

Proteome Discovererソフトウェア



包括的で拡張性のあるプラットフォーム

プロテオミクス研究には単純な同定以上のことが求められます。タンパク質およびペプチド同定からPTM解析、同重体質量タグおよびSILACとラベルフリー定量に至るまで、さまざまなプロテオミクスワークフローで行う複雑な生物学的サンプル中のタンパク質の同定および定量を単純化します。

Thermo Scientific Proteome Discovererソフトウェアは、さまざまな研究ワークフローに柔軟に対応できる分析ツールと使いやすいウィザード型インターフェースを備えています。複数のデータベース検索アルゴリズム (SEQUEST HT、Mascot、Byonic、MS AmandaおよびProSightPD) および複数の解離法 (CID、HCD、ETDおよびEThcD) に対応し、より網羅的かつ完全な分析を実現します。

[お問い合わせ](#)

[無料トライアルをダウンロード](#)

[カタログをダウンロード](#)

主な利点

対応範囲を最大限広げるためにデータ解析をカスタマイズ

ノードベースのワークフローエディタを使用してデータ解析をカスタマイズできます。

SEQUEST、Mascot、MSAmanda、Byonic、Thermo Scientific ProSightPDなどの複数の検索エンジンによるデータベース検索結果を統合できます。

相対定量を実施

以下の目的で同位体標識したペプチドの相対発現量を測定して報告します：

- TMT SPS MS1
- グリコペプチドの同定および定量
- リン酸化ペプチドの同定および定量
- トップダウンプロテオミクス
- クロスリンク

Proteome Discovererソフトウェア独自の高性能の統計および視覚化ツールを用いて確信を持ってデータを解釈できます。

ワークフローツールにアクセス

複数の第三者によるアルゴリズムも当社の視覚化および統計ツールに組み込まれており、これを活用して分析のレベルを上げることができます。

詳細を見る

複数の解離法、定量技術およびデータベース検索アルゴリズムに対応し、網羅的なタンパク質同定、特性評価、定量を実現するProteome Discovererはプロテオミクス研究の包括的なツールです。

