

質量分析データからタンパク質を同定するソフトウェアです

# MASCOT Server 説明会

最新のMascot Server 2.8を導入します。オンラインでご参加ください。

## 新機能 (現2.5.1 → 最新 2.8)

- クロスリンクペプチドの検索が可能になります
- 解析速度が3.8倍以上に向上します (1CPUあたり4コア→6コア)



蛋白質同定システム

**MASCOT**  
**Server**

Home Access Mascot Server Database search help Contact

Mascot database search > Access Mascot Server > MS/MS Ions Search

## MASCOT MS/MS Ions Search

Your name	<input type="text"/>	Email	<input type="text"/>
Search title	<input type="text"/>		
Database(s)	<input type="text" value="Uniprot_CaligusRogerresseyi"/> <input type="text" value="Uniprot_ClupeaHarengus"/> <input type="text" value="Uniprot_Dog"/> <input type="text" value="Uniprot_LactococcusLactis"/> <input type="text" value="Uniprot_LentilactobacillusHilgardii"/>	Enzyme	<input type="text" value="Trypsin"/>
		Allow up to	<input type="text" value="1"/> missed cleavages
		Quantitation	<input type="text" value="None"/>

MASCOT Server 2.8についての詳細は別添資料をご参照ください

日程

3月24日(木) 13:00~14:20

講師

マトリックスサイエンス株式会社

高江洲 宏智 氏

会場

Zoomによる  
オンライン開催

会議室へのリンクは  
申込された方に後日  
ご案内致します

申込方法 : 入力フォーム (<https://forms.gle/K9Hg6TYnw3n7SHgi8>) →

申込〆切 : 3月22日(火) 17:00

【お問い合わせ】

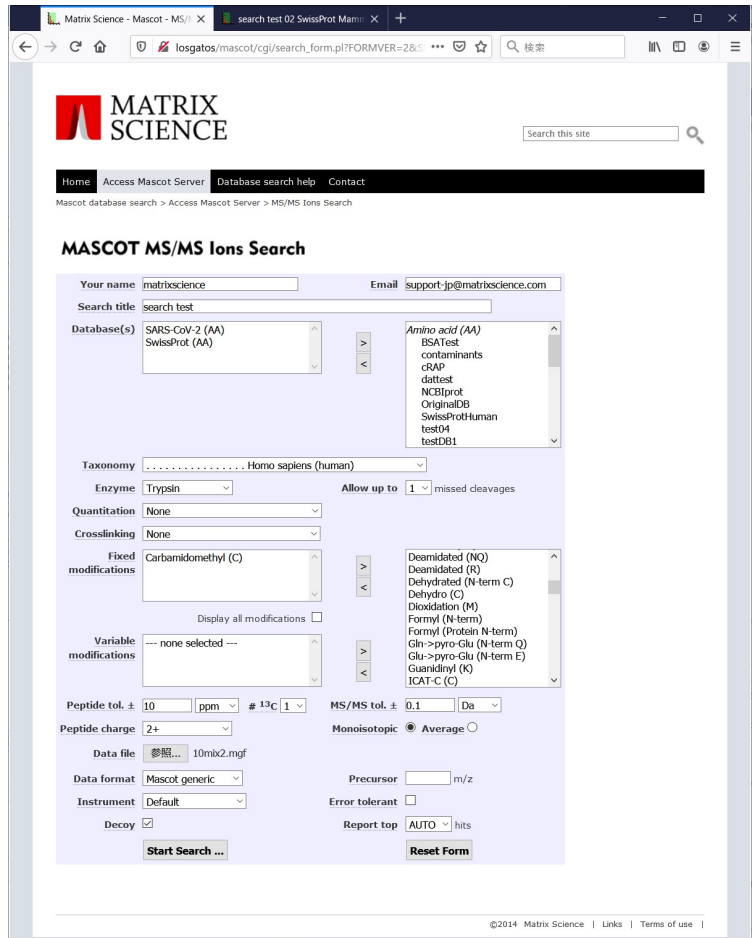
統合生命科学研究科 中の 三弥子 (minakano@hiroshima-u.ac.jp)

自然科学研究支援開発センター 網本 智子 (amimoto@hiroshima-u.ac.jp)



# MASCOT Server

**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・ペプチドを同定するためのソフトウェアです。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**、**MASCOT Distiller**と組み合わせることにより、質量分析装置のRAWデータを起点にした蛋白質同定作業の自動化、検索結果の管理など、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。



## 主な特徴

- (1) Web ベースの検索環境
- (2) 3つの検索モード (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) 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
- (7) 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
- (8) 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ラビリティ
- (9) 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)
- (10) 様々な定量解析法に対応 (iTRAQ、emPAI、ICAT、SILAC、<sup>18</sup>O など) \* 一部 **Distiller** が必要となる定量解析があります
- (11) 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
- (12) 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
- (13) <sup>13</sup>C、<sup>13</sup>C<sub>2</sub> ピークを考慮した検索をサポート
- (14) 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]
- (15) 検索結果のファイル出力 (XML、CSV) をサポート
- (16) 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
- (17) エディタを利用した修飾、消化酵素の編集機能
- (18) ロールに基づく強力なユーザー管理機能

