



データ横断的なプロテオーム解析ソフトウェア

Scaffold Lfq



Scaffold や各種検索エンジンの解析結果を取り込み、データ横断的な同定タンパク質の比較と定量解析を行うソフトウェアです

[主な特徴・機能]

- Scaffold や各種検索エンジンの結果ファイルを取り込み、大量データを一度に表示
- Sequence coverage のサンプル別比較
- Gene Ontology 情報付与・表示
- 各実験の関係性を定義するとともに適した解析手法を案内する “Experimental Design Wizard”
- 各種定量値 (spectral counting , precursor intensity) を使った統計解析とグラフ表示
- XLS フォーマットで結果内容を出力
- 無償 Viewer ソフトウェアを使って結果のシェアが容易に

Scaffold や各種検索エンジンの結果ファイルを取り込み、大量データを一度に表示



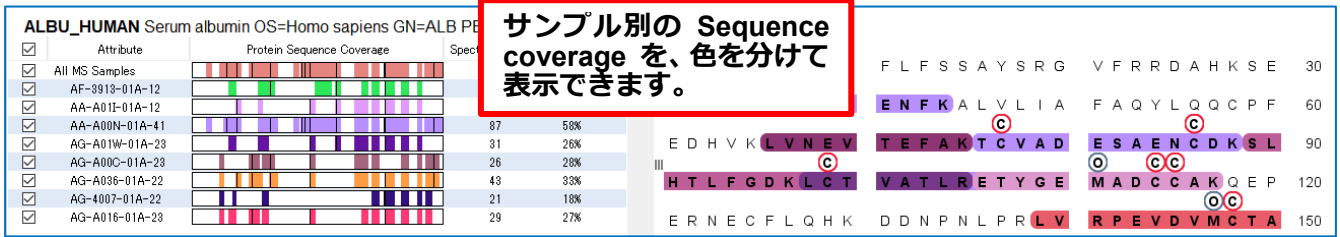
Scaffold では処理が大変な大量データの一括表示を行います。別々に解析した結果を並べて見る事が可能です。入力データとして Scaffold データのほか、MASCOT などの検索エンジンから出力された mzIdentML ファイルを利用することができます。



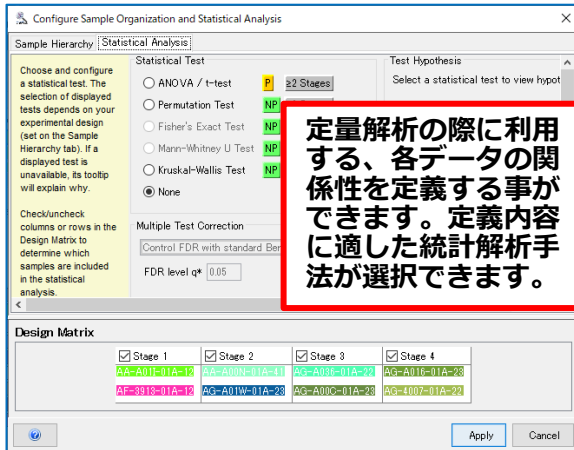
マトリックスサイエンス株式会社



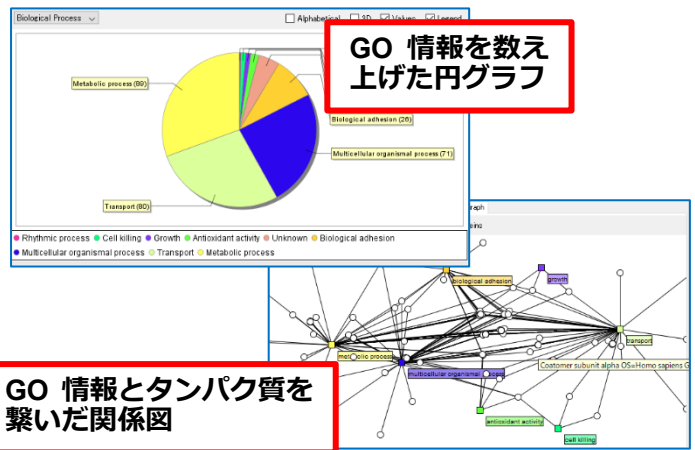
Sequence Coverage サンプル別比較



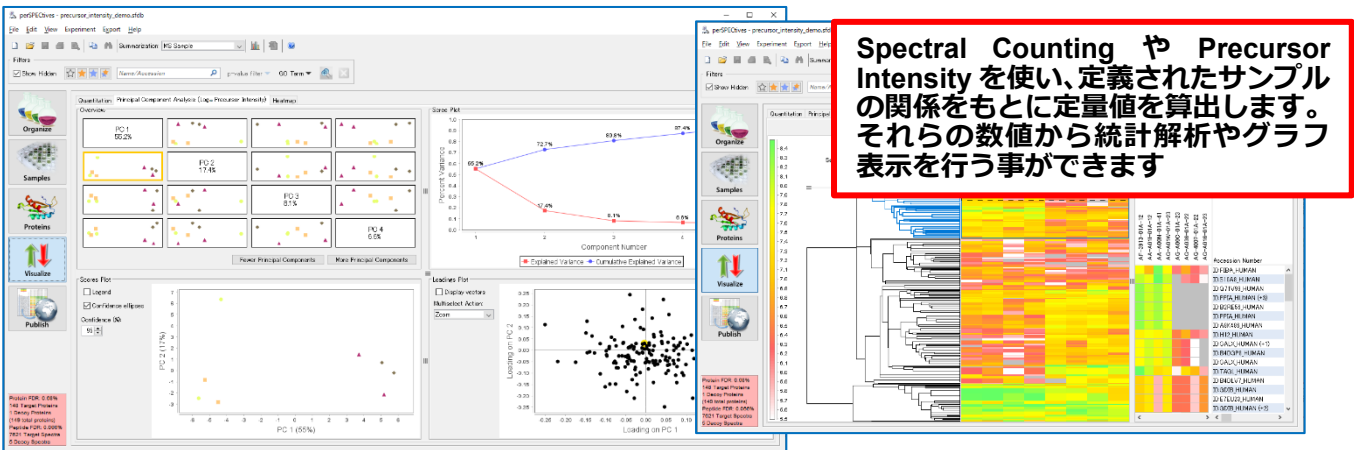
Experimental Design Wizard



Gene Ontology に関する情報の表示



統計解析とグラフ表示



インストールするコンピュータの推奨スペック

OS : Mac (OS 10.9 以降,) Windows 10, Linux (Ubuntu 12 以降, CentOS 5.6 以降)

メモリ : 64 GB 以上

ディスク : SSD (HDD と合わせて 1TB 以上)

国内販売代理店

マトリックスサイエンス株式会社



住所 : 〒110-0015 東京都台東区東上野 1-6-10 ART ビル 1F
 TEL : 03-5807-7895 FAX : 03-5807-7896
 URL : <http://www.matrixscience.co.jp> Email : info-jp@matrixscience.com