

Spectronaut®
powered by Pulsar

Spectronaut® 18

アップグレード情報

アップグレード内容概要

- Greatly improved quantification (12% more proteins with CV<10%)
- Linux support via command line (direct loading of Bruker and Thermo files, Sciex via HTRMS)
- Improved protein identifications (5% more on average)
- Added search archive support for directDIA+
- Greatly expanded command line capabilities
- Streamlined and improved licensing for cloud installations
- Added MaxLFQ support for SNE-Combine
- Violin plot option for all Box Plots
- Improved error and warning feedback during pipeline processing
- Added "Quantified" summary node in Analysis Overview
- Directly use search archives (.psar) in regular DIA analysis
- Add identifications per cycle overview plot on run level
- Changed all files exported as .XLS to .TSV
- New default quantification setting (via DIA analysis -> Quantification -> Quantification window)

比類のないタンパク質同定数

More Identifications. Even More Precise.
Comparison for a Range of Diverse Datasets

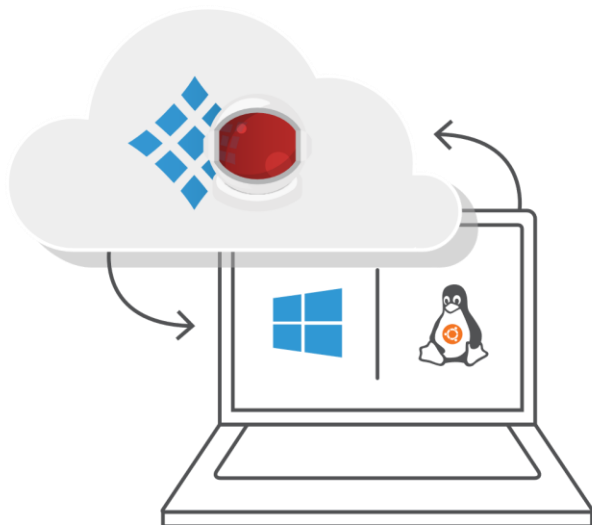


Spectronautのタンパク質同定率は向上し続けています。Spectronaut 17と比較して、バージョン18では同定数が平均5%増加し、CV 10%未満の同定数は12%増加しました。

これによって、以前よりも多くの生物学的に関連のあるターゲットを分析に提供できるようになりました。

Linux互換とクラウドサポート

Cloud Support for Windows and Linux
For Flexible and Scalable DIA Projects



Spectronaut 18では、Linux互換性とLinux/Windowsの両方におけるクラウドサポートという2つの待望の新機能が導入されています。

これにより、前例のない柔軟性が提供され、DIAプロテオミクスプロジェクトを簡単に拡張できるようになります。

同期化された分析ワークフローによる実用的な知見の取得

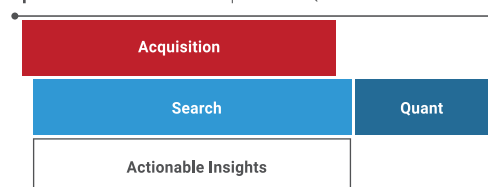
Actionable Insights Faster

Up to 80% Reduction in Analysis Time

Spectronaut 17 Time = Acquisition + Search + Quantification



Spectronaut 18 Time = Acquisition + Quantification



Spectronaut 18では、データ取得と同時に分析を開始し、最後に完全なFDRコントロールと迅速に組み合わせることができます。

これにより、分析時間を最大80%削減し、データ取得による実用的な洞察を得ることが可能になります。