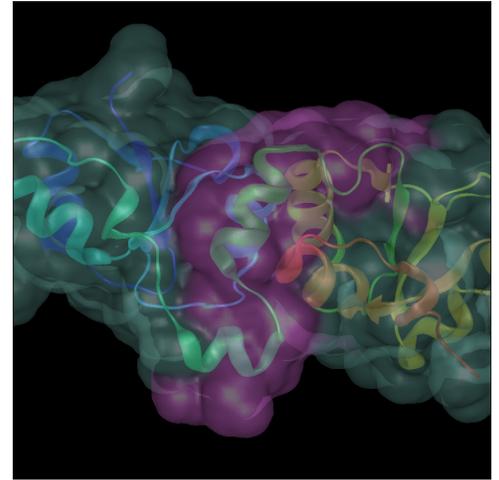
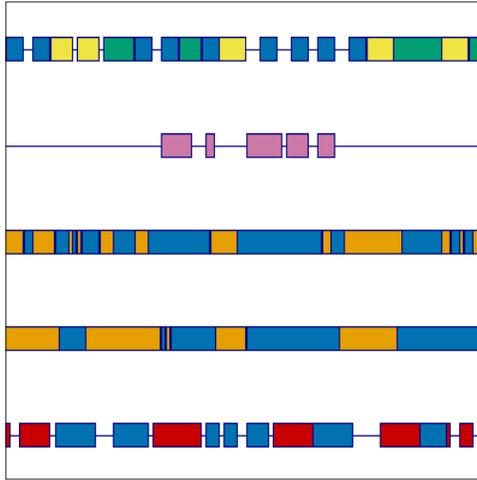
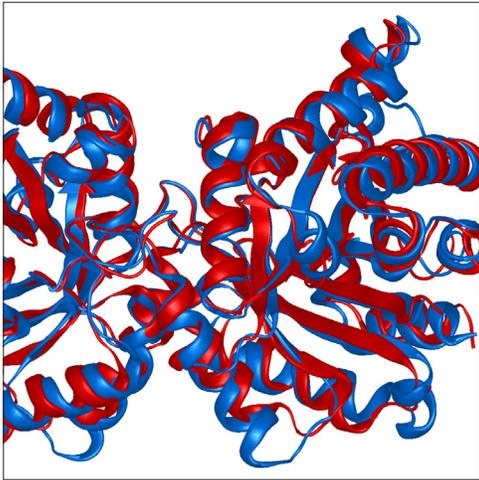


LASERGENE PROTEIN 및 NOVA 애플리케이션



Protean 3D: 단백질 분석 및 단백질 설계를 위한 당사의 대표 애플리케이션

단백질 서열 분석

- 서열, 2차 구조 및 3차 구조에 대한 통합된 보기 및 분석 방법 활용
- 2차 구조 특성 예측

고급 단백질 설계

- 단백질 설계 도구를 사용해 핫스팟 스캔을 수행하고 접힘 안정성을 개선
- 결합 상호작용 및 에너지 예측
- 변이가 구조에 미치는 영향을 생성, 모델링 및 분석
- 돌연변이로 인한 에너지 변화 계산
- 세린 및 알라닌 변이 스캔 실시
- 단백질 접힘 안정성 개선

단백질 구조 분석

- B세포 에피토프(항원결정기) 예측
- 분자 및 용매 접근 가능 표면을 생성하여 예측된 에피토프를 시각화
- 전체 구조 또는 선택한 구역 정렬
- 단백질 기능, 리간드 결합 부위, 효소 활성 예측
- 400개에 가까운 활성 거대분자 구조의 입체구조적 변화 시각화
- 간행물 수준의 고급 그래픽 생성
- 통합된 Nova 애플리케이션을 사용하여 3차 구조 예측(뒷면 참조)

Nova 애플리케이션: Protean 3D 인터페이스 내의 단백질 모델링 및 구조 예측

단백질 구조 예측

수상 경력에 빛나는 세 가지 알고리즘을 사용해 어떤 단백질 서열이든 3D 구조를 예측할 수 있습니다.

- NovaFold는 스테딩과 압이니시오(*ab initio*) 접기 기술을 결합한 I-TASSER 단백질 구조 예측 알고리즘을 사용합니다.
- NovaFold AI는 DeepMind의 AlphaFold 2 알고리즘을 사용하여 거리를 예측하고, 입력값으로 심층 다중 서열 정렬을 사용하여 2면체 맵을 생성합니다.
- NovaFold AI-Multimer는 AlphaFold-Multimer 알고리즘을 사용하여 다량체 단백질 어셈블리의 구조를 예측합니다.

