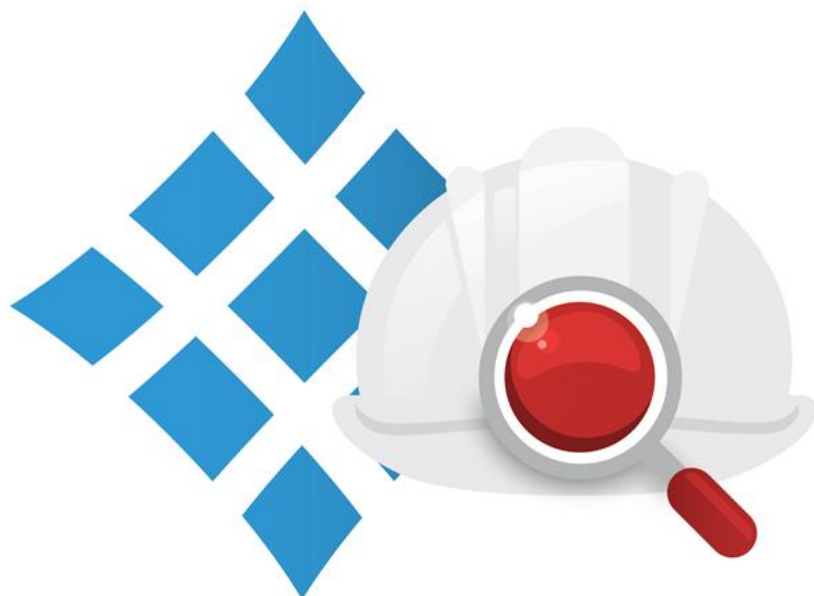




SpectroMine™
powered by Pulsar

SpectroMine™ 5 アップグレード情報

1 Powered By Kuiper

- 新しい検索エンジン「Kuiper」がPulsarの最先端の非特異的解析機能を強化します。
- 未知の翻訳後修飾を検索できる「PTM probing」オープン検索モードを導入しました。
- ペプチド長の制約に左右されない、非特異的検索が最大84%高速化されました。
- MHCクラスI免疫ペプチドの同定数が平均23%増加しました。
- 拡張性を犠牲にすることなく、比類のないスピードを実現しました。

2 Pulsar Improvements

- Pulsar検索エンジンの最新バージョンを使用するようになりました。
- Pulsarによる検索中の、「末端特異性」を使用した修飾に関する問題を修正しました。
- 修飾データベースにおけるHex(1)HexNAc(1)の誤った構成を修正しました。

3 Linux

- コマンドラインによるLinuxサポート (Bruker および Thermo)に対応いたしました。
- Linuxサポートによるクラウド対応が追加されました。
- SpectroMine Linux用のカスタム消化ルールのインポートとエクスポート機能を追加しました。

4 Deep Learning

- 非特異的ペプチドを対象としたディープラーニングモデルの主要パフォーマンス指標が最大50%向上しました。
- 非特異的検索における特性予測モデルの改善が行われました。

5 Library Generation Improvements

- ライブラリ生成時のメモリ管理を改善しました。
- ライブラリ生成のためにtimsTOF DDAデータを解析する際に発生するクラッシュを修正しました。
- 重同位体を含むvariable modificationsを使用した場合のライブラリ生成時の問題を修正しました。
- ライブラリ生成ワークフローにおける .d RAWファイルの解析に関する問題を修正しました。
- 外部検索エンジンからのライブラリ生成における、修飾解析に関する問題を修正しました。

6 User Experience Improvements

- すべてのボックスプロットにバイオリンプロットオプションを追加しました。
- コマンドラインモードにおいて、JSONファイルで設定を提供するオプションを追加しました。
- Apache Parquetでレポートを出力する機能を追加しました。
- Post Analysisにサンプルごとおよびサンプル間のペプチド長プロットを搭載しました。
- Post Analysisに前駆体電荷プロットを搭載しました。
- Post Analysisにおける、シャノンエントロピーに基づいたランレベルのモチーフプロットを改善しました。
- .XLS形式で出力されるすべてのファイルを.TSV形式に変更しました。
- timsTOF APIのファイルパスに含まれる非ASCII文字の問題を修正しました。

