

## 蛋白质结构域预测工具

Esignal: <http://motif.stanford.edu/esignal/>

信号传导系统蛋白的结构域预测工具, 凡是涉及到信号传导系统的蛋白用这个预测效果最佳

SignalP: <http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>

信号肽预测工具, 适合定位于非胞质位置的蛋白质

Emotif: <http://motif.stanford.edu/emotif-search/>

结构域预测工具, 由于其用 motif 电子学习的方法产生结构域模型, 故预测效果比 Prosite 好

Ematrix: <http://fold.stanford.edu/ematrix/>

是用 Matrix 的方法创建的结构域数据库, 可与 emotif 互相印证。其速度快, 可快速搜索整个基因组

InterPro: <http://www.ebi.ac.uk/InterProScan/>

EBI 提供的服务, 用图形的形式表示出搜索的结构域结果

TRRD: <http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/trrd/>

转录因子结构域预测的最好数据库。但不会用

ProtScale: <http://cn.expasy.org/cgi-bin/protscale.pl>

可分析该序列的各种性状如活动度、亲水性 (Kyte&Doolittle)、抗原性 (Hopp&Woods) 等

通过寻找 MOTIF 和 Domain 来分析蛋白质的功能

A. MOTIF 是蛋白中较小的保守序列片段, 其概念比 Domain 小

PROSITE: <http://cn.expasy.org/tools/scanprosite/>

是专门搜索蛋白质 Motif 的数据库，其中 signature seqs 是最重要的 motif 信息

B. Domain: 若干 motif 可形成一个 Domain，每个 Domain 形成一个球形结构，Domain 与 Domain 之间通常像串珠一样相连

Pfam: <http://www.sanger.ac.uk>

可以搜索某段序列中的 Domain，并以图形化表示出来。这个数据库非常重要。

用法：在搜索栏中输入蛋白的 swissprot 的序列号

CDD: <http://www.ebi.ac.uk/interpro/>

NCBI 搜索时在每个蛋白质 Link 旁都有 Blink, Domains 两个链接。Domains 可以直接看到这个蛋白的确定的结构域。如果要在 CDD 数据库寻找 Domain 信息，则可进入 Blink 链接，再进行 CDD 搜索，就可以了。看 Domain 的详细信息可以到：<http://www.ebi.ac.uk/interpro/>上进行搜索查看

蛋白跨膜序列分析

kyte-Doolittle 疏水性分析：每个等于或高于 1.8 的峰都可能是跨膜结构域

蛋白质结构预测工具

PREDATOR:

[http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa\\_automat.pl?page=/NPSA/npsa\\_preda.html](http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=/NPSA/npsa_preda.html)

蛋白质二级结构预测工具

蛋白质糖基化位点的预测

<http://bioresearch.ac.uk/browse/mesh/C0017982L1222670.html>

这是个综合连接。包括：DictyOGlyc prediction server,

NetOGlyc prediction server, YinOYang server,

META II PredictProtein server, O-GLYCBASE, GlycoMod tool

蛋白质结构数据库

MMDB: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/MMDB/mmdb.shtml>

NCBI 的蛋白质结构数据库, 要使用 Cn3D v4.1 软件观看

PDB: <http://www.rcsb.org/pdb/>

Protein Data Bank, 要使用 Swiss PDB viewer 软件观看

蛋白质综合数据库

PIR: <http://pir.georgetown.edu>

Uniprot <http://www.pir.uniprot.org>