



Universität Hamburg

DER FORSCHUNG | DER LEHRE | DER BILDUNG

**Fakultät
Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften**

Bachelor-Thesis

**Berechnung von Teilmengen-Relationen chemischer
Muster**

Calculation of Subset Relationships between chemical Patterns

Hamburg, den XY. Oktober 2015

Farina Ohm

Studiengang Computing in Science SP Biochemie
Matr.-Nr. 6314051
Fachsemester 6

Erstgutachter Universität Hamburg:
Zweitgutachter Universität Hamburg:

Prof. Dr. Rarey
Prof. Dr. Heitmann

Zusammenfassung

Die Überprüfung von chemischen Verbindungen auf ihre molekulare Ähnlichkeit ist eine häufig genutzte Methode in der modernen Wirkstoffentwicklung. Durch die Bestimmung der molekularen Ähnlichkeit können Vorhersagen zur molekularen Interaktion getroffen werden. So können anhand von bereits bekannten Verbindungen neue Verbindungen gefunden werden, die sich in ihrer biologischen Aktivität ähneln. Es gibt bereits eine Reihe von Verfahren, die erlauben Rückschlüsse auf die Ähnlichkeit zweier chemischen Verbindungen zu ziehen. Zur Analyse von Molekülmengen kann das Konzept der molekularen Ähnlichkeit auf chemische Muster übertragen werden. Chemische Muster, zum Beispiel durch SMARTS-Ausdrücke repräsentiert, beschreiben strukturelle Eigenschaften oder funktionelle Gruppen. Anhand dieser Darstellung von bestimmten Merkmalen werden ganze Molekülmengen beschrieben, die dieses chemische Muster beinhalten. Es wurde ein Verfahren entwickelt, welches SMARTS-Ausdrücke miteinander vergleicht und auf Teilmengen-Relationen überprüft. Realisiert wurde dieses Verfahren durch die Generierung von sogenannten Fingerprints, die es ermöglichen die komplexen Atom- und Bindungs-Repräsentationen der SMARTS-Sprache zu vergleichen.

Abstract

An estimation of the molecular similarity of chemical compounds is a popular approach in the modern drug-discovery. To predict the molecular interactions of as new compounds the approach of the molecular similarity makes it possible to draw conclusions from known connections. So the biological activity could be similar to known compounds. There are a set of methods to calculate the similarity of molecules. To analyze a set of molecules the concept can be transferred to chemical patterns. A set of molecules can be represented as a chemical Pattern written as a SMARTS-pattern. A SMARTS-pattern represents a set of molecules by describing characteristical structures or functional groups.

An approach to compare chemical patterns and draw conclusions about the existing subset relationships. This approach was implemented by using the concept of fingerprints, which were calculated for each atom and bound in a chemical pattern, to allow to compare those complex SMARTS-pattern.

Inhaltsverzeichnis

1 Einleitung	4
1.1 Grundlagen	6
2 Lösungsstrategie	12
2.1 Konzepte	12
2.2 Struktur	16
3 Realisierung	18
3.1 Aufarbeitung und Auswahl	18
3.2 Fingerprintgenerierung	19
3.3 Vergleich und Aufbau Relation-Matrix	22
3.4 Subgraphisomorphie Analyse	24
3.5 Kennzeichnung	24
4 Evaluation	25
4.1 Testen	25
4.2 Validierung	25
4.3 Laufzeitanalyse	27
5 Experimente und Auswertung	30
5.1 Diskussion der Experimente	32
6 Fazit	35
6.1 Ungelöste Probleme	35
7 Weiterführende Arbeit	36
A Software User Guide	I
A.1 Command Line Syntax	I
A.2 Command Line Options	I
B Softwarearchitektur	III
C Wichtige Module und Klassen	IV
D APIs	VI
E Genutzte Datensätze	VIII
E.1 ZINC-6k-Molekülliste	VIII
E.2 SMARTS Datensatz (ZBH)	VIII
E.3 SMARTS Filter (Experimente)	VIII
E.4 Ergebnisse der Experimente	VIII
F Implementation	VIII
G Literatur	X

1 Einleitung

Die Vorhersage von molekularen Interaktionen ist in der modernen Arzneimittelentwicklung die Grundlage zur Gewinnung neuer Wirkstoffe. [1]

Es gibt viele Methoden um das Verhalten von Verbindungen einschätzen zu können. Ein Verfahren welches von Beginn an in der Chemie genutzt wird ist das induktive Lernen [1], bei dem es sich um einen Kreislauf handelt (siehe Abb. 1). Anhand von Experimenten werden Modelle entwickelt mit denen Prognosen aufgestellt werden, die im Anschluss mit neuen Experimenten validiert werden und anschließend wiederholt sich das Vorgehen. Durch die gewonnenen Modelle können, je nach Art des Modells, Einschätzungen über die biologische Aktivität von Molekülen getroffen werden.

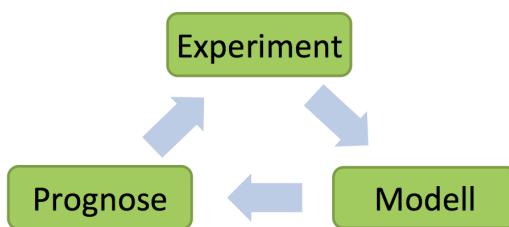


Abbildung 1: Kreislauf des induktiven Lernens

Eine weitere Methode ist die Quantitative Struktur-Aktivitätsanalyse (QSAR) [2], bei der die Wirkung eines Moleküls durch die molekularen Eigenschaften beschrieben werden kann. Durch QSAR kann also eine Prognose, wie ein Molekül sich bei einer Interaktion verhält, aufgestellt werden.

Der Begriff der pharmakologisch motivierten molekularen Ähnlichkeit [3] ermöglicht die Vorhersage anhand bereits bekannter Verbindungen. Zwei Moleküle werden als ähnlich bezeichnet, wenn sie sich in biologischen Systemen ähnlich verhalten. Besonders bei den letzten beiden vorgestellten Verfahren eignet sich der Einsatz von computergestützte Verfahren.

Computergestützte Verfahren oder Werkzeuge finden in der modernen Chemie immer mehr Anwendung. Sie eignen sich besonders, da mit ihrer Hilfe es ermöglicht werden kann große Mengen an Informationen zu analysieren (z.B. durch QSAR). Die sogenannte Chemieinformatik ist ein Gebiet der Chemie, die mit Hilfe von Methoden der Informatik versucht chemische Probleme zu lösen. [1][3][4]

Die molekulare Ähnlichkeit von zwei Molekülen kann durch Einsatz von computergestützten Methoden auf verschiedene Arten untersucht werden. Sie kann durch topologische Indizes (z.B. Randić-Index [5]), durch Fingerprint Generierung [3][4], bei der angegeben wird welche strukturellen Eigenschaften oder funktionellen Gruppen ein Molekül enthält, oder auch mit Ähnlichkeits- bzw. Distanzmaßen (z.B. Tanimoto-Koeffizient [6]) bestimmt werden. [6]

Durch die Bestimmung der molekularen Ähnlichkeit lassen sich nicht nur für einzelne Moleküle Vorhersagen zu den Interaktionen treffen, sondern auch für Molekülmengen, die sich mit chemischen Mustern [7][8] beschreiben lassen. Die Interaktion einer Verbindung mit anderen erfolgt meist auf Grund von bestimmten Strukturen oder funktionellen

Gruppen innerhalb der Verbindung. Diese zu untersuchenden Eigenschaften lassen sich mit chemischen Mustern ausdrücken (z.B. ein Muster, welches alle Moleküle beschreibt, die eine Nitrogruppe enthalten). Diese Muster ermöglichen eine Beschreibung einer Molekülmenge, bestehend aus Molekülen mit den relevanten Eigenschaften. Sie können dazu genutzt werden Moleküle zu filtern. So ist eine Aussortierung von beispielsweise Toxikophoren, oder auch das Auswählen von Verbindungen mit gewünschten Eigenschaften möglich.

Um es in der Chemieinformatik zu ermöglichen Interaktionen vorherzusagen oder zu analysieren, können chemische Verbindungen in eine Graphenstruktur überführt werden, wodurch eine mathematische Analyse möglich wird.

Es handelt sich bei solchen Molekülgraphen [4] um ungerichtete endliche markierte Graphen. Dabei werden die Atome als Knoten und die chemischen Bindungen als Kanten gesehen. Die so entstehenden Graphen können anschließend aus der Sicht der Graphentheorie auf gemeinsame Eigenschaften oder Teilstrukturen untersucht werden, um die molekulare Ähnlichkeit zu bewerten. Analog erfolgt die Übertragung von chemischen Mustern in eine Graphenstruktur, welche dann für den Vergleich aus der graphentheoretischen Sicht genutzt werden kann. Dies ist nötig da auch chemische Muster und somit die beschriebenen Molekülmengen Ähnlichkeiten zueinander aufweisen können. Ein Vergleich würde es ermöglichen festzustellen, ob es eine Hierarchie der chemischen Muster gibt, ob es in einer Menge von chemischen Mustern redundante Muster gibt, aber auch um festzustellen, ob sich bestimmte Teilstrukturen oder funktionelle Gruppen in bereits genutzten Mustern wiederfinden. Bislang gibt es in die Chemieinformatik keine Methode um chemische Muster auf ihre Ähnlichkeit zu überprüfen. In der Informatik und den, zu chemischen Mustern äquivalenten, regulären Ausdrücken¹ gibt es Ansätze zur Ähnlichkeitsanalyse, meist basierend auf der Generierung und Vergleich von endlichen Automaten²[10]. Die Komplexität der chemischen Muster verhindert eine Übertragung dieses Ansatzes auf das hier vorgestellte Problem, weshalb es nötig ist ein neues Verfahren zu entwickeln. Ein naiver Ansatz wäre es die Moleküle, die von chemischen Mustern beschrieben werden zu vergleichen. Es kann passieren, dass verschiedene Muster durch Zufall die gleichen Moleküle beschreiben, indem z.B. zwei funktionelle Gruppen, jeweils als chemisches Muster beschrieben, gemeinsam und dennoch unabhängig in einem Molekül auftreten. Bei diesem Ansatz müsste es dementsprechend einen Abgleich geben, der überprüft welche Atome in dem Molekül von den Mustern beschrieben werden. Zudem ermöglicht dieser Vergleich von chemischen Mustern es nicht eine allgemeine Aussage über die Ähnlichkeit zu treffen, da der Vergleich abhängig von der genutzten Molekülmenge ist, die unter Umständen keine Moleküle beinhaltet, die von chemischen Mustern beschrieben werden.

Eine Lösung zum Vergleich zweier chemischer Muster wird in dieser Arbeit vorgestellt und beschrieben. Der Lösungsansatz wurde im Rahmen einer Masterarbeit von A. Mashychev [11] entwickelt und in der hier vorgestellten Arbeit optimiert und implementiert.

¹Zeichenkette, die eine Menge von Zeichenketten beschreibt

²Modell zur Beschreibung eines Verhaltens nach Eingabe einer Anfrage, bestehend aus einer endlichen Anzahl an Zuständen und Zustandsübergängen und Aktionen [9]

1.1 Grundlagen

Für die in den folgenden Kapiteln beschriebene Arbeit ist es nötig einige Begriffe und Grundlagen zu erklären.

1.1.1 SMILES

Unter einem SMILES (*Simplified Molecular Input Line Entry Specification*) versteht man eine String-Repräsentation von Molekülen. Entwickelt wurde diese Beschreibung mit Hilfe von ASCII-Zeichen und Bindungssymbolen. Der Vorteil von SMILES gegenüber anderen Molekülrepräsentationen ist die Eigenschaft, dass die Molekülbeschreibung in einer Zeile kompakt und effizient gespeichert werden kann. Ein effizientes Arbeiten mit SMILES-Strings ist dadurch möglich, dass ein SMILES-String leicht in einen Molekülgraphen überführt werden kann. Ein weiterer Vorteil eines SMILES ist, dass er mit Hilfe einer Kanonisierung in eine eindeutige Form, den *unique* SMILES, überführt werden können. Die Grammatik eines SMILES-Strings gliedert sich in fünf grundlegene Einheiten:

- Atome (mit impliziten und expliziten Eigenschaften)
- Bindungen
- Verzweigungen
- Unterbrechungen
- Ringe

Dabei stehen kovalent gebundene Atome benachbart in einer Zeichenkette. Bindungsprimitive, die Beschreibungen von chemischen Bindungen, werden dann zwischen den jeweiligen Atomen angegeben. [8][12]

Atome

Die Atom-Beschreibung innerhalb eines SMILES-String erfolgt über die Angabe des Element-Symbols. Eine Besonderheit ist dabei die Angabe eines Atoms durch *. Das * gilt dabei als nicht spezifiziertes oder unbekanntes Atom, einer sogenannten *Wildcard*. Des weiteren werden Elementen, die im *organic subset*¹ enthalten sind von den restlichen Elementen des Periodensystems unterschieden.

Eine weitere Besonderheit betrifft die Atome C, N, P, O, S, As, Se und *. Diese Atome können, indem man die Element-Symbole als Kleinbuchstaben angibt, als aromatische Atome interpretiert werden, um sie von aliphatischen Atomen zu unterscheiden.

