digzyme

酵素研究開発向けプラットフォーム

digzymeによる酵素インフォマティクスサービス

類似酵素探索

“類似酵素探索”では、ご希望の酵素に対して、オープンデータベースに含まれる数十億のタンパク質から系統的・機能的に類似した酵素を探索します。特定種に絞った探索や、逆にターゲットを絞らない広域な探索も可能です。

機能1： オープンデータベースから複数の条件で類似配列を抽出

探索フロー例

MPADSS ACV... LLVCMH LV

↓

MFAASE PIH... AQPCVM HL

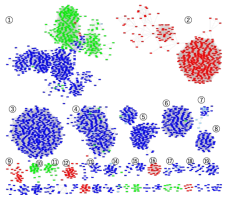
ベース酵素配列	配列数
UniProt / InterPro	2.4億
①共通ドメイン	84,679
②分泌性	82,165
③相同性>50%	830
④原核生物由来	778
⑤大腸菌由来	60
探索酵素配列	60

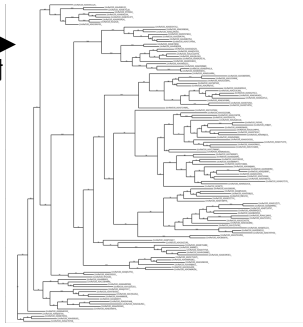
機能2： 系統樹またはSSN*を用いてクラスタリング

MPADSS ACV... LLVCMH LV

系統樹解析 →

↓ SSN解析





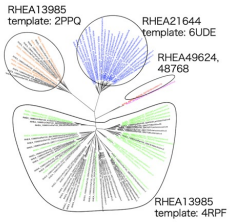
対象酵素を体系的に理解し、代表的、特徴的な酵素を発見

機能3： 1次配列から2次構造上の特徴を推定し、類似するPDBを推定・分類

MPADSS ACV... LLVCMH LV

→ タンパク質 2次構造予測

→ RCSB PDB PROTEIN DATA BANK 立体構造レベルで類似している酵素を分類



類似する立体構造を系統樹にマッピング

→ 類似度を系統、機能を含めて総合的に判断

→ 最適な代表配列を決定

主な特徴

- オープンデータベースの広大なリソース中から酵素を選定可能
- 立体構造の類似度や、一部の機能ドメインの類似性からも候補酵素を取得可能
- 系統樹やSSN*などのクラスタリングでデータベース中の酵素群から代表的な酵素、特徴的な酵素を取得
- 由来生物や配列長、立体構造タイプ、細胞内局在などの様々な条件で絞り込み
- 条件を指定しない広域な探索では、遺伝的・系統的に多様性が最大となるように探索、少数の候補酵素で効率的に全体感を掴むこと可能

* SSN： Sequence Similarity Networkの略、配列類似性により似た酵素のグループを計算する手法

株式会社digzyme

www.digzyme.com

〒105-0004 東京都港区新橋1-16-6 新橋柳屋ビル5F

【本製品サービスに関するお問合せ先】

お問い合わせフォーム

https://www.digzyme.com/contact

「解析サービスのお見積り・お問い合わせ」をご選択ください