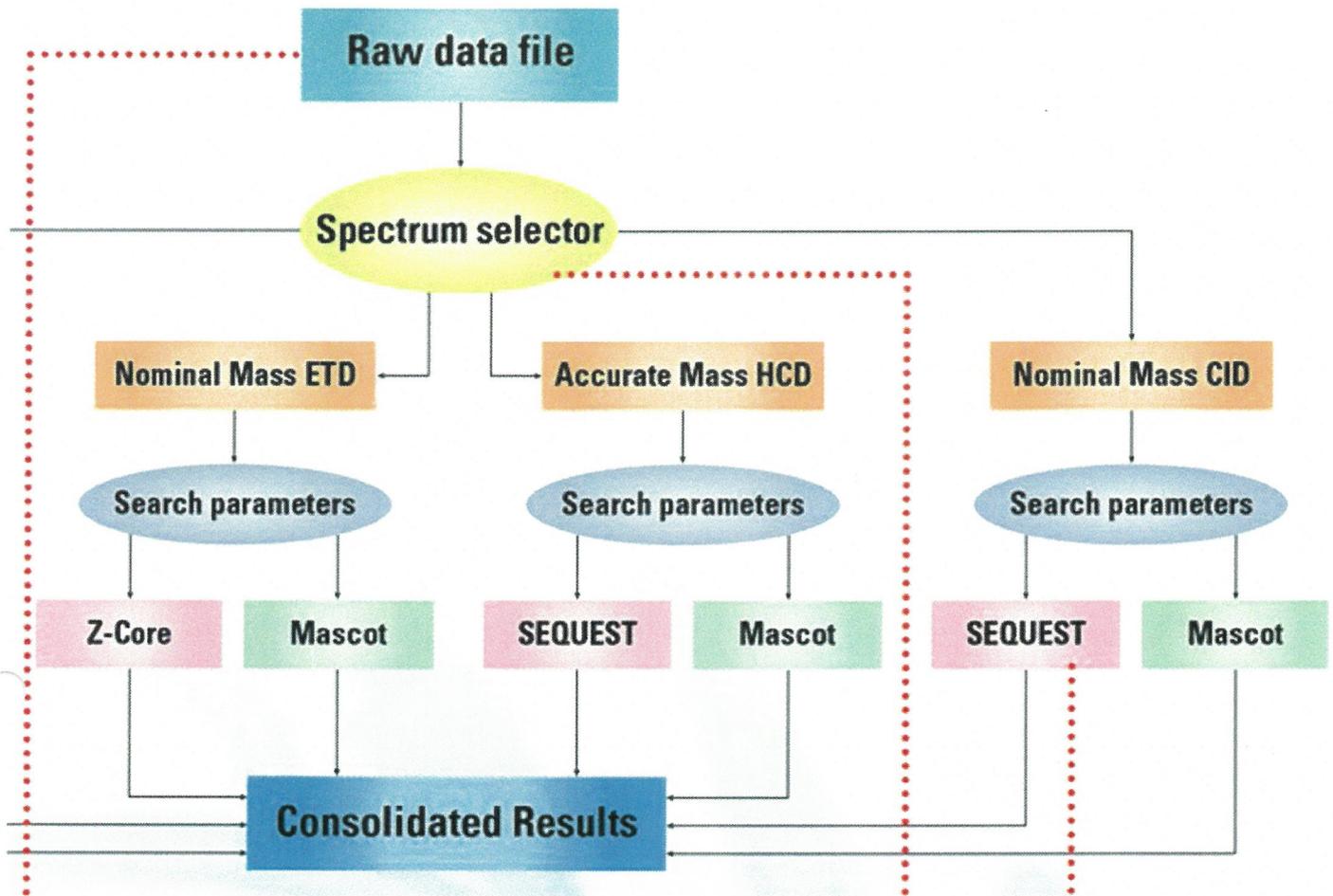
研究を支える包括的なツールセット

SEQUESTのさまざまな検索アルゴリズム (Mascot、MS Amanda、ByonicおよびProsightPD) を用いて、複数のアルゴリズムで得られた結果を統合できるため、結果のクロスバリデーションを実施でき、より確信を持って判断できます。

衝突誘起解離 (CID)、高エネルギー衝突解離 (HCD)、電子移動解離 (ETD) といった複数の解離法に対応しているため、十分な配列カバレッジで信頼性の高い翻訳後修飾 (PTM) の同定が行えます。

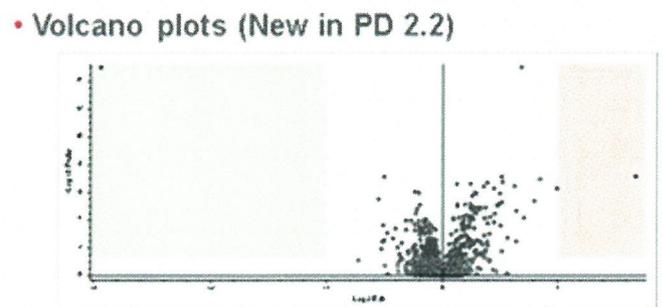
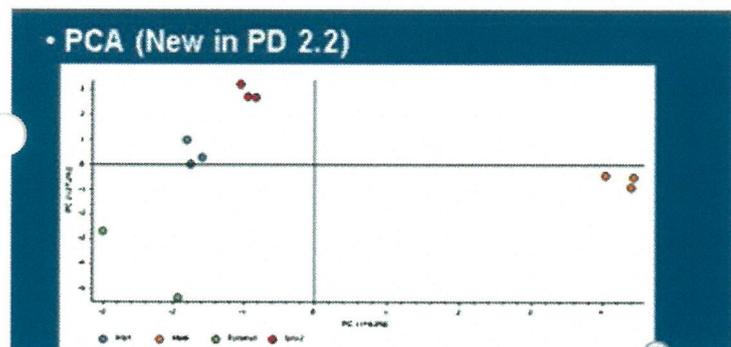
さらに、TMTおよびiTRAQを用いた同重体質量タグ、SILACによる同位体標識、ラベルフリー定量法に完全対応し、お客様のラボラトリーの分析で柔軟にご使用になれます。

