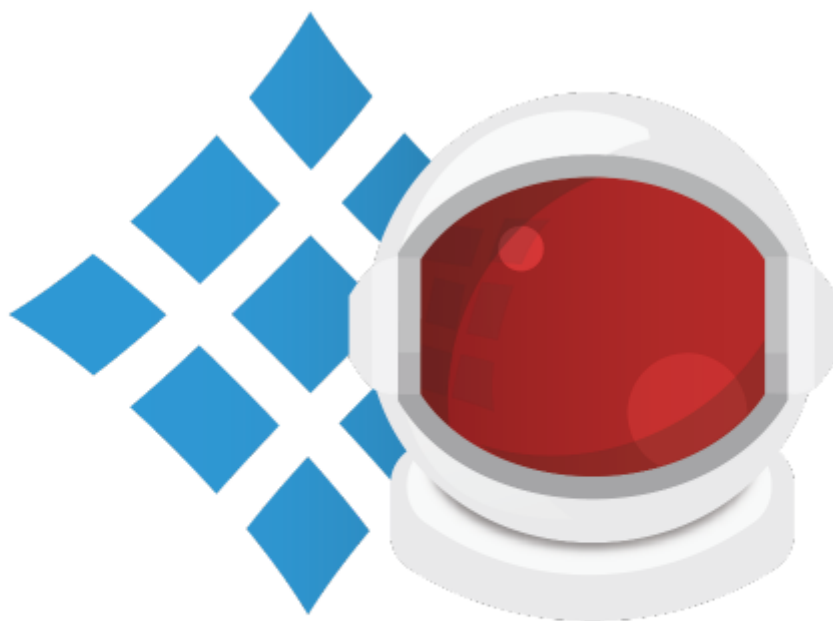




Spectronaut®
powered by Pulsar

Spectronaut® 20 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directDIA解析機能を強化します。
- 潜在的な翻訳後修飾を高速に検索できる「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（および半特異的）directDIA検索が最大85%高速化されました。
- MHCクラスI免疫ペプチドの同定数が最大80%増加しました。
- MHCクラスII免疫ペプチドおよびその他の非特異的検索の同定数が最大30%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 Features for high data quality

- タンパク質同定の信頼性向上のため、FDRプロセスを改善しました。
- 特にペプチドミクス研究に重要な、グローバルな前駆体FDRを追加しました。
- グループごとに前駆体FDRを計算することで、非標準的なタンパク質データベースからの同定の信頼性を向上させるベータ機能を追加しました。

3 Improved AI for unspecific data

- 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。
- 新たなスコアにより、非特異的検索における同定精度が向上しました。

4 Improved quantification for timsTOF

- イオン移動度次元の処理の改善により、timsTOFの定量精度が向上しました。

5 New visualizations for QC and biological insights

- Post Analysisにおけるシャノンエントロピーに基づく新しいペプチドモチーフプロットを搭載しました。
- Post Analysisにおける、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における、新しい前駆体電荷プロットを搭載しました。
- Analysis perspectiveの「IM概要プロット」における、電荷ごとのオーバーレイ識別を搭載しました。

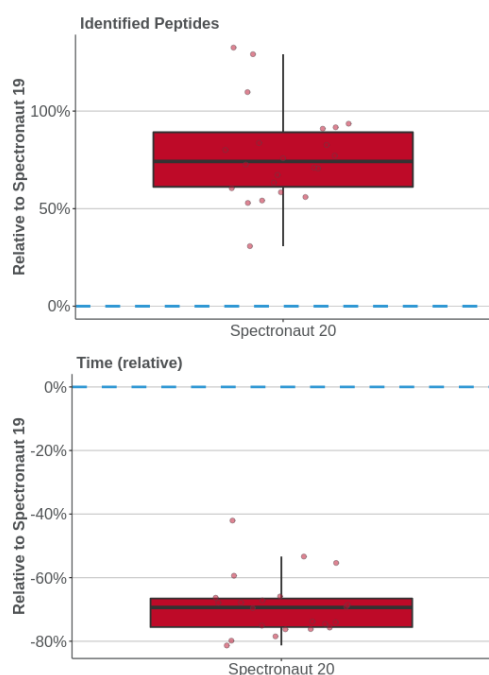
6 Improved command line options

- レポート出力にApache Parquet形式をサポートしました。
- JSONファイル経由でdirectDIAのライブラリ生成ステップの設定を行えるようにしました。
- 実験ごとに修飾リポジトリを明示的に指定するようになりました。
- SNE結合パイプラインの拡張性と機能が向上しました。
- Azureオブジェクトストレージからrawファイルとfastaファイルを直接読み取るようになりました。

