

S-VAR: タンパク質1残基変異の影響を推定する

[技術の概要]

S-VARは、タンパク質コード領域に見られる変異が、タンパク質にどのような影響を与えるのかを推定します。

<http://p4d-info.nig.ac.jp/s-var/>

アミノ酸配列と、変異を入力することで、その変異の影響をさまざまな手法で自動推定し、すべての結果を表示します。

Enter your sequence variations * Mandatory fields

Amino acid sequence(FASTA format) *

```
>Sample
MALWMRLLPLLALLALWGPDPAAAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTR
REAEDLQVGGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
```

[\[Sample\]](#)

Variations *

```
R6H
A15T
G84R
Y103C
```

[\[Sample1\]](#) [\[Sample2\]](#)

Prediction tools *

PolyPhen2 SIFT PROVEAN PANTHER

E-mail

Optional, but strongly recommended.

[技術の利用例]

既存の予測方法 (PolyPhen2, SIFT, PROVEAN, PANTHER) を組み合わせ、それらを統合した結果を回答します。すでに多くのユーザーが利用しています。

Prediction results

[About score](#)

JobID: 150726204318210_xi

[Download Results](#)

Variations	Prediction tools			
	PolyPhen2	SIFT	PROVEAN	PANTHER
R6H	benign (0.004)	TOLERATED (0.36)	neutral (-1.682)	neutral (-2.08906)
A15T	benign (0.034)	TOLERATED (0.16)	neutral (-2.069)	neutral (-1.28185)
G84R	probably damaging (0.973)	TOLERATED (0.35)	neutral (-1.028)	neutral (-1.13512)
Y103C	probably damaging (1.0)	DELETERIOUS (0.0)	Deleterious (-4.991)	Deleterious (-4.56464)

Your query sequence

```
>Sample
MALWMRLLPLLALLALWGPDPAAAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTR
REAEDLQVGGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
```

連絡先

[所属] 国立遺伝学研究所
PDIS情報拠点担当部

[名前] 五條堀 孝

[E-mail] p4d-info@nig.ac.jp