

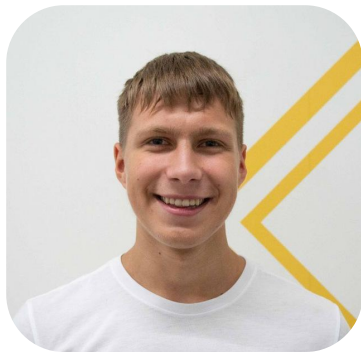
DataCon 2024

Команда 5 | Падение Сов

Заходят как-то в бар...



Заходят как-то в бар...



ХИМИК

Артеми́й Лоба́ч

Заходят как-то в бар...



Химик

Артеми́й Лобач



Биоинформатик

Максим Щепетов



Заходят как-то в бар...



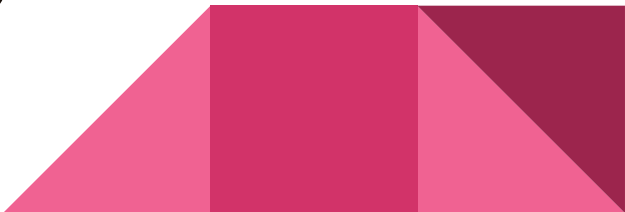
Химик
Артемий Лобач



Биоинформатик
Максим Щепетов



ML-щик
Герман Кавкаев



Заходят как-то в бар...



