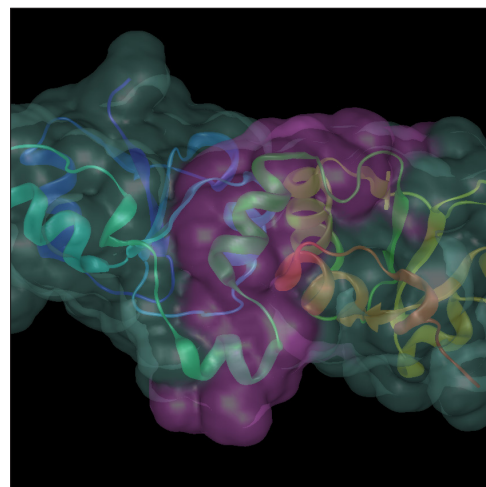
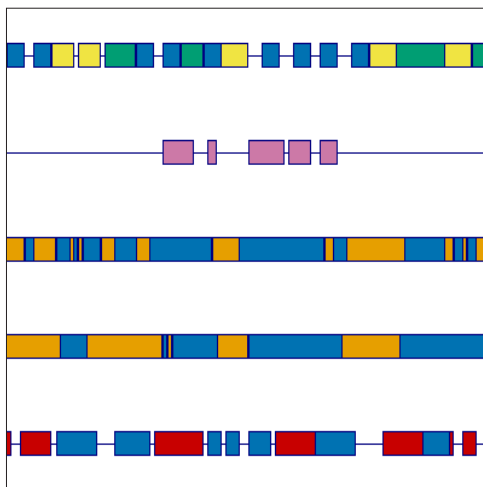
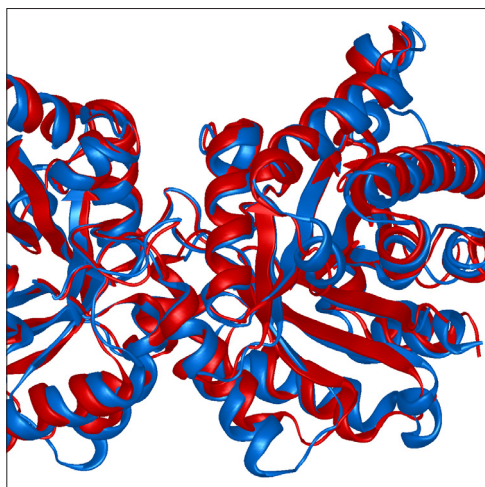


# LASERGENE PROTEIN

## 配列解析、タンパク質設計、 タンパク質モデリング予測用ソフトウェア



### タンパク質シーケンス分析

- タンパク質の配列、二次構造、三次構造を解析
- 二次構造の特性予測

### 高度なタンパク質設計

- タンパク質構造の変異体を作成、モデル化、分析する
- ホットスポットスキャンを実施し、タンパク
- 質設計ツールでフォールド安定性を向上
- 突然変異によって生じるエネルギー変化を計算する
- セリン、アラニン、およびヒスチジンをを用いてバリエーションスキャンを実行する。
- タンパク質のフォールディング安定性を向上させる
- タンパク質機能、リガンド結合部位、および酵素活性を予測

### タンパク質構造解析

- B細胞エピトープの予測
- 分子表面および溶媒可及表面を生成して、予測エピトープを可視化
- 構造全体または選択領域のアラインメント
- 出版物品質のグラフィック作成
- 約400のアニメーション化された高分子構造の立体構造変化を可視化

### タンパク質モデリング予測

- 迅速かつ直感的なセットアップを可能にする、統合されたガイド付き構造予測ワークフローを使用してタンパク質の構造やアセンブリを高い信頼性で予測

詳細は裏面をご覧ください。

# タンパク質モデリングの包括的なツール

## Boltz によるタンパク質構造予測

- オープンソースの AlphaFold 3 に匹敵するアーキテクチャを採用した Boltz アルゴリズムで高速かつ高精度な構造予測を実現
- Protean 3D のガイド付きセットアップ機能が複雑なモデリング予測の実行プロセスを効率化
- リガンド結合、多量体タンパク質アセンブリ、および複合体の予測に優れた Boltz
- 予測をまとめて設定および実行

