

変異の影響を蛋白質の構造の観点から予測

[技術の概要]

- ・遺伝子共発現データベースCOEXPRESSdbの提供

遺伝子をクエリとして、その遺伝子と共発現している遺伝子を検索。
→ 複合体を形成する蛋白質やシグナル経路を探索できる。

- ・蛋白質のリガンド結合サイト探索webサーバーeF-seekの提供

蛋白質のPDBファイルをアップロードすると、リガンド結合サイトを探索。

- ・蛋白質のリガンド結合サイト探索webサーバーBUMBLEの提供

蛋白質のPDB IDをクエリとして、リガンド結合サイトを探索。



<http://coxpresdb.jp/>

eF-seek

<http://ef-site.hgc.jp/eF-seek/top.do>



<http://bumble.hgc.jp/>

[技術の利用例]

- ・COEXPRESSdbを用いて、変異の生じた蛋白質と相互作用する蛋白質を予測。
- ・eF-seekおよびBUMBLEにより変異の生じた蛋白質および相互作用する蛋白質の相互作用サイトを予測。
- ・変異の生じた部位と相互作用サイトの位置関係から、変異の影響を見積もる。

連絡先

[所属] 東北大学大学院・情報科学分野
生命情報システム科学分野

[名前] 木下賢吾

[E-mail] kengo@ecei.tohoku.ac.jp