Химик
Артемий Лобач



Биоинформатик

Максим Щепетов



ML-щик
Герман Кавкаев

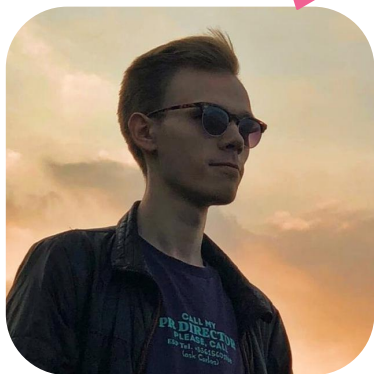


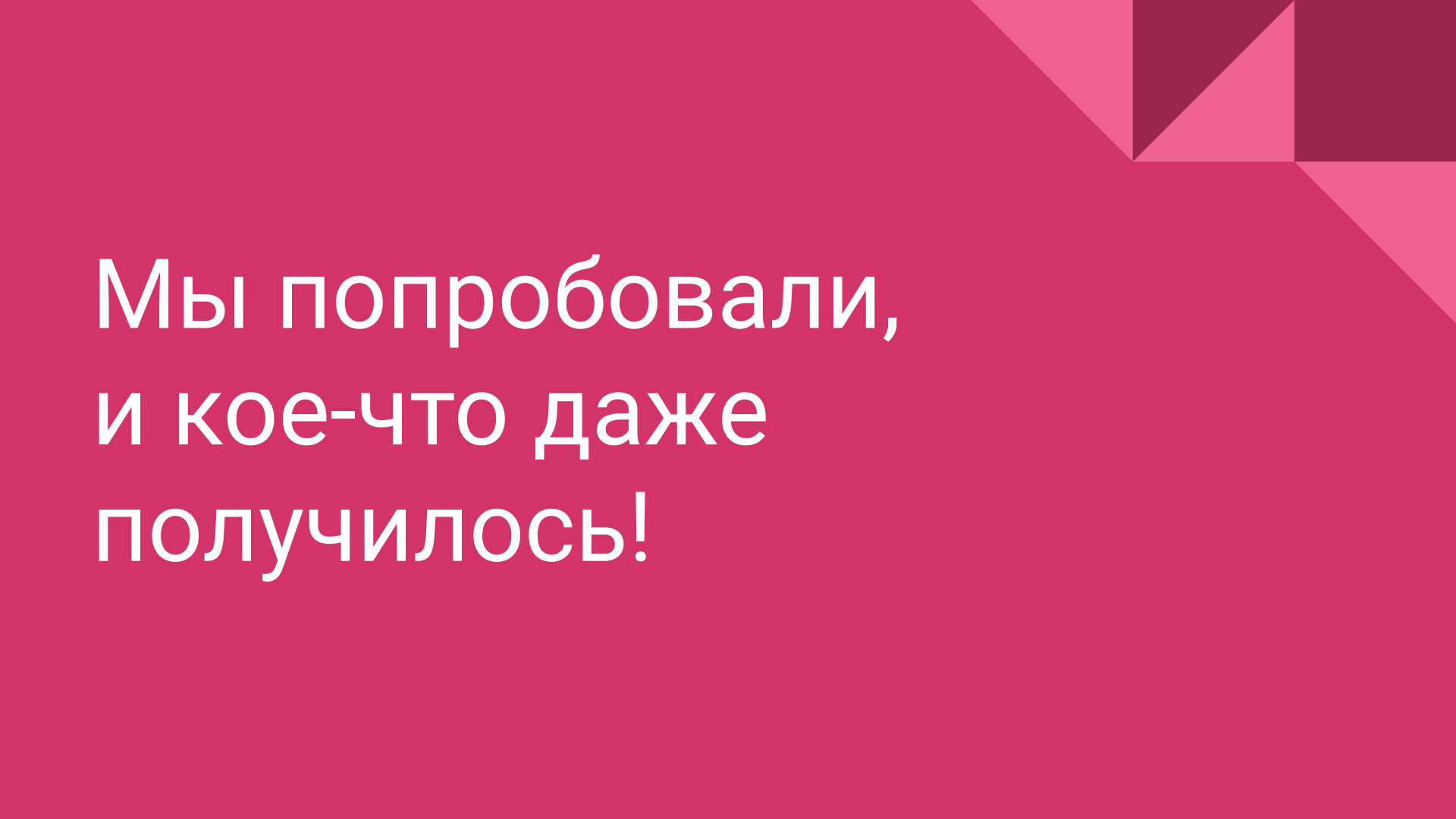
Какой-то клоун

Тимофей Рыко

А бармен им говорит:

Разработаете
модель для
предсказания
CRR?



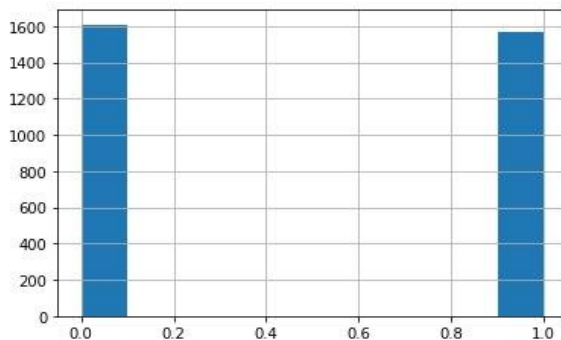
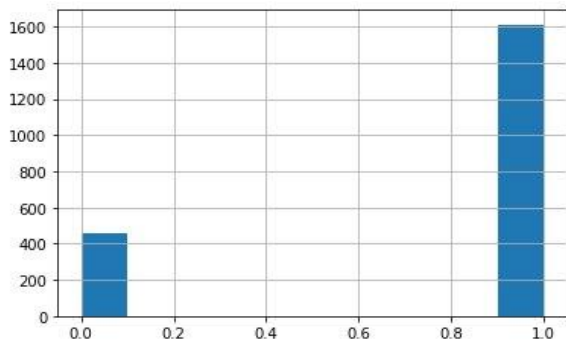


Мы попробовали,
и кое-что даже
получилось!

Предобработка данных

Бинарный датасет:

- Обогатили последовательностями CPP из базы CPPsite 2.0 (удостоверившись, что дубликатов нет)
- Побороли Imbalanced Data, обогатив пептидами из протеома человека



Датасет POSEIDON для регрессии

- Разобрались с единицами измерения, по-возможности конвертировали
- Почистили Time и Temp., заполнили недостающие значения медианой
- Удалили «плохую» колонку Conc.
- И, главное, почистили **Uptake** — целевую переменную



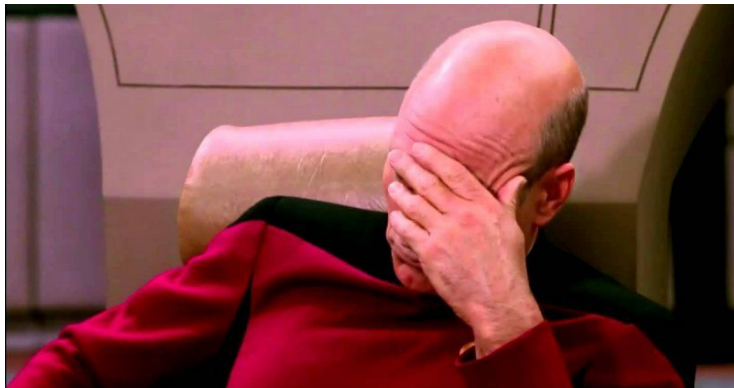
Чем же так плоха Conc.?

