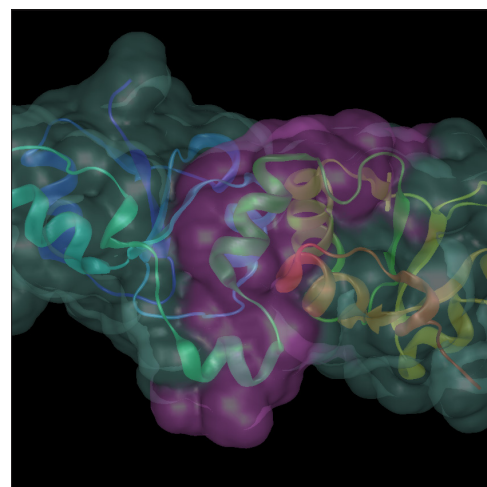
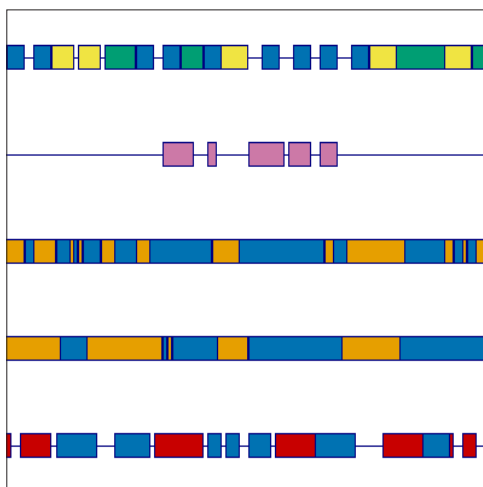
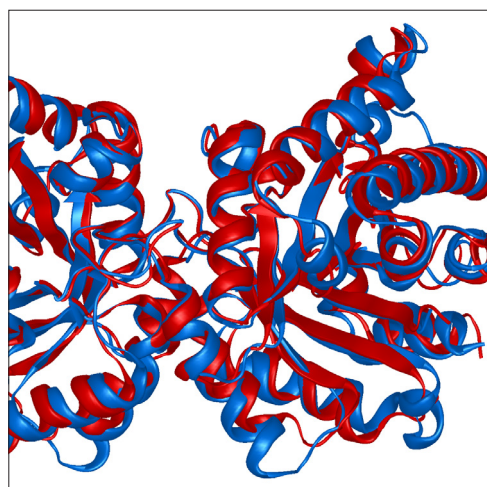


# LASERGENEタンパク質および NOVAアプリケーション



## プロテアン3D: 弊社の主力アプリケーションは タンパク質分析とタンパク質設計を提供

### タンパク質シーケンス分析

- シーケンス、二次構造、三次構造の統合ビューと分析方法を活用
- 二次構造特性の予測

### 高度なタンパク質設計

- タンパク質設計ツールを使用してホットスポットスキャンを実行し、フォールドの安定性を向上
- 結合相互作用とエネルギーを予測する
- 構造に対するバリエーションの影響を作成、モデル化、分析する
- 変異によるエネルギー変化を計算
- セリンおよびアラニン変異体スキャンの実施
- タンパク質フォールドの安定性を向上

### タンパク質構造分析

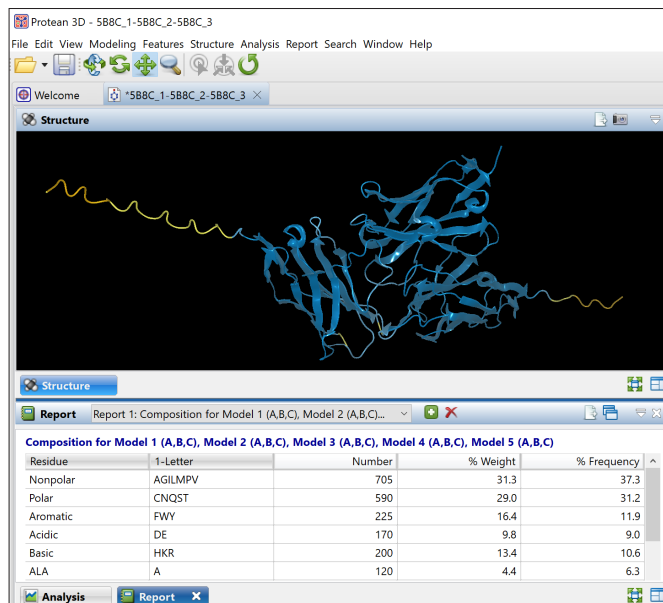
- B細胞エピトープの予測
- 分子と溶媒にアクセスできる表面を作成し、予測されるエピトープを可視化
- 構造全体または選択した領域を整列させる
- タンパク質機能、リガンド結合部位、酵素活性の予測
- 約400のアニメーション化高分子構造の構造変化を可視化
- 出版物品質のグラフィックを作成する
- 統合されたノバアプリケーションを使用して三次構造を予測する(裏面を参照)

