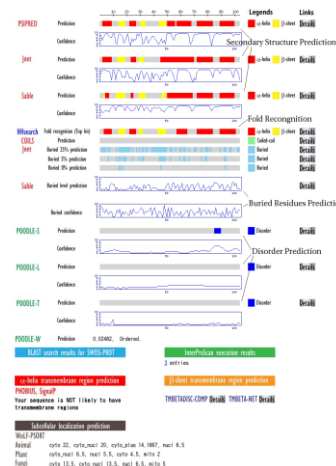
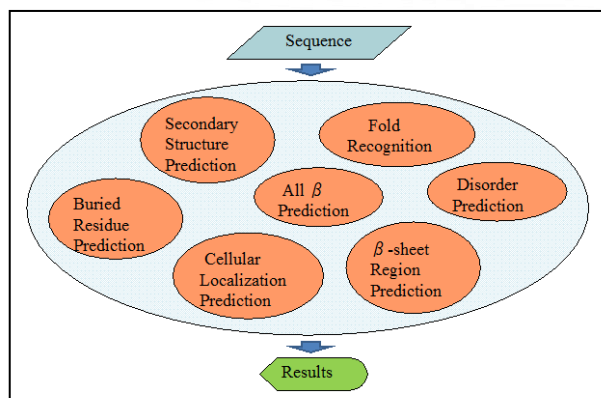


タンパク質アノテーションワークフロー

<http://togo.cbrc.jp>



○ タンパク質アノテーションワークフローとは

機能未知または立体構造未知のタンパク質やアミノ酸配列に対してさまざまな予測を行うことで、機能推測や構造推測を支援するものです。どなたでもお使いいただけます。

○ タンパク質アノテーションワークフローの特徴

- ・ 作業の単純化、作業時間の短縮
従来、手間と時間のかかっていた作業をワークフローとして自動化しました。一度の操作でさまざまな予測を行い、得られた情報を整理して、比較的短時間で返します。
- ・ 各種予測プログラムの結果比較が容易
2次構造予測、ディスオーダー予測、埋もれ残基予測、細胞内局在予測などの結果を、比較解析しやすいよう配置しました。
- ・ 予測プログラムの多様化
たとえば、2次構造予測であれば複数の異なるアルゴリズム（Pspred, Jnet, Sable）を使用するなど、情報の幅を広げることで予測精度を高めることが可能です。

○ 利用例

- ・ 欧米の主要データベース (NCBI や EBI) から有用なアノテーション情報が得られなかった場合、このワークフローによるさまざまな予測手法を用いることで新たな情報が得られます。

○ 今後の開発予定

- ・ バージョンアップ：不具合箇所の修正、処理時間の短縮、機能拡張などを不定期に実施します。
- ・ ユーザーの要望を積極的に取り入れて、よりよいシステムに改良していきます。

○ ご質問やご意見はこちらまで workflow@cbrc.jp

(2010年2月現在 ver.2)