

		Scoring function				
	Conformer generation method	random selection	rDock (dock_solv)	LigandRNA (updated)	AnnapuRNA DL (2013)	minimum RMSD
<b>SR(3,2)</b>	<b>3D: Balloon</b>	0.11	0.17	0.14	0.21	0.45
	<b>3D: Open Babel</b>	0.11	0.10	0.14	0.21	0.38
	<b>Native Conformation</b>	0.12	0.10	0.03	0.14	0.34
<b>SR(3,5)</b>	<b>3D: Balloon</b>	0.34	0.45	0.34	0.45	0.79
	<b>3D: Open Babel</b>	0.35	0.34	0.38	0.45	0.76
	<b>Native Conformation</b>	0.34	0.31	0.45	0.59	0.86
<b>SR(5,2)</b>	<b>3D: Balloon</b>	0.15	0.21	0.14	0.21	0.45
	<b>3D: Open Babel</b>	0.15	0.17	0.14	0.21	0.38
	<b>Native Conformation</b>	0.15	0.14	0.10	0.14	0.34
<b>SR(5,5)</b>	<b>3D: Balloon</b>	0.41	0.52	0.41	0.45	0.79
	<b>3D: Open Babel</b>	0.42	0.48	0.45	0.48	0.76
	<b>Native Conformation</b>	0.41	0.38	0.52	0.59	0.86