
机器学习在核酸疫苗与药物研究方面取得新进展

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/35697.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！

机器学习在核酸疫苗与药物研究方面取得新进展。广东工业大学生物医药学院特聘教授曾骥团队联合计算机学院副教授赵淑平、大连理工大学教授林佳奇团队在核酸疫苗与药物研究方面取得新进展。他们通过创新算法与实验设计，显著提升了5'端非翻译区（5' UTR）预测翻译效率的准确度，为mRNA疫苗开发提供了新范式。相关成果近日发表于《核酸研究》（Nucleic Acids Research）。

mRNA承载着DNA的遗传信息，是蛋白质合成进程中的核心媒介。在mRNA疗法与疫苗研发领域，对5' UTR进行精准优化已成为实现蛋白质高效表达的关键环节。团队提出了一种全新的蛋白质表达量评估标准——基于萤火虫荧光素酶的生物发光系统，以平均荧光强度（ABI）作为量化指标。该系统能够高度模拟mRNA疫苗的作用机制，基于此数据集训练出的预测模型，其准确性较以往模型提升了一倍。

为进一步降低实验成本、提高研究效率，团队还创新性地引入了序列聚类策略。该方法在确保数据多样性的前提下，有效剔除了冗余序列。研究分别在适配小规模数据集的随机森林模型和面向大规模数据的SeqNet模型上验证了聚类效果：经处理后用于学习的训练集压缩率达58%，而模型精度保持率高达93%。这一低成本、高质量、高效率的建库方案，不仅为蛋白质表达量的精准预测提供了全新路径，也为后续mRNA序列的优化设计开辟了新思路。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/nar/gkaf861>

作者：曾骥等 来源：《核酸研究》

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