[カスタマイズデータ解析](#)



Automate data analysis and simplify MSⁿ data analysis through customizable workflows. An example of a customizable workflow with eight separate searches on the same raw file.

相対定量



Proteome Discoverer Tools for statistical and biological interpretation. Includes study management for mapping of quantitation channels to biological information about the sample, with fast, robust algorithms for peak selection and peptide quantification to extract the maximum possible information from quantitative proteomics studies.

Protein Metrics PMI-Byonic 0 PMI-Preview 1	Proteinaceous/Northwestern ProSightPD Spectrum Selector 2 ProSightPD Top Down High/High cRAWler 3 ProSightPD Top Down Low/High cRAWler 5 ProSightPD Absolute Mass Search 4 ProSightPD BioMarker Search 6 ProSightPD Gene Restricted Absolute Mass 7 ProSightPD Gene Restricted BioMarker 8	NIST MS Pep Search 13	Matrix Science Mascot 14
IMP Vienna MS Amanda 11 psmRS 10	Nodes distributed only by external sites: • pd-nodes.org (IMP Vienna) • www.openms.de (PD 2.1) • SuperQuant (PD 2.1)	University of Utrecht Xlinkx Detect 10 Xlinkx Filter 13 Xlinkx Search 12 Xlinkx Validator 11 Xlinkx Crosslink Grouping 11 Xlinkx Crosslink Export 12	UW/KTH Percolator 12

Third party nodes for data processing, facilitates the processing of large datasets. Additionally, biological context by automatically annotating identified proteins with GO classifications, PTMs sites, and literature references from public databases (active maintenance required) can be illustrated.

Effective location of low-level sample components using creative data interrogation strategies such as generating inclusion and exclusion lists and importing those lists directly into instrument methods is provided, and data comparison, exchange, and verification with support for data standards developed by the HUPO Proteomics Standards Initiative (PSI) is additionally supported.

サードパーティーのノードをダウンロード

KEGGライセンスキーへのアクセス

以前ご利用いただいたことのあるお客様には、2019年用の新しいKEGGライセンスキーをご用意しております。

KEGGライセンスを有効化するには、Administration > Manage Licensesページで「Add Activation Code」をクリックし、このライセンスキーを入力してください：

WUC2-1MNB-D2GX-1MZ4

サポートが必要な場合はこちらからご連絡ください。

関連するコンテンツ

アプリケーションノート

アプリケーションノート

アプリケーションノート



Proteome Discovererソフトウェアにおいて、PTMの特性

ハイスループットプロテオミクスを可能にする非常に高感

Q ExactiveシリーズにおけるTMTワークフロー -

評価とタンパク質カバレッジを最大化するよう最適化された検索ストラテジー (英語)

度の堅牢な150 μm カラム (英語)

Proteome Discoverer 2.1ソフトウェアにおける装置パラメーターの最適化およびデータ解析 (英語)

注文ガイド



お問い合わせ

Proteome Discovererソフトウェアの無料トライアルを最大限活用できるようにお手伝いいたします。使用法についてのご質問がある場合や担当者からの連絡をご希望の場合は、当社にお問い合わせください。

連絡のご依頼

リソース

カタログ：Thermo Scientific Proteome Discoverer：タンパク質科学者のための質量インフォマティクスプラットフォーム (英語)

