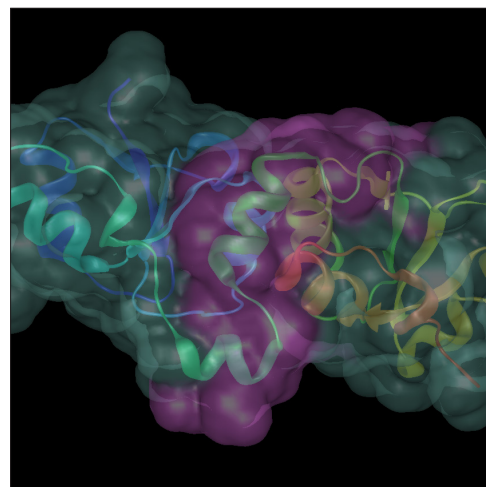
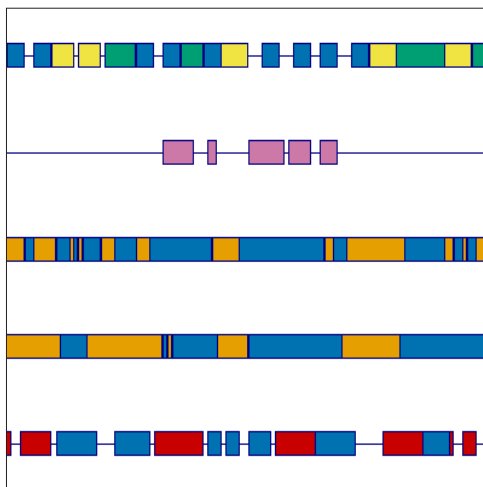
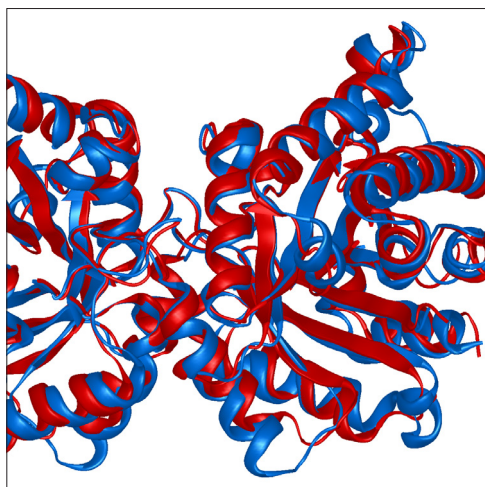


# LASERGENE PROTEIN

## 用于序列分析、蛋白质设计及蛋白质建模预测的软件



### 蛋白质序列分析

- 利用集成的视图和分析方法, 分析序列、二级结构和三级结构
- 预测二级结构特征

### 高级蛋白质设计

- 创建、建模并分析变异对结构的影响
- 利用蛋白质设计工具进行热点扫描并提高折叠稳定性
- 计算由突变引起的能量变化
- 进行丝氨酸、组氨酸和丙氨酸变异扫描
- 提高蛋白质折叠稳定性
- 预测蛋白质功能、配体结合位点及酶活性

### 蛋白质结构分析

- 预测 B 细胞表位
- 创建分子和溶剂可及表面, 以可视化预测的表位
- 比对整个结构或选定区域
- 创建出版级图形
- 可视化近 400 种动画大分子结构的构象变化

### 蛋白质建模预测

- 借助统一、引导式的结构预测工作流程, 自信地预测蛋白质结构及其复合物, 该流程使设置快速且直观

详情见背面。

# 用于蛋白质建模的综合工具

## 利用 Boltz 进行蛋白质结构预测

- Boltz 算法采用开源的 AlphaFold 3 式架构, 可提供快速、准确的结构预测
- Protean 3D 的引导式设置体验简化了运行建模预测的流程, 即使是复杂的预测也能轻松完成
- Boltz 在预测配体结合、多聚体蛋白组装及复合物方面表现出色
- 设置并批量运行预测