7 New and Changed Analysis Settings

- [New default] DIA Analysis -> Identification -> Precursor Qvalue Cutoff (Experiment) -> 0.01
- [New default] DIA Analysis -> Identification -> Single Hit Protein Rule -> Stratified Single Hit Protein FDR
- [New default] DIA Analysis -> Identification -> Run level protein scoring -> All Expected Observations
- [New default] DIA Analysis -> Quantification -> Perform Background Noise Removal
- [New default] DIA Analysis -> Quantification -> Perform IM Peak Picking for Quantification
- [New Option] Pulsar Search -> Modifications -> Search Mode -> PTM Probing Search
- [Removed Option] DeepQuant Correction [Beta] feature

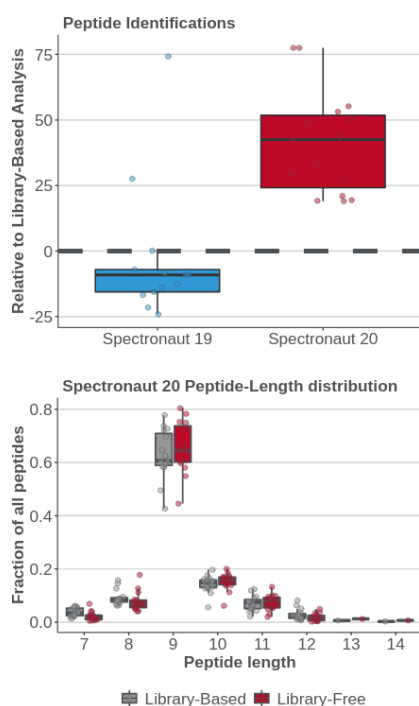
DIA免疫ペプチドミクスの再定義



Spectronaut 20に搭載された全く新しい Kuiper 検索エンジンは、directDIAを用いた免疫ペプチド解析に新たな境地を開きます。Spectronaut 19と比較して、HLAクラス I ペプチドの同定数が平均75%増加し、実行時間も70%高速化 (n=22) しました。これにより、RAWファイルあたり平均約8分という驚異的な速度を実現しました。

Kuiperを既存のワークフローにシームレスに統合することで、毎回の解析で包括的かつ信頼性の高いペプチドプロファイリングを一貫して実現できます。

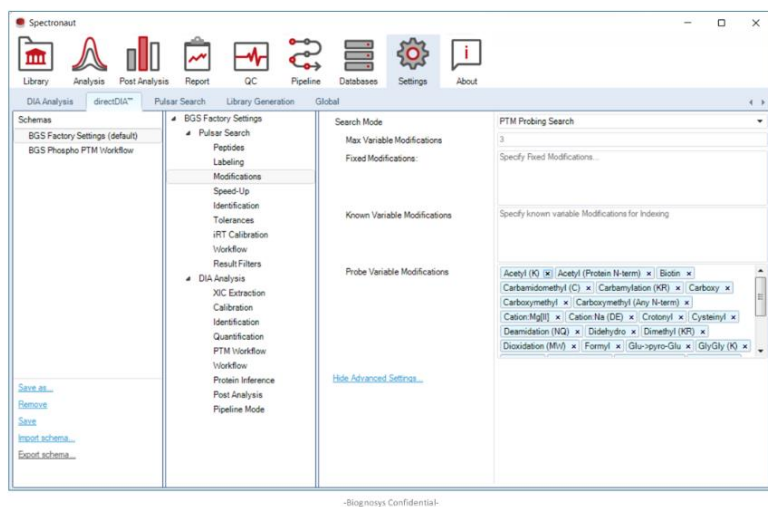
directDIA®は免疫ペプチドミクスの新しいソリューション



スペクトルライブラリーを構築するのに十分な時間やサンプル数がありませんか？ directDIAは、テストしたすべてのデータセットにおいてライブラリーベースの解析を上回り、平均で約40%多く HLAタイプIペプチドを発見しました (n=13)。さらに、directDIAは、現在確立されているライブラリーベースのアプローチと同等の品質の免疫ペプチドミクス結果を提供します。結果は、ライブラリーとdirectDIAの両方のアプローチにおけるペプチド長の分布とモチーフを比較することで検証されました。Spectronaut 20の新しいプロットをぜひご覧ください！

directDIAで免疫ペプチドミクスのワークフローを効率化し、スペクトルライブラリーの構築に費やす時間を短縮し、生物学的知見の獲得に多くの時間を費やしましょう。Spectronaut 20を今すぐお試しください。ペプチドプロファイリングがどれほど簡単に再現性が高く、強力になるかを実感いただけます。

Kuiperによって開かれた高速PTM Probing検索モード



Kuiperのパワーを解き放ち、長時間の検索を必要とせずに予期せぬ修飾を発見しましょう。新しいPTM Probing検索は、非特異的な検索空間であっても、数十の修飾を同時に処理できます。PTM Probingにより、より多くの修飾ペプチドを短時間で発見できます。Spectronautオープン検索でプロテオミクスブレークスルーを加速し、常に一步先を行くことができます。

【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