[31]

```
poseidon_df['Conc.'].unique()
```

Table Raw Visualize Statistics

```
array(['12.5 uM', '1.8 uM', '44 uM', '40 uM', '2.5 uM', '200 uM',  
      '1600 uM', '0.05 umol', '50 uM', '10 uM', '5 uM', '5 umol/L',  
      'Charge ratio = 5:1 (MPG/DNA)', 'Charge ratio = 10:1', '300 uM',  
      '5 umol/l', '6 uM', '15 uM', '4 uM', '2 uM', nan,  
      '100:1 molar excess of siRNAs', 'N/P ratio 20', '100 nM siRNA',  
      '100 nM', '5 mM', 'N/P ratio 10',  
      'Equal to a DOX dose of 10 ug/mL', '3 uM', '1 uM', '10 umol/L',  
      '100 uM siRNA', 'Charge ratio = 0.5 / Charge ratio 5',  
      '10^4 particles', '2 ug/ml', '25 uM', '57 umol/L', '5 ug/ml',  
      '1 nM', '200 ug/ml', '8 mM Trehalose', '13 uM', '8 uM', '16 uM',  
      '8 uM MCoTI-II / 16 uM SFTI-1', '100 nmol/kg', '10 uM BSH-11R',  
      '10 uM BSH-11R (Boron concentration)', '1.5 ug/mL lipossomes',  
      '40 ug/ml', '30 ug/ml', '25 ug/ml', '4 uM CPP', '150 uM',  
      'Final Concentration between 1/5 uM', '10000 nM', '0.15 uM',  
      '100 uM', '500 nM', 'Charge ratio = 10', '10 nM', '2.1 uM',  
      '10 ug/ml', 'charge ratio = 2', '3 nmol',  
      'Molar ratio 50 (v/w) or (w/w) eGFP', '1.0 mg/ml', '1 umol',  
      'N/P ratio = 3', '100 ug/ml', '0.5 uM', 'N/P ratio 6',  
      'plasmid/PDL ratio 1:4', '1.5 nM', '5 ug',  
      'pDNA/peptide ratio 1:2500', '10 ug/mL',  
      '2 uM dox equivalent concentration', '50 ug/ml', '0.5uM', '1uM',  
      '2uM', '5uM', '10uM', '15uM', '20uM', '30uM', '40uM', '50uM',  
      '1.9 uM', '5.6 uM', '16.7 uM', '6.3 uM', '25uM', '37 kBq', '20 uM',  
      '12 uM', '0.2uM', '2.5uM', '7.5uM', '6uM', '100 ug/mL', '4uM',  
      '100nM', '40 ug /mL', '0.1uM', '30 uM', '1.25uM', '9.0 uM', '25nM',  
      '50nM', '200nM', '0.002ug/mL', '0.25uM', '25 ug/mL', '20 ug/mL',  
      '100ug/ml', '0.1ug/ml', '100 mg/L', '20ug', '2ug/mL', '7uM', '3uM',  
      '2.5', '3.9mg/ml', '16uM', '6ug/mL', '12ug/mL', '25ug/mL', '100uM',  
      '0.01uM', '3000 pmol', '25ug/ml', '2mg/ml', '10ug', '600 ug/ml',  
      '1 mg/ml', '2ug/ml', '5ug/ml', '100ug'], dtype=object)
```



И так везде...



25 %

Последовательностей в датасете POSEIDON — странные

Вот лишь некоторые из последовательностей...



