Self-Supervised Graph Transformer on Large-Scale Molecular Data

Relevant Resources:

paper: https://papers.nips.cc/paper/2020/file/94aef38441efa3380a3bed3faf1f9d5d-Paper.pdf

code: https://github.com/tencent-ailab/grover

这篇文章发表于NIPS 2020,提出了一种借鉴**Transformer**的图神经网络,且涉及了两个自监督任务来预训练模型。整个模型称为**GROVER**

Motivation:

Despite the fruitful progress, two issues still impede the usage of deep learning in real scenarios: (1) insufficient labeled data for molecular tasks;

(2) poor generalization capability of models in the enormous chemical space.

Different from other domains (such as image classification) that have rich-source labeled data, getting labels of molecular property requires wet-lab experiments which is time-consuming and resource-costly. As a consequence, most public molecular benchmarks contain far-from-adequate labels. Conducting deep learning on these benchmarks is prone to over-fitting and the learned model can hardly cope with the out-of-distribution molecules.

两个问题阻碍了GNNs在实际场景中的使用:

- 1. 带标签的分子数较少, 远远不够用于监督学习;
- 2. 没有很好的泛化性,不能泛化到其他新合成分子的学习上。

Contribution:

为了解决任务背景中提到的问题,该论文提出了一个新的框架——GROVER(Graph Representation FrOm self-superVised mEssage passing tRansformer)。该框架实现了如下的贡献:

- (1) 通过精心设计的节点级、边级和图级的自监督任务,GROVER可以从大量未标记的分子数据中学习到丰富的分子结构和语义信息。
- (2) 为了编码如此复杂的信息, GROVER将GNNs中的消息传递网络(Message Passing Networks,MPS)集成到Transformer的架构中,以提供更具表现力的分子编码器。
- (3) GROVER能够在无标签的大规模分子数据集上有效地训练,而不需要任何监督的,从而解决有标签数据少和泛化性差两个问题。
- (4) 在1000万个未标记分子上,用1亿个参数去预训练GROVER ,这是目前为止分子表征学习中最大的GNN和最大的训练数据集。
- (5) 利用预训练的GROVER进行分子性质预测,然后进行特定任务的微调,在11个具有挑战性的基准上,与当前最先进的方法相比GROVER有了巨大的改进(平均超过6%)。
- (6) 精心设计的自监督Loss和大规模无监督的预训练模型在提高性能方面具有巨大的潜力。

Model:

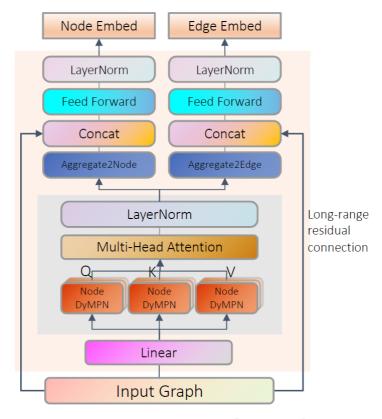


Figure 1: Overview of GTransformer.

1、要点一

上图是GROVER的主要模型框架,这个模型总体来说是对经典的Transformer模型进行修改: (1) 输入由序列变成图; (2) 引入了dyMPN (解释见下) 提取图的结构信息; (3) 将每一层的encoder的残差连接变成了长距离残差连接(long-range residual connection),也就是直接从第一层到最后一层。

2、要点二

该论文将GROVER的预训练框架分为如下两个阶段,这种双层信息提取策略极大地增强了GROVER的表示能力:

- (1) 消息传递过程捕获图的局部结构信息,因此使用GNN模型的输出作为query、key和value将得到所涉及的局部子图结构,从而构成信息提取的第一级。
- (2) Transformer的encoder可以被视为一个完全连通图上的GAT(图注意力网络)的变体,使用它对第一级信息进一步提取,得到全局节点的关联关系,这构成信息抽取的第二级。

3、要点三

$$egin{aligned} m_v^{(l,k)} &= AGGREGATE^L(\{h_v^{(l,k-1)}, h_u^{(l,k-1)}, e_{uv} | u \in N_v\}), \ h_v^{l,k} &= \sigma(W^l m_b^{l,k} + b^{(l)}) \end{aligned}$$

一般的消息传递过程,有两个超参数:迭代次数L和跳数 $K_l, l=1,\ldots,L$ 。跳数与图卷积运算的感受野大小密切相关,会影响消息传递模型的泛化能力。

给定固定的层数L,预先指定的跳数可能不适用于不同类型的数据集。于是该论文开发一种随机策略,代替预先指定的 K_l ,用于在训练过程中选择消息传递跳数:在每个epoch,从l层的一些随机分布中选择 K_l 。该论文将这种随机策略的消息传递网络称为动态消息传递网络(**Dynamic Message Passing Network, dyMPN**)。

该论文发现随机化的两种选择效果很好:

(1) 均匀分布

$$K_l \sim U(a,b)$$

(2) 截断标准正态分布(带界的正态分布)

dyMPN使得图卷积运算中的每个节点都具有随机感受野。大量的实验验证表明,dyMPN比没有随机化 策略的普通MPN具有更好的泛化性能。

Self-supervised Task

作者认为,一个好的自监督任务需要具备两个条件: 1) 预测目标是可靠的,且容易获得; 2) 预测目标需要反应节点/边的内容信息。

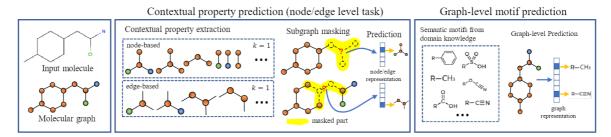


Figure 2: Overview of the designed self-supervised tasks of GROVER.

Contextual Property Prediction.

这里论文定义了一个统计属性,该属性的计算如下: 1)给定一个目标节点,提取它的局部k-hop的邻居节点和边。2)提取该局部图的统计属性,也就是node-edge-counts,比如下图,目标节点是C(碳原子),如果k=1,也就是一阶邻域,那么将会采样到N和O,最后得到该局部图的该统计属性为C_N-DOUBLE1_O-SINGLE1。

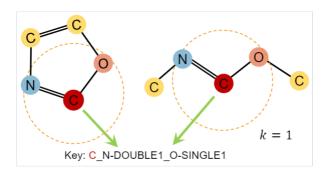


Figure 3: Illustration of contextual properties.

给定一个分子图,将其输入GROVER的编码器后,我们获取了它的每个节点和边的嵌入表示,假设节点v的嵌入表示为 h_v ,可以用这个嵌入输入一个前馈网络,来得到节点v的Contextual Property的预测值。Graph-level Motif Prediction.

图级自监督任务也需要可靠廉价的标签。**模体(motif)**是输入图数据中的循环子图,在分子图数据中普遍存在。分子中一类重要的模体是**功能团(functional groups)**,它编码分子丰富的领域知识,可以很容易地被专业软件检测到,如RDKit。

模体预测任务可以表述为一个多标签分类问题,其中每个模体对应一个标签。对于一个特定的分子(抽象为图G),使用RDKit检测每个模体是否出现在图G中,然后将它们用作模体预测任务的目标。