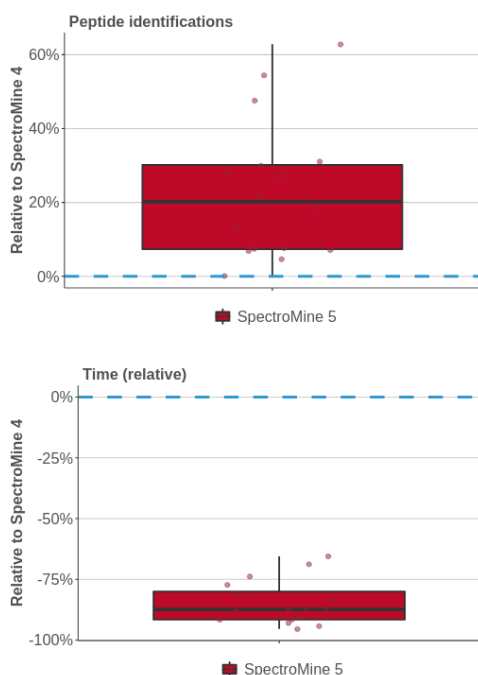
7 Security

- .NET 8 (.NETの現在の長期サポートバージョン) にアップデートしました。
- サードパーティライブラリの既知の脆弱性を修正しました。

8 New and Changed Settings

- [New] Search → Labeling → Channels → added 2 more channels
- [New] Search → Modifications → Search Mode
- [New] Experiment → Experiment-Wide Parameters¥Post-Analysis → Log2 Ratio Candidate Filter
- [New] Experiment → Experiment-Wide Parameters¥Post-Analysis → Confidence Candidate Filter
- [New] Experiment → Experiment-Wide Parameters¥Post-Analysis → Confidence
- [New] Experiment → Library Generation¥Identification → Use Source Specific iRT
- [New] Experiment → Library Generation¥Spectral Library Filters → Overlapping between Channels

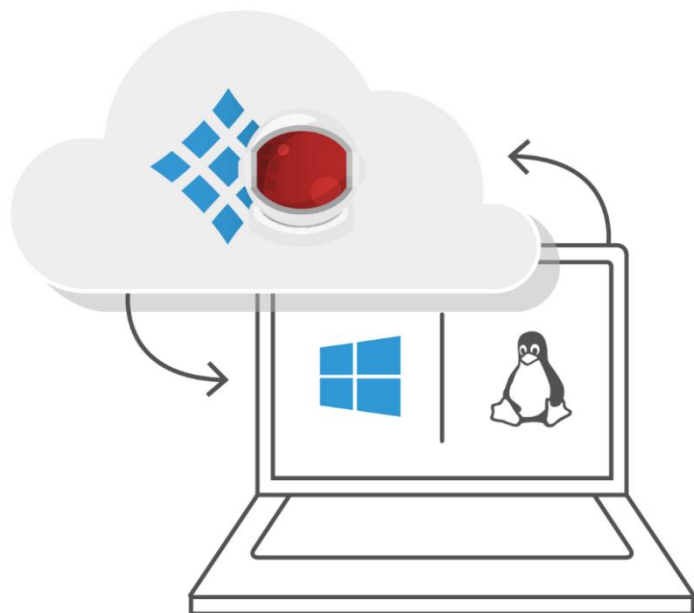
より高速なDDA免疫ペプチドミクス、優れた同定数



SpectroMine 5に搭載された全く新しい Kuiper検索エンジンは、DDAプロテオミクスにおける免疫ペプチド解析において真に新たな境地を切り開きます。SpectroMine 4と比較して、HLAタイプIペプチドの同定数を平均20%増加（n=16）させながら、解析時間を80%以上短縮（n=16）します。

従来のトリプシンペプチド向けに最適化された他のエンジンとは異なり、Kuiperは最も困難な検索空間を高速かつ確実に、かつ深くカバーするように構築されています。

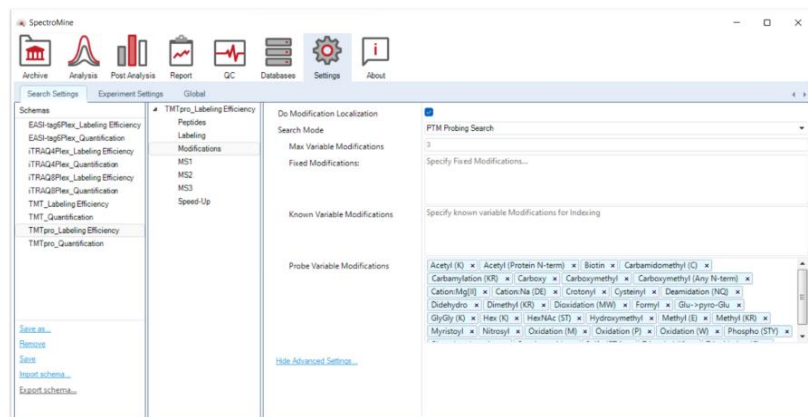
LinuxサポートでDDAワークフローを拡張



SpectroMine 5はLinux OSに対応しました。より柔軟な導入オプションを備えたLinux環境を介して、DDAワークフローをクラウドまたはハイパフォーマンスコンピューティング（HPC）に導入できます。

Linuxのオープンソースアーキテクチャと強力なコマンドラインツールは、スケーラブルなパフォーマンスとシームレスな自動化を可能にし、信頼性を損なうことなく解析を高速化します。すべての解析結果は、WindowsベースのSpectroMine viewerに簡単に読み込み、確認できます。SpectroMine 5で高スループットのDDA解析を実現しましょう。

新しいPTM Probing検索



全く新しいKuiper検索エンジンを搭載したPTM Probingサーチモードをご紹介します。数十の翻訳後修飾を1回のスキャンで同時にスクリーニングすることで、サンプルをより深く掘り下げ、予期せぬ修飾を発見し、非特異的な消化という困難な検索空間においても同定率を向上させます。Kuiperの超高速インデックス作成により、妥協や盲点のない包括的なプロテオームランドスケープが明らかになります。PTM Probingサーチをワークフローに追加することで、これまで以上に迅速に、より多くの生物学研究を行うことができます。

【お問い合わせ先】

フィルジェン株式会社 バイオインフォマティクス部

TEL : 052-624-4388 (9:00~17:00)

FAX : 052-624-4389

E-mail : support@filgen.jp