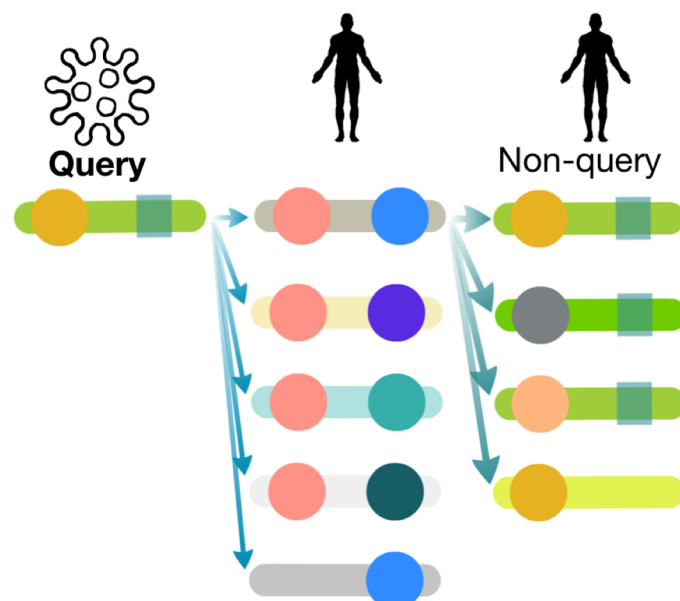
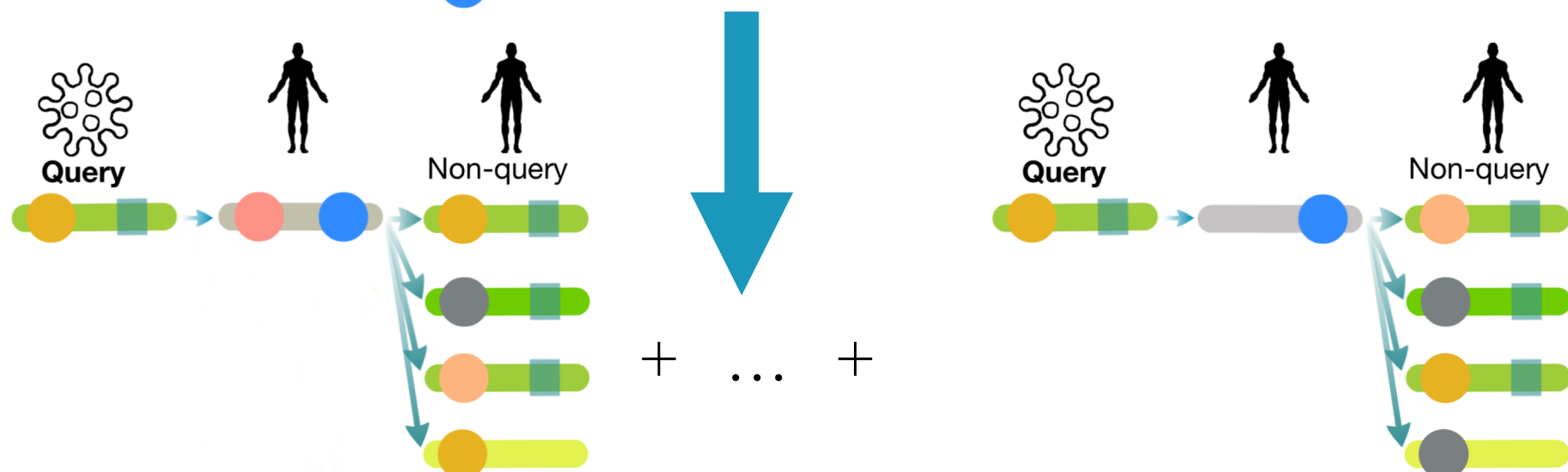