タンパク質分析向け質量分析の概要

Planet Orbitrap

サポート

Unity Lab Services

Thermo Fisher Connect

Orbitrap質量分析

MSラーニングセンター

LC-MS装置サポートセンター

液体クロマトグラフィー質量分析ソフトウェアのサポート

HPLCのTipsのe-learning





Mascot Server

The leading software package for protein identification and characterisation using mass spectrometry data



製品情報

Mascot Serverは、質量分析計で測定されたタンパク質あるいはペプチドの質量スペクトルに一致するアミノ酸配列をタンパク質・ゲノムの配列データベースやスペクトルライブラリから検索し、試料に含まれるタンパク質を同定するためのソフトウェアです。以下の質量分析計ベンダーの質量ピークリストを使って検索することができます。

- AB Sciex
- Agilent
- Bruker
- Jeol
- Shimadzu
- Thermo Scientific
- Waters

Mascot検索によって検出されたタンパク質またはペプチドは確率的なスコアリングアルゴリズムによって処理され、統計的に有意なタンパク質・ペプチドは期待値（または期待値に対応するスコア）と偽陽性率（FDR）によって明確に区別され、同定されたかどうかを直感的にわかりやすい形式で可視化します。

無料でご利用いただけるMascot検索サーバをインターネット上に公開しています。お客様のWebブラウザからアクセスできますのでお試しください。なお、より多くの方に快適にお使いいただくため、投入できる質量データサイズ等に若干の制限があります。詳しくは [FAQページ](#) をご覧ください。

無料Mascot検索サーバー

Peptide Mass Fingerprint

ペプチドイオン質量スペクトルに一致するタンパク質を探します

Ms/Ms Ion Search

プロダクトイオン質量スペクトルに一致するペプチドを探します

Sequence Query

配列タグに一致するペプチドを探します

Mascot検索サーバは、

1. Mascot Serverソフトウェア
2. Webサーバアプリケーション（IISあるいはApache）
3. ソフトウェアを走らせるPC（WindowsまたはLinux）

MASCOT MS/MS Ions Search

Your name: Matrix Science | Email: info.jp@matrixscience.com

Search title: []

Databases(s): Human_EST (NA), PRIDE_Contaminants (SL), SwissProt (AA) | Mammals_EST, Mus_EST, Plants_EST, Prokaryotes_EST, Rodents_EST, Vertebrates_EST, Spectral library (SU), NIST_Mouse IonTrap, NIST_S_cerevesae IonTrap, PRIDE_Human

Taxonomy: Primates

Enzyme: TrypsinP | Allow up to: 2 missed cleavages

Quantitation: None

Crosslinking: Disulfide bridge in Elongation factor 2 in human

Fixed modifications: Carbamidomethyl (C) | Carbamidomethyl (N-term), Carbamyl (K), Carbamyl (N-term), Carboxymethyl (C), Cation Na (C-term), Cation Na (DE), Deamidated (NQ), Dehydrated (N-term C), Dehydrated (C), Dioxidation (M), Formyl (N-term)

Variable modifications: Oxidation (M)

Peptide tol. ±: 1 ppm | MS/MS tol. ±: 1 ppm

Peptide charge: 2+ | Monoisotopic | Average

Data file: ファイルを選択 | neuro_sample.mgf

Data format: Mascot generic | Precursor: m/z

Instrument: CID-ETD | Error tolerant: []

Decoy: [] | Report top: AUTO | hits

Start Search ... | Reset Form

MASCOT Search Results

Search title: #M02209 Search.mgf
 MS data file: #M02209.mgf#search.mgf
 Databases: 1: HAP 2019526 (118 sequences; 38,479 residues), 2: SwissProt 2015 (1,041,766 sequences; 120,858,324 residues)
 Taxonomy: 1: (none), 2: Mus (17,083 sequences)
 Timestamp: 19 Jun 2020 at 14:12:31 GMT

Re-search | All | Non-significant | Unassigned | (Help) | Export | All | XA

For what you expected: The FDR search summary.

