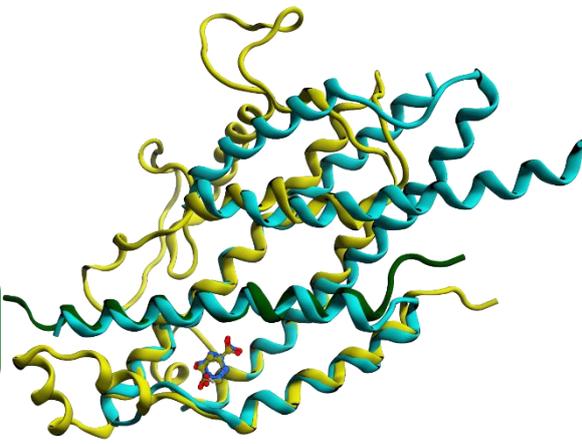


PSILO



PSILO は生体高分子やタンパク質-リガンド複合体構造情報のデータベースシステムです。タンパク質立体構造データを整理して、多様な条件で検索可能にし、データ共有を支援します。公共データやインハウスデータなどの分散するタンパク質立体構造データを統合し、ウェブベースのインターフェースから容易にアクセスすることができます。

検索

高速なテキスト検索

単語のインデクシングによる Google ライクな高速なテキスト検索。

タンパク質/抗体アミノ酸配列検索

BLAST を内蔵しており、タンパク質、抗体の重鎖/軽鎖にターゲットを絞った配列検索が可能。

類似ポケット構造/類似二次構造検索

配列やフォールディングに依らず、類似の活性部位や類似の二次構造モチーフを持つタンパク質を検索。

任意のポケット構造や部分構造をクエリとして利用可能。

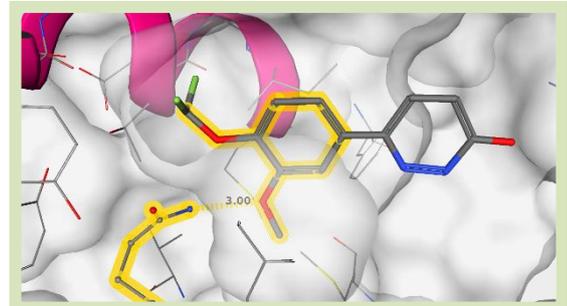
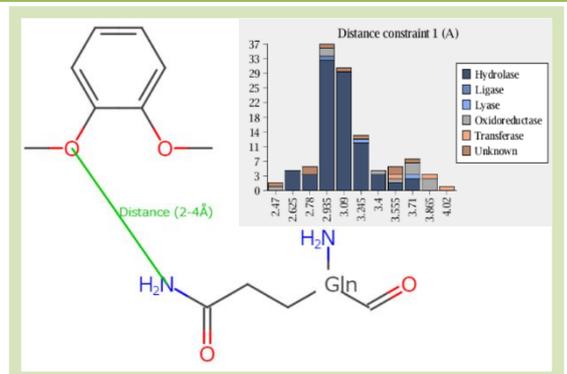
3D 相互作用検索

タンパク質-リガンド間の原子間距離、角度、二面角を指定による、タンパク質立体構造検索。

検索結果の統計情報を表示。

化合物部分構造・類似構造検索

独自のスケッチツールで構造を指定し、リガンドの構造検索が可能。



タンパク質立体構造の重ね合わせ

タンパク質立体構造全体の重ね合わせ

リガンド結合部位に重み付けした配列アラインメントを基準に重ね合わせ。

ポケット類似性による重ね合わせ

配列に依らずリガンド結合部位において、同じ性質を持つ残基が一致するように重ね合わせ。

リガンド構造による重ね合わせ

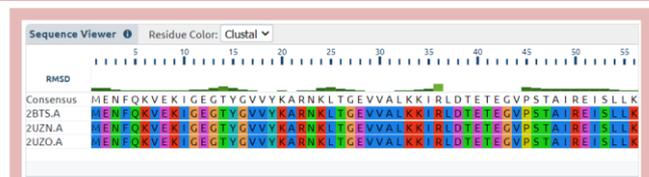
低分子の構造アラインメントによる重ね合わせ。

重ね合わせ構造における相互作用の比較

比較する2つの2D相互作用図を作成して、タンパク質-リガンド相互作用の違いを分かりやすく表示。

重ね合わせ構造の MOE への読み込み

重ね合わせ構造を MOE に取り込み、より詳しい解析が可能。



Sequence	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55
Consensus	M	E	N	F	Q	K	V	E	K	I	G	E	G	T	Y	C	V	V	V	K	A	R	N	K	L	T	G	E	V	V	A	L	K	K	I	R	L	D	T	E	T	E	G	V	P	S	T	A	R	E	I	S	L	L	K
2BTS.A	M	E	N	F	Q	K	V	E	K	I	G	E	G	T	Y	C	V	V	V	K	A	R	N	K	L	T	G	E	V	V	A	L	K	K	I	R	L	D	T	E	T	E	G	V	P	S	T	A	R	E	I	S	L	L	K
2UZL.A	M	E	N	F	Q	K	V	E	K	I	G	E	G	T	Y	C	V	V	V	K	A	R	N	K	L	T	G	E	V	V	A	L	K	K	I	R	L	D	T	E	T	E	G	V	P	S	T	A	R	E	I	S	L	L	K
2UZO.A	M	E	N	F	Q	K	V	E	K	I	G	E	G	T	Y	C	V	V	V	K	A	R	N	K	L	T	G	E	V	V	A	L	K	K	I	R	L	D	T	E	T	E	G	V	P	S	T	A	R	E	I	S	L	L	K

