Формулировка и решение задачи оптимизации, сочетающей классификацию и регрессию, для оценки энергии связывания белка и маленьких молекул*

 Γ рачева $A.~C.,~Coaemop~\it{U}.~O.,~\Phi$ амилия $\it{U}.~O.$ gracheva.as@phystech.edu $^1\Phi \rm WBT~M\Phi TW$

При разработке лекарства возникает задача поиска маленьких молекул - лигандов, наиболее сильно взаимодействующих с исследуемым белком, а значит являющихся основными кандидатами в лекарства. Можно генерировать несколько возможных положений лиганда и классифицировать их как нативные и не нативные, но качество предсказания может быть повышено, если использовать экспериментальные данные о свободной энергии связывания молекул и решать одновременно задачи регрессии и классификации. В статье будут рассмотрены эксперименты с алгоритмом, использующим эту идею.

1 Введение

Предсказание наиболее выгодной ориентации и положения молекул по отношению друг к другу для образования устойчивого комплекса из белка и лиганда, или молекулярный докинг - задача, важная для ускорения процесса разработки новых лекарств. Есть два метода её решения: pose prediction - среди нескольких сгенерированных положений лиганда в белке определить наиболее близкое к реальному и scoring - предсказать аффинность (свободную энергию связывания) для комплексов различных белков с лигандами. При этом положение с наименьшей энергией связывания будет соответствовать нативной конформации. Первая задача решена в работе [1] с помощью оптимизации скоринговой функции, учитывающей всевозможные комбинации различных пар атомов и расстояния между ними. Раскладывая эту функцию по базису, авторы представляют её как вектор структурных коэффициентов и сводят задачу к модифицированной SVM-классификации.

Наше предположение заключается в том, что если использовать экспериментальные данные об аффинностях, то можно улучшить качество классификации. В эксперименте, описанном в данной статье, мы проверим эту гипотезу, а также постараемся решать оптимизационную задачу максимально эффективно вычислительно, чтобы иметь возможность использовать как можно больше доступных экспериментальных данных.

2 Название раздела

Данный документ демонстрирует оформление статьи, подаваемой в электронную систему подачи статей http://jmlda.org/papers для публикации в журнале «Машинной обучение и анализ данных». Более подробные инструкции по стилевому файлу jmlda.sty и использованию издательской системы $\mbox{IMTEX}\,2_{\varepsilon}$ находятся в документе authors-guide.pdf. Работу над статьёй удобно начинать с правки \mbox{TEX} -файла данного документа.

^{*}Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ, проект №00-00-00000. Научный руководитель: Стрижов В. В. Задачу поставил: Эксперт И. О. Консультант: Консультант И. О.

2.1 Название параграфа.

Нет ограничений на количество разделов и параграфов в статье. Разделы и параграфы не нумеруются.

2.2 Теоретическую часть работы

желательно структурировать с помощью окружений Def, Axiom, Hypothesis, Problem, Lemma, Theorem, Corollary, State, Example, Remark.

ОпределениеDefinition 1. Математический текст хорошо структурирован, если в нём выделены определения, теоремы, утверждения, примеры, и т.д., а неформальные рассуждения (мотивации, интерпретации) вынесены в отдельные параграфы.

УтверждениеStatement 1. Мотивации и интерпретации наиболее важны для понимания сути работы.

TeopeмaTheorem 1. Не менее 90% коллег, заинтересовавшихся Вашей статьёй, прочитают в ней не более 10% текста.

Доказательство. Причём это будут именно те разделы, которые не содержат формул. ■ ЗамечаниеRemark 1. Выше показано применение окружений Def, Theorem, State, Remark, Proof.

3 Некоторые формулы

Образец формулы: $f(x_i, \alpha^{\gamma})$.

Образец выключной формулы без номера:

$$y(x,\alpha) = \begin{cases} -1, & \text{если } f(x,\alpha) < 0; \\ +1, & \text{если } f(x,\alpha) \geqslant 0. \end{cases}$$

Образец выключной формулы с номером:

$$y(x,\alpha) = \begin{cases} -1, & \text{если } f(x,\alpha) < 0; \\ +1, & \text{если } f(x,\alpha) \geqslant 0. \end{cases}$$
 (1)

Образец выключной формулы, разбитой на две строки с помощью окружения align:

$$R'_{N}(F) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N} \left(P(+1 \mid x_{i}) C(+1, F(x_{i})) + P(-1 \mid x_{i}) C(-1, F(x_{i})) \right).$$

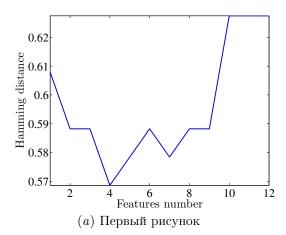
$$(2)$$

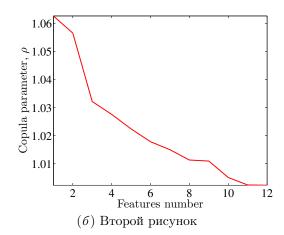
Образцы ссылок: формулы (1) и (2).

4 Пример илюстрации

Рисунки вставляются командой \includegraphics, желательно с выравниванием по ширине колонки: [width=\linewidth].

Практически все популярные пакеты рисуют графики с подписями, которые трудно читать на бумаге и на слайдах из-за малого размера шрифта. Шрифт на графиках (подписи осей и цифры на осях) должны быть такого же размера, что и основной текст.





Puc.Figure 1 Подпись должна размещаться под рисунком.

Таблица Table 1 Подпись размещается над таблицей.

Задача	CCEL	boosting
Cancer	$3.46 \pm 0.37 \; (3.16)$	4.14 ± 1.48
German	$25.78 \pm 0.65 \ (1.74)$	29.48 ± 0.93
Hepatitis	$18.38 \pm 1.43 \; (2.87)$	19.90 ± 1.80

При значительном количестве рисунков рекомендуется группировать их в одном окружении {figure}, как это сделано на рис. 1.

5 Пример таблицы

Подпись делается над таблицей, см. таблицу 1.

6 Заключение

Желательно, чтобы этот раздел был, причём он не должен дословно повторять аннотацию. Обычно здесь отмечают, каких результатов удалось добиться, какие проблемы остались открытыми.

ЛитератураReferences

ЛитератураReferences

[1] Maria Kadukova, Sergei Grudinin Maria Kadukova, Sergei Grudinin Convex-PL: a novel knowledge-based potential for protein-ligand interactions deduced from structural databases using convex optimization Convex-PL: a novel knowledge-based potential for protein-ligand interactions deduced from structural databases using convex optimization // Journal of Computer Aided Molecular Design, Springer Verlag, 2017, 31 (10), pp.943-958.