

Improvement of peptide identification (1) Increases in Scores

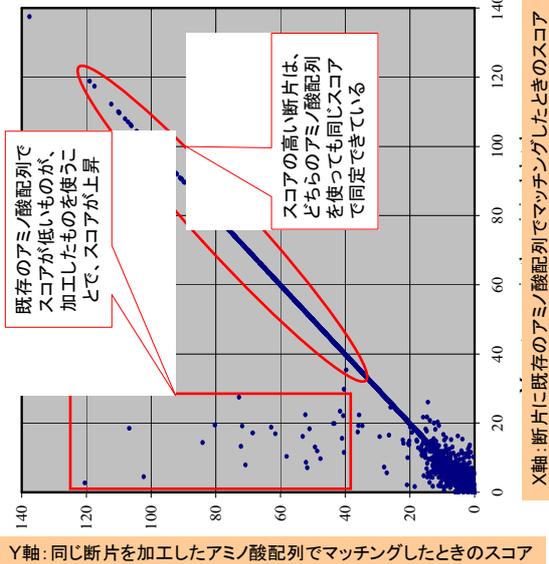


Figure 1. Comparison of peptide ion scores between public sequenceDB and SequenceComposer'sDB.

蛋白質同定精度向上を実現する アミノ酸配列作成ソフトウェア SequenceComposer



Figure 1. ペプチドの同定精製度向上

同じLC-MS/MSの結果に対して、2種類のアミノ酸配列DBを使って、ペプチドの同定をマスコットにより行った結果、公共のアミノ酸配列DB(X軸)では高いスコアをえられなかった25個のペプチドに対して、成熟構造と多様性を考慮したアミノ酸配列DB(Y軸)では、高いスコアを得ることができた。

Figure 2. 加工後のアミノ酸配列構造

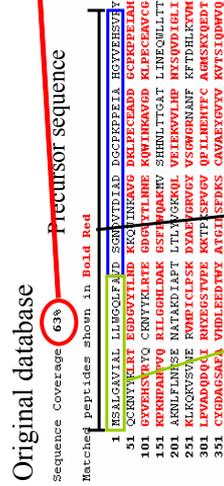
シグナルペプチドを削除したアミノ酸配列を使うと、N末端のペプチドにヒットし、データベースのアノテーションを精査することなくα鎖が同定できていくことがわかる。また、α鎖のみの配列にしたことで、スコアもアップした。

蛋白質同定精度向上を実現する アミノ酸配列作成ソフトウェア SequenceComposer

※使用しているデータは、東京医科大学隆雄先生からご提供いただきました。
※本製品は、東京都中小企業振興公社 平成19年度経営・技術活性化助成事業により商品化しました。

Identification of the terminal peptide of intact protein

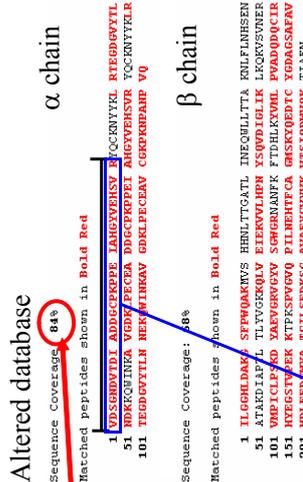
未処理のアミノ酸配列



生体試料中ではこの部分
は除去されており、存
在しない

質量分析結果から蛋白質を同定
するときにはペプチド断片

処理後のアミノ酸配列



質量分析結果から蛋白質を同定するときにはペプチド断片
シグナルペプチドが除去された配列を用いるとC末端がヒットした

A product ion spectrum assigned to N-terminal sequence, 1-16, of haptoglobin α chain

Figure 2. Comparison of identification results of haptoglobin between the original and altered databases.