Neben den Element-Symbol, werden Atome mit Hilfe weiterer Eigenschaften, den sogenannten Atomprimitiven, beschrieben. Grundsätzlich gilt dabei folgender Syntax für die Angabe einer Atombeschreibung:

¹Teilmenge der chemischen Elemente bestehend aus B, C, N, O, P, S, F, Cl, Br, I und *. Diese Elemente können ohne [] angegeben werden. Sie besitzen so angegeben die implizite Anzahl an Bindungen zu Wasserstoffen aufgrund der kleinst möglichen Valenz, keine Ladung, keine Chiralität und keine isotopischen-Eigenschaften.[13]

[<mass>symbol<chiral><hcount><sign<charge>>]

Tabelle 1 beschreibt die einzelnen Eigenschaften und wie sie in einem SMILES repräsentiert werden. Beispiel 1.1.1 zeigt drei unterschiedliche SMILES und ihre zugehörigen Moleküle, die sie beschreiben. [8][13]

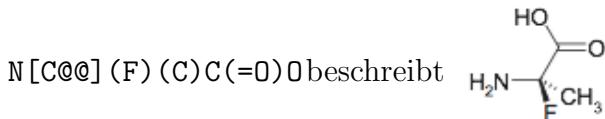
Tabelle 1: Beschreibung der möglichen Atomprimitive. **Symbol** beschreibt, wie in Kapitel 1.1.1 erläutert das Element-Symbol. @ gibt an, dass die folgenden Atome gegen den Uhrzeigersinn gelistet sind, bei @@ sind sie im Uhrzeigersinn gelistet. n ist bei den Atomprimitiven eine natürliche Zahl. [8]

Atomprimitiv	SMILES-Syntax	Beschreibung
<mass>	<n>	Masse des Atoms
symbol	Symbol	Element-Symbol nach Periodensystem
<chiral>	@@ oder @	Chiralität an tetraedrischen Kohlenstoffen
<hcount>	H<n>	Anzahl gebundener Wasserstoff-Atome
<sign<charge>>	-<n> oder +<n>	Ladung des Atoms

Beispiel 1.1.1.

0 beschreibt H₂O

[Fe+2] beschreibt Fe⁺²



Bindungen

Innerhalb SMILES-Strings wird zwischen den, in Tabelle 2 beschriebenen, Bindungen unterschieden. Beispiel 1.1.2 zeigt drei Beispiele von SMILES und die Moleküle, die sie repräsentieren. [12]

Tabelle 2: Beschreibung der möglichen Bindungsprimitiven. **default** beschreibt den Fall, dass zwischen zwei Atombeschreibungen keine Bindung angegeben wird. \ und / beschreiben den Fall einer Konfigurationsisomerie, der *cis-trans-Isomerie*, die im Beispiel 1.1.2 dargestellt ist. [13]

SMILES-Syntax	Beschreibung
default	Einfachbindung
-	Einfachbindung
=	Doppelbindung
#	Dreifachbindung
:	aromatische Bindung (1.5 fach)
\ und /	nach oben und nach unten Bindung als Stereospezifikation von Doppelbindungen (angegeben in Paaren)

Beispiel 1.1.2.



Verzweigungen

Eine Verzweigung innerhalb des Molekülgraphen wird innerhalb von () angegeben. Die Ausdrücke können gereiht und geschachtelt werden. Beispiel 1.1.3 zeigt eine solche Verzweigung eines Moleküls. In diesem Molekül sind mindestens zwei Verzweigungen nötig um es zu beschreiben. [8][12]

Beispiel 1.1.3.



Unterbrechungen

Um eine Unterbrechung zu kennzeichnen kann in der SMILES Sprache ein „..“ genutzt werden, der zwischen zwei Atombeschreibungen steht. Dadurch werden Atome, die nicht miteinander verbunden sind kenntlich gemacht, wie Beispiel 1.1.4 zeigt. [8][13]

Beispiel 1.1.4.



Ringe

Eine Ringbindung kann mit Hilfe von einem Zahlenpaar angegeben werden. Dabei wird eine Bindung in einem Molekül, die einen Ringschluss hervorrufen würde entfernt und anstelle der Bindung an die beiden beteiligten Atome ein passendes Zahlenpaar angefügt, wie das Beispiel 1.1.5 zeigt. [13]

Beispiel 1.1.5.



1.1.2 SMARTS

Die Abkürzung SMARTS steht für *SMiles ARbitrary Target Specification* und bezeichnet eine Sprache, die chemischer Muster und deren Eigenschaften mit Hilfe von kurzen Stringbeschreibungen repräsentiert. Die SMARTS Sprache ist eine Spezifizierung von SMILES. Daher gilt jeder SMILES ist auch ein valider SMARTS. SMARTS-Ausdrücke besitzen zusätzliche Atom- bzw. Bindungsprimitive, die im Folgenden erklärt werden. [7][8]

Atome

In der SMARTS Sprache können deutlich mehr Atom Eigenschaften als in der SMILES Sprache beschrieben werden. Dazu wurden die Atomprimitive beschrieben in Kapitel 1.1.1 um die, in Tabelle 3 dargestellten, Atomprimitive erweitert. [7][8]

Tabelle 3: Beschreibung der für SMARTS hinzukommenden Atomprimitiven. n und c sind hierbei natürliche Zahlen. Die Zeile „default-Wert“ gibt an ob und was für einen Wert ein Atomprimitiv einnimmt, wenn n und c nicht angegeben sind. [7]

Syntax	Beschreibung	default-Wert
a	aromatisches Atom	-
A	aliphatisches Atom	-
D<n>	<n>Bindungen zu nicht-H Atomen	$n = 1$
X<n>	Atom mit insgesamt <n>Bindungen	$n = 1$
x<n>	Atom mit <n>Ringbindungen	$n \geq 1$
v<n>	Atom mit Bindungsordnung <n>	$n = 1$
H<n>	Atom mit <n>Bindungen zu expliziten Wasserstoffen	$n = 1$
h<n>	Atom mit <n>Bindungen zu impliziten Wasserstoffen	$n \geq 1$
R<n>	in <n>Ringen eines SSSR	jedes Ringatom
r<n>	in dem kleinsten Ring einer SSSR mit <n>Atomen	jedes Ringatom
#<n>	Atom mit Ordnungszahl <n>	-
@<c><n>	Chiralitätsklasse <c>, Chiralität <n>	-
@<c><n>?	Chiralitätsklasse <c>, Chiralität <n>oder nicht spezifiziert	-

Bindungen

Bei den Bindungsprimitiven der SMARTS Sprache gibt es auch eine Erweiterung zur SMILES Sprache (siehe Tabelle 4).

Tabelle 4: Beschreibung der für SMARTS hinzukommenden Bindungsprimitiven. **default** beschreibt den Fall, das zwischen zwei Atombeschreibungen keine Bindung angegeben wird. [7][8]

SMARTS-Syntax	Beschreibung
default	Einfach- oder aromatische Bindung
? \ und ? /	nach oben oder nicht spezifiziert und nach unten oder nicht spezifiziert
~	beliebige Bindung (Wildcard)
©	beliebige Bindung in einem Ring

Logische Operatoren

Atom- und Bindungsprimitive können in der SMARTS Sprache mit Hilfe von logischen Operatoren verknüpft werden. Im der Tabelle 5 sind die Operatoren aufgelistet.

Tabelle 5: Beschreibung der logischen Operatoren in der SMATRTS Sprache, wobei es sich bei SMARTSExp um ein Atom- oder Bindungsprimitiv handelt. [8]

SMARTS-Syntax	Beschreibung
$!<\text{SMARTSExp}>$	nicht $<\text{SMARTSExp}>$
$<\text{SMARTSExp1}> \& <\text{SMARTSExp2}>$	$<\text{SMARTSExp1}>$ und $<\text{SMARTSExp2}>$ (starke Bindung)
$<\text{SMARTSExp1}>, <\text{SMARTSExp2}>$	$<\text{SMARTSExp1}>$ oder $<\text{SMARTSExp2}>$
$<\text{SMARTSExp1}>; <\text{SMARTSExp2}>$	$<\text{SMARTSExp1}>$ und $<\text{SMARTSExp2}>$ (schwache Bindung)

Unterbrechungen

Auch in der SMARTS Sprache sind Atom-Unterbrechungen, also nicht miteinander verbundene Atome mit Hilfe eines „.“ möglich. Bei der SMARTS Sprache ist es zusätzlich noch möglich durch Setzung von Klammern ein unterschiedliches Betrachten von SMARTS-Ausdrücken zu ermöglichen (siehe Tabelle 6).

Tabelle 6: Beschreibung für mögliche Unterbrechungen innerhalb der SMATRTS Sprache. Bei SMARTSExp handelt es sich um ein Atomprimitiv. [8]

SMARTS-Syntax	Beschreibung
$<\text{SMARTSExp1}>. <\text{SMARTSExp2}>$	$<\text{SMARTSExp1}>$ und $<\text{SMARTSExp2}>$ können, müssen aber nicht verbunden sein
$(<\text{SMARTSExp1}>). (<\text{SMARTSExp2}>)$	$<\text{SMARTSExp1}>$ und $<\text{SMARTSExp2}>$ matchen in verschiedenen (nicht kovalent verbundenen) Fragmenten
$(<\text{SMARTSExp1}>). <\text{SMARTSExp2}>$	$<\text{SMARTSExp1}>$ und $<\text{SMARTSExp2}>$ matchen unabhängig voneinander

Rekursive Ausdrücke

Ein weiterer Zusatz der SMARTS Sprache ist die Erweiterung der Beschreibung von Atomeigenschaften, durch rekursive Ausdrücke. Unter rekursiven Ausdrücken versteht man die Beschreibung der Atomumgebung durch einen weiteren SMARTS-Ausdruck in der Form $\$(\text{SMARTSExp})$. [7][8]

Beispiel 1.1.6.

$[\text{C}[\$(\text{CO})]]$ beschreibt ein Kohlenstoffatom, welches als Umgebung kovalent an ein Sauerstoffatom gebunden ist

1.1.3 Subgraph-Isomorphie

Ein weiterer Begriff der vorab erläutert werden muss ist der der Subgraph-Isomorphie. Die Subgraph-Isomorphie ist ein \mathcal{NP} -vollständiges Graphenproblem der theoretischen Informatik. [4][8][14]

Gegeben sei ein Graph $G = (V, E)$. V beschreibt die Menge an Knoten, die im Graphen G enthalten sind und E die Menge an Kanten des Graphen, so dass gilt:

$$E \subseteq \{(v_i, v_j) | v_i, v_j \in V, v_i \neq v_j\} \quad (1)$$

Gegeben sei ein weiterer Graph $G' = (V', E')$. Besitzen zwei Graphen G und G' die gleiche Menge an Knoten $V = V'$ und die gleiche Menge an Kanten $E = E'$ so gilt auch $G = G'$, sie sind also gleich oder automorph. Gilt für $G'(V', E')$

$$V' \subseteq V, E' \subseteq E \cap (V' \times V') \quad (2)$$

so ist G' ein Subgraph von G . Gilt weiter

$$E' = \{(v_i, v_j) \in E | v_i, v_j \in V'\}, \quad (3)$$

so ist G' ein induzierter Subgraph von G .

Gegeben seien nun zwei Graphen G und F , die eine unterschiedliche Knotenmenge haben, also nicht gleich sein können. Sie lassen sich dennoch durch den Isomorphiebegriff miteinander vergleichen. Die Isomorphie ist ein Fachbegriff der Graphentheorie und wird geschrieben als $G \simeq F$. Ein Graph G ist zu einem anderen Graph F genau dann isomorph, wenn eine bijektive Abbildung $m : V_F \rightarrow V_G$ existiert mit

$$(v_i, v_j) \in E_F \Leftrightarrow (m(v_i), m(v_j)) \in E_G. \quad (4)$$

Die Abbildung m wird dann als Isomorphismus von F nach G bezeichnet. Unter der Graphenisomorphie bezeichnet man einen Isomorphismus zweier Graphen gleicher Größe. Besitzt Graph F eine geringerer Anzahl an Knoten und Kanten als G spricht man von Subgraph-Isomorphie, falls F zu einem Teilgraphen von G isomorph ist, also gilt

$$V_F \rightarrow V_{G'}, V_{G'} \subseteq V_G \quad (5)$$

mit

$$(v_i, v_j) \in E_F \Leftrightarrow (m(v_i), m(v_j)) \in E_{G'} \quad (6)$$

für einen induzierten Subgraph, bzw.

$$(u, v) \in E_F \Rightarrow (m(u), m(v)) \in E_{G'} \quad (7)$$

2 Lösungsstrategie

In dieser Arbeit wird ein Verfahren vorgestellt, das es ermöglicht zwei chemische Muster auf eine Teilmengen-Relation zu untersuchen. Dabei wird zwischen Anfrage- und Zielmuster unterschieden. Wird eine Teilemengen-Relation festgestellt so erfolgt die Ausgabe der Lösung durch ein eindeutiges *Mapping* des Anfrage- und Zielmusters. Dieses *Mapping* ordnet den Atomen Anfragemusters das dazugehörigen Atom des Zielmusters zu.

Mit dieser Lösung kann herausgefunden werden, ob unterschiedlich definierte Muster dennoch Molekülmengen beschreiben, die eine Teilmengen-Relation entsprechen. Somit können, wie im Kapitel 1 beschrieben, zum Beispiel bei einer Beschreibung der gleichen Molekülmenge redundante Muster identifiziert werden.

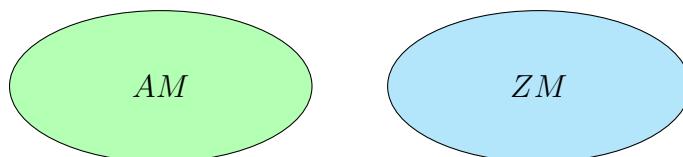
Im folgenden Kapitel soll ein Überblick über die entwickelten Konzepte [11] und die Struktur der Lösung des in Kapitel 1 vorgestellten Problems gegeben werden.

2.1 Konzepte

Zum besseren Verständnis werden im Folgenden die entwickelten Konzepte des Verfahrens erläutert, die eine Untersuchung auf Teilmengen-Relationen ermöglichen.

2.1.1 Relationen

Die vorliegende Arbeit behandelt den Vergleich von chemischen Mustern anhand von Teilmengen-Relationen. Das entwickelte Verfahren kann chemische Muster auf vier Teilmengen-Relationen überprüfen. Gleichheit ($=$), Untermenge (\subseteq), Obermenge (\supseteq) und Schnitt (\cap). Die genaue Definition dieser Teilmengen-Relationen soll in diesem Abschnitt beschrieben werden, wobei zwischen Anfrage- (A) und Zielmuster (Z) unterschieden wird. Die Mengen an Molekülen, die vom Anfrage- bzw. Zielmuster beschrieben wird werden als AM und ZM bezeichnet und werden in diesem Kapitel zur Veranschaulichung als Venn-Diagramme präsentiert.



