

SAMSON connect

新機能

“Protein Structure Prediction”

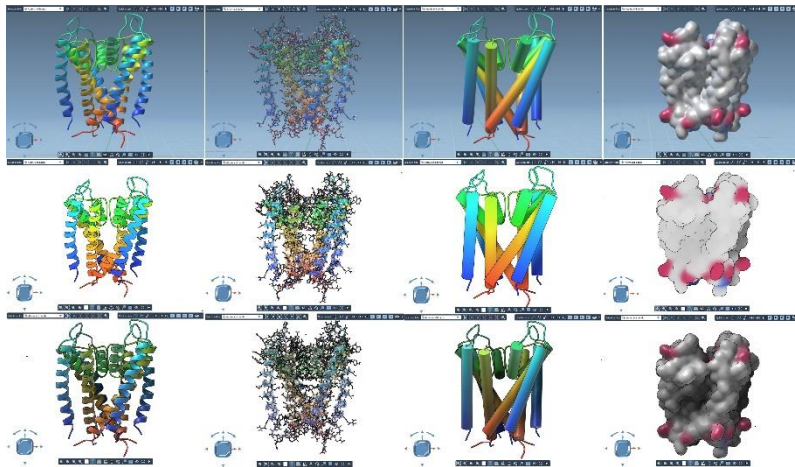


- ESMFold, AlphaFoldと連携
- アミノ酸配列を入力するだけで、構造の予測、結果の表示が可能
- タンパク質複合体構造予測にも対応
- メーカーのクラウドで計算を行うため、ハイスpekPCの用意やデータベースのダウンロードが不要

1Å SAMSON Connect

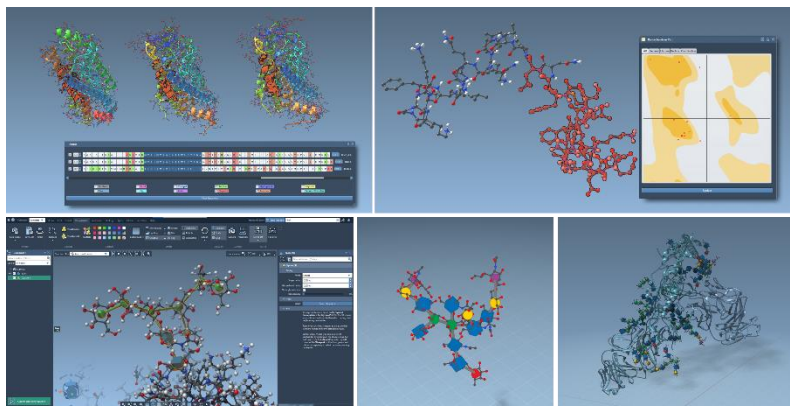
1Å OneAngstrom

多彩なグラフィックス



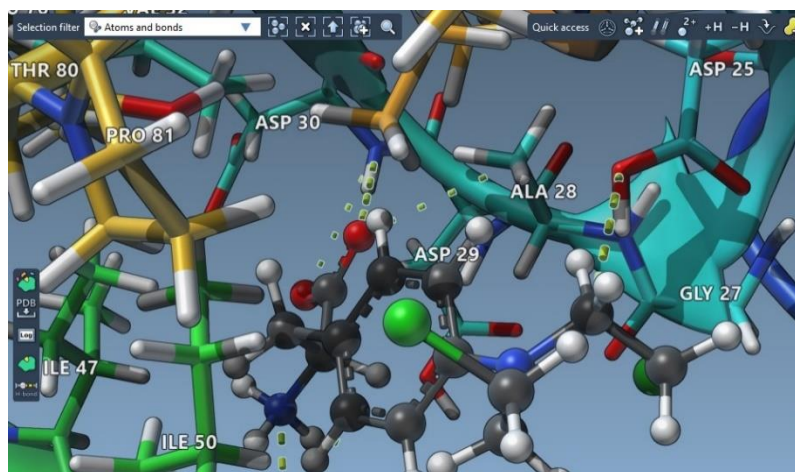
SAMSON connect では、リボンモデル等の様々なモデルを用いて分子を表現することができる他、イラスト調の表示を行うことも可能です。さらに、タンパク質の側鎖の電荷や親水性・疎水性といった特性に基づいて、自由に色分けを行うことができます。

生物学的オペレーションにも対応



アミノ酸配列に基づいたタンパク質構造のアライメントやラマチャンドランプロットの生成、糖鎖の表示も可能です。Protein Data Bank (PDB) や、AlphaFold Protein Structure Databaseとも連携しており、ソフトウェア上でIDを入力するだけで、タンパク質の構造データをインポートできます。

豊富な機能拡張用アドオン

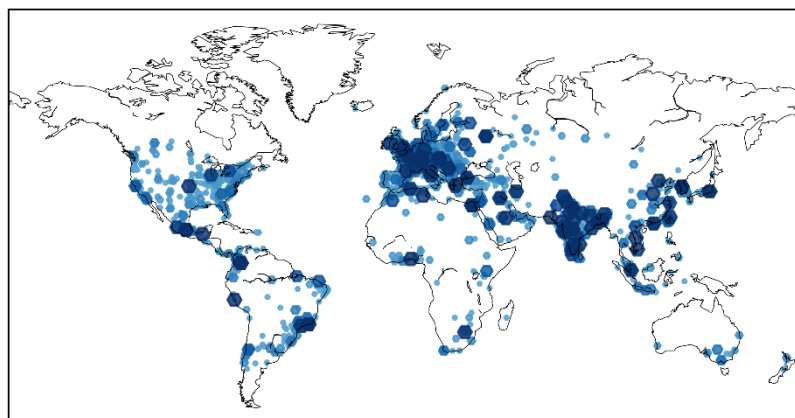


豊富な機能拡張アドオン（有償）により、各種シミュレーションを、パラメーターのセッティングから結果の描画まで一連の操作をGUI上で行うことができます。

【機能拡張用アドオンの例】

- ・リガンドドッキングシミュレーション
- ・分子動力学シミュレーション
- ・リガンド解離パスウェイ探索
- ・タンパク質構造変化パスウェイ探索

世界中のユーザーとの連携



SAMSON は、100ヶ国以上、4,000以上の研究室や企業で導入されており、他のユーザーとモデルやスクリプトを共有することも可能です。また、各ユーザーが開発したアドオンを自分の SAMSON プラットフォームに実装することもできます。

クラウド環境での計算にも対応



分子動力的シミュレーション等、計算リソースが必要な場合は、別途コンピューティングクレジットをご購入いただくことで、クラウド環境での計算を行うことが可能になります。

フィルジェン 株式会社



【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

E-mail : support@filgen.jp

URL : <https://filgen.jp/>

代理店