Mpa(luc)-KTRVLKRWKL-NH₂

rXrrXrrXrrXr

Nbtg-Nspe-Nspe-Nbtg-Nspe-Nspe-Nbtg-Nspe-Nspe-Nspe-Nspe

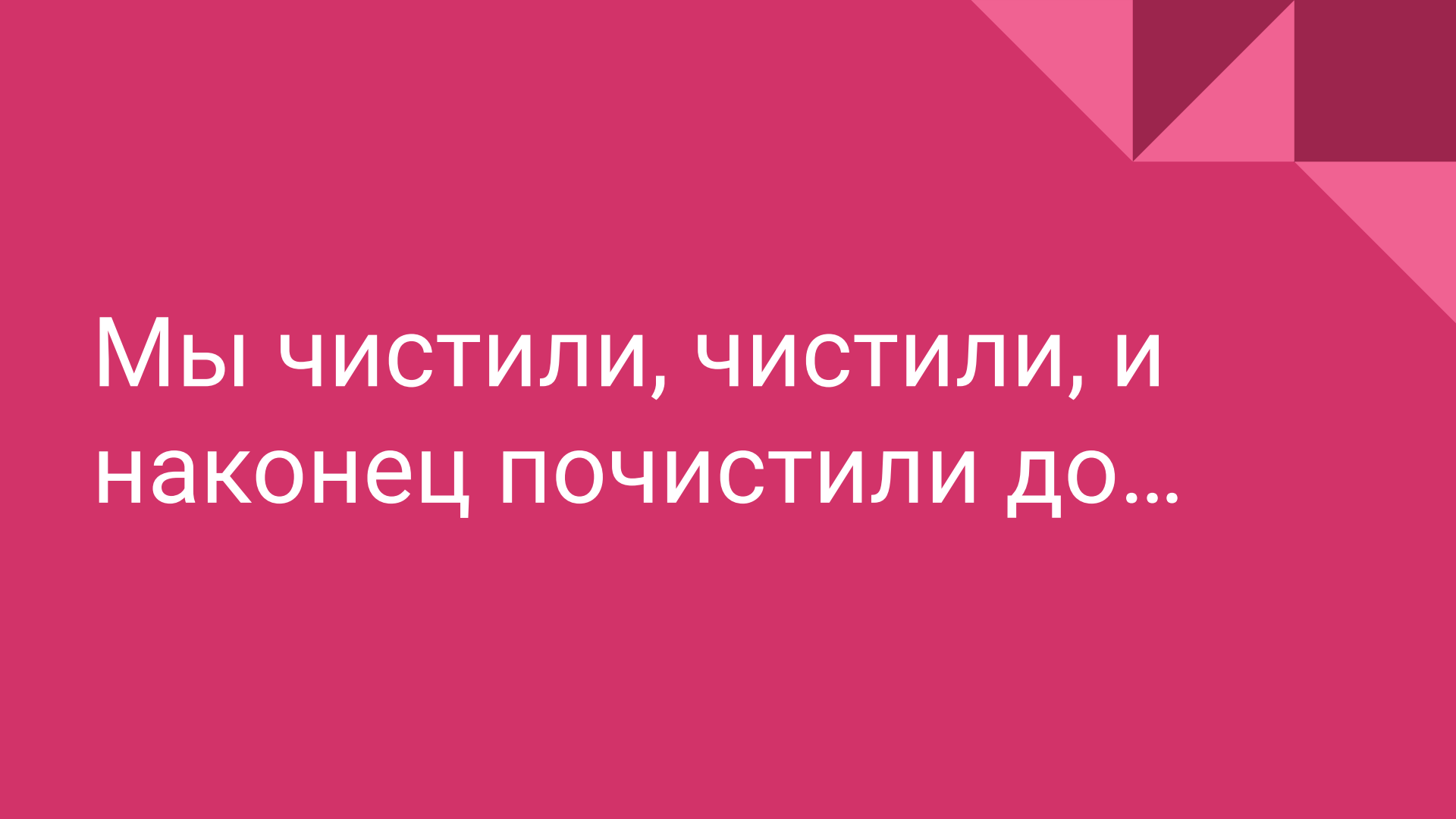
(Acp)-KKKKKRFSFKKSLGFSFKKNK

RRWWWRRR-E12

C37H66N7O17P3S-rrrrrrrrrrr

c[DKP-RGD]-PEG4-GLRKRLRK(CF)FRNKIKEK-CONH₂

CH₃(CH₂)₁₆-CONH-GGGGLRKRLRKFRNKIKEK-NH₂



Мы чистили, чистили, и
наконец почистили до...



21 %

Остальное — удалили, потому что почти никакие тулы с такими последовательностями не работают