Gleichheit

Wenn zwei Beschreibungen von chemische Muster in allen atomaren und strukturellen Eigenschaften übereinstimmen, dass heißt die beschriebenen Molekülmengen verhalten sich wie im folgenden dargestellten Venn-Diagramm,

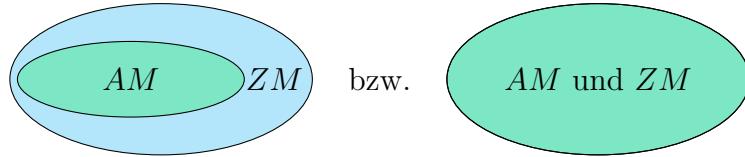


dann gilt:

$$A = Z \quad (8)$$

Untermenge

Wenn das Anfragemuster in seinen atomaren und strukturellen Eigenschaften im Vergleich zum Zielmuster spezifizierter oder gleich weit spezifiziert ist, sich die Molekülmengen der beiden chemischen Muster wie folgt verhalten,

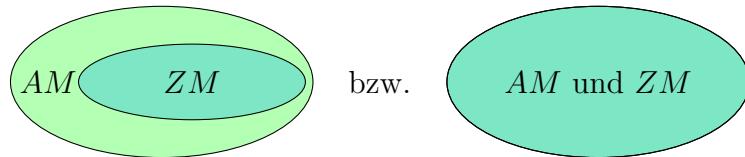


dann gilt:

$$A \subseteq Z \quad (9)$$

Obermenge

Wenn das Anfragemuster in seinen atomaren und strukturellen Eigenschaften im Vergleich zum Zielmuster allgemeiner oder gleich weit spezifiziert ist, sich die Molekülmengen der beiden chemischen Muster also wie folgt verhalten,



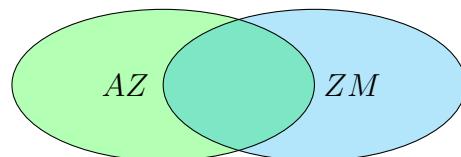
dann gilt:

$$A \supseteq Z \quad (10)$$

Schnitt

Zwei chemische Muster haben in zwei Fällen einen gemeinsamen, nicht leeren Schnitt. Entweder wenn sie durch logische Alternative einen Überlappung von atomaren oder

strukturellen Eigenschaften besitzen, oder es innerhalb des Anfragemusters Teilstrukturen gibt, die eine Untermenge des Zielmusters beschreiben sowie Teilstrukturen, die eine Obermenge des Zielmusters beschreiben. Verhalten sich also die beiden chemischen Muster in ihrer Molekülmenge wie folgt,



dann gilt:

$$A \cap Z \quad (11)$$

2.1.2 Valenzzustände

Um zwei chemische Muster auf, die in Kapitel 2.1.1 vorgestellten, Teilmengen-Relationen zu überprüfen, muss es ermöglicht werden die Menge an Eigenschaften, die Atome und Bindungen beschreiben miteinander vergleichen zu können. Für die komplexen Atombeschreibungen muss dafür der Begriff des Valenzzustandes eingeführt werden. Allgemein versteht man unter einem Valenzzustand einen relevanten Zustand den ein zu untersuchendes Element einnehmen kann. Durch den anschließenden Vergleich der chemisch möglichen Valenzzustände von zwei zu untersuchenden Atomenbeschreibungen ist dann eine Untersuchung auf Teilmengen-Relationen möglich.

In der hier vorgestellten Lösung besteht die Menge der Eigenschaften, die ein Valenzzustand eines Atoms beschreiben kann aus:

- Atomname
- Atomnummer
- Atomgewicht
- Atomvalenz
- Anzahl der Einfachbindungen
- Anzahl der Doppelbindungen
- Anzahl der Dreifachbindungen
- Formalladung
- Anzahl der Bindungen zu Wasserstoffatomen
- ob das Atom aromatisch ist
- in wie vielen Ringen eines SSSR¹ sich das Atom

¹smallest set of smallest rings

- welche Größe hat der kleinsten SSSR-Ring in dem sich das Atom befindet
- Anzahl der Bindungen in Ringen

Anhand dieser Eigenschaften ist es möglich die komplexe Struktur der Atombeschreibungen eines chemischen Musters zu kategorisieren und zu analysieren.

2.1.3 Fingerprint

Anhand der Menge von chemisch möglichen Valenzzuständen eines in chemischem Mustern vorkommenden Atoms, kann ein Fingerprint generiert werden. Ein Fingerprint ist eine Repräsentation aller, durch die oben beschriebenen Eigenschaften möglichen Valenzzustände. Dieser Fingerprint in Form eines Bit-Arrays (siehe Abb. 2) gibt an, ob eine Atombeschreibung ein Valenzzustand beschreibt (Bit auf „1“ gesetzt) oder nicht (Bit auf „0“ gesetzt).

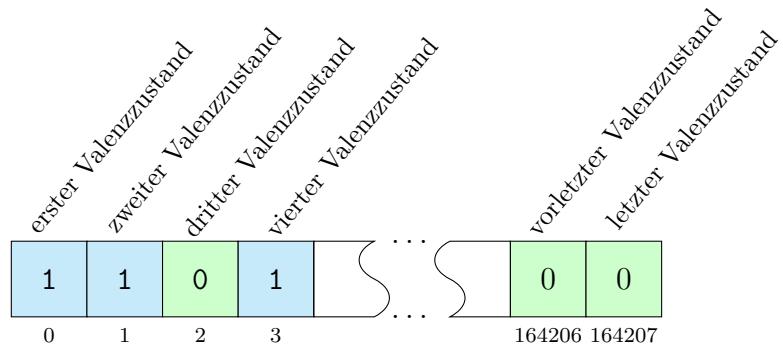


Abbildung 2: Schematische Darstellung eines Fingerprints für eine Atombeschreibung

Der Fingerprint für den Vergleich zwischen zwei Bindungen kann ohne den Begriff der Valenzzustände erstellt werden. Benötigt wird ein Bit-Array bestehend aus fünf Bits, die die folgenden Bindungen beschreiben:

1. Bit: Einfachbindung
2. Bit: Doppelbindung
3. Bit: Dreifachbindung
4. Bit: Ringbindung
5. Bit: Aromatische Bindung

Abbildung 3 zeigt schematisch, wie dieses Bit-Array für den Fingerprint einer Bindung aufgebaut ist. Hier wird beispielsweise eine Bindung, die sowohl eine Einfach-, Doppel- oder Ringbindung beschreibt dargestellt.

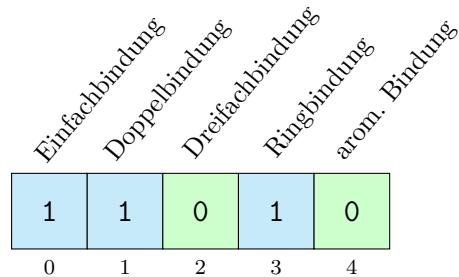


Abbildung 3: Schematische Darstellung eines Fingerprints für eine Bindungsbeschreibung

2.2 Struktur

Anhand der in Kapitel 2.1 erläuterten Konzepte ist es möglich das Verfahren zur Untersuchung auf Teilmengen-Relationen zu realisieren. Es gliedert sich in sechs grundlegende Schritte. Ein groben Überblick über die Struktur wird im Folgenden anhand der Abbildung 4 gegeben. Die Schritte sind in Kapitel 3 detailliert beschrieben.

Die Eingaben des Verfahrens beinhalten ein Anfragemuster mit Atomen (durch „VA“ mit eindeutiger Identifikationsnummer in der Abbildung 4 beschrieben) sowie Bindungen (durch „EA“ und eindeutiger Nummer beschrieben). Das Anfrage-Muster hat eine beliebige Größe (Ausgegrauter Bereich ab Atom „VA2“). Das Zielmuster hat die Atome („VZ“) und Bindungsbezeichnung („EZ“) und hat ebenfalls eine beliebige Größe. Zu den beiden Mustern wird noch eine der vier möglichen Teilmengen-Relation angegeben.

Im ersten Schritt werden die Muster aufbereitet und gefiltert. Die Aufbereitung erfolgt durch die eindeutige Kennzeichnung jedes Atoms (Knoten) der Muster durch ein . Anschließend wird je nach Teilmengen-Relation überprüft, ob ein Vergleich der gegebenen Muster möglich ist (siehe Abbildung 4 Schritt 1).

Der zweite Schritt wird ausgeführt, falls die Überprüfung der Muster positiv war. Ansonsten erfolgt keine Ausgabe, da keine bijektive Abbildung gefunden wurde. In ihm werden für alle Atome und Bindungen der Muster Fingerprints erstellt.

Im dritten Schritt werden anhand der gegebenen Teilmengen-Relation die Fingerprints verglichen. Die Fingerprints der Knoten des Anfragemusters werden mit allen Fingerprints der Knoten des Zielmusters paarweise verglichen (in Abbildung 4 entsprechen die grünen Pfeile einer positiven Überprüfung einer Teilmengen-Relation, rote Pfeile einer negativen Überprüfung).

Entsprechen zwei Fingerprints der gegebenen Teilmengen-Relation, so wird im vierten Schritt in der Relations-Matrix der entsprechende Eintrag auf „1“ gesetzt.

Im fünften Schritt werden die gewonnenen Matrizen an einen Algorithmus zur Untersuchung auf Subgraph-Isomorphie übergeben.

Das Ergebnis des gefundenen Isomorphismus wird dann in Form eines eindeutigen *Mappings* als Ausgabe im letzten Schritt gebracht und ausgegeben.

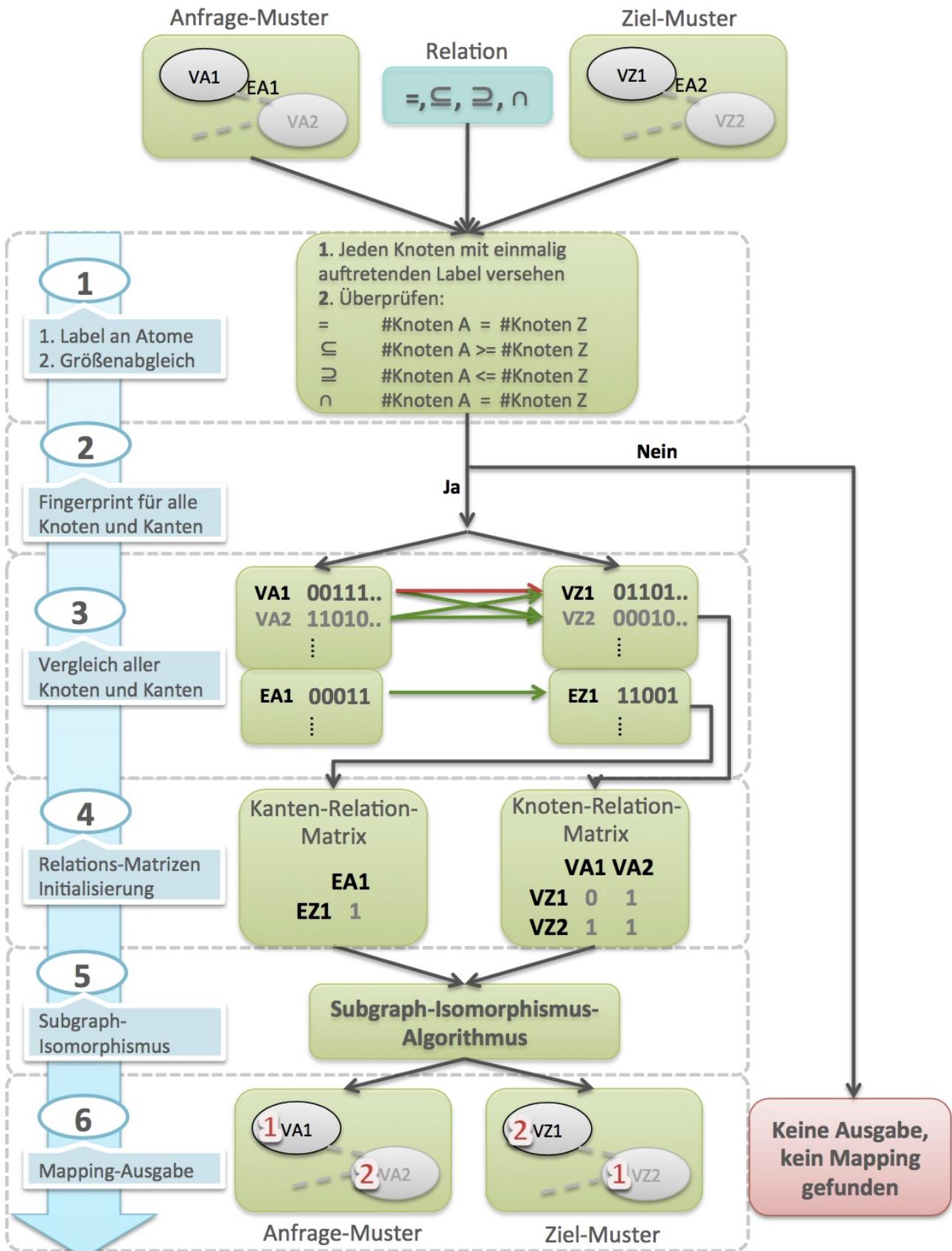


Abbildung 4: Schematischer Ablauf des entwickelten Verfahrens.

3 Realisierung

Das Programm *SmartsSmarts* wurde, wie in Kapitel 2.2 beschrieben, in sechs Schritten realisiert. Im folgenden Kapitel sollen diese Schritte erläutert werden.

Grundlage des Programms zum Vergleich von chemischen Mustern sind die in Kapitel 1.1.2 vorgestellten SMARTS-Ausdrücke. Dem Programm werden neben einem Anfrage-SMARTS und Ziel-SMARTS zudem die zu untersuchende Teilmengen-Relation übergeben. Anschließend werden die folgenden Schritte durchgeführt.