# ノバアプリケーション:プロテアン 3D インターフェイス内の のタンパク質モデリングと構造予測

## タンパク質構造予測

受賞歴のある3つのアルゴリズムから選択して、任意のタンパク質配列の3D構造を予測する。

- NovaFoldは、スレッディング技術と*ab initio*フォールディング技術を組み合わせたI-TASSERタンパク質構造予測アルゴリズムを利用している。
- NovaFold AI は、ディープマインドのアルファフォールド2 アルゴリズムを使用して距離を予測し、入力としてディープマルチシーケンスアライメントを使用してディヘドラルマップを作成する。
- NovaFold AI-マルチマーは、多量体タンパク質アセンブリの構造を予測するアルファフォールド-マルチマーアルゴリズムを備えている。



NovaFold AI-マルチマー予測の構造ビューとコンパイルレポート。その他多くのカスタマイズ可能なビューとレポートを利用できる。

## タンパク質-タンパク質ドッキング

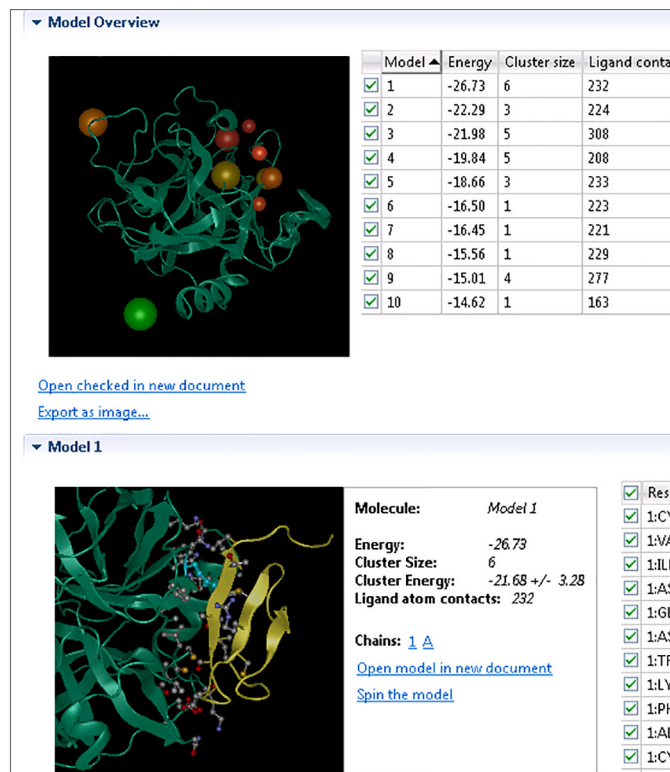
NovaDockを使用して、あらゆる受容体とリガンドのペアに対するタンパク質ドッキングと結合の相互作用をモデル化する。

- 高解像度ドッキングアルゴリズムのSwarmDockに基づく
- ドッキング中にタンパク質の柔軟性を探る

## 抗体モデリング

抗体構造をモデル化し、NovaFold Antibodyで抗体/抗原結合部位を同定する。

- 数分でFv、Fab、VH、sdAbをモデル化
- 抗体フレームワークのライブラリを検索するか、独自のテンプレートを提供
- H3 - 最大 15 残基の *ab initio* ループモデリング H3
- CDRループの自動アノテーション



NovaDockレポートには、完了した予測のトップリガンド-受容体ドッキングモデルが表示されている。



608.258.7420 USA  
866.511.5090 USAフリーダイヤル

0.808.271.1041 UK  
0.800.182.4747 Germany

1202 Ann Street  
Madison, WI 53713

www.dnastar.com  
info@dnastar.com