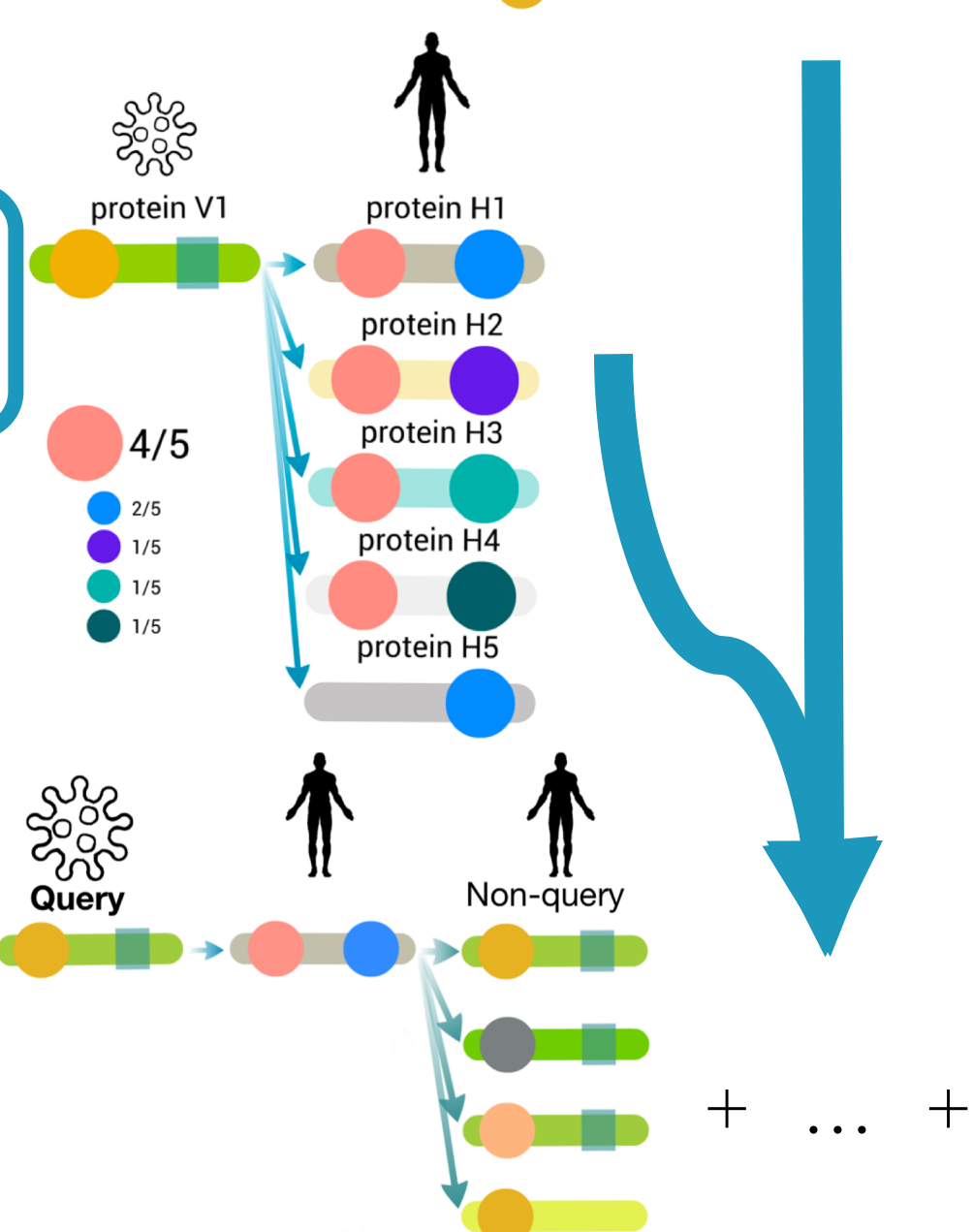
Отримати дані  
про білкові  
взаємодії



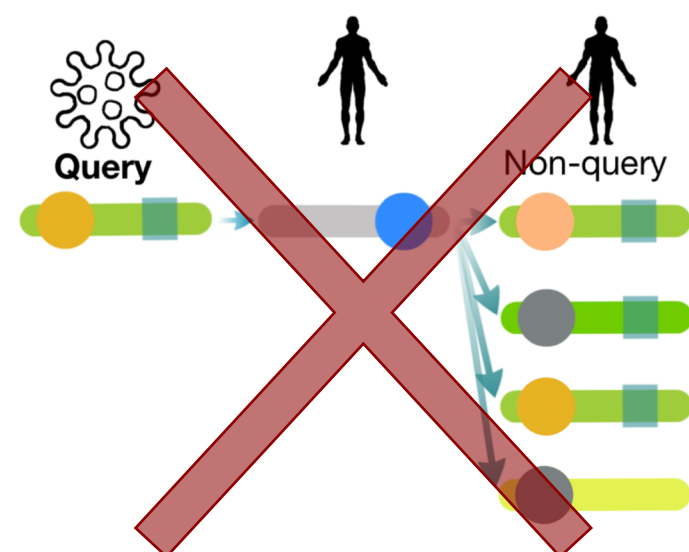
Створити набори  
даних для  
QSLIMFinder



Визначити  
збагачені домени

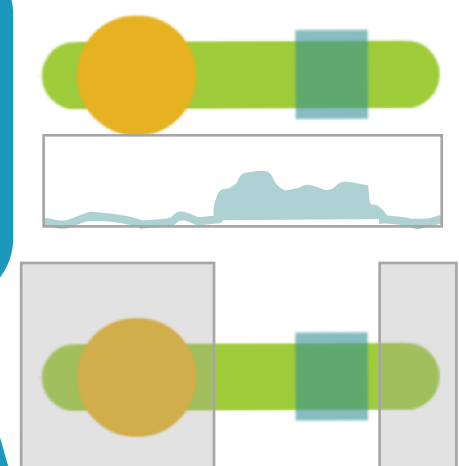


Фільтрувати за  
ймовірними  
доменами  
розпізнання



Використати BLAST  
щоб згрупувати  
гомологічні білки в  
UPCs

Визначити та замаскувати  
неструктуровані ділянки  
використовуючи IUPRED



Знайти мотиви збагачені в кожному  
наборі даних з використанням  
QSLIMFinder, фільтрувати з  
використанням білків запиту

замаскувати ділянки  
низької складності

Оцінка передбачених мотивів і  
доменів проти еталону

Домен  
розпізнавання

Глобулярний  
домен

Лінійний  
мотив

Білки