## AlphaFold-Multimer による構造予測

- 多量体タンパク質アセンブリおよびタンパク質複合体の予測に優れた AlphaFold-Multimer

## NovaFold Antibody による抗体モデリング

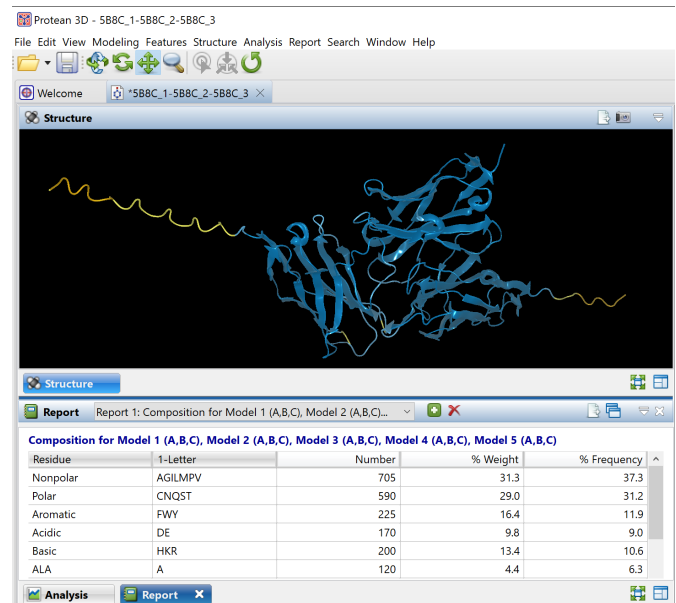
- 抗体構造を迅速にモデル化し、抗体 - 抗原結合部位を特定
- Fv、Fab、VH、および単ドメイン抗体 (sdAb) モデルを数分で生成
- 内蔵の抗体フレームワークライブラリを検索するか、独自のテンプレートを使用
- H3ループの ab initio モデリング (最大 15 残基)
- CDR ループの自動アノテーション
- 共通のターゲット構造と一連の可変構造を使用して複数の局所構造予測を構成

## NovaDock によるタンパク質間ドッキング

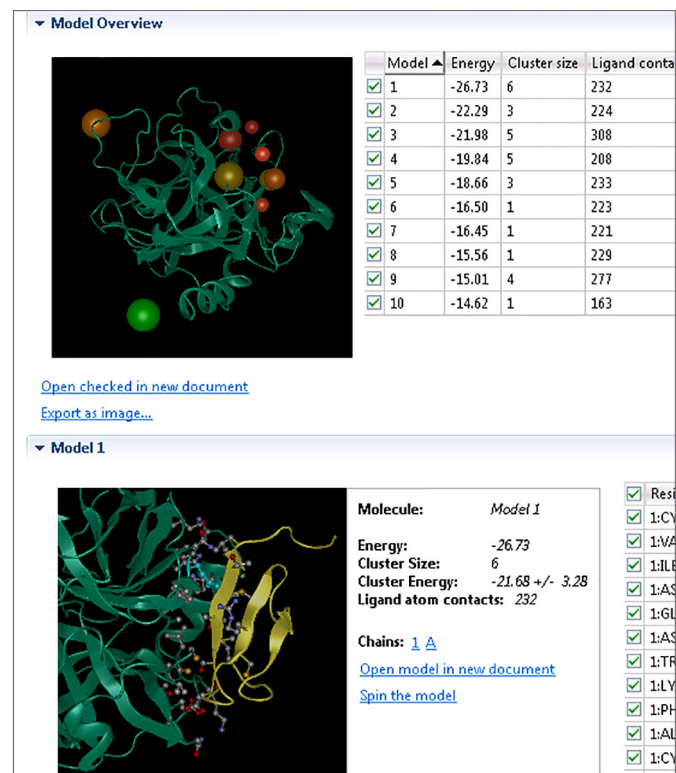
- SwarmDock に基づく高解像度ドッキングワークフローでタンパク質の相互作用と結合モードをモデル化
- 共通のターゲット構造と一連の可変構造を使用して複数の局所構造予測を構成

## 柔軟なクラウドおよびローカル展開

- クラウドベースの実行を選択して利便性を向上し、ローカルコンピュータのリソースを解放
- Lasergene Protein ライセンスにはクラウドベースの予測が含まれ、必要に応じて追加容量を購入可能
- ローカル実行 (別途ライセンスが必要) を選択してデータセキュリティの強化と制限のない使用を実現



AlphaFold-Multimer予測の構造ビューと組成レポート。  
その他多くのカスタマイズ可能なビューとレポートが利用可能



予測完了後、NovaDockレポートで表示されるリガンド-受容体の  
トップドッキングモデル



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