

預測蛋白質功能的電腦演算法

本院覽號

28A-1011220

公告日期

智財權狀態

美國臨時案已申請、美國放棄申請、美國放棄申請

摘要

一種用於推斷一個或多個生物分子對生物分子相互作用位置的方法。被查詢生物分子的一個或多個未知的生物分子對生物分子相互作用位置是基於多個預測模型數據描述所推斷。

技術優勢

此一發明為預測蛋白質表面各種配體作用的位置的計算方法，其優勢是無需使用序列或是結構相似性來進行蛋白質功能的預測。

應用範圍

抗體設計

創作人

楊安綏、彭洪斌、簡智偉



中央研究院
ACADEMIA SINICA