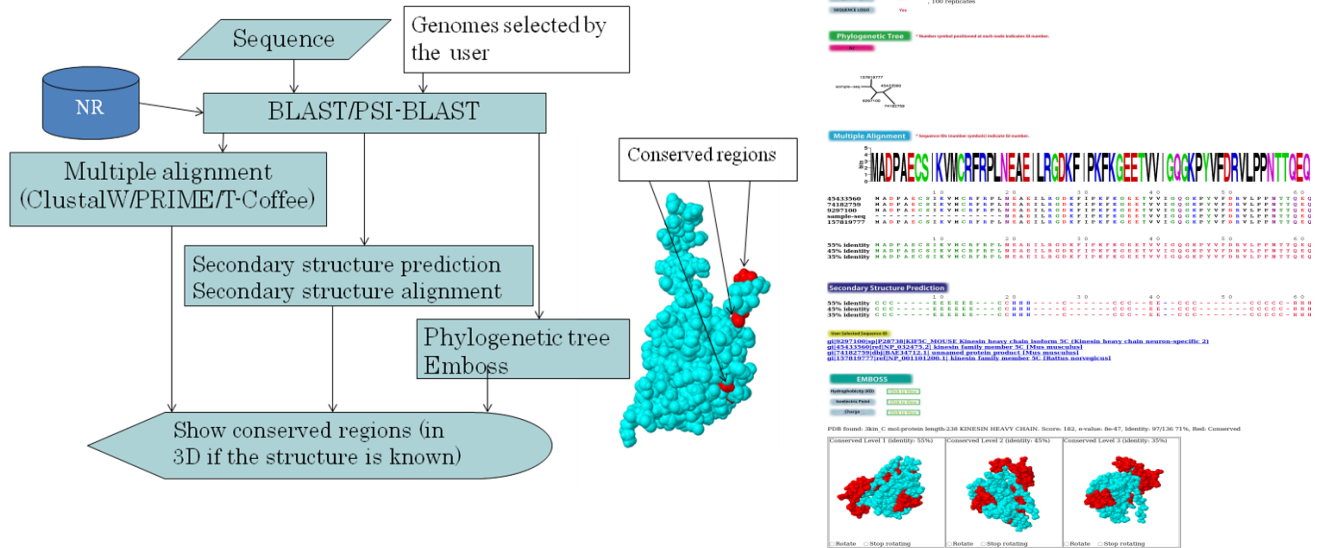


タンパク質比較情報ワークフロー

<http://togo.cbrc.jp>



○ タンパク質比較情報ワークフローとは

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、相同なタンパク質の配列と比較することで、保存部位など構造上の重要な部位を表示します。

○ タンパク質比較情報ワークフローの特徴

- ・ マルチプルアライメントの指定
処理速度や精度に応じ、使用するマルチプルアライメントを自身で設定できます。現在は、ClustalW、PRIME、T-Coffee を選択できます。
- ・ 2次構造予測によるアライメント
アミノ酸配列だけでなく、ヘリックス、シートなど2次構造でアライメントすることで、共通する2次構造を的確に把握できます。
- ・ ワークフローの使用に際し登録などの必要はなく、どなたでもお使いいただけます。

○ 利用例

- ・ タンパク質の機能と構造との関係を検証する実験立案の資料に
たとえば、このワークフローにより、あるタンパク質の保存部位が立体構造上のクレフト表面に存在すると予測された場合、保存部位のアミノ酸変異による機能確認の実験が立案されます。

○ 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。
- ・ ユーザーご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)