3.1 Aufarbeitung und Auswahl

Der Anfrage- und Ziel-SMARTS wird zunächst in eine Form gebracht, die es ermöglicht im letzten Schritt des Verfahrens das *Mapping* zu erzeugen. Die dazu genutzten *Label* sind eindeutige Identifikationsnummern, die als :ID an die Knoten eines SMARTS-Ausdrucks gefügt werden können. Dabei wird jedes Label einmalig an das Vergleichspaar aus Anfrage- und Ziel-SMARTS vergeben. Bestehende *Label* bleiben bestehen.

Anschließend werden für Anfrage- und Ziel-SMARTS überprüft, ob ein Vergleich grundsätzlich anhand der Knoten-Anzahl und der gegebenen Relation der Muster möglich ist (siehe Tabelle 7). Für die Schnitt-Relation (\cap) ist zu beachten, dass Anfrage- und Ziel-SMARTS die gleiche Anzahl an Knoten haben müssen, damit ein nicht leerer Schnitt vorliegt. Grund dafür ist, dass die Schnitt-Menge zweier SMARTS-Muster ein SMARTS-Ausdruck beschreiben, welcher eine Untermenge von Anfrage- und Ziel-SMARTS sein soll. Wären die beiden Muster unterschiedlich groß, wäre der nicht leere Schnitt maximal so groß wie der kleinere SMARTS-Ausdruck. Für das größere Muster kann also keine Untermengen-Relation vorliegen.

Tabelle 7: Anzahlüberprüfung der Knoten von Anfrage-SMARTS (*Query*) und Ziel-SMARTS (*Target*)

Relation	Bedingung
=	$QueryNodeCount = TargetNodeCount$
\subseteq	$QueryNodeCount \geq TargetNodeCount$
\supseteq	$QueryNodeCount \leq TargetNodeCount$
\cap	$QueryNodeCount = TargetNodeCount$

3.2 Fingerprintgenerierung

Die Basis für die Untersuchung auf eine bestimmte Teilmengen-Relation wird in diesem Schritt gewonnen. Anhand der Fingerprints von Knoten und Kanten können zwei chemische Muster miteinander verglichen werden. In Kapitel 2.1.2 und 2.1.3 wurde bereits das Konzept des Fingerprints beschrieben. Beide SMARTS-Ausdrücke werden in eine digitale Graphenstruktur übertragen. Über diesen Graphen wird anschließend iteriert um für jeden Knoten und jede Kante den Fingerprint zu erstellen.

Für Knoten werden, wie Tabelle 8 zeigt, Eigenschaften ausgelesen und anhand dieser der Fingerprint generiert.

Tabelle 8: Eigenschaften der Valenzzustände für Atome und ihre zugehörigen SMARTS-Atomprimitive

Eigenschaft	abgeleitet aus SMARTS-Atomprimitiv
Element	* , a, A und alle Elementnamen
Atomnummer	#n
Atomgewicht	<n>
Atomvalenz	v<n>
Anzahl der Einfachbindungen	D<n>, H<n>
Anzahl der Doppelbindungen	D<n>
Anzahl der Dreifachbindungen	D<n>
Formalladung	+<n>, -<n>
Anzahl zu Wasserstoffatomen	D<n>, H<n>
ob das Atom aromatisch ist	* , a, A und alle Atomnamen
in wie vielen Ringen eines SSSR sich das Atom befindet	R<n>
welche Größe hat der kleinsten SSSR-Ring in dem sich das Atom befindet	r<n>
Anzahl der Bindungen in Ringen	x<n>

Die Generierung erfolgt durch eine sequentielle Abfrage und Abgleich aller Eigenschaften und dementsprechender Bit-Setzung. Ausgegangen wird von einem Bit-Array bei dem jedes Bit auf „1“ gesetzt ist. Im ersten Schritt werden, wie im Algorithmus 1 beschrieben, die Bits, der Valenzzustände, die nicht durch die Atomnamen-Eigenschaften des Knotens beschrieben sind auf „0“ gesetzt. Zudem wird in diesem schritt bereits die Aromazität für später untersucht.

Algorithm 1 Fingerprintgenerierung Teil 1 [11]

```

1: procedure TAKEPROPERTYFINGERPRINT(node)
2:   node_is_aliphatic = true
3:   node_is_aromatic = true
4:   for all (node_Symbol = GETNODESSYMBOL(node)) do ▷ Abbildung Atomname
5:     for all (i ∈ [1, nof_valenceStates]) do
6:       temp_bit_array[i] = false
7:       if (node_symbol ≠ SMARTS_ANY_ATOM)
8:         for all (i ∈ [1, nof_valenceStates]) do
9:           if (node_symbol = GETSYMBOL(valencestates[i]))
10:            temp_bit_array[i] = true
11:           if (NODESYMBOLNEGATIONFLAG(node) == true)
12:             for all (i ∈ [1, nof_valenceStates]) do
13:               if (temp_bit_array[i] == true)
14:                 temp_bit_array[i] = false
15:               else
16:                 temp_bit_array[i] = true
17:             else
18:               for all (i ∈ [1, nof_valenceStates]) do
19:                 temp_bit_array[i] = true
20:               if (NODESYMBOLNEGATIONFLAG(node) == true)
21:                 if (NODEISALIPHATIC(node) == NODEISAROMATIC(node))
22:                   for all (i ∈ [1, nof_valenceStates]) do
23:                     temp_bit_array[i] = false
24:                   if (NODEISALIPHATIC(node) == true)
25:                     if (NODESYMBOLNEGATIONFLAG(node) == false)
26:                       node_is_aliphatic = true
27:                     else
28:                       node_is_aliphatic = false
29:                     if (NODEISAROMATIC(node) == true)
30:                       if (NODESYMBOLNEGATIONFLAG(node) == false)
31:                         node_is_aliphatic = true
32:                       else
33:                         node_is_aromatic = false
34:             sec_temp_bit_array = temp_bit_array ∧ sec_temp_bit_array
35:             bit_array = bit_array ∨ sec_temp_bit_array

```

Die meisten Eigenschaften können anschließend durch einen Abgleich von Graphen-Eigenschaften und Valenzzuständen im Bit Array weiter geprüft werden und gegebenenfalls weitere Bits auf "0" gesetzt werden. Im Algorithmus 2 und Algorithmus 3 sind die Verarbeitung der Eigenschaften der Bindungen ($D<n>$) und der Aromazität beschrieben, da diese nicht direkt aus der Graphenstruktur abzulesen sind.

Algorithm 2 Fingerprintgenerierung Teil 2 [11]

```

1: for all ( $i \in [1, nof\_valenceStates]$ ) do
2:    $temp\_bit\_array[i] = \text{false}$ 
3: for all ( $node\_degree = \text{GETNODESDEGREE}(node)$ ) do            $\triangleright$  Abbildung D<n>
4:   for all ( $i \in [1, nof\_valenceStates]$ ) do
5:     if  $\left( \begin{array}{l} node\_degree \neq (\text{GETNOFBONDS}(valencestates[i]) \\ - \text{GETNOFHYDROGENS}(valencestates[i])) \text{ and} \\ (\text{NODEDEGREENEGATIONFLAG}(node) == \text{false}) \end{array} \right)$ 
6:     or  $\left( \begin{array}{l} node\_degree = (\text{GETNOFBONDS}(valencestates[i]) \\ - \text{GETNOFHYDROGENS}(valencestates[i])) \text{ and} \\ (\text{NODEDEGREENEGATIONFLAG}(node) == \text{true}) \end{array} \right)$ 
7:     and  $bit\_array[i] == \text{true}$ 
8:      $bit\_array[i] = \text{false}$ 
9:    $temp\_bit\_array = temp\_bit\_array \vee bit\_array$ 
10:   $bit\_array = bit\_array \wedge temp\_bit\_array$ 

```

Algorithm 3 Fingerprintgenerierung Teil 3 [11]

```

1: for all ( $i \in [1, nof\_valenceStates]$ ) do            $\triangleright$  Abbildung Aromazität
2:   if  $\left( \begin{array}{l} (node\_is\_aromatic == \text{true} \text{ and } node\_is\_aliphatic == \text{false}) \\ \text{and } \text{IsAROMATIC}(valencestates[i]) == \text{false} \end{array} \right)$ 
3:   or  $\left( \begin{array}{l} (node\_is\_aromatic == \text{false} \text{ and } node\_is\_aliphatic == \text{true}) \\ \text{and } \text{IsAROMATIC}(valencestates[i]) == \text{true} \end{array} \right)$ 
4:   and  $bit\_array[i] == \text{true}$ 
5:    $bit\_array[i] = \text{false}$ 

```

Für die Kanten wird der Fingerprint wie in Tabelle 9 beschrieben generiert, wobei alle Eigenschaften direkt aus der Graphenstruktur abzulesen sind.

Tabelle 9: Eigenschaften zur Generierung des Fingerprints einer Bindung und dazugehörige Bindungsprimitive

Eigenschaft	SMARTS-Bindungsprimitive
Einfachbindung	$-$, $/$, \backslash , \sim
Doppelbindung	$=$, \sim
Dreifachbindung	$\#$, \sim
Ringbindung	\circ , \sim
aromatische Bindung	$:$, \sim

Nicht alle Eigenschaften eines SMARTS-Ausdruck können in dem hier vorgestellten Verfahren verarbeitet werden. Zum Beispiel können die in Kapitel 1.1.2 beschriebenen Rekursionen, die für SMARTS-Ausdrücke genutzt werden, um Umgebungen von SMARTS-

Primitiven zu definieren nicht beachtet werden. Weitere nicht unterstützte SMARTS-Primitve sind im Kapitel 6.1. Lösungsansätze werden in Kapitel 7 beschrieben.

3.3 Vergleich und Aufbau Relation-Matrix

Für die Untersuchung auf einen Subgraphisomorphismus von zwei chemischen Mustern benötigt man Initial-Matrizen für Knoten und Kanten, die die möglichen bijektiven Abbildungen der einzelnen Elemente repräsentieren. Anschließend wird die Initial-Matrix der Knoten und die der Kanten zusammen mit den Adjazenzmatrizen¹ der beiden chemischen Mustern an einen Algorithmus zur Berechnung des Isomorphismus übergeben. In dieser Arbeit wurde dazu der Algorithmus nach Ullmann [15] verwendet.

Anhand der Fingerprints, die für alle Bestandteile der beiden zu untersuchenden SMARTS-Ausdrücke erstellt wurden, können Rückschlüsse auf die Teilmengen-Relationen gezogen werden.

Für den Vergleich werden einfache Bit-Operationen genutzt. Die Tabelle 10 zeigt welche Bit-Operationen dazu ausgeführt werden müssen, um die Teilmengen-Relationen zu überprüfen. Anschließend können mit den Ergebnissen der Vergleiche die Initial-Matrizen initialisiert werden. In diesem Kontext werden sie als Relations-Matrizen bezeichnet, da sie Rückschlüsse auf Teilmengen-Relationen geben.

Tabelle 10: Ergibt die durchgeführte Bit-Operation aus der linken Spalte ein Bit-Array, welches keine auf „1“ gesetzten Bits enthält, so gilt die in der rechten Spalte angegebene Teilmengen-Relation [11]

Bit-Operation	Teilmengen-Relation
$\text{QueryArray} \oplus \text{TargetArray}$	$\text{Query} = \text{Target}$
$(\text{QueryArray} \wedge \text{TargetArray}) \oplus \text{QueryArray}$	$\text{Query} \subseteq \text{Target}$
$(\text{TargetArray} \wedge \text{QueryArray}) \oplus \text{TargetArray}$	$\text{Query} \supseteq \text{Target}$

Wird für zwei Knoten oder zwei Kanten festgestellt, dass die angegebene Teilmengen-Relation besteht so wird der Matrix Eintrag auf „1“ gesetzt. Abbildung 5 zeigt ein Beispiel einer initialisierten Relations-Matrix von zwei SMARTS-Ausdrücken.

$$\begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$$

Abbildung 5: Die Matrix ist ein Beispiel einer Relations-Matrix der Teilmengen-Relation \subseteq , die mit dem Anfrage-SMARTS $P(=S)(S)S$ und dem Ziel-SMARTS $S=P\sim[*,\#1]$ initialisiert wurde. Die Spalten entsprechen den Knoten des Anfrage-SMARTS und die Zeilen den Knoten des Ziel-SMARTS

¹Matrix zugehörig zu einem Graphen, die durch „1“ angeben, dass eine Kante zwischen zwei Knoten besteht oder durch „0“, dass es keine Kante zwischen zwei Knoten gibt. Dabei besitzt sie für jeden Knoten eine Zeile (i) und eine Spalte (j). Ein Element (i, j) gibt die Adjazenz vom i ten und j ten Knoten an [14]

Zur Überprüfung der Teilmengen-Relation $Query \cap Target$ kann keine einfache Bit-Operation durchgeführt werden. Durch Zuhilfenahme der in Tabelle 10 beschriebenen Bit-Operationen können zwei Elemente auf $Query \cap Target$ geprüft werden. Zwei chemische Muster haben einen wie in Kapitel 2.1.1 nicht leeren Schnitt in zwei Fällen:

Sei $G^Q(V^Q, E^Q)$ die Graphenrepräsentation des Anfrage-SMARTS und $G^T(V^T, E^T)$ die Graphenrepräsentation des Ziel-SMARTS. Weiter sei ein Knoten $v \in V$ bestehend aus der Menge an logischen Alternativen LA_v , sowie eine Kante $e \in E$ bestehend aus der Menge an logischen Alternativen LA_e dann muss für ein mögliches *Mapping* gelten:

$$\begin{aligned} & \left[\exists v_Q \in V^Q \exists v_T \in V^T \left((\exists a_Q \in LA_{v_Q} \exists a_T \in LA_{v_T} (a_Q =, \subseteq, \supseteq a_T) \right. \right. \\ & \quad \wedge \exists a'_Q \in LA_{v_Q} \neq a_Q \exists a'_T \in LA_{v_T} \neq a_T (a'_Q \neq a'_T) \Big) \\ & \quad \wedge \forall v'_Q \in V^Q \forall v'_T \in V^T \left(v'_Q \neq v_Q \wedge v'_T \neq v_T \wedge v'_Q =, \subseteq, \supseteq v'_T \right) \Big] \\ & \vee \left[\exists e_Q \in E^Q \exists e_T \in E^T \left((\exists a_Q \in LA_{e_Q} \exists a_T \in LA_{e_T} (a_Q =, \subseteq, \supseteq a_T) \right. \right. \\ & \quad \wedge \exists a'_Q \in LA_{e_Q} \neq a_Q \exists a'_T \in LA_{e_T} \neq a_T (a'_Q \neq a'_T) \Big) \\ & \quad \wedge \forall e'_Q \in E^Q \forall e'_T \in E^T \left(e'_Q \neq e_Q \wedge e'_T \neq e_T \wedge e'_Q =, \subseteq, \supseteq e'_T \right) \Big] \end{aligned} \quad (12)$$

oder

$$\begin{aligned} & \left((\exists v_Q \in V^Q \exists v_T \in V^T (v^Q \subset v^T) \wedge \exists v'_Q \in V^Q \exists v'_T \in V^T (v'_Q \neq v_Q \wedge v'_T \neq v_T \wedge v'^Q \supset v'^T)) \right. \\ & \quad \vee \left(\exists e_Q \in E^Q \exists e_T \in E^T (e^Q \subset e^T) \wedge \exists e'_Q \in E^Q \exists e'_T \in E^T (e'_Q \neq e_Q \wedge e'_T \neq e_T \wedge e'^Q \supset e'^T) \right) \Big) \\ & \wedge \forall v''_Q \in V^Q \forall v''_T \in V^T (v''_Q \neq v'_Q \neq v_Q \wedge v''_T \neq v'_T \neq v_T \wedge v''^Q =, \subseteq, \supseteq v''^T) \\ & \wedge \forall e''_Q \in E^Q \forall e''_T \in E^T (e''_Q \neq e'_Q \neq e_Q \wedge e''_T \neq e'_T \neq e_T \wedge e''^Q =, \subseteq, \supseteq e''^T) \end{aligned} \quad (13)$$

Beispiel 3.3.1 zeigt, zwei SMARTS-Ausdrücke bei denen für jeweils den ersten Knoten Formel (12) gilt. Für alle weiteren Knoten und Kanten muss dann einheitlich \subseteq, \supseteq oder $=$ gelten.

Beispiel 3.3.1.

Anfrage-SMARTS	$[C1, I]$	\sim	0
Teilmengen-Relation	\cap	$=$	$=$
Ziel-SMARTS	$[C1, F]$	\sim	0

Beispiel 3.3.2 zeigt, zwei SMARTS-Ausdrücke bei denen Formel (13) gilt. Für mindestens einen Knoten gilt \supseteq , in diesem Beispiel ist es jeweils der letzte Knoten. Des weiteren gilt

für mindestens ein Knoten- oder Bindungspaar \subseteq , in diesem Beispiel die jeweils ersten beiden Knoten und die Bindung.

Beispiel 3.3.2.

Anfrage-SMARTS	$[C; !R]$	=	0
Teilmengen-Relation	\subset	\subset	\supset
Ziel-SMARTS	$[#6]$	\sim	$[OH]$

3.4 Subgraphisomorphie Analyse

Anhand der im eben beschriebenen generierten Relations-Matrizen von Knoten und Kanten ist es nun möglich zwei Muster auf eine Subgraphisomorphismus zu untersuchen.

Mit der für die Knoten erzeugten Relations-Matrix, den jeweiligen Adjazenz-Matrizen und der Information zur Vereinbarkeit der Kanten durch die entsprechende Relations-Matrix wird durch den Algorithmus nach Ullmann ein Isomorphismus gesucht und die gefundenen bijektiven Abbildungen in Form von Permutationsmatrizen ausgegeben.

3.5 Kennzeichnung

Zur eindeutigen Zuordnung der gefundenen Isomorphismen wurde anschließend eine Änderung der *Label* des Ziel-SMARTS erzeugt, die als Abbildung des Anfrage-SMARTS dienen. Durch diese Kennzeichnung der Knoten eines Anfrage-SMARTS in einem Ziel-SMARTS wird bei der Ausgabe deutlich welche Knoten eine Abbildung darstellen. Beispiel 3.5.1 zeigt für die vier möglichen Teilmengen-Relationen die Ausgabe der gefundenen *Mappings*.

Beispiel 3.5.1.

Gleichheit:	Anfrage-SMARTS	$[C:1] (= [0:2]) [Cl, Br, I, F:3]$
	Ziel-SMARTS	$[0:2] = [C:1] - [F, Cl, Br, I:3]$
Schnitt:	Anfrage-SMARTS	$[#7:1] - [N:2] = [0:3]$
	Ziel-SMARTS	$[!#7:3] \sim [NX2:2] \sim [NX1:1]$
Untermenge:	Anfrage-SMARTS	$[0:1] = [C:2] [N:3] = [N+:4] = [N-:5]$
	Ziel-SMARTS	$[N:3] = [N+:4] = [N-:5]$
Obermenge:	Anfrage-SMARTS	$[S:1] [C:2] \# [N:3]$
	Ziel-SMARTS	$[S:1] (= [0:5]) (= [0:6]) [C:2] \# [N:3]$

4 Evaluation

4.1 Testen

Zur Überprüfung der Korrektheit des implementierten Verfahrens *SmartsSmarts* wurden im ersten Schritt der Evaluation die Hauptfunktionen, die das Verfahren nutzt, auf korrekte Ergebnisse überprüft. Welche Testfunktionen genutzt wurden wird in diesem Kapitel beschrieben.

fingerprint:

Die Testfunktion prüft, ob bei der Übergaben von einem Knoten eines SMARTS-Ausdrucks ein Fingerprint generiert wurde, der die richtigen Bits gesetzt hat.

mapping:

Überprüft die Korrektheit der Funktion bei der anhand von zwei Fingerprints und einer Teilmengen-Relation ermittelt wird, ob die gewünschte Teilmengen-Relation gefunden wurde.

nodeRelationMatrix:

Initialisiert eine Relations-Matrix und überprüft, ob diese korrekt erstellt wurde.

smartsSmartsUllmann:

Testfunktion die ermittelt, ob bei der Übergabe von zwei SMARTS-Ausdrücken und einer Teilmengen-Relation das erwartete *Mapping* in Form einer Permutationsmatrix ausgegeben wird.

Durch die Testfunktionen konnten Fehler in der Fingerprintgenerierung und der Isomorphismusanalyse durch den Algorithmus nach Ullmann identifiziert und behoben werden.

4.2 Validierung

Nachdem die Korrektheit der einzelnen Funktionen getestet wurde, erfolgte anschließende eine Validierung des implementierten Verfahrens.

Die Validierung erfolgt dabei über den Vergleich von Molekülmengen. Es wurden 6 000 Moleküle aus der ZINC-Datenbank [16] genutzt (siehe Anhang E.1).

Die genutzten SMARTS-Ausdrücke [17] wurden vom Zentrum für Bioinformatik veröffentlicht. Der Datensatz beinhaltet 1 469 SMARTS-Ausdrücke (siehe Anhang E.2).

4.2.1 Durchführung

Das implementierte Verfahren wurde validiert indem die Molekülmengen der SMARTS-Ausdrücken verglichen wurden. Das Vorgehen gliedert sich dabei in zwei Schritte.

Im ersten Schritt wird für zwei SMARTS-Ausdrücke und einer Teilmengen-Relation überprüft, ob ein *Mapping* gefunden wurde.

Schritt zwei überprüft das Verhalten von Anfrage- und Ziel-SMARTS im Bezug auf das Treffen (*Matching*) von Molekülen. Wenn ein *Mapping* gefunden wird, wird über die Molekülliste iteriert und geprüft ob Anfrage- und Ziel-SMARTS ihrer Teilmengen-Relation

entsprechend das gleiche Molekül treffen. Tabelle 11 zeigt welche Bedingungen für welche Teilmengen-Relation erfüllt sein muss.

Tabelle 11: Übersicht der Bedingungen, die die SMARTS-Ausdrücke eines *Mappings* erfüllen müssen, um für eine Teilmengen-Relation als valides *Mapping* zu gelten. Betrachtet werden dabei die Teilmengen-Relationen Gleichheit, Untermenge und Obermenge.

Teilmengen-Relation	Bedingung des <i>Matchings</i>
Gleichheit ($=$)	Anfrage-SMARTS und Ziel-SMARTS müssen gleiches Molekül treffen
Untermenge (\subseteq)	Wenn Anfrage-SMARTS Molekül trifft, muss auch Ziel-SMARTS treffen
Obermenge (\supseteq)	Wenn Ziel-SMARTS Molekül trifft, muss auch Anfrage-SMARTS treffen

Falls kein *Mapping* gefunden wird, wird ebenfalls über die Molekülliste iteriert und für jedes Molekül geprüft, ob beide SMARTS-Ausdrücken das zu überprüfende Molekül treffen. Ist dies der Fall werden die beiden SMARTS-Ausdrücke zusammen mit der Teilmengen-Relation ausgegeben, um manuell ausschließen zu können, dass ein *Mapping* nicht gefunden wurde. Solch ein Fall tritt auf, wenn innerhalb eines Moleküls unterschiedliche Atome durch den SMARTS-Ausdruck beschrieben werden.

Die Schnitt-Relation kann mit dieser Methode nicht validiert werden, da nicht gewährleistet ist, dass der Teil des Schnittes des gefundenen *Mappings* ein Molekül trifft. Bei Beispiel 4.2.1 und Abbildung 6 tritt der Fall ein, dass anhand der Molekülmengen eine Validierung nicht möglich ist. Beispiel 4.2.1 zeigt ein *Mapping* der Schnitt-Relation, wird nun das *Matching*-Verhalten der beiden SMARTS-Ausdrücke in Bezug auf das Molekül aus Abbildung 6 verglichen, wird festgestellt, dass trotz eines gefundenen *Mappings* die Molekülmengen nicht vergleichbar ist.

Beispiel 4.2.1.

Schnitt-*Mapping*: Anfrage-SMARTS | [C1,I:1]~[c:2]
Ziel-SMARTS | [C1,F:1]~[c:2]

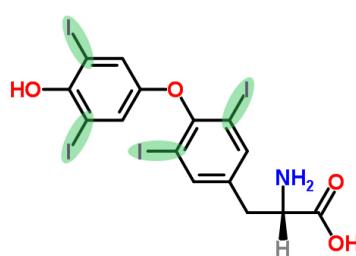


Abbildung 6: Levothyroxin mit grün gekennzeichneten Teilstrukturen, bei denen der Anfrage-SMARTS das Molekül trifft [18]

4.2.2 Resultate

Vor der Validierung gab es einen Fehler bei dem Anhängen der *Label* im Vorverarbeitungsschritt (siehe Kapitel 3.1), welcher die Ausführung des ganzen Verfahrens verhindert hat. Dieser wurde bei den Tests (siehe Kapitel 4.1) nicht aufgedeckt, da er nur bei einer Kombination aus aromatischen Elementnamen (z.B. c) mit Elementnamen bestehend aus zwei Zeichen (z.B. Br) auftritt.

Ein weiteres Fehlverhalten betrifft den zweiten Fall bei dem eine Schnitt-Relation festgestellt werden kann (siehe Kapitel 3.3 Gleichung (13)). Dieser Fall wurde durch die Validierung kenntlich gemacht.

Nachdem die beschriebenen Probleme gelöst wurden, war es möglich die Validierung durchzuführen. Bei einem Beispiel des Validierungsverfahrens wurde als Anfrage-SMARTS $N \sim [\#6]$ zusammen mit der Angabe, dass alle vier Teilmengen-Relationen an das Programm *SmartsSmarts* übergeben. Als Ziel-SMARTS wurden die SMARTS-Ausdrücke als Liste übergeben. 431 SMARTS-Ausdrücke konnten von dem Programm nicht verarbeiten werden (siehe Kapitel 6.1). Es wurden 4 Untermengen-*Mappings* und 109 Obermengen-*Mappings* gefunden, welche alle durch die Validierung bestätigt werden konnten. Die Fälle, bei denen ohne *Mapping* dennoch beide SMARTS-Ausdrücke ein Molekül getroffen wurden, wurden wie beschrieben manuell überprüft. Es konnte kein fehlendes *Mapping* festgestellt werden.

Neben diesem Beispiel wurde die Validierung mehrfach mit unterschiedlichen Anfrage-SMARTS erfolgreich durchgeführt.

4.3 Laufzeitanalyse

Für die Laufzeitanalyse wurde die benötigte Zeit des Verfahrens in Zusammenhang mit der Größe der genutzten SMARTS-Ausdrücke gebracht. Durchgeführt wurde die Laufzeitanalyse auf einem Rechner mit Intel® Core™ 7-3770S CPU 3.10GHz durchgeführt. Dabei ist zu beachten, dass nebenläufige Prozesse nicht ausgeschlossen werden können.

Abbildung 7 zeigt wie sich die Laufzeit (in Sekunden) bei Anstieg der Knotenanzahl von Anfrage- und Ziel-SMARTS verhält. Diese Laufzeitanalyse ist für alle vier Teilmengen-Relationen möglich. Deutlich erkennbar ist, dass die Überprüfung auf die Schnitt-Relation mehr Zeit benötigt, als Gleichheit, Unter- und Obermenge. Diese Zeiteinbuße lässt sich mit dem deutlich komplexeren Vorgehen erklären. Während die anderen Teilmengen-Relationen mit einer einfachen Bit-Operation (siehe Tabelle 10) überprüft werden können, sind für die Schnitt-Relation mehr Schritte nötig (vgl. Kapitel 3.3).

