

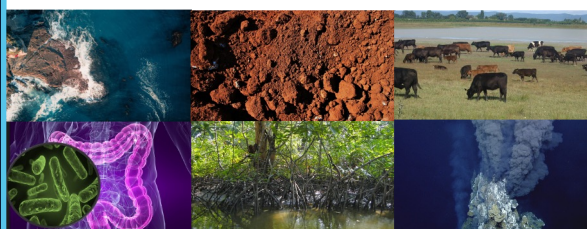
# digzymeによる酵素インフォマティクスサービス メタゲノム解析

“メタゲノム解析”では、目的のタンパク質配列に類似したタンパク質配列を広大な配列空間を持つメタゲノムデータの中から抽出します。タンパク質のアミノ酸配列から、相同性やドメインの共通性を元にした類似配列を提供します。

## 機能1： 対象酵素にあったメタゲノムデータベースを選択

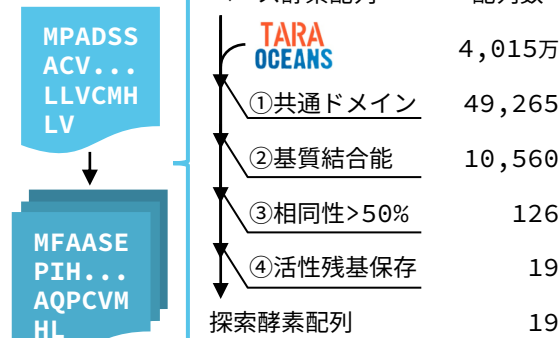
### メタゲノムデータベース例

OM-RGC (TARA OCEANS)： 海洋原核生物 4015万配列  
 RefSoil+： 土壌原核生物 375万配列  
 MGnify： 多様な環境のメタゲノムサンプル 約2億8729万配列



## 機能2： メタゲノム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



## 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



## 主な特徴

- メタゲノム由来の未知のタンパク質から有用な配列を探索
- 海や土壌など環境を限定したメタゲノムからの探索も可能
- 特定の配列と似た配列がこういった環境（場所、温度など）に存在するか可視化
- 選定したメタゲノム由来の未知配列に対してドメインなどの情報を付加
- 既知配列とメタゲノム由来の配列で系統樹を作ることによってメタゲノム由来未知配列の系統的な位置を調査可能