단백질-단백질 도킹

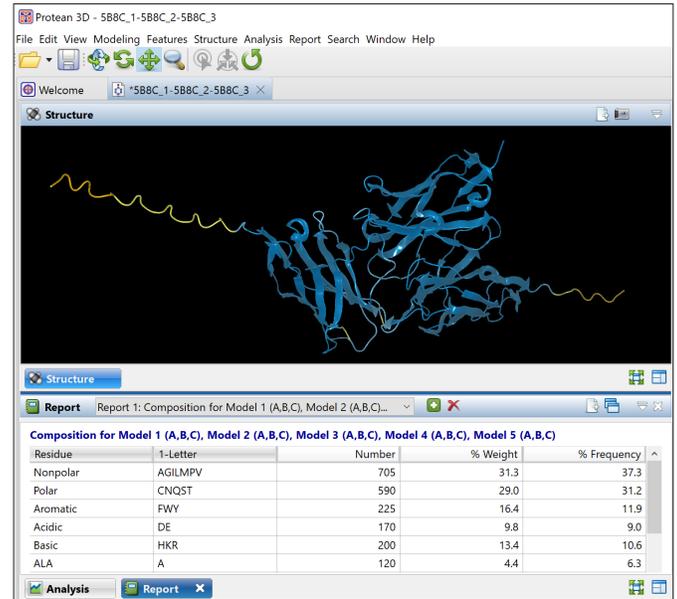
NovaDock을 사용하여 수용체 및 리간드 쌍에 대한 단백질 도킹 및 결합 상호작용을 모델링합니다.

- 고해상도 도킹 알고리즘, SwarmDock 기반
- 도킹 중 단백질 유연성 탐색

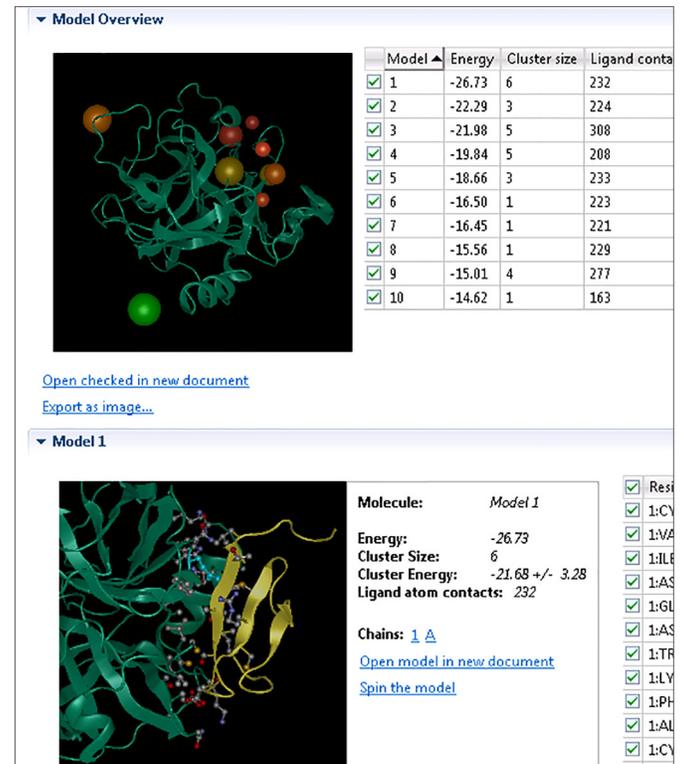
항체 모델링

NovaFold Antibody를 사용해 항체 구조를 모델링하고 항체/항원 결합 위치를 식별합니다.

- 단 몇 분 내에 Fv, Fab, VH, sdAb 모델링
- 제품에 포함되어 있는 항체 프레임워크 라이브러리를 검색하거나 사용자가 직접 템플릿 제공
- H3에 대한 압이니시오(*ab initio*) 루프 모델링 - 최대 15개 잔기
- CDR 루프의 자동 주석 지정



NovaFold AI-Multimer 예측을 위한 구조 보기 및 구성 보고서. 그 외에도 다양한 사용자 정의 보기 및 보고서 중에서 선택할 수 있습니다.



완료된 예측에 대한 상위 리간드 수용체 도킹 모델을 보여주는 NovaDock 보고서.



608.258.7420 미국
866.511.5090 미국 수신자 부담

0.808.271.1041 영국
0.800.182.4747 독일

1202 Ann Street
Madison, WI 53713

www.dnastar.com
info@dnastar.com