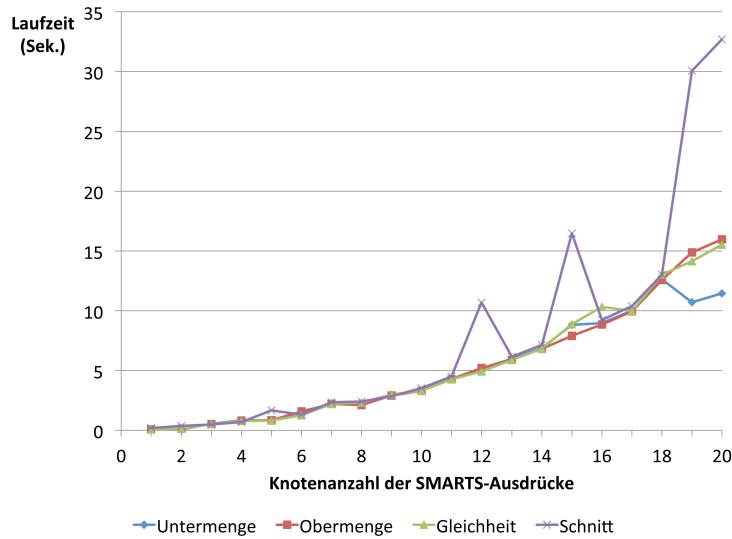


Abbildung 7: Auftragung der Laufzeit in Sekunden, gegen Anzahl der Knoten eines SMARTS-Ausdrucks, wobei Anfrage- und Ziel-SMARTS die gleiche Größe besitzen. Jede Kurve repräsentiert eine Teilmengen-Relation

Für Unter- bzw. Obermenge lässt sich noch der Fall untersuchen, beidem die Knotenzahl der SMARTS-Ausdrücke unabhängig voneinander variiert. Abbildung 8 verdeutlicht den Laufzeitanstieg (in Sekunden) bei einer gleichbleibenden SMARTS-Größe zusammen mit einer wachsenden SMARTS-Größe. Die Größe der gleichbleibenden SMARTS-Ausdrücke liegt bei einer Überprüfung auf eine Untermengen-Relation konstant bei einem Knoten. Wird auf eine Obermengen-Relation geprüft, so sind die SMARTS-Ausdrücke konstant bei einer Länge von 21 Knoten.

Diese Laufzeitanalyse lässt visuell auf eine lineare oder quadratische Laufzeit schließen. Der genutzte Algorithmus nach Ullmann benötigt im schlimmsten Fall, bei einem Anfragemuster mit Knotenzahl n und einem Zielmuster mit Knotenzahl m , eine Laufzeit, die in $O(m^n n^2)$ liegt. Da bei dem Aufbau der Relations-Matrix nm Vergleiche, und bei dem Aufbau der Kanten-Verträglichkeit zudem $(n-1)(m-1)$ Vergleiche benötigt werden, liegt die Laufzeit des entwickelten Verfahrens im schlimmsten Fall in $O(m^n n^2)$.

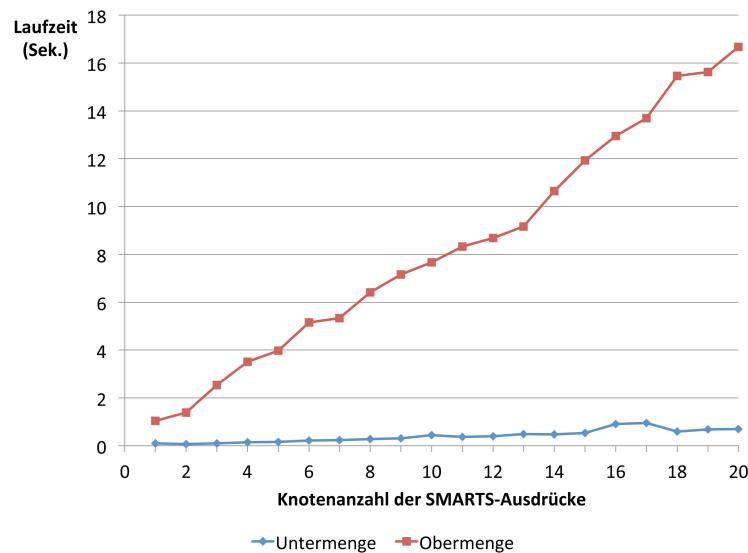


Abbildung 8: Auftragung der Laufzeit in Sekunden, gegen Anzahl der Knoten eines SMARTS-Ausdrucks, wobei ein SMARTS aus einem Knoten besteht, während der zu vergleichende SMARTS an Größe zunimmt. Dieser Fall lässt sich für Unter- und Obermengen-Relationen darstellen.

5 Experimente und Auswertung

Das hier vorgestellte und implementierte Verfahren wurde genutzt um acht verschiedene Filter bestehend aus SMARTS-Ausdrücken miteinander zu vergleichen. Diese Filter wurden von im Rahmen der Datenbank ChEMBL [19] aus den folgenden Quellen zusammengetragen:

1. Bristol-Myers Squibb HTS Deck Filters (**BMS**)
2. SureChEMBL Data (**SureChEMBL**)
3. Pan Assay Interference Compounds Filters (**PAINS**)
4. Glaxo Wellcome Hard Filters (**Glaxo**)
5. University of Dundee NTD Screening Library Filters (**Dundee**)
6. Inpharmatica Unwanted Fragments (**Inpharmatica**)
7. NIH MLSMR Excluded Functionality Filters (**MLSMR**)
8. Pfizer LINT filters (**LINT**)

Die gewonnenen Listen bestehend aus SMARTS-Ausdrücken wurden von Christian Lagner auf falsche SMARTS-Ausdrücke untersucht und diese korrigiert (siehe Anhang E.3). Sie werden als sogenannte *structural alerts* eingesetzt. Solche *structural alerts* werden genutzt um unter Umständen problematische Moleküle bei der Wirkstoffentwicklung herauszufiltern. So werden Moleküle mit toxikologisch Substrukturen oder funktionellen Gruppen ausgefiltert, aber auch bekannte instabile Moleküle, Moleküle, die bei Tests stören könnten und welche, die beim HTS (*High throughput Screening*) [3] häufige Treffer darstellen. [20]

Tabelle 12: Übersicht über die Anzahl der SMARTS-Ausdrücke pro *structural alert*-Filter vor und nach der Übergabe an das Programm *SmartsSmarts* (siehe Kapitel 3.1) des Verfahrens.

Filter-Set	Anzahl SMARTS-Ausdrücke	nach Übergabe an <i>SmartsSmarts</i>
BMS	179	87
Dundee	104	100
Glaxo	54	54
Inpharmatica	91	83
LINT	57	48
MLSMR	115	105
PAINS	480	423
SureChEMBL	165	148

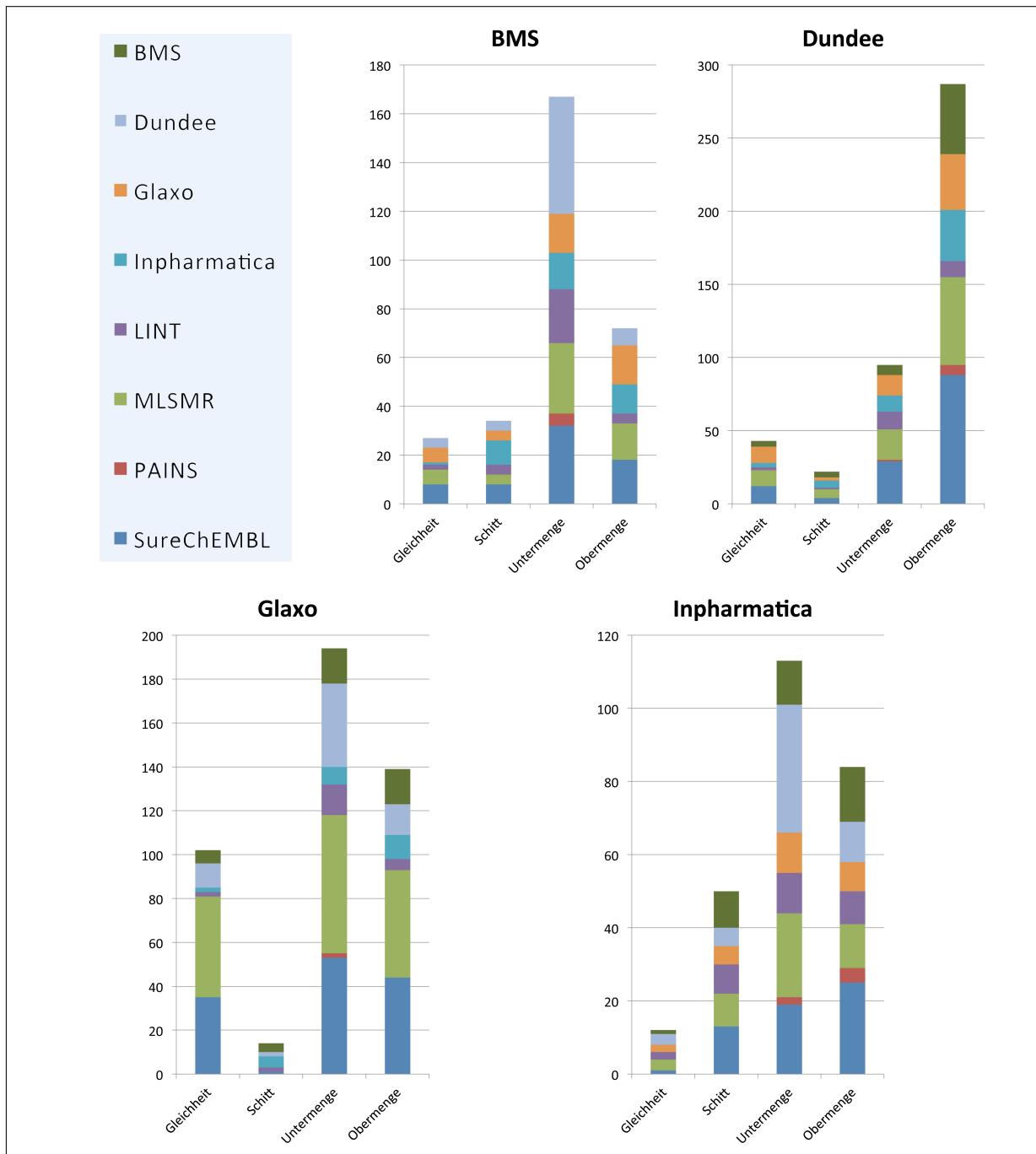


Abbildung 9: Erster Teil der Experimente: Gezeigt werden die *Mapping*-Verteilungen der einzelnen SMARTS-Filter (BMS, Dundee, Glaxo und Inpharmatica). Farbig markiert sind wie viele gefundenen *Mappings* aus welchen anderen Filtern stammen. Zu beachten sind die unterschiedlichen Skalierungen (vgl. Tabelle 12).

5.1 Diskussion der Experimente

Anhand der Ergebnisse die für die Vergleiche der Filter-Sets gewonnen wurden können Rückschlüsse auf die Art der Sets gezogen werden. Im Folgenden wird auf die Ergebnisse von jedem Filter-Set eingegangen.

BMS

Nach Durchführung der Vergleiche von dem Filter-Set von BMS mit allen anderen Filter-Sets wird deutlich, dass bei den Vergleichen vor allem eine Untermengen-Relation festgestellt wurde. Es lässt darauf schließen, dass BMS im Vergleich zu den anderen (insbesondere zu Dundee) Filter nutzt, die spezifizierter eingesetzt werden.

Dundee

Bei Dundee lässt sich genau das Gegenteil feststellen. So sind die Filter aus diesem Set allgemeiner gehalten, als andere.

Glaxo

Bei den Vergleichen mit dem Set von Glaxo wurden über 100 *Mappings* gefunden, die eine Gleichheit darstellen.

Inpharmatica

Für Inpharmatica wurden beinahe ausgewogen Ober- und Untermengen-*Mappings* gefunden.

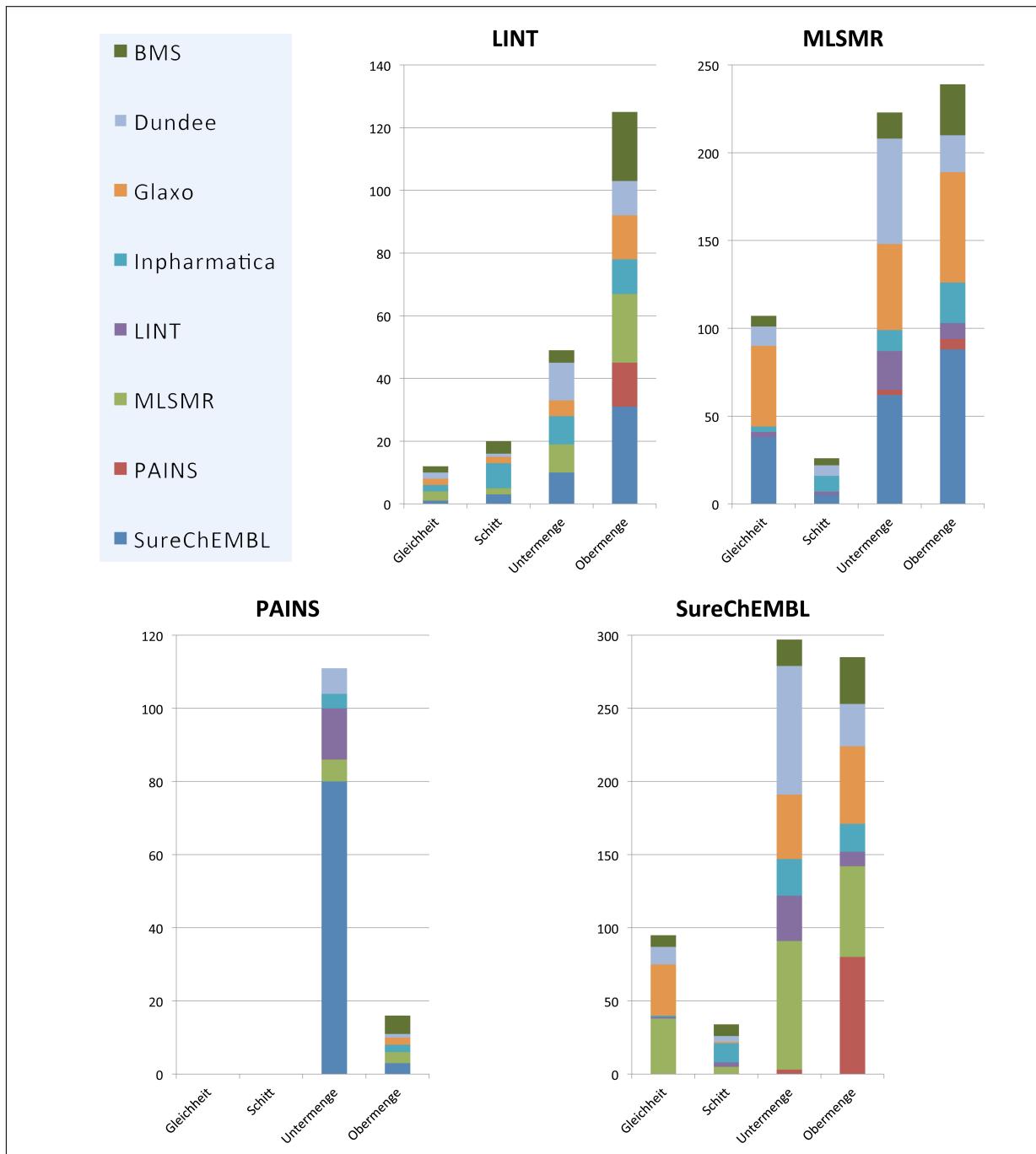


Abbildung 10: Zweiter Teil der Experimente: Gezeigt werden die *Mapping*-Verteilungen der einzelnen SMARTS-Filters (LINT, MLSMR, PAINS, SureChEMBL). Farbig markiert sind wie viele gefundenen *Mappings* aus welchen anderen Filtern stammen. Zu beachten sind die unterschiedlichen Skalierungen (vgl. Tabelle 12).

