

DIA プロテオミクス 定性 / 定量 解析ソフトウェア

Scaffold DIA



DIA プロテオーム解析において、RAW データ読み込みから定性・定量解析、統計解析とその結果表示までの一連作業がワンパッケージで行えるソフトウェアです

[主な特徴・機能]

- 3種類の検索対象に対応
 - FASTA (配列データベース)
 - DDA データ検索結果から作成されたピークリストライブラリ
 - DIA 検索結果から作成されたピーククロマトライブラリ
- Prosit プログラムとの強い連携。ライブラリ作成に使用する input データ作成機能、prosit で作成されたライブラリを使った検索が可能。
- encyclopeDIA を使ったペプチド同定と定量計算
- 定量値は共溶出の影響を避けるため、限定された数のフラグメントピークから計算
- 定量解析の基本であるデータの構造定義を行う Experimental Design 画面
- PCA を含む各種統計解析が可能
- Gene Ontology 情報の表示
- 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

タンパク質ベースの結果まとめ・サンプル間の比較表作成

#	Visible	Star	Protein Name	Accession Number	Molecular Weight	Identified Peptide Count	Protein Group Score	Water	Yeast
1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_HMLangeB	AQU...	38 kDa	30	261.355	3.84	3.55
2	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_MycoplasmaSch...	AQU...	36 kDa	28	217.993	3.68	3.13
3	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_HMLangeE	AQU...	31 kDa	23	205.007	3.65	3.30
4	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_Peak_Schmidt	AQU...	31 kDa	22	203.837	3.23	3.11
5	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	同定タンパク質	AQU...	29 kDa	23	201.845	3.22	3.11
6	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		AQU...	28 kDa	24	198.694	3.22	3.11
7	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	AQUA4SWATH_MouseSabido	AQU...	28 kDa	24	194.299	3.22	3.11

Color Legend (Displayed Value)

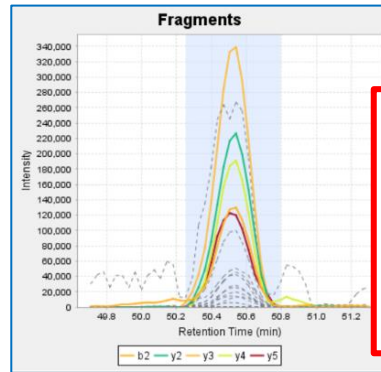
- 3.44
- 2.73
- 2.02
- 1.31
- 0.61

サンプル別の定量値を表示

サポートする入力データ

- Thermo RAW
- SCIEX WIFF
- その他 ProteoWizard の MSConvert プログラムで読み込み可能な各社のデータ

定量値はフラグメントピークの intensity から計算

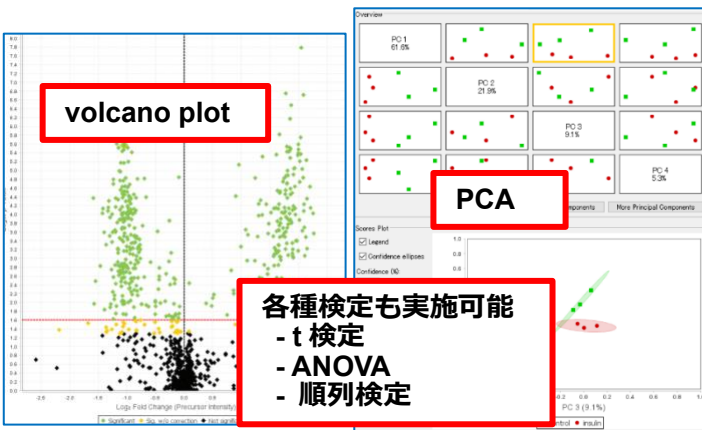


定量計算ではピーク干渉の影響を避けるため、フラグメントピークの強度情報で、かつ利用するフラグメント数の上限も定めています。

3種の検索方法に対応、Prosit プログラムとの強い連携

- FASTA (タンパク質配列データベース) [fasta]
 - DDA スペクトルライブラリ [blib, dlib]
 - DIA 解析結果から作成されたライブラリ [elib]
- * FASTA 配列から仮想的なスペクトルライブラリを作成するプログラム “Prosit”にて作成されたライブラリも使用可能。また Prosit でライブラリを作成する際に利用する input データの作成機能を搭載

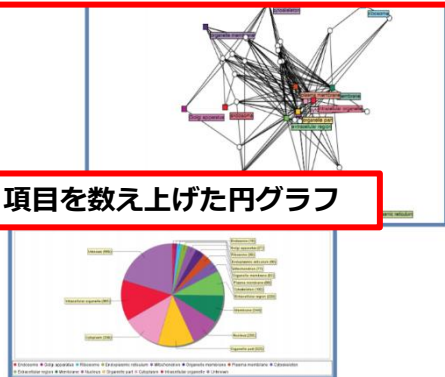
様々な統計解析・グラフ表示が可能



Gene Ontology (GO) 情報

GO 項目とタンパク質を繋いだ関係図

GO 項目を数え上げた円グラフ



インストールするコンピュータの推奨スペック

OS : Windows 10

メモリ : 32GB 以上

ディスク : SSD (HDD と合わせて 1TB 以上)

* 同じコンピュータに ProteoWizard msconvert.exe をインストールする必要があります

* prosit 由来のライブラリを使い大規模なデータ解析を行う場合、メモリを 128GB 以上にする事を推奨

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