

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PADOVA

Dipartimento di Fisica e Astronomia "Galileo Galilei"

Corso di Laurea in Fisica

Anno Accademico 2021/2022

COARSE-GRAINING AUTO ENCODERS PER LA DINAMICA MOLECOLARE

Relatore: Dott. Emanuele Locatelli

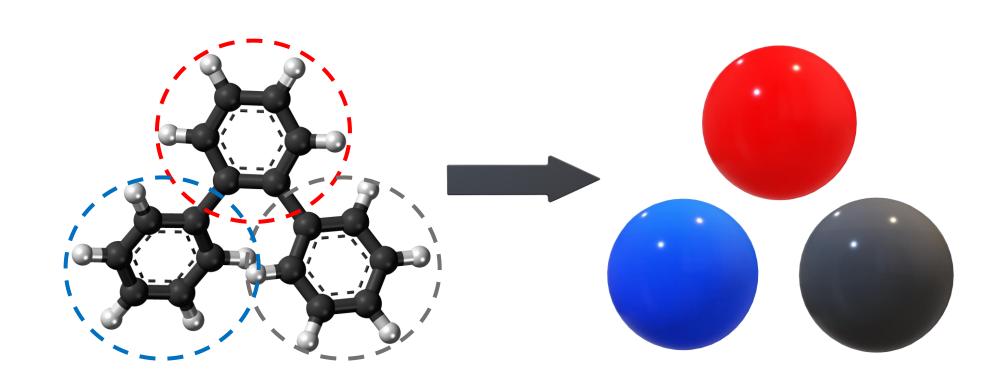
Correlatore: Dott. Francesco Mambretti

Laureando: Giacomo Di Prima

COARSE-GRAINING

Consiste nel rappresentare gruppi di atomi o molecole come siti di interazione (CG), ovvero punti dotati di massa e privi di struttura.

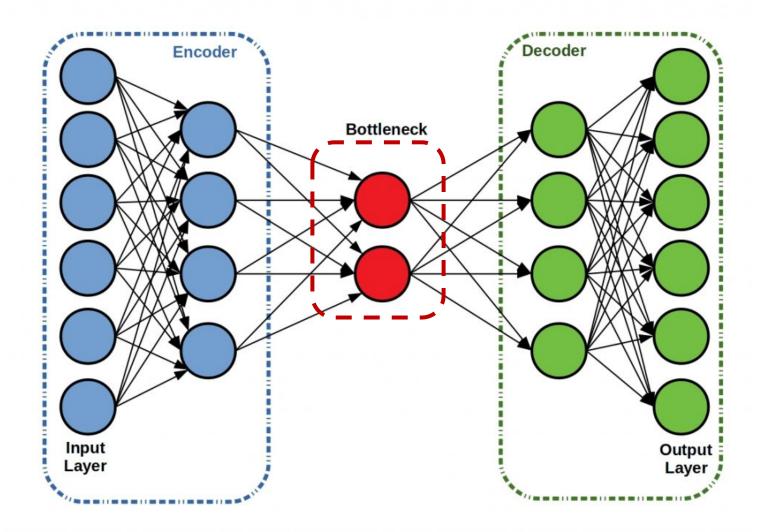
Permette di ridurre il numero di gradi di libertà necessari a descrivere il sistema.



AUTOENCODERS (AEs)

Rete lineare che impara a copiare in output l'input che riceve. Il processo di apprendimento avviene attraverso la minimizzazione di una funzione che descrive quanto sono

dissimili l'input e l'output.



Per via del bottleneck i dati vengono proiettati in un spazio di dimensione inferiore rispetto a quella dell'input. Questo spazio è chiamato spazio latente.

COARSE-GRAINING AUTO-ENCODERS FOR MOLECULAR DYNAMICS Obiettivi

Trovare una rappresentazione CG

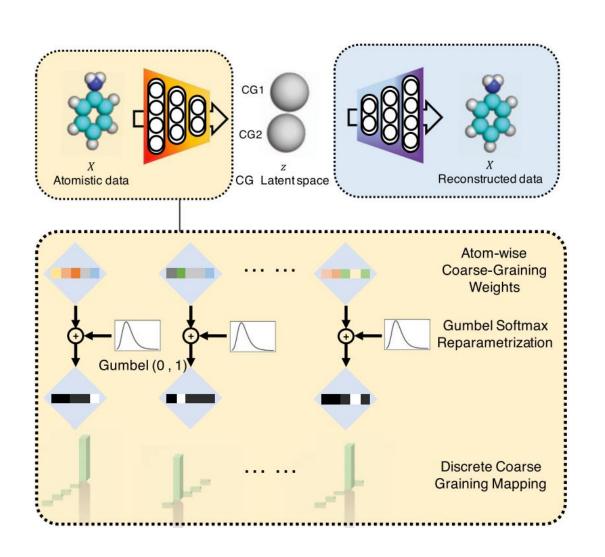
Codifica coordinate atomistiche in coordinate CG e viceversa.

