

AIタンパク質構造解析ソフトウェア

Neurosnap Platform

最新の予測AIをゼロコードで

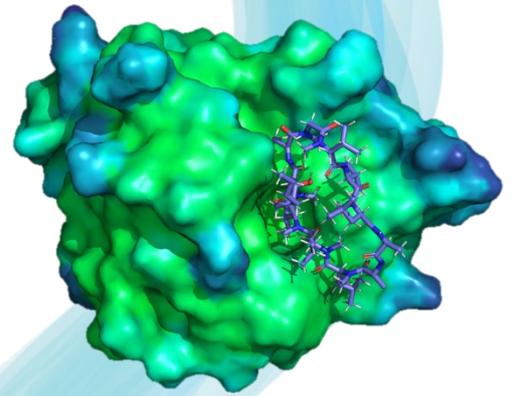


60種類以上のAI予測ツールを搭載

多くの解析パッケージをサポート

タンパク質構造解析などさまざまなパッケージを含む
Web解析プラットフォーム

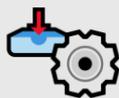
タンパク質の設計、酵素の最適化、タンパク質の安定性予測、タンパク質のフォールディング、薬剤候補のスクリーニング、分子ドッキングの実行、分子動力学のシミュレーションなど、様々なケースを想定した多彩な機能を利用することができます。また、Web解析プラットフォームのため高スペックPCを必要とせずに解析を行うことができます。



解析がパイプライン化



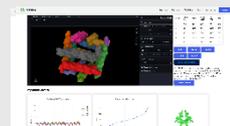
サービスのリストから
解析パッケージを選択



データのインポートと
設定を調整



Neurosnap Platform
が自動で処理を開始



解析完了後、プラットフォーム
上で結果の閲覧、出力

Number Recycles: 5
Increased recycling steps tend to produce more accurate predictions but will also greatly increase prediction time. For smaller proteins and monomers we recommend 5 recycles, for bigger proteins we recommend 10 recycles. Maximum of 8 recycles for free users. Upgrade your plan to increase recycling values.

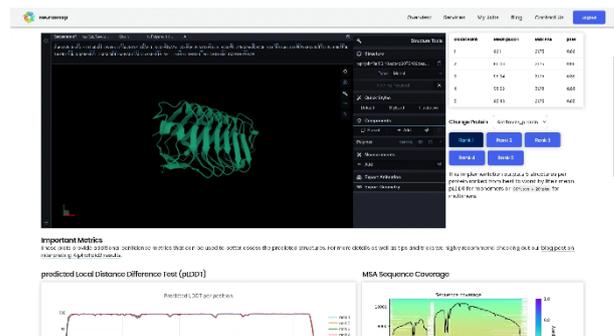
Recycles Early Stop Tolerance: 0.75
Ends the protein folding process if the improvement between recycling steps doesn't surpass the tolerance value. The tolerance is defined as the RMSD difference in distance matrix (angstrom units) between recycles. If it drops below the specified value, the recycling will terminate. We recommend a tolerance of 0.3 for smaller proteins and 0.5 for larger proteins and complexes.

Number Ensembles: 1
The trunk of the network is run multiple times with different random choices for the MSA cluster centers (1=default, 8=casp5-4 setting). Increasing ensembling can occasionally improve prediction quality but will GREATLY increase prediction time. Maximum of 1 ensembles for free users. Upgrade your plan to increase ensembles values. If you need to increase this value beyond 3 contact customer support. CURRENTLY DISABLED DUE TO HIGH DEMAND. IF YOU NEED THIS VALUE INCREASED PLEASE CONTACT SUPPORT.

Training Mode:
Check this option to enable "Training Mode" which activates drop out layers within the model. This can be used to force the model to create more diverse predictions.

Ready to submit your job?
Once you're done just hit the submit button below and let us do the rest.
[Run Job](#)

解析設定画面：
設定内容やその影響、推奨値が丁寧に説明されているため、簡単に調整できます。



結果画面：
予測結果がグラフィカルに表示され、評価指標も整理されているため、結果の解釈が容易です。



support@filgen.jp



https://filgen.jp/



052-624-4388



052-624-4389

フィルゲン株式会社

60種類を超える先端AIツールを搭載

Neurosnap Platform は、以下のカテゴリーにわたって幅広いバイオインフォマティクスツールを提供しています：

● タンパク質フォールディング

AlphaFold2 | Chai-1 | Boltz-1

● タンパク質設計

NeuroFold* | RFdiffusion | ProGen2

● 薬物およびリガンド設計

DiffDock-L | PocketFlow | GNINA

● 抗体設計

DiffAb | AntiFold | Immune Builder

● タンパク質アノテーション

ProtNLM | ESM-IF1 | ProSST

● 構造および配列解析

Foldseek | MMseqs2 | MAFFT

● 毒性およびADMET予測

eTox | ToxinPred | ADMET-AI

● 発現および溶解性予測

NetSolP | TIsigner | SoDoPE

● 分子ドッキング・動的シミュレーション

ColabDock | LightDock | GROMACS

など

*メーカーが開発した、in silico酵素最適化アプローチ。対象酵素の熱安定性、pH安定性、反応速度を同時に最適化することができます。別途専用ライセンスが必要です。

ソフトウェアの活用例

【これまでAI予測ツールを利用したことがない】

最新の構造予測ツールを使いたいけれど、操作が難しそう…



クリック操作で予測できた！

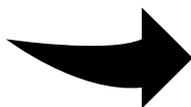
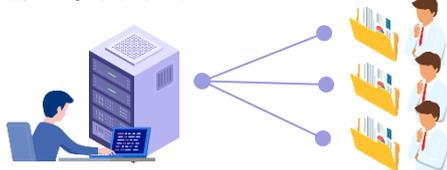
- ✓ コーディング不要！
- ✓ 複雑な操作もありません！

🌱 次のような方におすすめ！

- AlphaFoldやRoseTTAFoldを使ってみたいけど、敷居が高いと感じている。
- プログラミングの知識なしで使えるツールを探している。
- 結果の可視化や解析も一括で行いたい。

【バイオインフォマティシャンのいる施設】 *大規模向けのライセンス（エンタープライズライセンス）でのご契約

ツール管理・質問対応・セットアップが1人に集中している…



研究者全員が同じ環境で解析できる！

- ✓ メーカーのクラウドで安全かつ高速解析
- ✓ ユーザー管理機能

🌱 次のような方におすすめ！

- ツールのインストールやバージョン管理の対応に時間を取られている。
 - ユーザーからの操作質問・不具合対応が頻繁に発生している。
 - 情報支援の体制を整備し、**研究DX**を実現したい。
- 🔧 大規模ライセンスではデータ一元管理も可能です。

製品紹介ページ（フィルジェンHP）



フィルジェン 株式会社 **Filgen**[®]
biosciences & nanosciences

【お問い合わせ】 バイオインフォマティクス部

TEL : 052-624-4388 FAX : 052-624-4389

URL : <https://filgen.jp/> E-mail : support@filgen.jp

代理店

(Jun.2025)