



SPRINGER NATURE EXPERIMENTS

ADVANCING
DISCOVERY

이 가이드는 어떻게 기본 검색을 수행하고, 검색 결과를 정렬하고, 아티클 평가 페이지를 이용하는 지를 안내합니다. 프로토콜과 Methods의 연구 솔루션인 Springer Nature Experiments을 이용하여 원문 콘텐츠를 액세스 해보세요.

experiments.springernature.com을 확인해보세요.

무료 검색 솔루션으로 별도의 로그인 필요하지 않습니다.

홈페이지

1. 홈페이지의 검색창을 이용하여 즉시 검색을 시작할 수 있습니다.

The screenshot shows the homepage of Springer Nature Experiments. At the top, it says "Search over 50,000 protocols and methods:". Below this is a search bar with the placeholder text "e.g. protocol, technique, organism" and a magnifying glass icon. Underneath the search bar, it says "Browse by:" followed by four categories: "Nature Protocols", "Nature Methods", "Protocol Exchange", and "Springer Protocols".

페이지의 링크를 따라 다음의 작업을 수행할 수 있습니다.

2. 소셜로 콘텐츠 브라우징
3. 주요 기술, 유기체 또는 신 기술별로 검색
4. 에디터 팀의 최신 블로그 게시물 확인

The screenshot shows two sections of the website: "TECHNIQUES" and "ORGANISMS".

TECHNIQUES

Most common techniques	Emerging techniques
Cell And Tissue Culture	CRISPR-Cas9 Editing
PCR	DNase-Seq
SDS-PAGE	Mass Cytometry
Electrophoresis	Single-molecule Localization Microscopy
Western Blot	Single Cell RNA-seq

ORGANISMS

Most common organisms

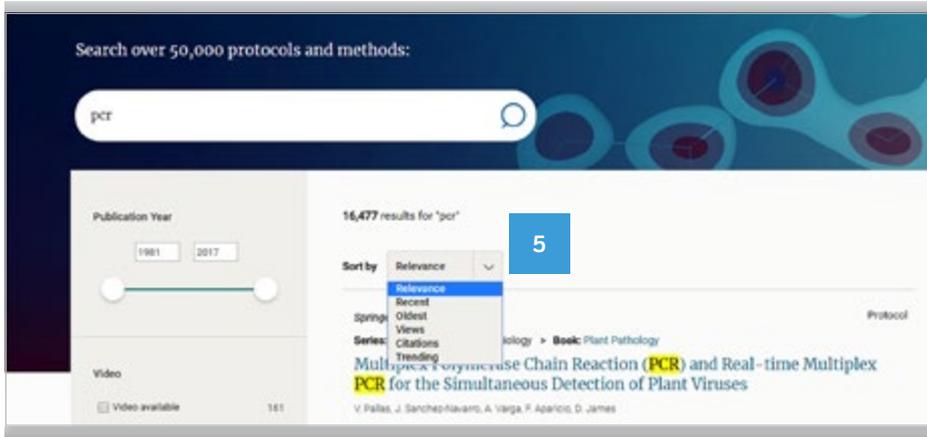
- [Homo sapiens](#)
- [Mus \(mouse\)](#)
- [Saccharomyces cerevisiae](#)
- [Escherichia coli](#)

Latest news from our editors

NATURE METHODS	NATURE PROTOCOLS
A celebration of cryo-EM	Synthetic reactions inside detergent micelles: Bruce Lipshutz at the #ACSSanFran
XPEL projects, tools, data portals	Synthetic collagen, protein microarrays and lipid bilayers - Sunday morning, #ACSSanFran
Biology through rose-colored filters	Writing home from the American Chemical Society Meeting

에디터 팀의 최신 블로그 게시글 확인

모든 Springer Nature 프로토콜 및 Methods 콘텐츠를 대상으로 통합 검색결과가 도출됩니다. 일반적인 과학 동의어 및 약어를 인식하고, 목적에 맞게 최적화되었습니다. 검색어를 입력하고 검색 아이콘을 클릭하면 검색 결과 페이지로 이동합니다.



