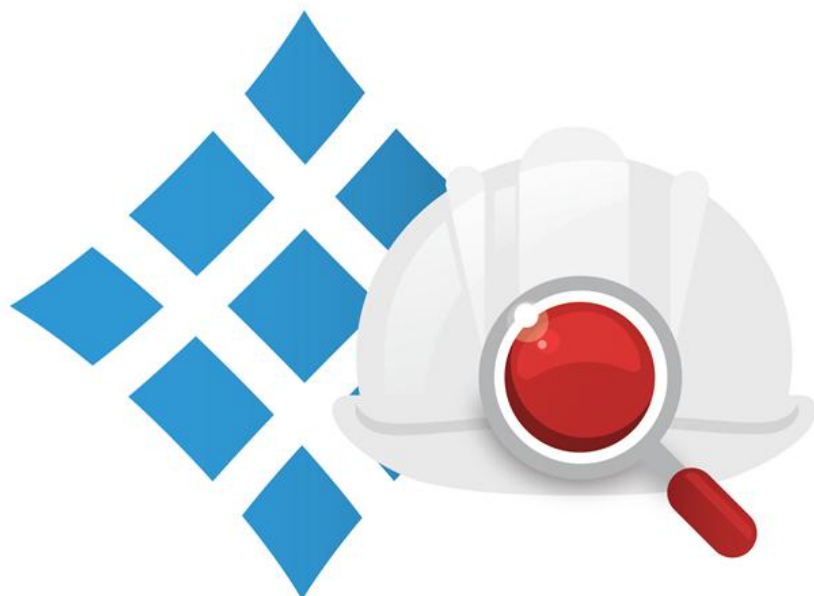




SpectroMine™
powered by Pulsar

SpectroMine™ 6 アップグレード情報

1 Search Engine Improvements

- Orbitrap Astralデータにおいて、プリカーサーの同定数が平均7%増加しました。
- クラスI免疫ペプチドミクスデータにおいて、ペプチドの同定数が平均2%増加しました。
- TMTデータにおいて、処理速度が平均9%向上しました。

2 In-Source Fragmentation

- すべてのペプチドに対し、インソースフラグメンテーションの可能性があることを示すアノテーションを追加しました。
- インソースフラグメンテーションの可能性があるペプチドを対象とするUIフィルターを追加しました。
- インソースフラグメンテーションのアノテーションに関連する各種レポート列を追加しました。
- インソースフラグメンテーションの可能性があるペプチドを同定結果から除外するオプションを追加しました。

3 Deep Learning

- トリプシン消化ペプチドおよび非特異的ペプチドの双方に対するAI予測の精度が向上しました。
- 次世代AIモデルにより、未学習の翻訳後修飾も正確に予測が可能になりました。

4 Library Generation Improvements

- 多数のPSARファイルからのライブラリ生成におけるメモリ管理がさらに改善しました。
- 新規アーカイブからのライブラリ生成の速度が大幅に向上しました。

5 Security

- サードパーティ製ライブラリの既知の脆弱性を修正しました。

6 User Experience Improvements

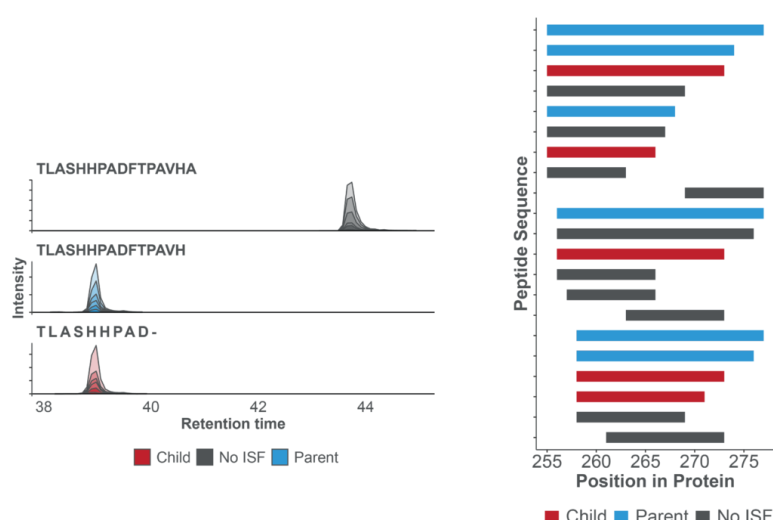
- [NEW] Experiment → Experiment-Wide Parameters¥Identification → Grouped Peptide FDR
- [NEW] Experiment → Experiment-Wide Parameters¥Identification → ISF Filter Rule
- [CHANGED] Experiment → Experiment-Wide Parameters¥Tolerances → MS1 and MS2 Tolerance Strategy vendor independent
- [CHANGED OPTIONS] Experiment → Experiment-Wide Parameters¥Post-Analysis → Differential Abundance Grouping



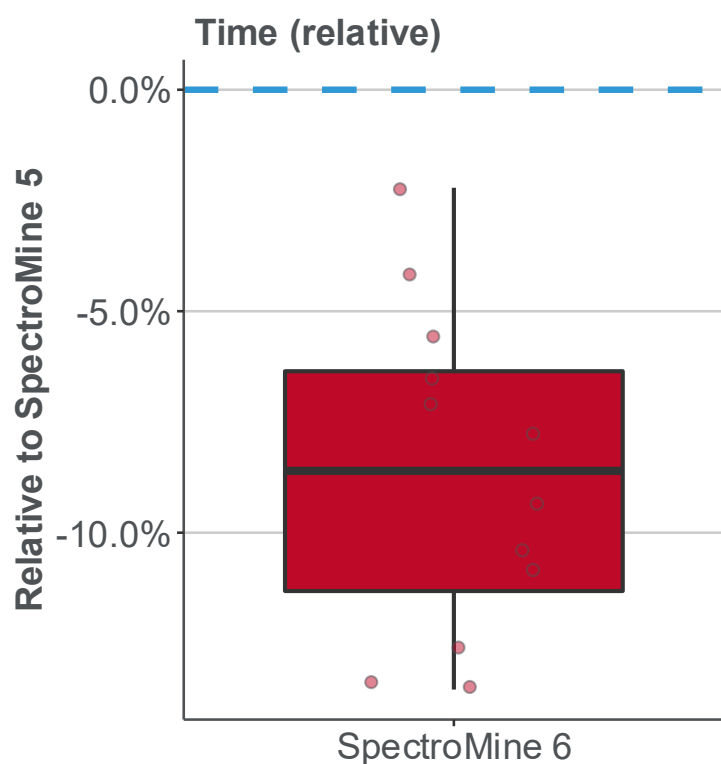
すべての免疫ペプチドを明確に

インソースフラグメンテーションを検出することで、免疫ペプチドの解析において新たなレベルの明瞭さを実現します。断片化した子ペプチドを確実に識別・除外できるため、分析上のアーティファクト（偽の信号）に惑わされることなく、真に重要な情報だけに集中することが可能です。

その結果、免疫ペプチドームをより鮮明かつ信頼性の高い状態で把握できるようになります。真のペプチドが確かな生物学的知見をもたらし、すべてのシグナルが意味のある情報を物語るようになるのです。



生物学的な知見をより迅速に得る



SpectroMineは、生物学的知見をより迅速に得るために絶えず進化を続けています。SpectroMine 6では、TMTデータセットの解析時間が平均で9%以上短縮され、解析がより高速化しました。

【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