Это немного, но это честная работа



3121

Строк в бинарном датасете



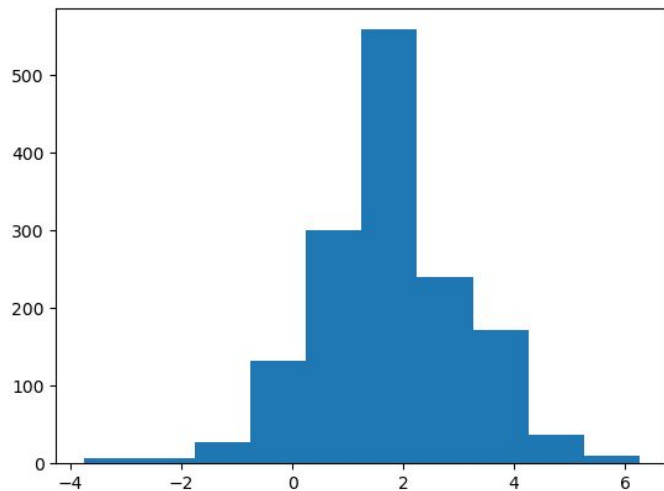
1524

Строки в датасете POSEIDON для регрессии

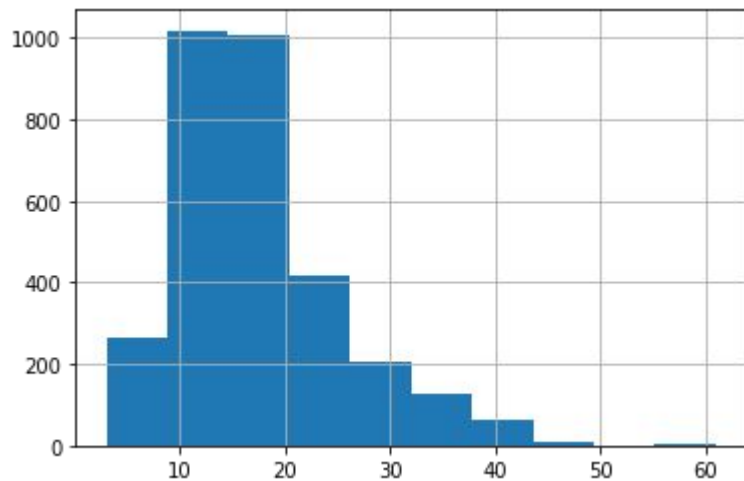
EDA & Feature engineering

Распределение целевой переменной Uptake

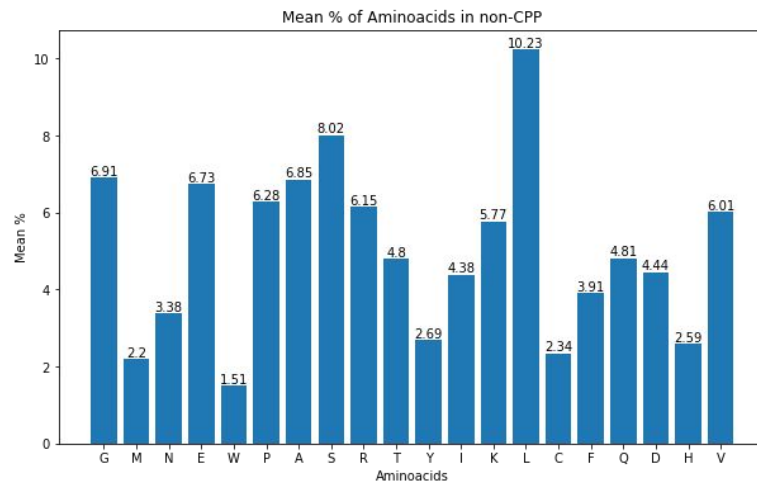
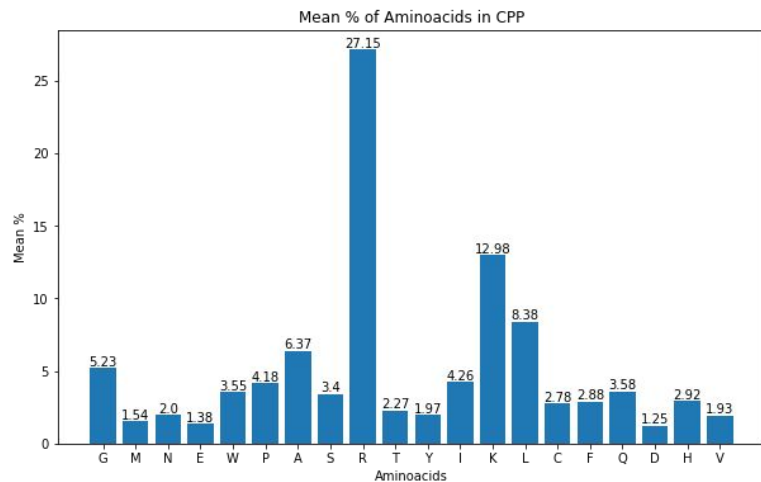
- Изначально распределение было ужасным
- Поэтому мы его логатримировали (на сайте POSEIDON тоже это



Длина последовательности



Распределение по аминокислотам



Feature engineering

- Рассчитали дескрипторы PyBioMed и Biopython
- В некоторых подходах добавили доли важных АК



Анализ пространственных паттернов

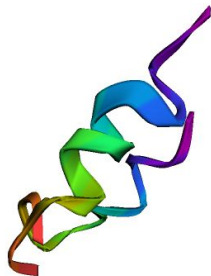
- Многие CPPs имеют альфа-спирали в своей вторичной структуре, которые расположены в середине последовательности или на ее концах
- CPP, не имеющие регулярной вторичной структуры также встречаются
- В перспективе можно будет добавить предикторы:
 - Длина предсказанной (например при помощи alphahold) самой длинной альфа-спирали,
 - Количество предсказанных альфа-спиралей и процент последовательности, имеющий регулярную вторичную структуру
 - В целом, эта информация есть в дескрипторах



Красивое

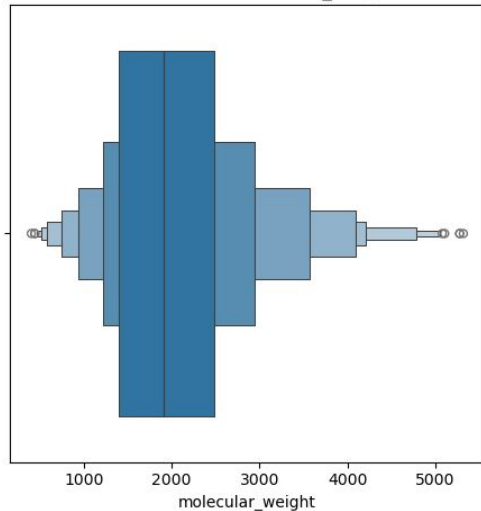
[176]

```
view = py3Dmol.view(width=800, height=400)
view.addModel(pdb_file4, 'pdb')
view.addModel(pdb_file5, 'pdb')
view.setStyle({'cartoon': {'color': 'spectrum'}})
view.show()
```