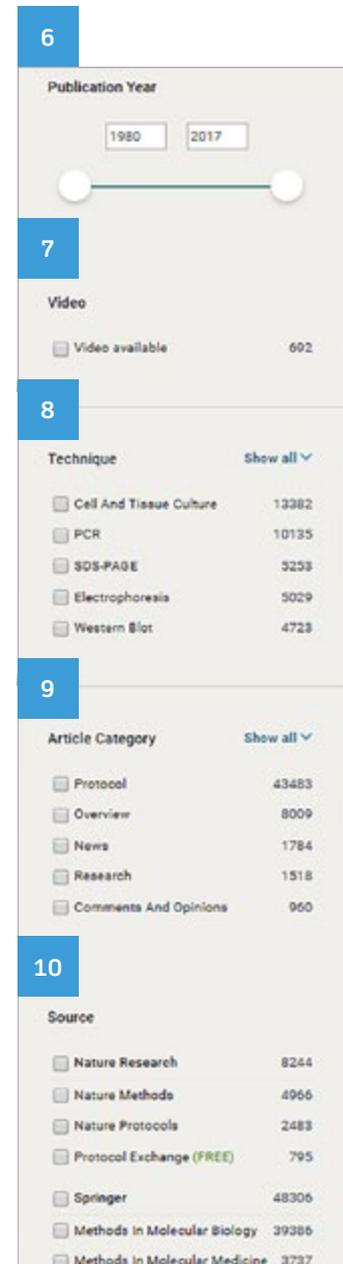
검색 결과 페이지

5. 디폴트 값으로 검색 결과는 관련성에 따라 정렬됩니다. 또한 출판년도, 조회수, 인용지수, 인기 있는 콘텐츠 (지난달 다운로드 건수 기준) 등 정렬옵션을 선택할 수 있습니다.

검색 결과 정렬

검색 결과 화면의 왼쪽 사이드바에 검색 필터가 표시됩니다. 이를 통해 다음과 같은 방법으로 검색 범위를 좁힐 수 있습니다.

6. **출판 년도** - 시작 년도와 마지막 년도를 입력하거나 슬라이더를 사용하여 날짜 범위 내 출판된 결과를 정렬할 수 있습니다. 1980년부터 현재까지 콘텐츠를 이용할 수 있습니다.
7. **비디오 포함 여부** - 비디오 콘텐츠가 있는 아티클만 표시할 수 있습니다.
8. **기술** - 가장 적합한 기술이 목록화되어 표시됩니다. "Show all"를 클릭하여 전체 목록을 볼 수 있습니다. 해당 옵션은 Springer Nature의 온톨로지 및 AI / 텍스트 마이닝 도구를 통해 원문 내 기술을 식별하고 정규화하여 이용자에 가장 관련있는 결과를 제공합니다.
9. **아티클 유형별** - 프로토콜, 개요(소개 아티클), 리뷰 및 리서치 (아티클 및 간략 커뮤니케이션 사항) 등 다양한 콘텐츠 유형을 선택할 수 있습니다. 필터를 확장하려면 "Show all"를 클릭하십시오.
10. **소스** - Springer Nature 포트폴리오의 특정 저널명이나 북 시리즈로 검색결과를 정렬할 수 있습니다.



검색결과와 평가

각 검색결과 내에서 한 눈에 평가를 수행할 수 있도록 지원하는 여러 정보를 확인할 수 있습니다.

11. 아티클 유형.
12. 소스 및 출판년도.
13. 저널명 및 저자.
14. 초록 발췌문.
15. 색인 생성 도구로 자동 추출된 이용 기술 및 유기체.
16. Altmetrics 또는 Bookmetrix 데이터를 기반으로 한 인용 및 다운로드 수.
17. 프로토콜 또는 methods 내에 비디오 포함 및 이용가능 여부를 확인할 수 있습니다.

검색 결과를 정렬하고 나면, 보다 자세한 평가지표 역시 확인할 수 있습니다.

Search
results

12	<i>Nature Methods</i> (2013)	11	Brief Communication
13	Heritable genome editing in <i>C. elegans</i> via a CRISPR-Cas9 system		
	Ari E Friedland, Yonatan B Tzur, Kevin M Esvelt, Monica P Colaiácovo ... John A Calarco ✉		
14	We report the use of clustered, regularly interspaced, short palindromic repeats (CRISPR)-associated endonuclease Cas9 to target genomic sequences in the <i>Caenorhabditis elegans</i> germ line using single-guide RNAs that are expressed from a <i>U6</i> small ...		
15	Techniques: CRISPR-Cas9 Editing Organisms: <i>Caenorhabditis elegans</i>		
16	Citations: 262	Downloads: 27,782	Video available 17

아티클 평가 페이지의 상세 평가지표

프로토콜 및 Methods의 평가 및 비교를 위해 주요 평가지표를 아래와 같이 제공합니다:

18. **아티클과 관련된 키워드:** 추출 툴에 의해 자동추출된 키워드가 파란색 하이라이트로 제공됩니다. 이들 중 하나를 클릭하면, 선택 키워드에 대한 새로운 검색이 수행됩니다. 검정색으로 제시되는 키워드는 저자가 제공한 키워드이며 중복 키워드는 제외됩니다.
19. **인용 그래프:** 지난 5년간 특정 아티클의 총 인용 건수와 인용 트렌드를 보여줍니다.
20. **히스토리:** 프로토콜의 구버전 또는 최신 버전의 이용가능 여부를 쉽게 확인할 수 있습니다. 예를 들어, 에디터가 주요 개발에 이어 업데이트된 사항을 출판한 경우 해당 아티클과 관련된 철회/수정/부록 아티클이 함께 나열되며 링크를 클릭하면 해당 관련 아티클 페이지로 이동합니다.
21. **초록:** 원문과 함께 출판됩니다.
22. **Figure 및 비디오:** 아티클과 관련된 모든 figure 및 비디오를 확인할 수 있습니다.
23. **최신 인용 정보:** 해당 프로토콜이나 method가 인용된 최신 아티클 3건 목록으로 제공.



SPRINGER NATURE | Experiments
e.g. protocol, technique, organism

Predicting the effects of coding non-synonymous variants on protein function using the SIFT algorithm

24

18

20

19

21

22

23

nature protocols
Vol: 4 (2009) ▶ Issue: 7 (July)

Protocol : 25 June 2009 | DOI: 10.1038/nprot.2009.86

Authors: Prateek Kumar¹, Steven Henikoff^{1,2}, Pauline C Ng DS^{1,3}

Affiliations: [Show](#)

[Full text](#)

KEYWORDS

Amino Acid Substitution, GI number, RefSeq identifier, UniProt, NCBI, Probability matrix

CITATIONS

2,157

HISTORY

2015 Robert Vasser, Pauline C Ng
2009 (This version)

Abstract

The effect of genetic mutation on phenotype is of significant interest in genetics. The type of genetic mutation that causes a single amino acid substitution (AAS) in a protein sequence is called a non-synonymous single nucleotide polymorphism (nsSNP). An nsSNP could potentially affect the function of the protein, subsequently altering the carrier's phenotype. This protocol describes the use of the 'Sorting Tolerant From Intolerant' (SIFT) algorithm in predicting whether an AAS affects protein function. To assess the effect of a substitution, SIFT assumes that important positions in a protein sequence have been conserved throughout evolution and therefore substitutions at these positions may affect protein function. Thus, by using sequence homology, SIFT predicts the effects of all possible substitutions at each position in the protein sequence. The protocol typically takes 5–20 min, depending on the input. SIFT is available as an online tool (<http://sift-dna.org>). [353](#)

Latest Citations (2,157)

1. Isel Grau et al., 2018, Lecture Notes in Networks and Systems
2. Jay P. Ross et al., 2017, Neurobiology of Aging
3. Elvin Yildiz et al., 2017, Current Eye Research

FIGURES & VIDEOS

Figure 1 - 'Sorting Tolerant From Intolerant' (SIFT) algorithm flowchart for scoring individual amino acid substitutions (AASs).

원문 콘텐츠 액세스

아티클 프로필 페이지내 Full text 버튼(24)을 클릭하면 소스 플랫폼 내의 콘텐츠로 연결됩니다.
- Nature Protocols 및 Nature Methods의 콘텐츠는 nature.com 플랫폼, SpringerProtocols의 콘텐츠는 SpringerLink 플랫폼

Nature Protocols, Nature Methods 및 SpringerProtocols (일부 도서 제외)의 원문 콘텐츠에 액세스하려면 현재 구독중이어야 합니다. Protocols Exchange 의 모든 콘텐츠는 무료로 액세스 할수 있습니다. 원문 콘텐츠에 액세스할 수 없다면, 도서관 사서 선생님이나 Springer Nature 한국지사로 연락 주십시오.

더 자세한 내용이 궁금하시면

관련 트레이닝이나 정보,시연이 필요하신 경우, Springer Nature 한국지사로 연락 주세요.

Springer Nature 한국지사
서울시 마포구 와우산로 56
FEBC 빌딩 204호
Tel 02-3142-9698
Fax 02-3142-5768
springer.com

nature
protocols

nature|methods

 Springer Protocols

protocolexchange