Trovare un potenziale CG (force matching)

Trova il potenziale CG che genererebbe la forza media che agisce su tutti gli atomi.

COARSE-GRAINING AUTO-ENCODERS FOR MOLECULAR DYNAMICS

Architettura - Parametri



Autoencoder lineare, i parametri della rete corrispondono alle probabilità che un determinato atomo venga assegnato ad un determinato sito CG.

Ottimizzazione dei parametri e one-hot encoding

COARSE-GRAINING AUTO-ENCODERS FOR MOLECULAR DYNAMICS

Architettura – Loss function

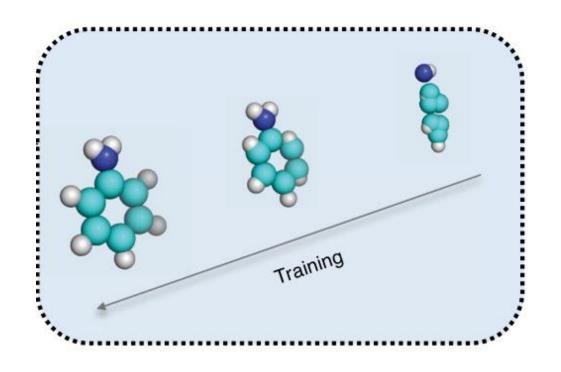
$$L_{ae} = \frac{1}{N} \mathbb{E}[(D(E(x)) - x)^2 + \rho F_{inst}(E(x))^2]$$

Ricostruzione: MSE tra i dati originali e quelli ricostruiti

Regolarizzazione: dipende dalle forze atomistiche, regolarizza il profilo dell'energia libera.

COARSE-GRAINING AUTO-ENCODERS FOR MOLECULAR DYNAMICS

Architettura - Training



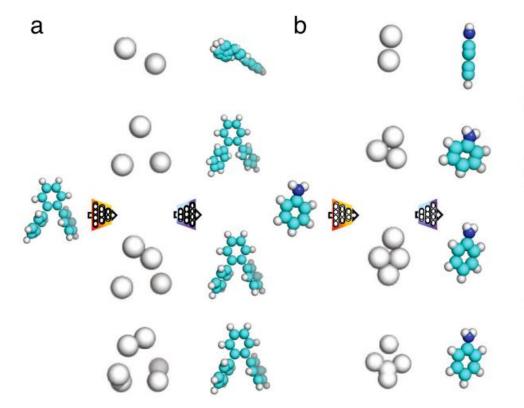
Vengono utilizzati migliaia di frames di traiettorie atomistiche di molecole all'equilibrio. Questi contengono le posizioni di ciascun atomo e la forza totale agente su ognuno di essi.

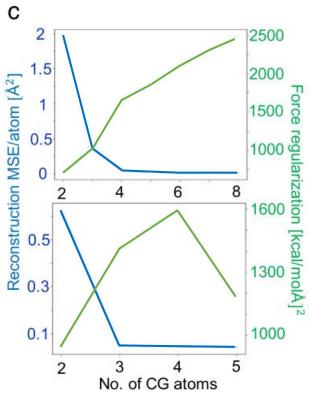
COARSE-GRAINING AUTO-ENCODERS FOR MOLECULAR DYNAMICS Risultati

