

## 蛋白質同定「Mascotシステム」

Mascotシステムは質量分析計から得られたペプチド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蛋白質同定ソフトウェアです。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。又、翻訳後修飾を考慮した検索同定、アミノ酸ミューテーションを考慮した検索同定、又、カスタムでのアミノ酸配列データベース検索、カスタム消化酵素による独自切断特性定義をした検索同定、カスタムの翻訳後修飾基を定義した検索同定、塩基配列をアミノ酸配列に変換しての検索同定も行えます。試薬を用いた蛋白定量解析や、ペプチド数を用いた蛋白定量解析にも対応しております。

MascotシステムはWebサーバーによるサービスシステムですので、ネットワークにつながったPCのWebブラウザにより検索パラメータの設定、検索データの投入作業が行えます。更にMASCOT Daemonソフトウェア(クライアントソフトウェア)と組み合わせることにより、蛋白質同定作業の自動化を行い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解析システムを構築することもできます。検索結果はXML,CSVフォーマットにて出力が可能ですので、データ解析システムとの連携も容易です。

以上