

# 常见问题解析

## 1. 如何规避二级结构的预测解读失误?

问题可能出现在仅仅只关注整体二级结构比例，忽视局部低置信区（概率值50%~70%）或构象冲突。可通过用JPred4或PSIPRED其他平台工具进行重复预测，差异>15%的区域需警惕，以及采用实验验证校准局部构象。

## 2. 如何避免模板选择不当导致模型质量差?

避开选择GMQE值<0.5或QMEAN值 $\leq$ -4.0以及Ramachandran图中>10%残基落在非允许区的模型。优先选择相似度>50%以及覆盖率 $\geq$ 80%的模板。对于多结构域蛋白，通过“User Template”上传多个PDB文件，覆盖不同区域进行模型建立和选择。

## 参考文献

- [1] Choi SI, Jin Y, Choi Y, et al. Beyond Misfolding: A New Paradigm for the Relationship Between Protein Folding and Aggregation [J]. International journal of molecular sciences, 2024, 26(1)