a Enconding e Deconding di OTP

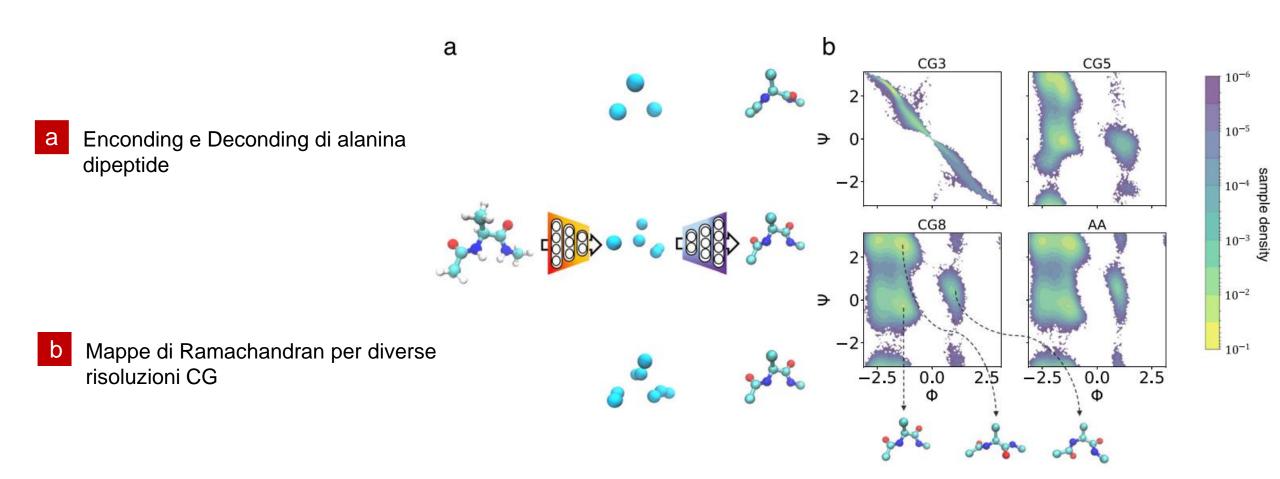
b Enconding e Deconding di anilina

Plot delle loss function in funzione del numero di siti CG

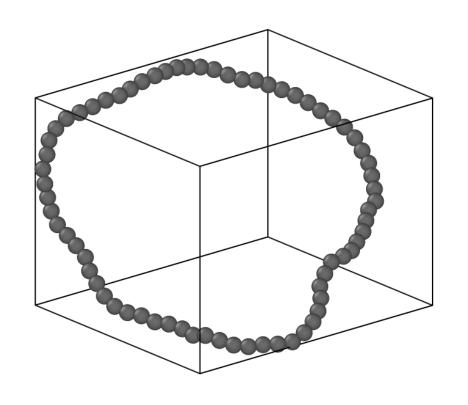




COARSE-GRAINING AUTO-ENCODERS FOR MOLECULAR DYNAMIC Risultati



Le configurazioni molecolari sono state ottenute da simulazioni atomistiche a temperatura costante. A tale scopo sono stati impiegati due termostati:



LANGEVIN

Impone ad ogni monomero una forza casuale.

• L_{ea} set di configurazioni all'equilibrio

NOSE-HOOVER

Utilizza una variabile ausiliaria che regolarizza le fluttuazioni del sistema.

- NH_{eq} set di configurazioni all'equilibrio
- NH_{neq} set di configurazioni fuori dall'equilibrio

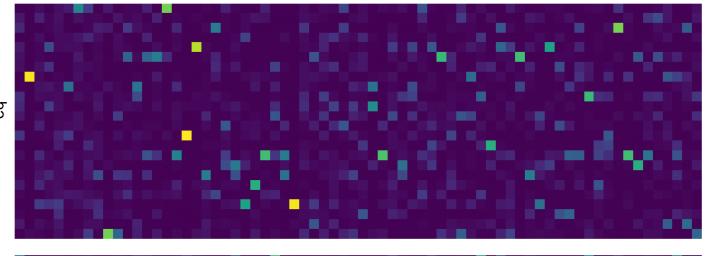
Training

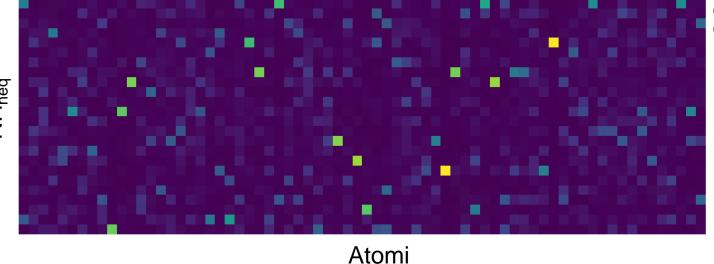
Sull'asse x si trovano gli atomi della molecola mentre sull'asse y i siti CG ai quali possono essere assegnati.

Le matrici colorate rappresentano i valori relativi dei parametri dell'encoder della rete.

