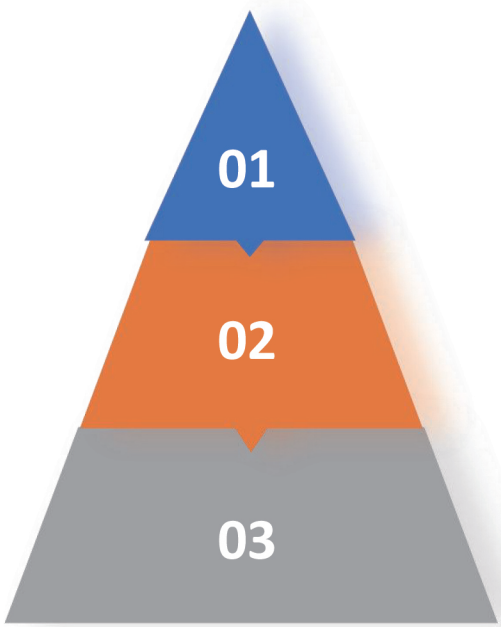
耀淼生物

推动AI技术在生物科研领域的创新应用

AI 数字化 蛋白互作筛选

超精准对接流程设计

以结构为导向的蛋白互作筛选，多指标量化评估预测。



蛋白3D结构建模

alpha fold 输入蛋白序列进行3D结构建模评估，提高筛选准确率

Hdock

精细化筛选，获取结合能量值，预测结合亲和力

Alpha fold

对HDOCK亲和力TOP20的候选蛋白精细化对接获取pTM+ipTM分值，深化验证筛选结果。

技术优势

- 创新技术 7天内即可获得结果
- 效率提升 效率是传统互作技术的4-5倍以上
- 质量保证 交付SCI文章级别的图片

适用场景

1、机理和调控机制研究；

2、动态过程中机制研究；

3、生物胁迫和非生物胁迫研究；

4、生长发育机制研究；

合肥耀淼生物科技有限公司

邮箱：yaomiao@ymbiotech.com

电话：18225909162

网址：www.ymbiotech.com

扫一扫

耀淼生物

推动AI技术在生物科研领域的创新应用

已储备的物种3D蛋白文库信息



01 动物/昆虫

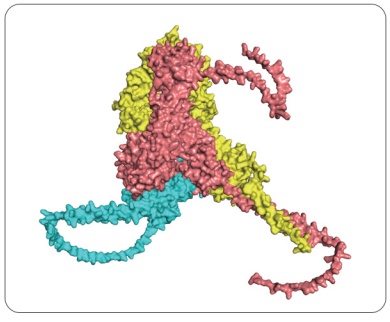
人、褐家鼠、小家鼠、斑马鱼、
猕猴、家蚕、黑腹果蝇等

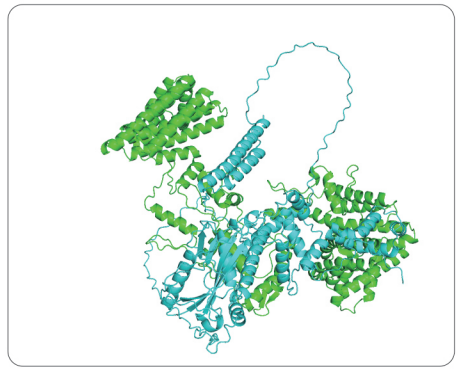
02 植物

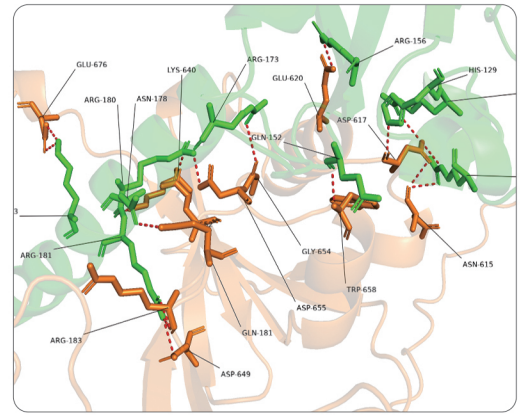
水稻、小麦、大豆、玉米、花生、番茄、
拟南芥、马铃薯、草莓等23个物种

03 细菌/微生物

肺炎链球菌、金黄色葡萄球菌、大肠杆菌、
酿酒酵母、铜绿假单胞菌等39个物种







参考文献:

[1] Yan Y , Tao H , He j ,et al.The HDocK server for integrated protein-proteindockingll.Nature Protocols, 2020,15(Suppl 25):-24.D01:10.1038/s41596-020-0312-x.

[2] Huang s , Ma Y , Xu Y ,et al.shade-induced RTFL/DVL peptides negatively regulate the shade response by directly interacting with BsKs in Arabidopsisl.Nature Communications,2023,14(1)D01:10.1038/541467-023-42618-3. http://dx.doi.org/10.101/2023.05.29.541874.D01:10.1101/2023.05.29.541874.

[3]JUMPERJ, EVANS R, PRITZEL A, et al. Highly accurate protein structure prediction with AlphaFoldl/0L. Nature, 2021: 583-589. http://dx,doi.org/10.1038/s41586-021-03819-2.D01:10.1038/s41586-021-03819-2.

[4] HOMMA F, HUANGJ, VAN DER HOORN R A L. Alphafold-multimer predict!cross-kingdominteractions at the plant-pathogen interface[z/0L,(2023-04). http://dx,doi,org/10.1101/2023.04.03.535425.D01:10.1101/2023.04.03.535425.

[5] Ohue M, shimoda T, suzuki s, et al, MEGADOCK 4.0: an ultra-high-performance protein-protein docking software for heterogeneous supercomputers, Bioinformatics,2014 Nov 15;30(22):3281-3. doi: 10.1093/bioinformatics/btu532

[6] SCHUSTER M, EISELE S, ARMAS-EGAS L, et al, Enhanced late blight resistance by engineering an Epic2B-insensitive immune protease[z/0L(2023-05),http://dx,doi.org/10.1101/2023.05.29.541874.D01:10.1101/2023.05.29.541874.