

www.most.gov.cn

[微信公众号](#) [官方微博](#) [公务邮箱](#) [English](#)**中华人民共和国科学技术部**
Ministry of Science and Technology of the People's Republic of China

搜索

[首页](#) [组织机构](#) [信息公开](#) [科技政策](#) [科技计划](#) [政务服务](#) [党建工作](#) [公众参与](#) [专题专栏](#)当前位置: [科技部门户](#) > [国内外科技动态](#)

【字体: 大 中 小】

人工智能算法有助于快速分析蛋白质折叠结构

日期: 2019年09月11日 09:38 来源: 科技部

近日,英国《自然》杂志报道,美国哈佛大学医学院生物学家AlQuraishi开发出新型人工智能算法,能够快速分析预测蛋白质三维结构,大大提高蛋白质三维结构预测的效率,将预测时间从若干小时或几天缩短至几毫秒。

报道称,蛋白质三维结构与蛋白质功能密切相关,当前生物学界一大挑战在于如何基于氨基酸序列预测蛋白质三维结构。目前常用的实验室测定方法为X射线晶体衍射测定。随着人工智能技术的发展,科学界不断尝试利用人工智能技术从蛋白质一级结构(即氨基酸序列),分析预测蛋白质的三级结构(即三维空间结构)。Google人工智能子公司DeepMind曾开发出新型蛋白质三维结构预测算法AlphaFold,取得一定进展,有助于研究人员更好理解疾病分子机制和设计药物。

该新型算法主要基于神经网络算法,利用氨基酸序列和蛋白质结构对应的现有数据进行训练,对未知序列能够产生的结构进行预测。目前,此算法需要花费数月时间进行训练,但完成训练后几乎能够实现即时预测。

扫一扫在手机打开当前页

打印本页

关闭窗口



版权所有: 中华人民共和国科学技术部

地址: 北京市复兴路乙15号 | 邮编: 100862 | 联系我们 | 京ICP备05022684 | 网站标识码bm06000001