Генеративные модели для структуры белков и их комплексов с другими молекулами.

Выполнил: Клыпа Р.С.

Научный руководитель: Грудинин С.В.

МФТИ

18 мая 2024 г.

Цели исследования

Цель работы

Генерация структуры молекулярных соединений (например, PHK) при взаимодействии с протеином - $P(geom_{RNA}|geom_{pr}, seq_{pr}, seq_{RNA})$.

Проблема

Существующие решения обладают рядом технических и теоретических недостатков.

Метод решения

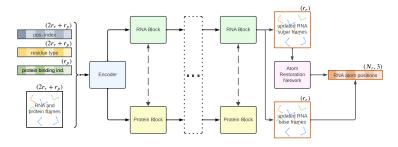
Дизайн архитектуры модели и генеративного процесса с учетом биологических и физико-химических особенностей задачи.

State of the art

RoseTTaFoldNA

- Генеративная версия модели не позволяет использовать последовательности молекул как условие.
- Предиктивная не позволяет использовать структуру протеина как условие и не учитывает возможность существования различных итоговых структур.
- ▶ Модель зависит от Multiple Sequence Alignment, что делает ее неприменимой для значительного числа молекул РНК.
- Общая точность уступает таковой у SOTA в других областях структурной биологии.
- Генеративный процесс теоретически некорректен.

MolBindDif-ba и MolBindDif-bb



- ▶ Генеративный процесс диффузия, Riemannian Score Matching.
- Вследствие независимости от MSA, имеют более широкое применение.
- ▶ Новое представление для РНК: нуклеотиды представлены как два твердых тела.

Результаты

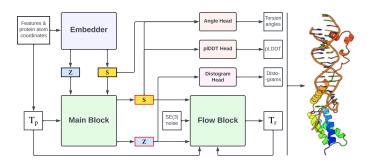
MolBindDif-ba и MolBindDif-bb

Model	$ rRMSD_{rr}, Å$	$rRMSD_{rp}$, Å	\mathtt{IDDT}_{rr}	$1\mathrm{DDT}_{rp}$
MolBindDif-ba	$\textbf{10.2} \pm \textbf{6.2}$	$\textbf{9.9} \pm \textbf{7.4}$	$\textbf{0.18} \pm \textbf{0.07}$	$\textbf{0.16} \pm \textbf{0.07}$
MolBindDif-bb	10.7 ± 5.5	14.1 ± 7.8	$\textbf{0.17} \pm \textbf{0.06}$	0.10 ± 0.05
RoseTTaFoldNA-short	13.3 ± 6.3	17.6 ± 7.8	$\textbf{0.19} \pm \textbf{0.10}$	0.08 ± 0.04

- ► MolBindDif-ba и MolBindDif-bb существенно превосходят текущий SOTA (RoseTTaFoldNA) на ряде метрик.
- Новое представление РНК создает дополнительные ограничения.
- Генеративный процесс имеет теоретические недостатки.

Результаты

MolBindFlow



- ▶ Генеративный процесс flow matching на SE(3).
- Имеет ряд технических преимуществ перед прошлыми моделями.
- Теоретический аппарат корректен и прост в использовании.

Заключение

Полученные результаты

- Разработанные модели MolBindDif-bb имеют более широкое применение и результаты, превосходящие SOTA.
- ▶ Генеративные процессы в контексте группы SE(3) были адаптированы для молекулярно-структурной области.
- Модель MolBindFlow разрешает недостатки предыдущих моделей.

Дальнейшие исследования

- Усовершенствование модели MolBindFlow.
- Рассмотрение других генеративных задач молекулярной биологии.