Représentation 3D des résultats

Je teste ici plusieurs paramètres pour voir quel est le meilleur combo pour avoir les meilleurs résultats.

Les réseaux présentés sont :

- Méthode Resize sur des maps <u>non normalisées</u> (valeur à 255). 1048 step par epoch (15 epoch) et training sur toutes les couches (sans poids pré-load) → **R255Full**
- Méthode Resize sur des maps <u>normalisées</u> (entre 0 et 1). 1048 step par epoch (15 epoch) et training sur toutes les couches → **R01Full**
- Méthode Resize sur des maps normalisées (entre 0 et 1). 1048 step par epoch (15 epoch) et training sur les dernières couches avec des poids COCO → **R01Heads**
- Méthode <u>Padding</u> sur des maps normalisées, <u>131 step par epoch</u>, 15 epoch, training sur les dernières couches → PAD

Les réseaux avec le padding étant difficiles à obtenir (problème de mémoire GPU qui fait crash le training car je crois que cette méthode demande plus de ressources que le Resize normal), il n'y en a qu'un seul ici, et il est entrainé sur 15 epoch avec 131 step par epoch (contre 1048 pour les autres). Les protéines de références sont issues de l'article <u>An ambiguity principle for assigning protein</u> structural domains.

9PAP

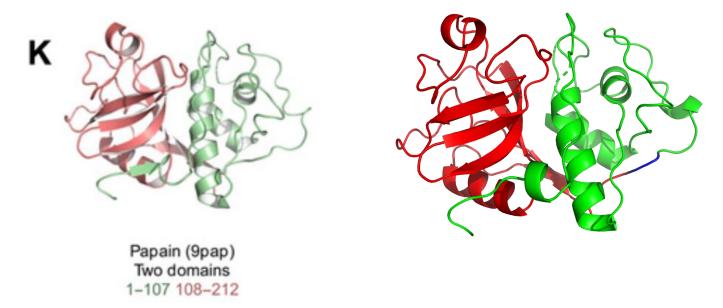


Figure 1 : Découpage avec le réseau R255Full de 9PAP

Domaines trouvés avec le réseau **R255Full** pour cette protéine :

PU predicted: 106 208; score: 0.9798335433006287 → peut être associé au domaine 108-212 PU predicted: 1 103; score: 0.9713642001152039 → peut être associé au domaine 1-107

PU predicted: 0 182; score: 0.9255672097206116 PU predicted: 0 55; score: 0.714890718460083 Parmi les 4 domaines trouvés par le réseau **R255Full**, seuls 2 sont « corrects » selon la référence, et cela a été déterminé manuellement. Il manque encore une étape pour pouvoir déterminer automatiquement les bons découpages.

Les délimitations vont donc de 1-103 et 106-208. Les résidus **208-212 et 103-106** ne sont pas pris en compte dans ces délimitations, ils sont donc colorés en **bleu** (Fig 1 à droite).

(les scores représentent le score de confiance donné par le réseau et non à un score PU)

Il y a donc deux questions ici:

- Comment déterminer les bons des « mauvais » domaines ? (Ici 2/4 domaines)
 Sachant que les domaines trouvés par le réseau sont souvent chevauchants, donc les
 colorations se mélangent et nécessite une intervention manuelle pour voir les domaines 1 à
 1 et déterminer les meilleurs domaines.
- Comment gérer les zones non sélectionnées par le réseau? En bleu sur la figure

Voici un résultat avec le même réseau mais en normalisant les données (R01Full) :

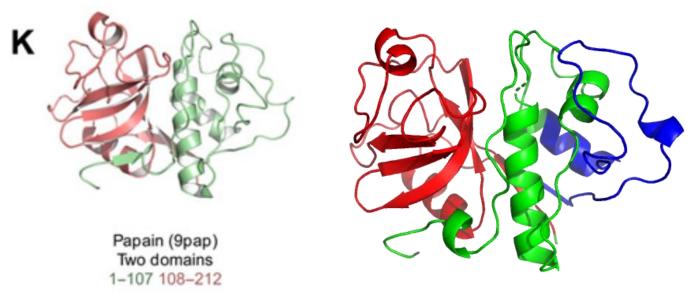


Figure 2 : Découpage avec le réseau R01Full de 9PAP

Domaines prédits :

PU predicted: 2 211; score: 0.8196399211883545 PU predicted: 2 70; score: 0.7503053545951843 PU predicted: 111 211; score: 0.6194136738777161

Les résultats de **R01Full** sont moins bons que pour le **R255Full**, car la zone non sélectionnée par le réseau est beaucoup plus grande → 70-111 en bleu.

Pour le Padding (PAD):

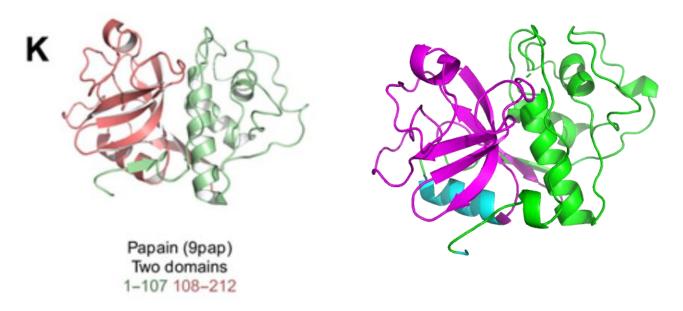


Figure 3 : Découpage avec le réseau PAD de 9PAP

Les résultats obtenus par le padding sont ok mais il y a toujours une zone morte (cyan) qui va de 117 à 127 qui n'est pas sélectionné par le réseau.