Search parameters: *Score distribution

Peptide score distribution: Total score is 112627, average 7.0. The probability that the observed match is a random event. There are 1498 peptide matches, score greater than or equal to 1.811 matches above threshold. Identified for 33,393 spectra. On average, 1.811 matches per spectrum. (4.82 average protein length)

[Download] Protein score distribution: Score distribution for family members in the first 50 proteins. Protein scores are shown from left to right as a new parameter based for ranking protein families.

*Modification statistics for all protein families

Modification	Site	Type	Site	Total matches
Phospho	144,102,063	Phospho	5-1670	1248
Hydroxyl	15,290,513	Hydroxyl	1-1670	1193
Phospho	144,102,063	Phospho	C	105
Hydroxyl	15,290,513	Hydroxyl	N-term	19
Hydroxyl	17,028,549	Hydroxyl	N-term	11

Legend

Protein Family Summary

Significance threshold: (0.02) Max. number of families: AUTO | (Help)

Display non-imp. matches: [] | Min. number of seq. unique sequences: (1) | (Help)

Show family scores: [] | Dehydrated: (0) | (Help)

Preferred quality: [] | All entries: [] | (Help)

*Sensitivity and FDR (reversed protein sequences)

Target Decoy FDR: 100 | 11 | 2.64%

Significance: > above threshold: 1821 | 18 | 0.99% | Adjust to: (1.5) | (Help)

Decoy results are available in the decoy report.

Protein (157) | Report Protein | Unassigned (34,120) | (Help)

Protein family members (157 proteins)

Proteins: Standard (12 out of 16)

Families: Num. of unique sequences > 1

Report in CSV

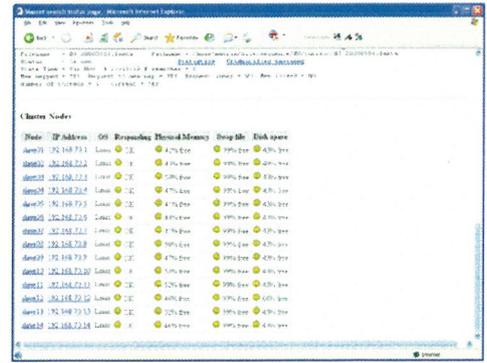
Family	MS	DB	Accession	Score	Mass	Matches	Matches	Sequences	Seq(s)	seqP2	Description
1	1	0	Q9AP (P1_NHTR1_MOUSE)	110	28260	44	44	6	1	2.28	NTTXYL_BOVIN
2	1	0	SwissProt (P1_SWISCT_MOUSE)	107	81619	41	44	10	1	1.91	Ubiquitin-90kDa-Ubiquitin
5	1	0	SwissProt (P7_P06A1_MOUSE)	86	64604	41	41	14	1	2.05	Protein disulfide isomerase
6	1	0	SwissProt (P7_P06A1_MOUSE)	86	64604	41	41	14	1	2.05	Protein disulfide isomerase
7	1	0	SwissProt (P7_P06A1_MOUSE)	86	64604	39	39	16	1	1.98	Endoplasmic reticulum chaperone
11	1	0	SwissProt (P7_P06A1_MOUSE)	86	152744	38	38	10	1	1.95	Endoplasmic chaperone
8	1	0	SwissProt (P7_P06A1_MOUSE)	86	38455	35	35	11	1	1.47	Ribonuclease A
3	1	0	SwissProt (P7_P06A1_MOUSE)	86	14817	33	33	4	1	2.98	Cytochrome c

で構成されています。Mascot Serverライセンスを購入することにより、お客様のイントラネットワーク環境の中に次のような特徴を持つMascot検索サーバを導入することができます。