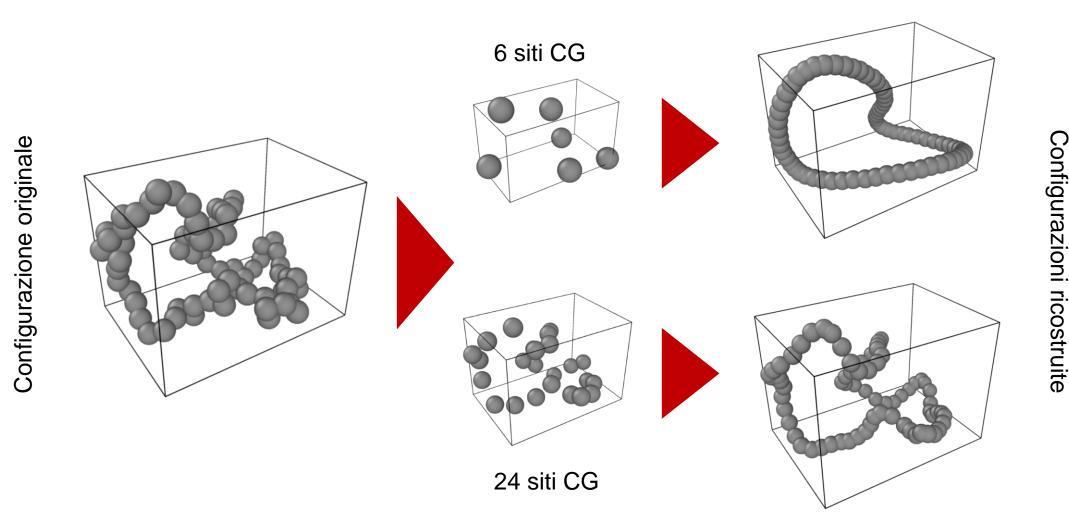
Di lato viene mostrato il processo di ottimizzazione dei parametri della rete avente in input le configurazioni NH_{eq} e NH_{neq}.

Ottimizzazione dei parametri della rete



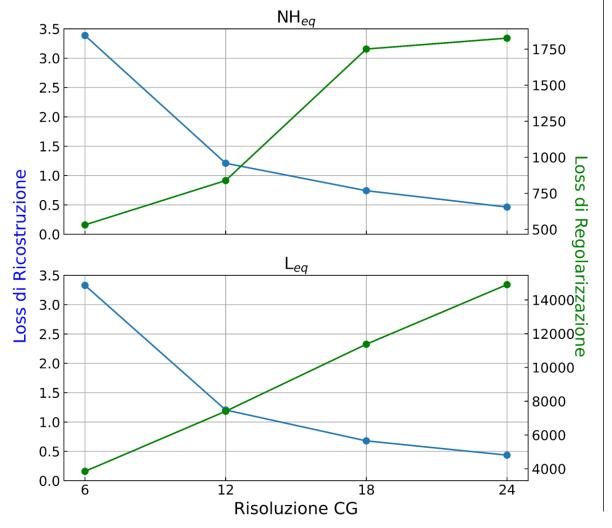


Risultati

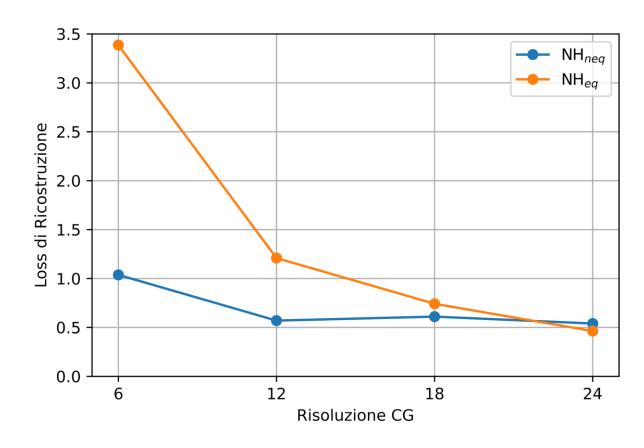


Risultati





Confronto loss di ricostruzione tra i dati all'equilibrio e fuori dall'equilibrio:



Discussione

 Il framework può essere applicato con successo a diverse configurazioni molecolari all'equilibrio riuscendo ad ottenere una rappresentazione CG della molecola.

 Fuori dall'equilibrio, l'AE non è in grado di assegnare gli atomi della molecola a tutti i siti CG che gli vengono messi a disposizione, indipendentemente dal termine di regolarizzazione.

VI RINGRAZIO PER L'ATTENZIONE