

首页增加导航栏，目前仅功能应用开放，模型介绍，QA，团队等未来完善

导航栏可随意拖动，后续可以考虑是否给每个页面都加一个导航/悬浮球（类似苹果悬浮球）



新增折叠按钮，可以折叠/打开右侧介绍和示例区域，只展示输入和输出，更简洁

HiDimension
NovoBioTech

蛋白质结构预测 - 功能详情

输入 可选参数

输入蛋白质氨基酸序列 (FASTA格式)

>De
HECHWCHPWECPOEM

或上传序列文件

选择文件

未选择任何文件

运行结构预测

清空

结果预览

结构预测完成! 您可以在下方进行三维结构预览, 或下载PDB文件用于本地分析。

样式: 飘带 球 棍 线

颜色: 彩虹 链

下载结果 (.pdb)

>

能力介绍 使用示例

使用示例

下图展示了输入FASTA序列并设置参数后, 一键运行预测并获得可下载结果的流程。点击图片可查看大图。

蛋白质结构预测 - 使用示例

一、准备输入

准备蛋白质氨基酸序列文本 (如 "GMEGCTSCSQLEWYCN")，或标准 fasta 文件 (首行 ">" 开头加序列标识, 第二行起为氨基酸序列)，例如:

```
protein_example
>Protein1
GMEGCTSCSQLEWYCN
```

说明: 此处准备了一个 4000000 的氨基酸序列文件 请 [点击下载](#)
(注意: 当前版本仅支持标准格式输入, 不支持)

二、设置参数与提交

1. 进入工具 "输入" 模块

2. 输入序列: 将准备好的序列输入至 "序列" 文本框中

3. 设置蛋白选择范围 (Range start): 默认为 1, 范围设置为 1-20 之间的任意整数, 该范围表示氨基酸, 运行时间越长, 蛋白结构越准确

说明: 图中展示了 LDDT 与推理时间的关系, 随着推理时间的增加, LDDT 值也会随之增加

三、查看与获取结果

说明: 下载结果 (.pdb) 文件后可在本地使用 PyMOL 查看, 或在本网站使用 PyMOL 查看

说明: 图中展示了蛋白结构的表面, 颜色表示为 B-factor 计算结果, 两个蛋白结构的 B-factor 值为 0.504, 说明蛋白结构良好

```
PyMOL>cmd.align(polymer and name CA and (Okpp_pred"), "polymer"
Match: read scoring matrix.
Match: assigning 393 x 393 pairwise scores.
MatchAlign: aligning residues (393 vs 393)...
MatchAlign: score 2029.000
ExecutiveAlign: 393 atoms aligned.
```

HiDimension
NovoBioTech

蛋白质结构预测 - 功能详情

输入 可选参数

输入蛋白质氨基酸序列 (FASTA格式)

>De
HECHWCHPWECPOEM

或上传序列文件

选择文件

未选择任何文件

运行结构预测

清空

结果预览

结构预测完成! 您可以在下方进行三维结构预览, 或下载PDB文件用于本地分析。

样式: 飘带 球 棍 线

颜色: 彩虹 链

下载结果 (.pdb)