- 質量データのサイズや量に制限のないMascot検索
- 検索データベース、修飾、消化酵素、定量メソッドを編集・新規構成可能
- ロール形式のユーザ管理機能
- Mascot検索を自動化するためのMascot Daemonソフトウェアを無料バンドル
- 質量分析計解析システム、実験データ管理システムとネットワーク接続可能
- 1ライセンス当たり6コアプロセッサまで動作可能
- マルチCPU、PCネットワーククラスタに対応したスケーラビリティ

また、Mascot Serverライセンスにはオンサイトを含む充実した技術サポートと最新バージョン提供サービス（保守契約）が付属しています。購入から1年間は無償で保守契約が付属しており、その後も有償で保守を継続することができます。

3	1	Samolth	FS	CPH4_MOUSE	494	43718	33	73	10	1.14	Chromatin P102 (M1-GS)
21	1	Samolth	FS	UD617_MOUSE	368	47540	28	29	7	0.65	UDP-glucuronosyltransferase
17	1	Samolth	FS	AC2L1_MOUSE	429	46079	26	28	14	1.19	Large-chain-ferroxidase-Ca
22	1	Samolth	FS	PSOAL_MOUSE	342	44556	28	38	12	1.45	Protein-disulfide-isomerase
12	1	Samolth	FS	RL11_MOUSE	459	25042	26	26	7	2.90	6S ribosomal protein L17
13	1	Samolth	FS	CPHAC_MOUSE	454	41325	26	26	13	1.77	Chromatin P102 (M1-GS)
23	1	Samolth	FS	NCPH_MOUSE	323	41225	24	24	10	0.89	NADPH-cytochrome P450
10	1	Samolth	FS	RLA_MOUSE	518	35865	24	24	5	6.21	6S ribosomal protein L7a
40	1	Samolth	FS	RLA_MOUSE	392	35568	23	23	10	1.07	6S ribosomal protein L4
7	1	Samolth	FS	HCST1_MOUSE	632	18595	23	23	2	1.77	Microsomal glutathione S-
1	1	Samolth	FS	CPHAC_MOUSE	454	41325	26	26	13	1.77	Chromatin P102 (M1-GS)



バージョン情報

Version 2.8 ✕

- 2021年7月リリース
- 最新バージョン **2.8.2**（パッチリリース日:2022年8月）
- 新規サポート機能：Error Tolerant検索に対する新しいアルゴリズムの適用，検索速度向上，さらに見る
- ◆ Windows版
 - リリースノート
 - 新規インストール手順
 - 新規インストール手順におけるクラスターシステム補足
 - アップグレード手順
- ◆ Linux版
 - リリースノート
 - 新規インストール手順
 - 新規インストール手順におけるクラスターシステム補足
 - アップグレード手順

Version 2.7 +

Version 2.6 +

Version 2.5 +

Version 2.4 +

Version 2.3 +

Version 2.2 +

Version 2.1 +

Version 2.0 +

Version 1.9 +

サポート

▷ オリジナルデータベースの作成・更新方法

テキストエディタを使ってオリジナルのデータベースファイルをご自身で作成する方法について説明しています。

▷ 検索対象の生物種を予め絞り込んだUniprotKBデータベースの作成手順

NCBIprotの代わりにお勧めのUniprotKBをMascot Serverで使用可能にする方法について説明しています。

▷ SwissProtの手動更新方法

SwissProtデータベースを手動で更新する方法について説明しています。

▷ Taxonomyリストの変更方法について

検索条件設定画面の「Taxonomy」リストを変更する方法について説明しています。

▷ データベース管理マニュアル

データベースの登録、更新などを行う設定画面「Database manager」について説明しています。

▷ Mascot Server取扱説明書

Mascot Serverの使い方を説明しています。

▷ ユーザ管理とセキュリティ機能の使い方

ユーザ管理とセキュリティ機能の使い方を説明しています。

▷ 消化酵素の新規登録・変更方法

消化酵素の新規登録、登録内容の変更方法を説明しています。

▷ 修飾エディタの使い方

Mascot Server 2.2からサポートしたブラウザベースの修飾エディタの使い方を説明しています。

▷ 検索結果ログの構造

検索結果ログの構造について説明しています。

▷ robocopyプログラムを利用したMascot Server検索結果のバックアップ

マイクロソフトが提供する高機能バックアッププログラム「robocopy」を利用したMascot Server検索結果ファイルのバックアップ方法について説明しています。