LINT**MLSMR****PAINS**

Hier kommt noch was

SureChEMBL

Hier kommt noch was

Abschließend lässt sich sagen, dass mit Hilfe des entwickelten Verfahrens sich Rückschlüsse auf die Art der genutzten Filter-Sets ziehen lassen. So weisen die Sets Glaxo, MLSMR und SureChEMBL eine große Ähnlichkeit zueinander auf. Bei anderen Sets wie LINT und Dundee wurde vor allem die Untermenge als häufigste Relation festgestellt, was darauf hinweist, dass diese Sets Moleküle im Vergleich grob herausfiltern. BMS und Inpharmatica hingegen, für die vor allem *Mappings* gefunden wurden, die zu einer Obermenge gehören weisen darauf hin, dass Moleküleigenschaften im Vergleich zu anderen Sets spezifizierter beschrieben sind, und somit weniger Moleküle herausgefiltert werden.

6 Fazit

Das in dieser Arbeit vorgestellte und implementierte Verfahren ermöglicht eine Lösung des in Kapitel 1 beschriebene Problems. Mit dem entwickelten Verfahren ist es möglich chemische Muster zu vergleichen.

Die bereits bestehenden Konzepte [11] konnten im Rahmen dieser Arbeit erweitert und verbessert werden. So wurde die Untersuchung zweier Muster auf eine Schnitt-Relation neu entwickelt und implementiert. Das SMARTS-Atomprimiv $h< n>$ wurde mit der expliziten Beschreibung ($H< n>$) zusammengeführt, sodass kein zusätzlicher Aufwand im Verfahren nötig ist, und das Atomprimativ dennoch verarbeitet werden kann.

6.1 Ungelöste Probleme

Einige SMARTS-Atomprimitve können von dem vorgestellten Verfahren nicht behandelt werden, was verhindert, dass alle SMARTS-Ausdrücke auf Teilmengen-Relationen überprüft werden können.

Momentan werden bei der Übergabe an das implementierte Verfahren die SMARTS-Ausdrücke überprüft und gegebenenfalls aussortiert. Aussortiert werden SMARTS-Ausdrücke, die eine der folgenden Eigenschaften beinhalten:

@@ oder @ : Chiralität an tetraedrischen Kohlenstoffen

@<c><n> : Chiralitätsklasse $< c >$, Chiralität $< n >$

@<c><n>? : Chiralitätsklasse $< c >$, Chiralität $< n >$ oder nicht spezifiziert

$\$(\text{SMARTSExp})$: Rekursive Ausdrücke

Die drei Eigenschaften betreffend der Chiralität sind deshalb problematisch, da sie abhängig von den impliziten Eigenschaften, die aus der Molekülgraphenstruktur resultieren, sind.

Ein besonderer Problemfall sind die rekursiven Ausdrücke (siehe Kapitel 1.1.2) der SMARTS-Sprache. Die Einbeziehung einer Umgebung für ein Atom oder eine Bindung ist für das hier vorgestellte Konzept der Fingerprints als Grundlage der Vergleiche nicht möglich. Die Eigenschaft ist für SMARTS-Ausdrücke extrem relevant, da sie es ermöglicht mit einer Definition der Umgebung ein chemisches Muster genauer und effizient zu beschreiben.

Ein Problem welches unabhängig von der SMARTS-Sprache ist betrifft die Schnitt-Relation. Wie in Formel (13) beschrieben gilt entweder für Knoten, dass es eine Unter- und eine Obermengenrelation in einem möglichen *Mapping* gibt, oder für Kanten. Der Fall,

$$\begin{aligned}
& \left((\exists v_Q \in V^Q \exists v_T \in V^T (v^Q \subset v^T) \vee \exists e_Q \in E^Q \exists e_T \in E^T (e^Q \subset e^T)) \right. \\
& \quad \wedge (\exists v'_Q \in V^Q \exists v'_T \in V^T (v'^Q \supset v'^T \wedge v'_Q \neq v_Q \wedge v'_T \neq v_T) \\
& \quad \vee \exists e'_Q \in E^Q \exists e'_T \in E^T (e'^Q \supset e'^T \wedge e'_Q \neq e_Q \wedge e'_T \neq e_T)) \Big) \\
& \quad \wedge \forall v''_Q \in V^Q \forall v''_T \in V^T (v''_Q \neq v'_Q \neq v_Q \wedge v''_T \neq v'_T \neq v_T \wedge v''^Q =, \subseteq, \supseteq v''^T) \\
& \quad \wedge \forall e''_Q \in E^Q \forall e''_T \in E^T (e''_Q \neq e'_Q \neq e_Q \wedge e''_T \neq e'_T \neq e_T \wedge e''^Q =, \subseteq, \supseteq e''^T)
\end{aligned} \tag{14}$$

wird nicht als *Mapping* erkannt, da die Schnitt-Relation Knoten und Kanten der Molekülgraphen unabhängig voneinander beschreibt. Beispiel 6.1.1 zeigt den in (14) beschriebenen Fall.

Beispiel 6.1.1.

Anfrage-SMARTS	$[C1, I]$	=	0
Teilmengen-Relation	\supset	\subset	=
Ziel-SMARTS	$[C1]$	\sim	0

7 Weiterführende Arbeit

Das Problem dessen Lösung am interessantesten ist, die der Einbeziehung der rekursiven Ausdrücke. Ein Ansatz wäre es, falls eine Beschreibung eines Anfrage-SMARTS einen rekursiven Ausdruck als Eigenschaft besitzt, für diese zu Überprüfen, ob es im Ziel-SMARTS eine, der Teilmengen-Relation entsprechenden, Beschreibung gibt, eine Umgebung beschreibt die der Teilmengen-Relation entspricht. Im ersten Schritt würde ohne Einbezug der rekursiven Ausdrücke ein *Mapping* gesucht werden. Falls es rekursive Beschreibungen von Atomen oder Bindungen gibt, würde im nächsten Schritt überprüft werden, ob das entsprechende Atom oder die entsprechende Bindung des Ziel-SMARTS, einen rekursiven Ausdruck besitzt, der der Teilmengen-Relation entspricht. Dabei wird für Gleichheit und Schnitt-Relation das bestehende Verfahren genutzt. Die zu vergleichenden rekursiven Ausdrücke werden an das Verfahren übergeben, und geprüft, ob es ein *Mapping* gibt. Bei Unter- und Obermenge wird falls es für beide Partner des *Mappings* einen rekursiven Ausdruck gibt analog vorgegangen. Falls es für nur für einen *Mapping*-Partner eine rekursiven Beschreibung gibt, gilt:

Untermenge: Der *Mapping*-Partner des Anfrage-SMARTS hat eine rekursive Beschreibung

Obermenge: Der *Mapping*-Partner des Ziel-SMARTS hat eine rekursive Beschreibung

Für die anderen beiden Probleme müsste jeweils ein Konzept entwickelt werden, welches die zu beachtenden Eigenschaften behandeln kann.

A Software User Guide

A.1 Command Line Syntax

Command Line Syntax beginnt immer mit dem Command Line Programmnamen. Dem Programmnamen können dann Optionen und Dateinamen folgen. Die Optionen können in beliebiger Reihenfolge, angeführt von einem Minus und getrennt mit einem Leerzeichen angegeben werden.

Das folgende Beispiel zeigt die Command Line Syntax um *SmartsSmarts* mit einer SMARTS Datei auszuführen

- – Richtig: `SmartsSmarts -t /home/targetSMARTS.txt`
- Falsch: `reactionfs -t/home/targetSMARTS.txt`
- Es müssen immer korrekte Dateiendungen mit angegeben werden (z.B. `.txt`)

A.2 Command Line Options

Die folgenden Optionen sind in dem `reactionfs`-Tool beinhaltet:

- `-h` (Hilfe)
- `-s` (Anfrage-SMARTS Input (String))
- `-l` (Anfrage-SMARTS Input (Datei))
- `-t` (Ziel-SMARTS Input)
- `-r` (Teilmengen-Relation)
- `-v` (Validierung (Entwickleroption))

-h (Hilfe)

Wenn der Programmname mit dieser Option aufgerufen wird, wird eine Meldung angezeigt, die alle Optionen, exklusive der Entwickleroptionen, zusammen mit ihren benötigten Parametern, ihren Datentypen sowie ihren Beschreibungen für das Programm auflistet.

Syntax:

`-h`
`--help`

-s (Anfrage-SMARTS Input (String))

Wenn der Programmname mit dieser Option eingeben wird, ist als weiterer Parameter ein String erforderlich, welcher in Form eines SMARTS vorliegt.

Syntax:

`-s "querySMARTS"`

```
--querystring "querySMARTS"
```

-I (Anfrage-SMARTS Input (Datei))

Wenn der Programmname mit dieser Option eingeben wird, ist als weiterer Parameter ein Name einer Datei erforderlich, welche SMARTS-Strings beinhaltet.

Syntax:

```
-l querySMARTS  
--querylist querySMARTS
```

Hinweis:

Die SMARTS Input-Datei darf pro Zeile nur einen SMARTS-String beinhalten

-t (Ziel-SMARTS Input)

Wenn der Programmname mit dieser Option eingeben wird, ist als weiterer Parameter ein Name einer Datei erforderlich, welche SMARTS-Strings beinhaltet.

Syntax:

```
-t targetSMARTS  
--target targetSMARTS
```

Hinweis:

Die SMARTS Input-Datei darf pro Zeile nur einen SMARTS-String beinhalten

-r (Teilmengen-Relation)

Wenn der Programmname mit dieser Option eingeben wird, ist als weiterer Parameter ein String erforderlich, welcher in Form eines vier-elementigen Bitstrings (z.B. 0100 für Schnitt-Relation) vorliegt.

Syntax:

```
-r "Bitstring"  
--relationship "Bitstring"
```

-v (Validierung (Entwickleroption))

Wenn der Programmname mit dieser Option eingeben wird, ist als weiterer Parameter ein Dateiname erforderlich, welche Molekülbeschreibungen beinhaltet. Mögliche Dateiformate sind: .mol2, .pdb, .sdf, .smi, .smiles

Die Optionen -s (oder -l), -t und -r sind bei dieser Option erforderlich. Es handelt sich bei dieser Option um eine Entwickleroption, mit der die Validierung des Programms ausgeführt wird.

Syntax:

```
-v molecules  
--validation molecules
```

Beim Aufruf des Programmes müssen die Optionen -s (oder -l), -t und -r immer mit angegeben werden.