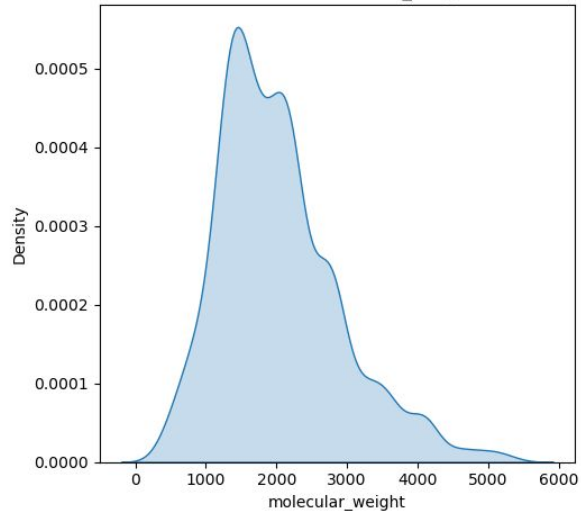


Молекулярный вес

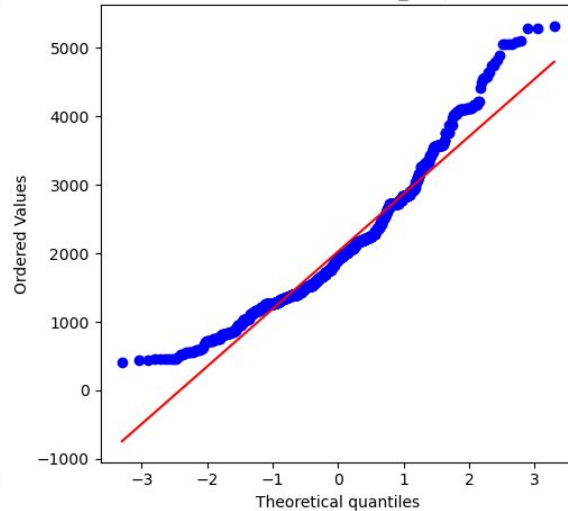
Boxen Plot of molecular_weight



KDE Plot of molecular_weight

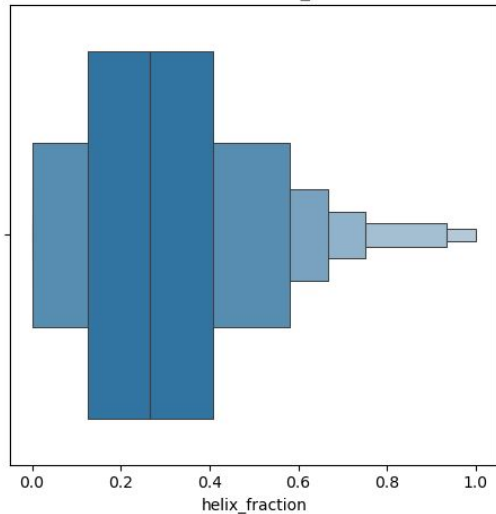


QQ Plot of molecular_weight

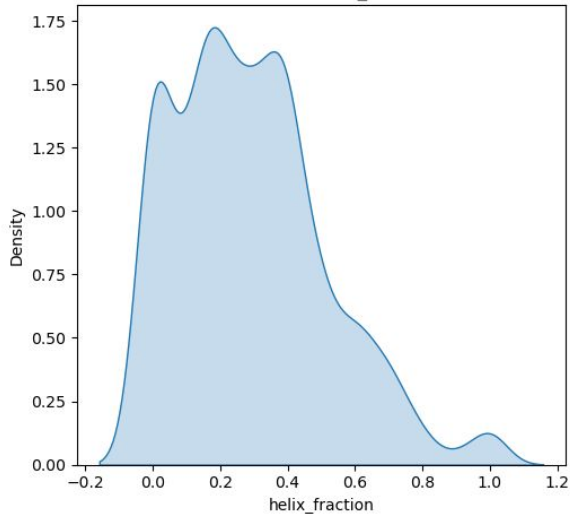


Доля альфа-спиралей

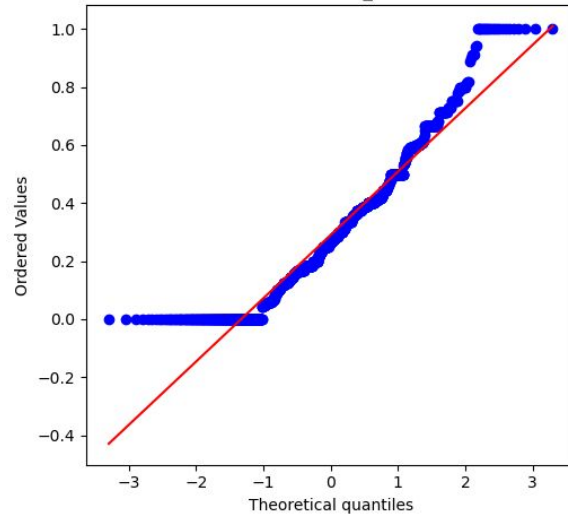
Boxen Plot of helix_fraction



KDE Plot of helix_fraction



QQ Plot of helix_fraction



Как мы работали с ML?

