

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

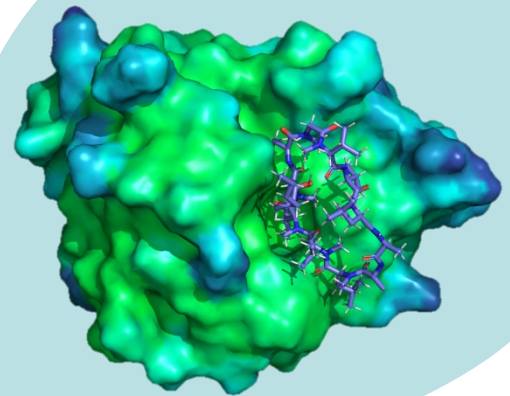


AlphaFold2の他、  
30種類以上のAI予測ツールを搭載

## 多くの解析パッケージをサポート

タンパク質構造解析の様々なパッケージを含む  
Web解析プラットフォーム

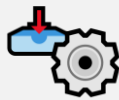
タンパク質の設計、酵素の最適化、タンパク質の安定性予測、タンパク質のフォールディング、薬剤候補のスクリーニング、分子ドッキングの実行、分子動力学のシミュレーションなど、様々なケースを想定した多彩な機能を利用することができます。



## 解析がパイプライン化



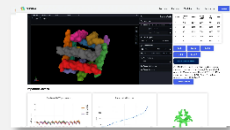
サービスのリストから  
解析パッケージを選択



データのインポートと  
設定を調整



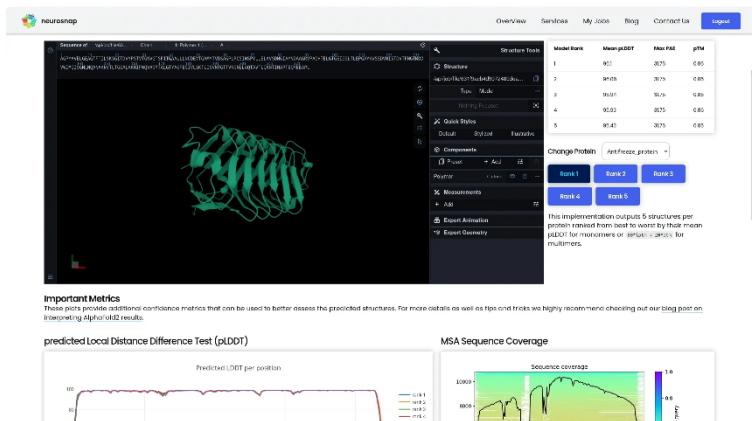
Neurosnap Platform  
が自動で処理を開始



解析完了後、プラットフォーム  
上で結果の閲覧、出力

- タンパク質のフォールディング
- 分子ドッキング
- 創薬/ドラッグディスカバリー
- タンパク質工学
- In silico Mutagenesis

など



support@filgen.jp



https://filgen.jp/



052-624-4388



052-624-4389

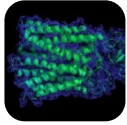
フィルゲン株式会社

Neurosnap Platform は、AlphaFold2、DiffDock、RoseTTAFold All-Atom、RFdiffusion など、構造生物学研究に役立つツールを多数搭載しています。

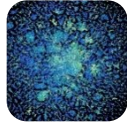
### Protein Folding



AlphaFold2



RoseTTAFold2



ESMFold

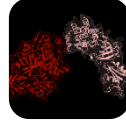


AFcluster

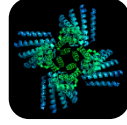


CombFold

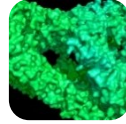
### Inverse Folding



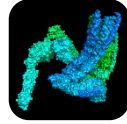
LigandMPNN



ProteinMPNN

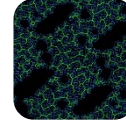


ESM-IF1

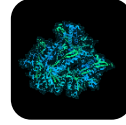


MIF-ST

### Protein Solubility

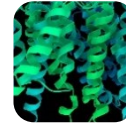


NetSoIP-1.0

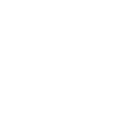


SoDoPE Solubility Optimization

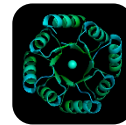
### Protein Design



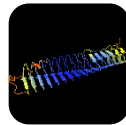
RFdiffusion



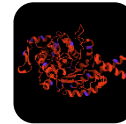
RFdiffusion All-Atom



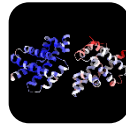
ProGen2



AfCycDesign

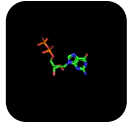


EvoProtGrad Protein Evolution

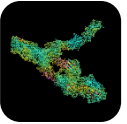


Tlsigner Expression Optimization

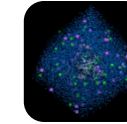
### Drug Design



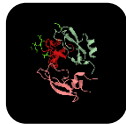
eTox Drug Toxicity Prediction



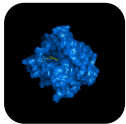
ScanNet Protein Binding Site Prediction



GROMACS Molecular Dynamics

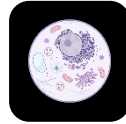


ToxinPred Peptide Toxicity Prediction



DynamicBind

### Protein Localization

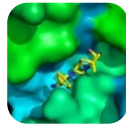


WoLF PSORT Protein Localization

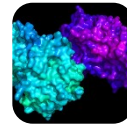


DeepTM Transmembrane Topology

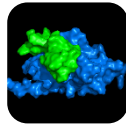
### Molecular Docking



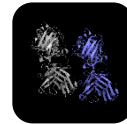
DiffDock



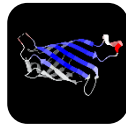
ColabDock



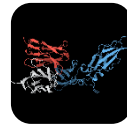
LightDock



Haddock 3

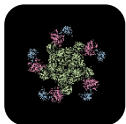


AF2Bind

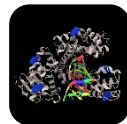


DockQ

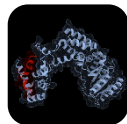
### Protein Annotation



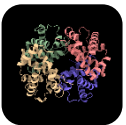
ProtNLM



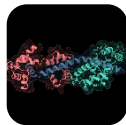
ESM-2 for PTMs



Razor Signal Peptide Detection

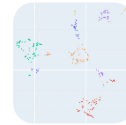


EnzBert E.C. Prediction

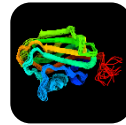


Protein Fold Stability Prediction

### Protein Clustering



ClusterProt

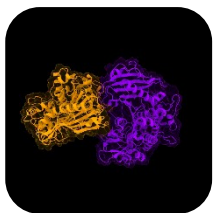


Foldseek Structural Clustering

### Multiple Sequence Alignment



mmseqs2 MSA Generation



## NeuroFold

メーカーが開発した、最も正確なin silico酵素最適化アプローチ。NeuroFoldを使用すると、簡単に複数の酵素特性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

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**<sup>®</sup>  
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](mailto:support@filgen.jp)

代理店

(Nov.2024)