## 使用 AlphaFold-Multimer 进行结构预测

- AlphaFold-Multimer 在预测多聚体蛋白组装体及蛋白质复合物方面表现出色

## 使用 NovaFold Antibody 进行抗体建模

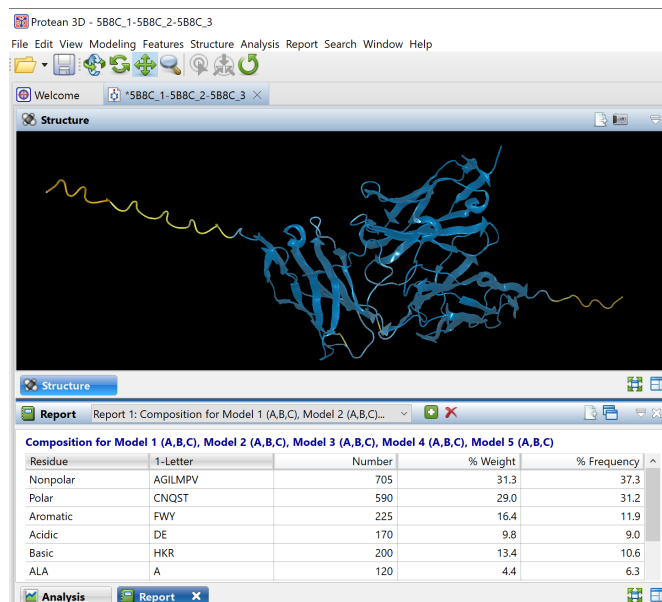
- 快速构建抗体结构模型并识别抗体-抗原结合位点
- 在几分钟内生成 Fv、Fab、VH 和单域抗体 (sdAb) 模型
- 搜索内置的抗体框架库, 或使用自定义模板
- 针对 H3 环区的从头建模 — 最长可达 15 个残基
- CDR 环区的自动注释
- 使用共同的目标结构和一组可变结构, 配置多个局部结构预测

## 使用 NovaDock 进行蛋白质-蛋白质对接

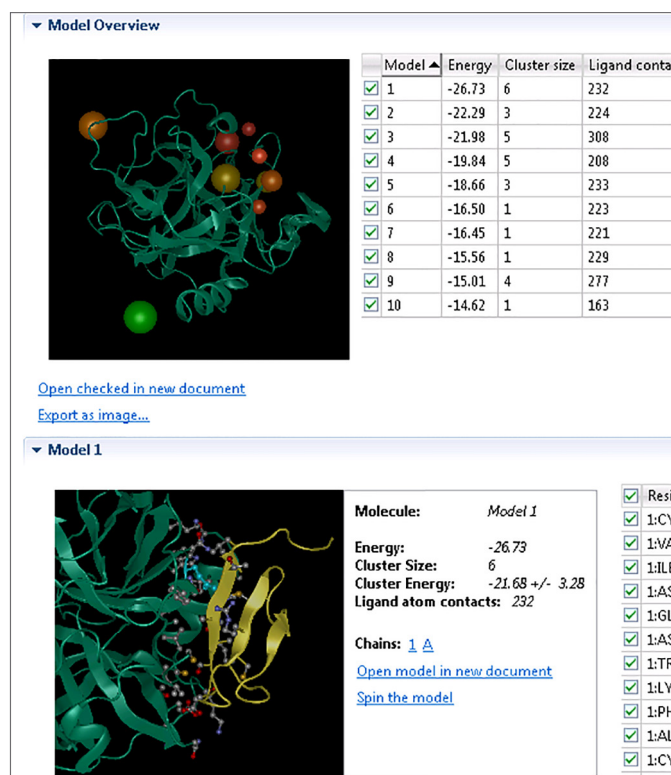
- 采用基于 SwarmDock 的高分辨率对接流程, 模拟蛋白质间相互作用及结合模式
- 使用共同的目标结构和一组可变结构, 配置多个局部结构预测

## 灵活的云端与本地部署

- 选择基于云的执行方式, 既便捷又能释放本地计算机资源
- 云端预测已包含在您的 Lasergene Protein 许可中; 可根据需要购买额外计算容量
- 选择本地执行 (需单独授权), 可获得更高的数据安全性和无限制的使用



AlphaFold-Multimer 预测的结构视图与组成报告。还提供许多其他可自定义的视图和报告。



NovaDock 报告展示了已完成预测的顶部配体-受体对接模型。



608.258.7420 美国  
866.511.5090 美国免费电话

0.808.271.1041 英国  
0.800.182.4747 德国

1202 Ann Street  
Madison, WI 53713

www.dnastar.com  
info@dnastar.com