B Softwarearchitektur

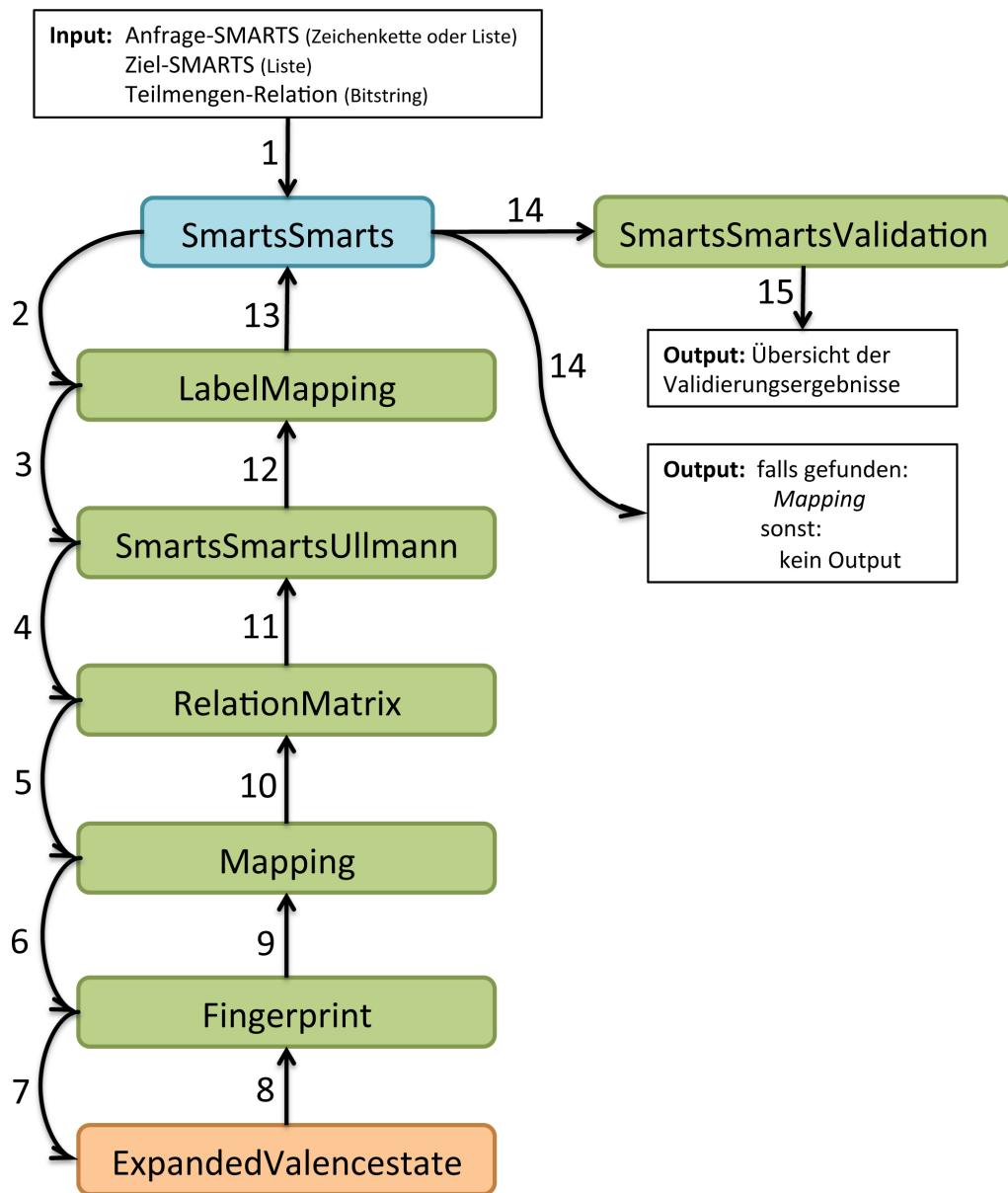


Abbildung 11: Schematische Darstellung der Softwarestruktur des Programms *SmartsSmarts*

In Abbildung 11 ist die Softwarestruktur des Programms *SmartsSmarts* (blau) schematisch dargestellt. Ausgehend von den Eingabedateien (Input) wird durch die nummerierten Pfeile der Ablauf des Programms dargestellt. Es wird gezeigt, welche Module (grün) und Klassen (orange) des Programms sich gegenseitig nutzen. Im folgenden Kapitel werden die wichtigsten Module und Klassen erläutert.

C Wichtige Module und Klassen

LabelMapping.hpp

```
std::pair<std::string, std::string> addLabels(const std::string &querySmarts,
                                              const std::string &targetSmarts,
                                              const std::vector<std::vector<int>>
                                              existingLabels)
```

Verseht Anfrage- und Ziel-SMARTS mit *Labels* zur eindeutigen Kennzeichnung.

```
std::pair<std::string, std::string> recalculateLabels
    (const std::string &querySmarts,
     const std::string &targetSmarts,
     const std::vector<std::vector<int>>
     &existingLabels,
     const Base::SimpleMatrix<int> &solutions)
```

Setzt anhand eines gefundenen Isomorphismus die *Label* innerhalb der SMARTS-Ausdrücke neu, um das gefundene *Mapping* darzustellen.

SmartsSmartsUllmann.hpp

```
std::vector<Base::SimpleMatrix<int>> getUllmannSolutions
    (const std::string &querySmarts,
     const std::string &targetSmarts,
     const std::string &relation)
```

Berechnet für einen Anfrage- und Ziel-SMARTS ob es einen oder mehrere Isomorphismen gibt, und gibt diese in Form einer Permutationsmatrix aus.

RelationMatrix.hpp

```
Base::SimpleMatrix<int> initialiseNodeMatrix(const std::string &smarts_q,
                                               const std::string &smarts_t,
                                               const std::string &relation)
```

Initialisiert eine Relations-Matrix für Knoten, anhand einer übergebenen Teilmengen-

Relation und zwei SMARTS-Ausdrücken.

```
SmartsMatcher::EdgeCompatibility initialiseEdgeCompatibility
    (const std::string &smarts_q,
     const std::string &smarts_t,
     const std::string &relation)
```

Initialisiert eine `SmartsMatcher::EdgeCompatibility` welche Rückschlüsse über die Ver-einbarkeit von Bindungen aus Anfrage- und Ziel-SMARTS im Zusammenhang mit einer Teilmengen-Relation ermöglicht.

Mapping.hpp

```
std::string isNodeMappable(const sg_node *queryNode,
                           const sg_node *targetNode,
                           const std::string &relation)
```

Prüft welche Teilmengen-Relation bei zwei Knoten aus zwei SMARTS-Ausdrücken vorliegt und gibt diese als Bitstring zurück.

```
std::string isEdgeMappable(const sg_edge *queryEdge,
                           const sg_edge *targetEdge,
                           const std::string &relation)
```

Prüft welche Teilmengen-Relation bei zwei Kanten aus zwei SMARTS-Ausdrücken vorliegt und gibt diese als Bitstring zurück.

Fingerprint.hpp

```
boost::dynamic_bitset<> takePropertyFingerprint(const sg_edge *edge)
```

Generiert einen Fingerprint für eine gegebene Kante.

```
boost::dynamic_bitset<> takePropertyFingerprint(const sg_node *node)
```

Generiert einen Fingerprint für einen gegebenen Knoten.

ExpendedValencestate.hpp

```
std::vector<ExpandedValenceState> createAllValenceStates()
```

Erstellt einen `std::vector` über alle möglichen Valenzzustände von Atom-SMARTS-Ausdrücken.

SmartsSmartsValidation.hpp

```
bool validateMappings(const std::pair<std::string, std::string> &smarts,
                      const std::vector<Base::SimpleMatrix<int>> &solutions,
                      const std::string &relation,
                      const MolLib::MutableMolPtrVector &valMolecules,
                      const std::vector<std::vector<int>> &existingLabels)
```

D APIs

Um das *SmartsSmarts*-Programm einzubinden müssen folgende Funktionen aufgerufen werden:

Prototyp:

```
std::vector<int> extractExistingLabels(const std::string &smarts);
```

Header:

„LabelMapping.hpp“

Beschreibung:

Gewinnt aus einem gegebenen SMARTS-Ausdruck bestehende *Label* und speichert diese in einem `std::vector`. Dieser Aufruf muss für Anfrage- und Ziel-SMARTS ausgeführt werden und in einem `std::vector<std::vector<int>>` gespeichert werden.

Prototyp:

```
std::pair<std::string, std::string> addLabels(const std::string &
                                              querySmarts,
                                              const std::string &targetSmarts,
                                              const std::vector<std::vector<int>>
                                              &existingLabels);
```

Header:

„LabelMapping.hpp“

Beschreibung:

Fügt an alle Atome eines Anfrage- und eines Ziel-SMARTS, falls noch nicht vorhanden, *Label* hinzu, so dass jedes Atom eine eindeutige Kennzeichnung hat.

Prototyp:

```
std::vector<Base::SimpleMatrix<int>> getUllmannSolutions(const std::string &querySmarts,
                                                               const std::string &targetSmarts,
                                                               const std::string &relation);
```

Header:

„SmartsSmartsUllmann.hpp“

Beschreibung:

Prüft für eine Teilmengen-Relation, einen Anfrage- und Ziel-SMARTS ob es einen oder mehrere Isomorphismen gibt und gibt diesen in Form eines `std::vector<Base::SimpleMatrix<int>>` zurück.

Prototyp:

```
std::pair<std::string, std::string> recalculateLabels(const std::string &
    querySmarts,
    const std::string &targetSmarts,
    const std::vector<std::vector<int>>>
    &existingLabels,
    const Base::SimpleMatrix<int>
    &solutions);
```

Header:

„LabelMapping.hpp“

Beschreibung:

Kenntzeichnet einen gefundenen Isomorphismus durch Neusetzung der *Label* und gibt Anfrage- und Ziel-SMARTS als `std::pair<std::string, std::string>` zurück.

E Genutzte Datensätze

E.1 ZINC-6k-Molekülliste

siehe `zinc_rand_6k.smi` auf Datenträger (Seite IX)

E.2 SMARTS Datensatz (ZBH)

siehe `all_smarts_zbh.txt` auf Datenträger (Seite IX)

E.3 SMARTS Filter (Experimente)

Bristol-Myers Squibb HTS Deck Filters

siehe `ChEMBL_BMS.txt` auf Datenträger (Seite IX)

University of Dundee NTD Screening Library Filters

siehe `ChEMBL_Dundee.txt` auf Datenträger (Seite IX)

Glaxo Wellcome Hard Filters

siehe `ChEMBL_Glaxo.txt` auf Datenträger (Seite IX)

Inpharmatica Unwanted Fragments

siehe `ChEMBL_Inpharmatica.txt` auf Datenträger (Seite IX)

Pfizer LINT filters

siehe `ChEMBL_LINT.txt` auf Datenträger (Seite IX)

NIH MLSMR Excluded Functionality Filters

siehe `ChEMBL_MLSMR.txt` auf Datenträger (Seite IX)

Pan Assay Interference Compounds Filters

siehe `ChEMBL_PAINS.txt` auf Datenträger (Seite IX)

SureChEMBL Data

siehe `ChEMBL_SureChEMBL.txt` auf Datenträger (Seite IX)

E.4 Ergebnisse der Experimente

28 Dateien mit Ergebnissen nach Ausführung des *SmartsSmarts*-Programms. Siehe Ordner `Anhang_E.4` auf Datenträger (Seite IX).

F Implementation

siehe Datenträger (Seite IX)

G Literatur

- [1] J. Gasteiger and T. Engel, editors. *Chemoinformatics: A Textbook*. Wiley-VCH, 2003.
- [2] Roger Perkins, Hong Fang, Weida Tong, and William J. Welsh. Quantitative structure-activity relationship methods: Perspectives on drug discovery and toxicology. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 22(8):1666–1679, 2003.
- [3] B. A. Bunin, B. Siesel, G. A. Morales, and J. Bajorath, editors. *Chemoinformatics: theory, practice, and products*. Springer, 2007.
- [4] Andrew R. Leach and Valerie J. Gillet. *An Introduction to Chemoinformatics*. Springer Publishing Company, Incorporated, 2007.
- [5] Milan Randic. Characterization of molecular branching. *Journal of the American Chemical Society*, 97(23):6609–6615, 1975.
- [6] Shihyen Chen, Bin Ma, and Kaizhong Zhang. On the similarity metric and the distance metric. *Theor. Comput. Sci.*, 410(24-25):2365–2376, 2009.
- [7] Inc. Daylight Chemical Information Systems. Daylight smarts. http://daylight.com/dayhtml_tutorials/languages/smarts/. Zugriff: 20.08.2015.
- [8] M. Rarey. Grundlagen der chemieinformatik. Vorlesung, Wintersemester 2014.
- [9] H.J. Böckenhauer and J. Hromkovic. *Formale Sprachen: Endliche Automaten, Grammatiken, lexikalische und syntaktische Analyse*. Springer, 2013.
- [10] Adrian Horia Dediu, Enrico Formenti, Carlos Martín-Vide, and Bianca Truthe, editors. *Language and Automata Theory and Applications - 9th International Conference, LATA 2015, Nice, France, March 2-6, 2015, Proceedings*, volume 8977 of *Lecture Notes in Computer Science*. Springer, 2015.
- [11] Andriy Mashychev. Eine computergestützte Methode zum Vergleich chemischer Muster am Beispiel von SMARTS. Masterarbeit, Universität Hamburg, 2011.
- [12] David Weininger. Smiles, a chemical language and information system. 1. introduction to methodology and encoding rules. *Journal of Chemical Information and Computer Sciences*, 28(1):31–36, 1988.
- [13] Inc. Daylight Chemical Information Systems. Daylight smiles. http://daylight.com/dayhtml_tutorials/languages/smiles/. Zugriff: 20.08.2015.
- [14] Dieter Jungnickel. *Graphs, Networks and Algorithms*. Springer, 3rd edition, 2007.
- [15] J. R. Ullmann. An algorithm for subgraph isomorphism. *J. ACM*, 23(1):31–42, 1976.
- [16] San Francisco University of California. Zinc. <http://zinc.docking.org/>. Zugriff: 19.08.2015.

- [17] Zentrum für Bioinformatik. Smarts dataset. <http://www.zbh.uni-hamburg.de/forschung/arbeitsgruppe-algorithmisches-molekulares-design/datasets.html>. Zugriff: 01.08.2015.
- [18] ChemSpider. Levothyroxine. <http://www.chemspider.com/Chemical-Structure.5614.html>. Zugriff: 14.10.2015.
- [19] EMBL European Molecular Biology Laboratory. Chemb. <https://www.ebi.ac.uk/chembl/>. Zugriff: 14.10.2015.
- [20] EMBL European Molecular Biology Laboratory. Chemb20 release. <http://chembl.blogspot.de/2015/02/chembl-20-released.html>. Zugriff: 14.10.2015.

Erklärung

Ich versichere, dass ich die Bachelorarbeit im Studiengang Computing in Science SP Biochemie selbstständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Hilfsmittel ? insbesondere keine im Quellenverzeichnis nicht benannten Internet-Quellen ? benutzt habe. Alle Stellen, die wörtlich oder sinngemäß aus Veröffentlichungen entnommen wurden, sind als solche kenntlich gemacht. Ich versichere weiterhin, dass ich die Arbeit vorher nicht in einem anderen Prüfungsverfahren eingereicht habe und die eingereichte schriftliche Fassung der auf dem elektronischen Speichermedium entspricht.

Hamburg, den _____ Unterschrift: _____

Ich bin mit einer Einstellung der Bachelorarbeit in den Bestand der Bibliothek des Departments Informatik einverstanden.

Hamburg, den _____ Unterschrift: _____