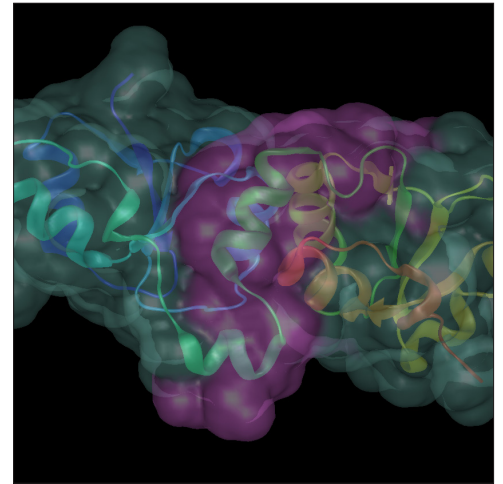
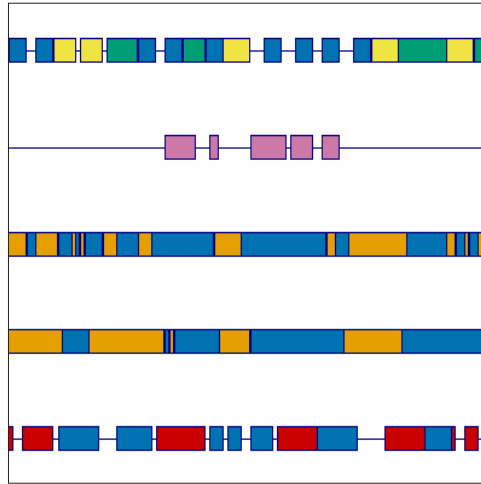
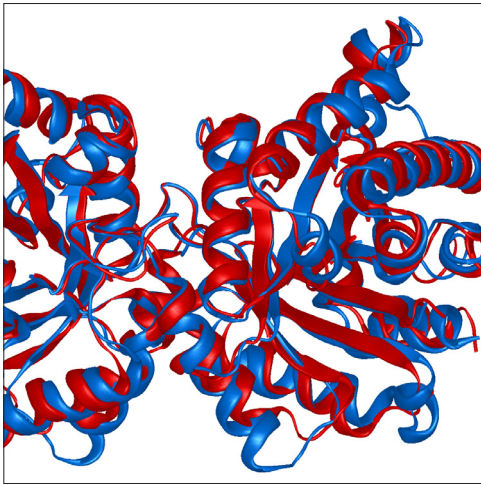


LASERGENE PROTEIN

서열 분석, 단백질 설계 및 단백질 모델링 예측용 소프트웨어



단백질 서열 분석

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

고급 단백질 설계

- 변이가 구조에 미치는 영향을 생성, 모델링 및 분석
- 단백질 설계 도구를 사용하여 핫스팟 스캔을 수행하고 단백질 접힘 안정성 개선
- 돌연변이로 인한 에너지 변화 계산
- 서열, 구조 및 변이체 스캔을 수행하십시오.
- 단백질 접힘 안정성 개선
- 단백질 기능, 리간드 결합 부위 및 효소 활성 예측

단백질 구조 분석

- B세포 에피토프(항원결정기) 예측
- 분자 및 용매 접근 가능 표면을 생성하여 예측된 에피토프를 시각화
- 전체 구조 또는 선택한 구역 정렬
- 간행물 수준의 고급 그래픽 생성
- 400개에 가까운 활성 거대분자 구조의 입체구조적 변화 시각화

단백질 모델링 예측

- 빠르고 직관적인 설정을 지원하는 통합형 가이드 구조 예측 워크플로를 사용해 신뢰성 있는 단백질 구조 및 복합체 예측

자세한 내용은 뒷면 참조.

단백질 모델링을 위한 포괄적인 도구

Boltz를 이용한 단백질 구조 예측

- Boltz 알고리즘은 오픈 소스 AlphaFold 3 스타일 아키텍처를 사용하여 빠르고 정확한 구조 예측을 제공한다
- Protean 3D의 가이드 설정 환경은 복잡한 모델링 예측 실행 과정도 간소화한다
- Boltz는 리간드 결합, 다중체 단백질 조립체 및 복합체 예측에 탁월한 성능을 제공한다
- 대규모 배치로 예측을 설정하고 실행한다