▷ Windows7からWindows10へのアップグレード手順

Mascot Server PCにインストールされているWindows7をWindows10にアップグレードする手順について説明しています。

▷ 消化酵素のデータフォーマット

消化酵素のデータフォーマットについて説明しています。

▷ 修飾のデータフォーマット

修飾のデータフォーマットについて説明しています。



MASCOT など各種検索エンジンの検索結果を取り込み、結果をサンプル毎にまとめて表示したり、結果の検証に役立つアルゴリズムを適用したり、様々な生物学的情報の表示を行うソフトウェアです

[主な特徴・機能]

- MASCOT など各種検索エンジンの結果を取り込み、サンプル間比較の表を作成
- 内部搭載している X!Tandem でデータ取り込み時に追加の検索が実施可能
- データ取り込みのバッチ処理 **new!**
- データ取り込み時に独自の同定結果検証アルゴリズムを適用
- 表示するタンパク質・ペプチドの基準をインタラクティブに変更可能
- 同定タンパク質-同定ペプチドの関係性の確認やスペクトルデータの検証が容易
- ベン図を使ってサンプル間共通/サンプル独自のタンパク質・ペプチドをリストアップ
- Gene Ontology 情報付与・表示
- Pathway データベースへのリンク
- 複数の Spectral Counting に対応。Precursor Intensity を利用した定量手法にも一部対応
- 論文の method 記述サポートと repository サイト投稿補助
- 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
- Scaffold Q+S[オプション]により、定量解析結果の取り込みと表示が可能となります

検索エンジンの結果取り込みとサンプル間の比較表作成 / Gene Ontology 情報付与・表示

#	Visible?	Starred?	Bio View: Identified Proteins (32)	Accession N	Molecular We	Protein Group	Taxonomy	biological re	cellular proce	development	metabolic pro	multicellular	response to	cytoplasm	cytoskeleton	endosome	extracellular	membrane	mitochondriol	nucleus	organelle par	plasma mem	binding	catalytic acti	enzyme regul	molecular fun	structural mc	1_M	1_G
1	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	(P02470) Alpha crystallin A ch...	CRYAA_BOVIN	20 kDa	Bos taurus																					27	29	
2	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	(P07318) Beta crystallin B1	CRBB1_BOVIN	28 kDa	Bos taurus																					32	33	
3	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	(B... CRBB3_BOVIN	(B... CRBB3_BOVIN	24 kDa	Bos taurus																							
4	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	同定タンパク質	IC... CRBA1_BOVIN (...	25 kDa	Bos taurus																							
5	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		(B... CRBA4_BOVIN (...	24 kDa	Bos taurus																							
6	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	(P02510) Alpha crystallin B ch...	CRYAB_BOVIN	20 kDa	Bos taurus																					11	11	
7	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	(P02522) Beta crystallin B2 (B...	CRBB2_BOVIN	23 kDa	Bos taurus																					14	14	
8	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	(P26444) Beta crystallin A2 (B...	CRBA2_BOVIN	22 kDa	Bos taurus																					11	11	
9	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	(P02526) Gamma crystallin B (...	CRGB_BOVIN	21 kDa	Bos taurus																					12	12	
10	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	(P48644) Retinal dehydrogenas...	AL1A1_BOVIN	55 kDa	Bos taurus																					10	11	

表示するタンパク質・ペプチドの基準をインタラクティブに変更可能

Protein Threshold: Min # Peptides: Peptide Threshold:

ペプチド/タンパク質の FDR、アサインペプチド数でのフィルター

Pathway データベースへのリンク

1	<input checked="" type="checkbox"/>	Fatty acid-binding protein, liver... P12710	Fabp1
2	<input checked="" type="checkbox"/>	Hemoglobin subunit beta-1 OS... P02088	Hbb-b1
3	<input checked="" type="checkbox"/>	Hemoglobin subunit alpha OS... P01942	Hba

Protein Information: Lookup Identifier In: WikiPathways (e.g. Gene Name)

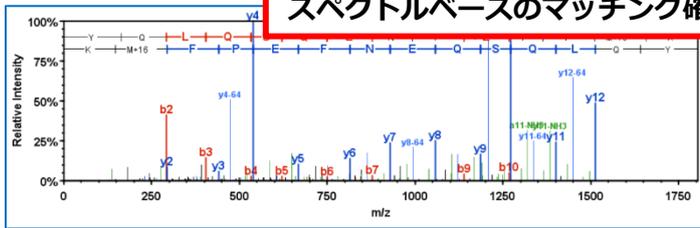
Find pathways

Search for: Fabp1 ALL SPECIES

15 pathways found

Pathway 情報サイトへのリンク

スペクトルデータの検証



理論値ベースのマッチング確認

B	B ions	B-	Y	Y ions	Y-	Q	Q ions	Q-	Y+Q	Y+Q ions	Y+Q-
1	164.1		275.1	274.1	Q	1,541.8	821.4	1,524.7	1,623.7	13	
2	292.8		388.2	387.2	L	1,513.7	757.4	1,496.7	1,495.7	12	
3	405.2		516.2	515.3	O	1,400.6	700.8	1,383.7	1,382.7	11	
4	533.3		603.3	602.3	S	1,272.6	636.8	1,255.7	1,254.7	10	
5	620.3		731.3	730.4	O	1,185.5	593.3	1,168.5	1,167.5	9	
6	748.4	374.7	860.4	859.4	E	1,057.5	529.2	1,040.4	1,039.5	8	
7	877.4	439.2	974.4	973.4	N	928.4	464.7	911.4	910.4	7	
8	991.4	496.2	1,121.5	1,120.5	F	814.4	407.7	797.4	796.4	6	
9	1,138.5	569.8	1,250.5	1,249.5	E	667.3	333.7	650.3	649.3	5	
10	1,267.6	634.3	1,346.6	1,345.6	P	538.3	269.2	521.2	520.3	4	
11	1,364.6	682.8	1,494.7	1,493.7	F	441.2	220.6	424.2	423.2	3	
12	1,511.7	756.3	1,641.7	1,640.7	M+16	294.1	147.1	277.1	276.1	2	
13	1,658.7	829.9	1,787.8	1,786.8	K	147.1	73.6	130.1	129.1	1	
14	1,804.8	902.9									

ベン図を使ってサンプル間共通/サンプル独自のタンパク質・ペプチドをリストアップ

Venn Diagrams

Counting unit: Individual Proteins Evaluate based on: Presence/Absence

1: Control 2: Treatment 3: No Category Specified

Proteins: Total Unique Peptides: Total Unique Spectra

Accession	Protein Name
P12710	Fatty acid-binding p...
P02088	Hemoglobin subunit ...
P01942	Hemoglobin subunit ...
P04264	Keratin, type II cytos...
P52760	Ribonuclease UK11...
P62982	Ubiquitin-40S ribos...
P36527	Keratin, type I cytos...
P31786	Acyl-CoA-binding p...
P32020	Non-specific lipid-t...

サポートする入力データ

- MASCOT
- Proteome Discoverer
- MaxQuant
- PLGS-Identity
- その他 mzIdentML で出力した検索エンジンの結果(PEAKS, Protein Pilot など)

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 : 32GB 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