
学者发布RNA三维结构预测评估研究成果

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/30657.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！

学者发布RNA三维结构预测评估研究成果。近日，广州医科大学-中国科学院广州生物医药与健康研究院联合生命科学学院特聘教授、广州实验室研究员苗智超团队与合作者，对来自全球18个团队的预测进行了大规模评估，涉及23个RNA结构，包括RNA元件、适配体、病毒元件、核酶和核开关等多种类型RNA结构。相关研究发表于《自然-方法》（Nature Methods）。

分子结构预测是生物信息学的圣杯，2024年诺贝尔化学奖授予AlphaFold标志着人工智能预测方法能给生命科学研究带来革命性推进。然而，AlphaFold仍然未解决核酸结构预测的问题，而RNA又是具有重要功能的生命分子，RNA三维结构预测领域仍亟需明确其瓶颈和发展方向。

论文第一作者、广州实验室博士生卜凡表示，RNA-Puzzles是一个2012年开始的国际合作项目，致力于评估RNA三维结构预测的最新进展。组织者在RNA三维结构数据发表之前将需要预测的序列发给全球的结构预测团队，在预测结束后各个团队反馈预测结果，等三维结构数据发表以后将预测结构与实验测定的结构进行比较，从而评估RNA三维结构预测的准确性，实现盲测。

该研究公布了RNA-Puzzles Round V（第五轮比赛）的结果。本轮比赛的预测结果显示，实现准确的RNA三维结构预测仍有难点需要克服。排名前四的团队中有三个团队也曾在CASP15蛋白质结构预测比赛的RNA赛道中名列前茅，这表明前几名的预测方法具有较好的稳定性。尤其是陈世杰团队和Rhiju Das团队，但不同预测方法在具体表现上差异不大。

本轮比赛的结果表明，虽然RNA结构预测领域取得了显著进展，但仍面临诸多挑战，未来RNA结构预测领域有望借助人工智能结合经典物理模拟方法和专家经验实现进一步突破。

欢迎全球对RNA结构模拟和结构解析有兴趣的同仁加入，参与RNA-Puzzles结构预测，也欢迎结构生物学家把解析的结构提供给RNA-Puzzles进行预测。论文共同通讯作者苗智超表示，论文提供的算法工具和测评数据都已经开源，公布在RNA-Puzzles官网（www.rnapuzzles.org）。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41592-024-02543-9>

作者：苗智超等 来源：《自然—方法》

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](https://www.iikx.com)转发