AlphaFold-Multimer를 이용한 구조 예측

- AlphaFold-Multimer는 다중체 단백질 조립체 및 단백질 복합체 예측에 탁월한 성능을 제공한다

NovaFold Antibody를 이용한 항체 모델링

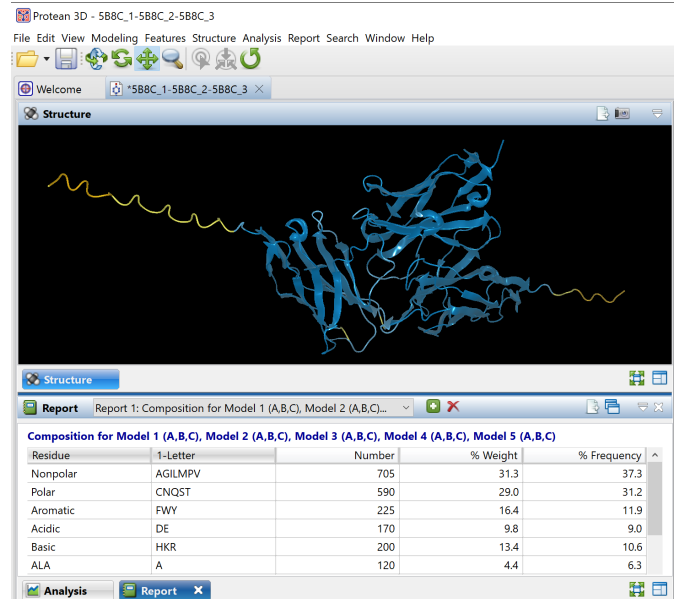
- 신속한 항체 구조 모델링 및 항체-항원 결합 부위 식별
- Fv, Fab, VH 및 단일 도메인 항체(sdAb) 모델을 수 분 내에 생성
- 내장된 항체 프레임워크 라이브러리를 검색하거나 사용자 지정 템플릿 사용
- 최대 15개 잔기의 H3에 대한 ab initio 루프 모델링
- CDR 루프 자동 주석
- 공통 표적 구조와 일련의 가변 구조를 사용하여 다중 로컬 구조 예측 구성 설정

NovaDock을 이용한 단백질-단백질 도킹

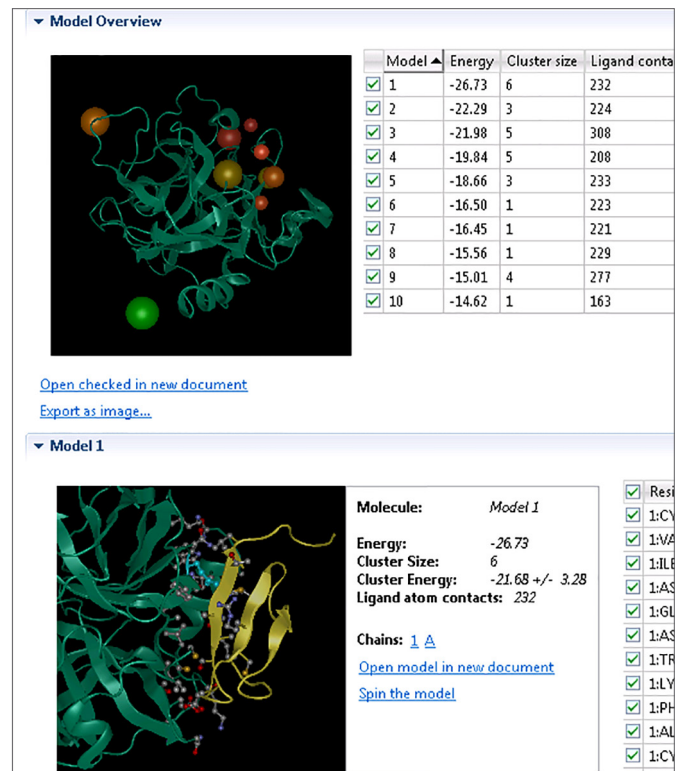
- SwarmDock 기반의 고해상도 도킹 워크플로를 사용하여 단백질 상호작용 및 결합 모드 모델링
- 공통 표적 구조와 일련의 가변 구조를 사용하여 다중 로컬 구조 예측 구성 설정

유연한 클라우드 및 로컬 배포

- 클라우드 기반 실행을 통해 편의성을 높이고 로컬 컴퓨터 자원 확보
- Lasergene Protein 라이선스에 클라우드 기반 예측 기능 포함, 필요 시 추가 분석 용량 구매
- 데이터 보안 강화 및 무제한 분석 수행을 위한 로컬 실행 옵션(별도 라이선스)



AlphaFold-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