科学家提出冷冻电子断层三维成像目标识别新方法

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/23298.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

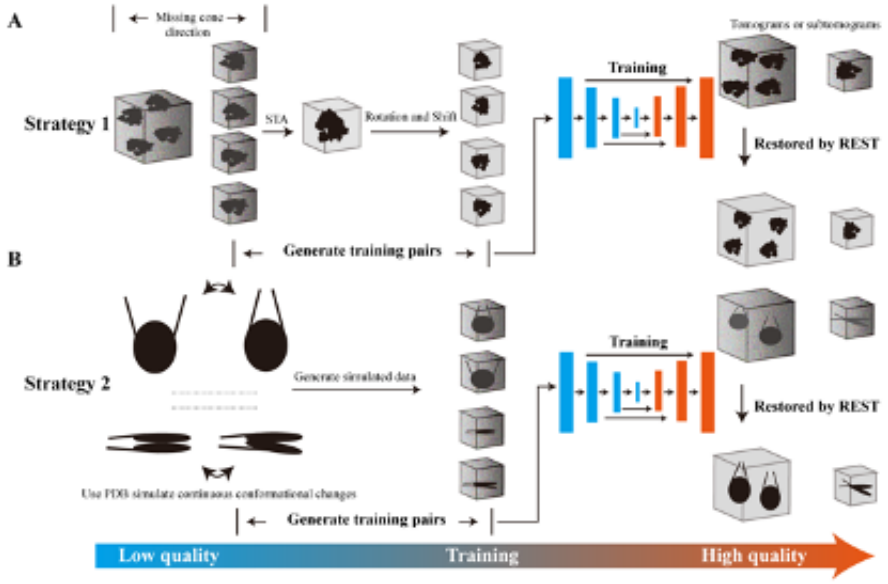
科学家提出冷冻电子断层三维成像目标识别新方法。

5月22日，中国科学院生物物理研究所朱平研究组在国际学术期刊《自然-通讯》(Nature Communications)发表论文。在该论文中，研究者提出了一种在冷冻电子断层三维成像中，对目标分子原位结构特征和动态构象进行高信噪比直接观察和识别的方法，并命名为REST(REstoring the Signal in Tomograms)。

冷冻电子断层成像技术可以获得细胞及组织样品中纳米级分辨率的生物大分子原位三维结构，但由于冷冻电子断层成像中的极低信噪比和不可逆信息缺失，研究者难以获得深度学习过程中所需的目标颗粒真实信息(ground truth)，使得利用神经网络和深度学习技术进行电子断层成像中的目标大分子蛋白识别具有很大的挑战。

为了解决上述技术瓶颈，朱平研究组新发表的研究论文提出并实现了两种训练策略。在策略一中，研究者选取来自原始数据中少量颗粒进行亚单位平均，以该平均结果作为训练的ground truth并和原始颗粒建立训练对。在策略二中，研究人员通过对高质量ground truth密度图人为添加不同程度的噪声和动态构象变化，以此模拟真实数据中低信噪比和大分子结构异质性，并将模拟获得的高噪声、动态变化的低质量颗粒密度图与高质量密度图建立映射和训练集。

在建立以上训练集和深度学习策略后，研究者利用深度学习网络对训练集进行学习和训练，并将训练好的模型和习得的知识迁移到原始数据中，进行目标蛋白颗粒的信息恢复。



REST方法流程和训练策略

研究发现，采用以上策略，REST方法在恢复目标蛋白清晰信号(如在嘈杂的背景中识别并提取粒子)、分割目标特征、识别目标蛋白的动态或柔性结构、获得没有缺失信息的密度作为初始模型并辅助电子断层成像中亚单位平均(STA)等冷冻电子断层成像相关的各种任务中，将具有广泛的应用价值和前景。

中国科学院生物物理研究所朱平研究组博士生张浩楠、副研究员李岩为该论文的共同第一作者，朱平研究员为论文的通讯作者。该研究工作得到国家自然科学基金、科技部重点研发项目、中国科学院战略性先导科技专项(B类)等的资助。 (来源：中国科学报 孟凌霄)

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41467-023-38539-w

作者：朱平等 来源：《自然—通讯》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发