- Тестировали разные модели
- Все перспективные модели улучшали
 - Feature selection with correlation analysis
 - Hyperparameter Optimization with optuna (cross-validation)
- Для классификации смотрели на такие метрики:
 - F1 score
 - AUC
 - Precision (так как ложноположительные результаты стоят дороже в нашем случае)
- Для регрессии:
 - MSE
 - MAE
 - R^2 (идеально для сравнения самых разных подходов)



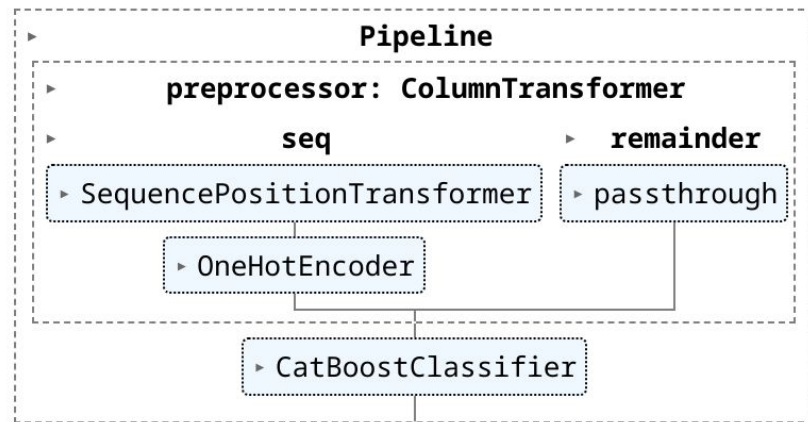
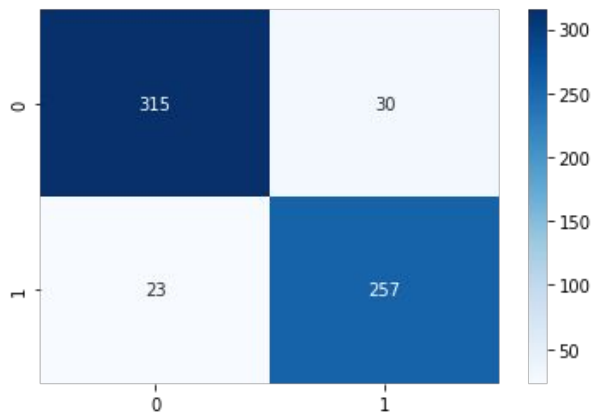
Классификация

Лучший — CatBoostClassifier

- Простой one-hot энкодинг аминокислот
- Предикторы BioPython

Final F1 Score: 0.9065255731922399

Final AUC: 0.9610230295033297



Регрессия

Попробовали разные подходы

- Попробовали разные подходы:
 - Удалить или оставить аутлаеры
 - Выбрать самые важные фичи или работать со всеми
- По итогу оказалось эффективнее использовать все данные и все фичи
- Протестированные модели: модели классификации и регрессии



Лучшая модель —

- Полные данные, без обрезки выбросов в параметрах
- Логарифмирование таргетного параметра
- Обрезка датасета по 95 перцентилю таргета
- Использование всех параметров в датасете
- XGBoost архитектура

Лучшие метрики

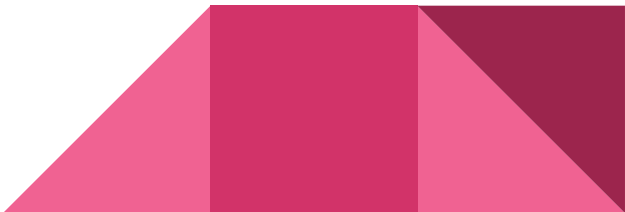
XGBoost Regression Model:

Mean Squared Error (MSE): 1.5975


Mean Absolute Error (MAE): 0.8404

Root Mean Squared Error (RMSE): 1.2639

R-squared (R^2): 0.7945



Наиболее важные фичи

- **SolventAccessibility** - этот параметр описывает, насколько определенный участок пептида будет взаимодействовать с растворителем
 - **Polarizability** - описывает поляризуемость пептида
 - **SecondaryStr** - описывает наличие альфа-спиралей (бета-листов) пептида
 - **Charge, isoelectric_point, charge_at_ph** - Заряд пептида может существенно влиять на его взаимодействие с клеточной мембраной
 - **Polarity** - описывает полярность пептидов
 - **NormalizedVDWVT** - описывает Ван-дер-Ваальсовы взаимодействия
 - **Hydrophobicity, gravity** - являются мерой гидрофобности пептида
 - **Turn_fraction, sheet_fraction** - описывают гибкость и конформацию пептида
 - **Instability_index** - является мерой стабильности пептида
- 

Эмбединги пептидных последовательностей

- Попробовали многое (альфафолд, ProtBert...)
- Не успели имплементировать (беды с зависимостями, слишком долго, не хватает вычислительных мощностей)
- Реализовали **blomap** — эмбединги, основанные на BLOSUM
- Модель, казалось бы, получилась хорошая, но...



За час до
дедлайна мы
выяснили, что...

