Scaffold DIA の検索・定量などといった中心を担うオープンソースのプログラムが EncyclopeDIA です。

<https://www.biorxiv.org/content/early/2018/03/07/277822>

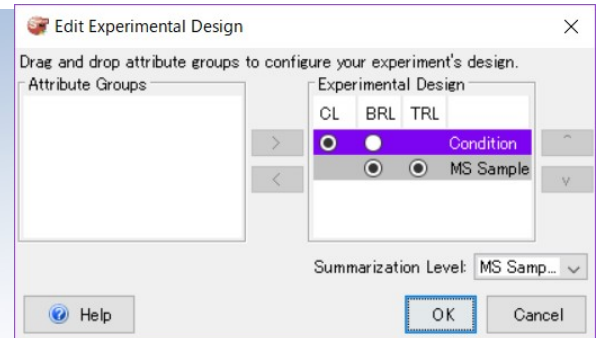
Comprehensive peptide quantification for data independent acquisition mass spectrometry using chromatogram libraries.

Brian C Searle, Lindsay K Pino, Jarrett D Egertson, Ying S Ting, Robert T Lawrence, Judit Villen, Michael J MacCoss



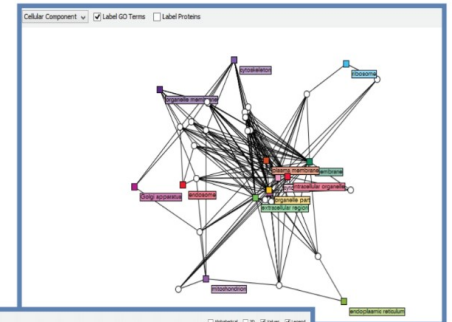
<Experimental Design>

定量解析の基本である、データの階層構造定義も簡単に行うことができます。比較サンプルレベルやその下の階層である Biological/technical replicates なども指定できます



<Gene Ontology 情報>

タンパク質と紐づけられた GO 情報を使って、円グラフやタンパク質間どうしのネットワークを表示する事ができます

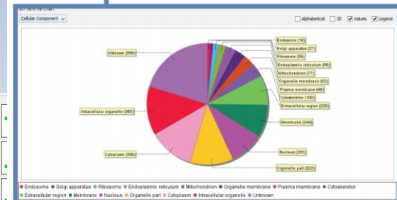
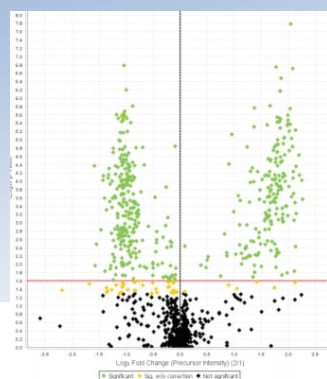


<各種グラフ/統計解析 に対応>

・volcano plot, PCA 解析

・検定

- t-test
- ANOVA
- Permutation Test



対応 OS :Windows 10, (64bit)

Windows Server 2008, 2013 (64bit) フリーの Viewer が使用可能

* 同じコンピュータに ProteoWizard (<http://proteowizard.sourceforge.net/index.shtml>) の msConvert.exe もインストールする必要があります。

<トライアル試用が可能ですので、お問合せ下さい。>

国内販売代理店



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
TEL:03-5807-7895 FAX:03-5807-7896
Mail : info-jp@matrixscience.com