

# タンパク質立体構造予測／類縁関係検索技術

## [技術の概要]

**FORTE** a profile-profile comparison tool for protein fold recognition. **DELTA-FORTE**

- プロファイル比較による高感度・高精度なアラインメント技術 (FORTE、DELTA-FORTE)
- 高感度な遠縁類似配列検索に適したアミノ酸置換行列 (MIQS)

立体構造予測や機能解析などに重要となる高精度なアラインメントを提供可能な技術。近年、急激に増大する配列データを最大限利用し、遠縁タンパク質や構造類似タンパク質を高感度で検索可能。一般向け(非営利目的)に、以下のwebサーバを用意している。

(プロファイル比較による類似性検索)

<http://forteprtl.cbrc.jp/forte/>

(MIQSを用いた配列検索システム)

<http://csas.cbrc.jp/Ssearch/>

## [技術の利用例]

- 構造未知タンパク質のアミノ酸配列を問い合わせとして、構造既知データベース中の類似タンパク質を検索。また高精度なアラインメントを計算 (例: 比較モデリングなどに利用可能)。
- BLASTなどの検索では見つからない遠縁の類縁タンパク質を高感度に検索可能 (例: 近縁種のゲノムがないなど、類似配列を見つけにくい生物種の遺伝子などの解析に有効)。

## 連絡先

[所属] 国立研究開発法人  
産業技術総合研究所

[名前] 富井健太郎

[E-mail] k-tomii@aist.go.jp