Domaines prédits :

PU predicted: 0 64; score: 0.9976034760475159 PU predicted: 143 211; score: 0.9879078269004822 PU predicted: 8 211; score: 0.9832943677902222 PU predicted: 3 117; score: 0.9243836402893066 PU predicted: 127 211; score: 0.7387328743934631

Les résultats avec **R01Heads** sont pas terribles et donc pas représentés.

1JHGA

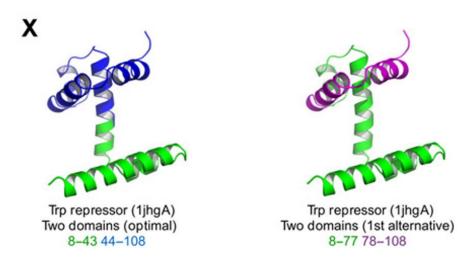


Figure 4 : Découpage de référence issu de l'article

Premier résultat avec le réseau R255Full:

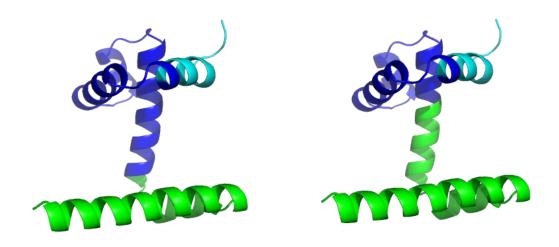


Figure 5 : Découpage prédit pour 1JHGA pour le réseau **R255Full**

Domaines prédits :

PU predicted: 11 108; score: 0.9609130024909973

PU predicted: 8 55; score: 0.8796014785766602

PU predicted: 47 96; score: 0.7740593552589417

Ici, le domaine en cyan représente une zone morte non sélectionnée par le réseau (96-108). Le domaine en bleu (47-96) est chevauchant au domaine vert (8-55), si on colore le domaine bleu à partir du résidu 47, on obtient la figure de gauche, et si on colore le domaine bleu après avoir coloré le domaine en vert, soit au résidu 55, on a la figure de droite.

Une autre question se pose ici:

- Quel domaine privilégier quand il chevauche un autre domaine?

Pour le réseau R01Full, PAD et R01Heads, les résultats sont assez similaires :

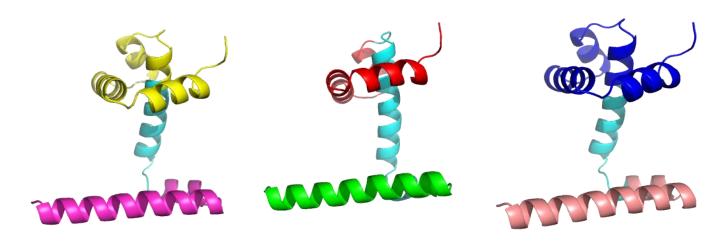


Figure 5 : Découpage prédit pour 1JHGA pour les réseaux R01Full, PAD et R01Heads

La zone morte est représentée en cyan pour les 3 réseaux. Cette dernière est plus importante pour le **Padding** (milieu, 38-67), et similaire entre **R01Full** (gauche, 41-59) et **R01Heads** (droite, 39-57).

Les domaines pour R01Full (Gauche):

PU predicted: 8 108; score: 0.8196440935134888 PU predicted: 8 41; score: 0.7498291730880737 PU predicted: 59 108; score: 0.6188859343528748

PAD (milieu):

PU predicted: 7 38; score: 0.9974536299705505 PU predicted: 75 108; score: 0.9878290891647339 PU predicted: 11 108; score: 0.98313969373703 PU predicted: 67 108; score: 0.7406870722770691 PU predicted: 70 108; score: 0.6087132692337036

R01Heads (droite):

PU predicted: 7 108; score: 0.8898613452911377 PU predicted: 57 108; score: 0.729573667049408 PU predicted: 53 84; score: 0.5829322338104248 PU predicted: 8 39; score: 0.5360698699951172

Conclusion:

Il y d'autres résultats qui sont moins bons, mais ceux là permettent de mettre en lumière les points à améliorer :

- Comment déterminer les bons des « mauvais » domaines ?
- Comment gérer les zones non sélectionnées par le réseau?
- Quel domaine privilégier quand il chevauche un autre domaine?

On a pu également voir que le **R255Full**, soit la méthode **Resize**, avec des données **non normalisé** (255) et en entrainant **toutes les couches** semble donner les meilleurs résultats. Mais pour confirmer cela, il faudrait plus de résultats de comparaison.

Pour rappel, le réseau **PAD** est entrainé sur 15 epoch avec 131 step par epoch contre 1048 step pour les autres réseaux, donc il y a déjà un problème d'équité.