Судя по всему, произошла утечка из TRAIN в TEST



	TRAIN	TEST
MSE	0.00034	0.00303
MAE	0.00325	0.010895
R^2	0.99976	0.99793

- Модель видит в TEST такие же или очень похожие последовательности
- И предсказывает то, что видела в TRAIN
- Информация — в BLOSUM эмбедингах

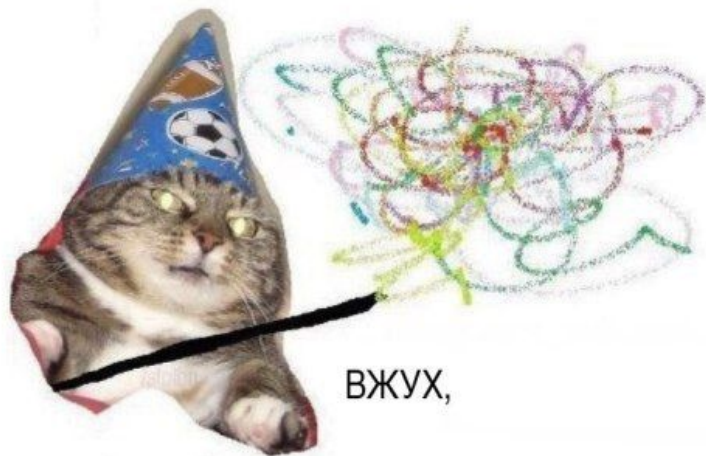
Но модели без
эмбеддингов тоже
работают неплохо!



Генерация

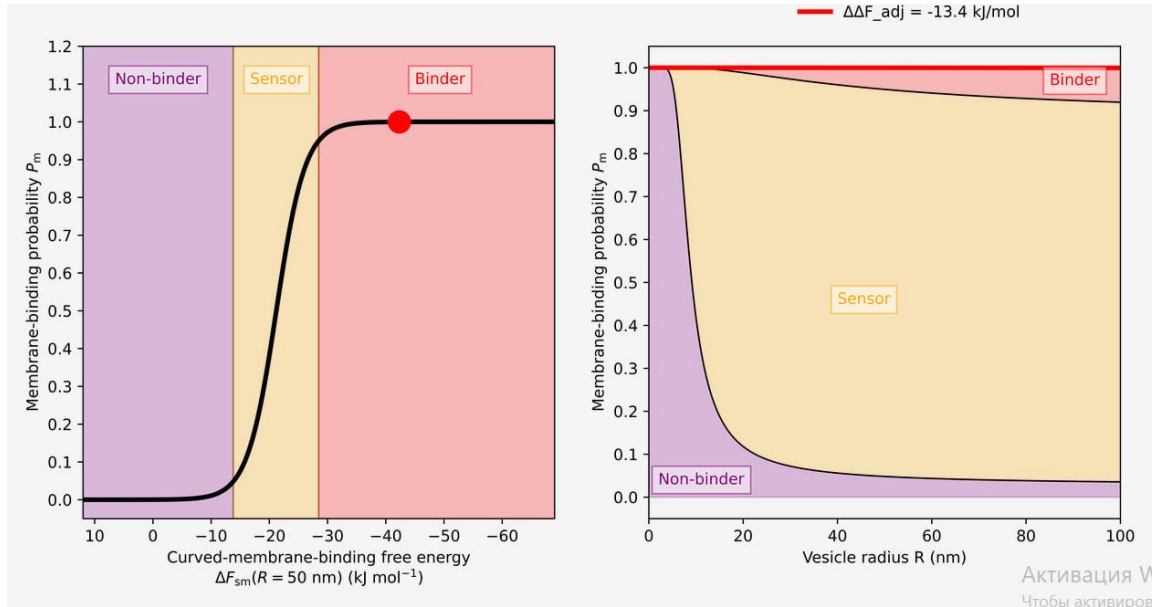
Как оно работает?

- Реализовали прототип генетического алгоритма
- В качестве функции приспособленности использовали нашу регрессию



```
Predicted  $\Delta\Delta F$ : -7.909 kJ/mol
Predicted  $\Delta\Delta F_{L24}$ : -8.75 kJ/mol
Predicted  $\Delta\Delta F_{adj}$ : -13.4 kJ/mol
-----
Negatively charged membrane
Calculated from  $\Delta\Delta F_{adj}$ :
Predicted  $\Delta F_{sm}(R=50)$ : -42.333 kJ/mol
-----
Sequence length: 22
Sequence charge: 5
Hydrophobicity: 0.518
Hydrophobic moment: 0.119
```

Умеренное, но уверенное связывание



Non-redundant

- Длина пептида 22
- Найденный идентичный участок в CPPsite 2.0 длины 13

```
>1193
```

```
Length = 13
```

```
Score = 23.1 bits (47), Expect = 0.030, Method: Compositional matrix adjust.  
Identities = 10/10 (100%), Positives = 10/10 (100%)
```

```
Query: 1 SRWRWKSCKK 10  
SRWRWKSCKK
```

```
Sbjct: 4 SRWRWKSCKK 13
```

Спасибо за внимание! Давайте поговорим 😊