## 動作環境

Windows 10, Windows 2012/2016/2019 Server, 各種 Linux ※ ともに 64bit。詳細はお問い合わせください。

## 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)



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

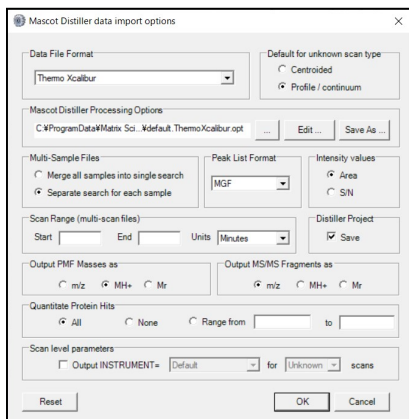
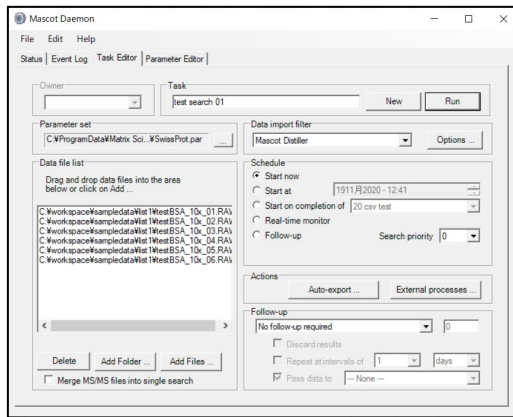
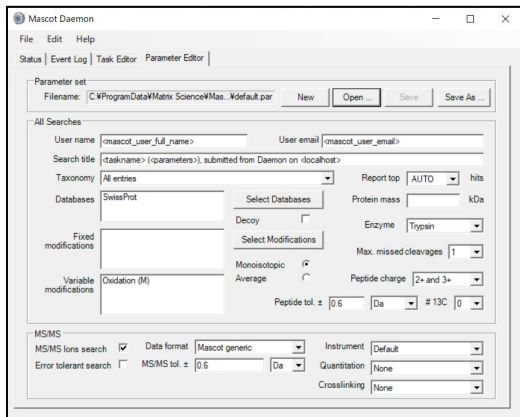
〒110-0015 東京都台東区東上野 1-6-10 ARTビル1階  
電話：03-5807-7895 ファクシミリ：03-5807-7896  
電子メール：info-jp@matrixscience.com

検索自動化クライアントソフトウェア

# MASCOT Daemon

**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。

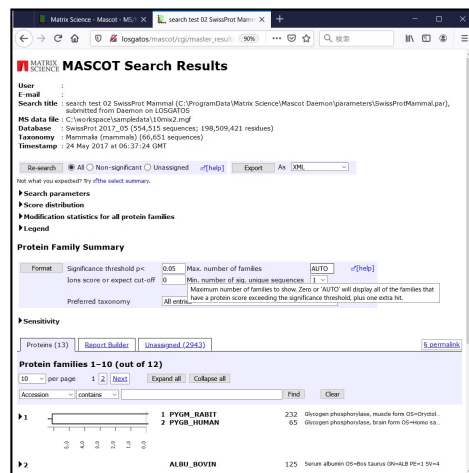
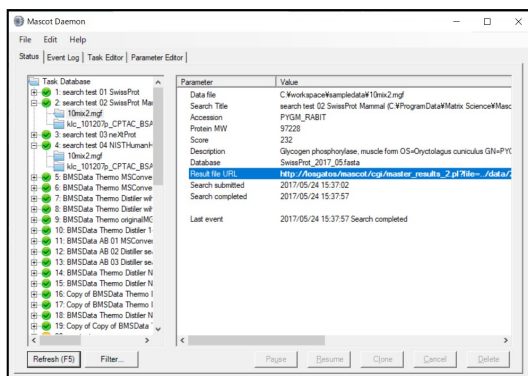
**MASCOT Server** のユーザインターフェースとして機能し、質量データ群のバッチ検索処理、処理のスケジューリング、質量データの発生状況監視および検索実行、異なるデータベースに対する再検索を行うことができます。



**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インターフェースとしても機能します。各社質量分析装置の RAW データを入力ファイルとして、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。

- Sciex** : Data Explorer(Voyager,4x00), Analyst (QStar, QTrap)
  - Bruker** : XMASS/XTOF (Reflex, Biflex 等)  
baf format (Apex, MicroTOF)  
yep format (Esquire, LC/MSD Trap)
  - Shimadzu** : Kompact (Axima), LCMSSolution (LCMS-IT-TOF)
  - ThermoFisher** : Xcalibur (LCQ, LTQ, Orbitrap)
  - Waters** : 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** の結果を確認する事ができます。



## 動作環境

Windows 10



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