

修飾解析ソフトウェア

Scaffold PTM

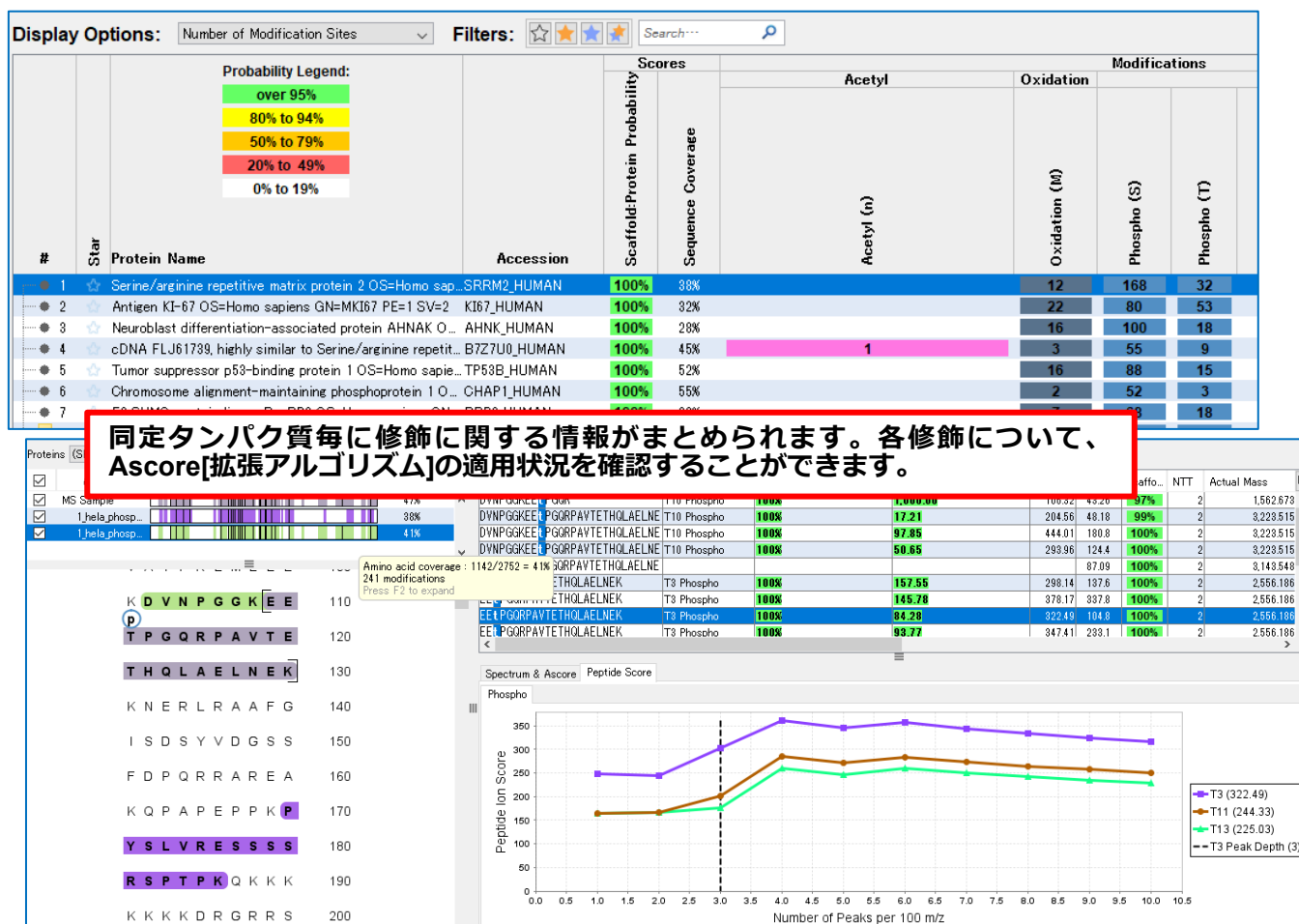


質量分析データの解析で難しい、修飾位置の特定を補助する各種アルゴリズムを搭載したソフトウェアです

[主な特徴・機能]

- Ascore 拡張アルゴリズムを使った修飾部位特定の評価、確率の計算
- Motif 検索機能
- データ内容の確認が容易な各種グラフ表示
- Q+S と連動して、修飾部位の定量解析

Ascore 拡張アルゴリズムを使った修飾部位特定の評価、確率の計算



マトリックスサイエンス株式会社



Motif 検索

Scaffold PTM - Tutorial_4-Protein_Normalized.sptm

File Edit View

修飾部位としてレポートされた箇所について Motif との比較を行う事ができます

Motif: All Modification Types

Modification	Motif	Score	# Match...	Enzyme	En
Phospho	K...T...	73.84	29		
Phospho	...S...P...	64.16	16		
Phospho	K...s...P...	60.59	15		
Phospho	...s...P...P...	59.86	15		
Phospho	G...P...s...	56.99	12		
Protein	PIP	54.11	26	PKS3, Fk1, Fk2 and...	

Sequences:

Modification	Surrounding ...	Accession	Name	Site	Best As...	Localizat...
Phospho	RQKDKF...PPV	SRRM2_HUM...	Serine/argini...	S1188	125.84	100%
Phospho	ITDST...QGS	RBP2_HUMAN	E3 SUMO-pr...	S2831	23.98	99%
Phospho	EDLFDG...NKT	TP53B_HUM...	Tumor suppr...	S310	126.32	100%
Phospho	ETREQN...ALPT	SRRM2_HUM...	Serine/argini...	S1227	53.49	100%
Oxidation	QDRGDG...YKVE	FLNA_HUMAN	Filamin-A O...	M1316	1,000.00	100%
Phospho	PATSIPL...PASF	RBP2_HUMAN	E3 SUMO-pr...	T1517	60.50	100%
Oxidation	TSNLQD...GSQE	CENPF_HUM...	Centromere ...	M1253	1,000.00	100%

Q+S と連動して、修飾部位の定量解析

Quantitation: (SRRM2_HUMAN) Serine/arginine repetitive matrix p... Display Options: Log: Rat...

Quantitative Charts (Protein-Normalized)

Peptide Quantitation (Protein-Normalized) | PTM Quantitation (Protein-Normalized) | Peptide Spectrum Counts

Modification	Best Score	Localization Probability	Referen... control		Treatment 1 treated	
			control_hela_phospho_fr: 2012...	treated_hela_phospho_fr: 2012...	P-value for treated_hela_phospho_fr: 2012...	
T111	1,000.00	100%	[0.88]	[1.70]	--	
S248	17.99	99%	[-3.12]	[-4.15]	--	
Phospho	158.98	100%	[5.64]	[2.51]	0.439	
Phospho	127.17	100%	[5.64]	[0.22]	0.248	
Phospho	53.57	100%	--	[4.62]	--	
Phospho	114.24	100%	[1.79]	[-0.14]	--	
Phospho	93.29	100%	[6.07]	[4.62]	--	
Phospho	39.54	100%	--	--	--	
S333	47.96	100%	[3.57]	[1.05]	--	
S351	79.90	100%	[4.62]	[1.13]	0.439	
S353	130.85	100%	[2.73]	[1.13]	0.564	

Q+S のデータを受け取り、修飾部位別やペプチド別の定量値の比較を行う事ができます。

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 : 16GB 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