課題4:蛋白質の構造解析

人にはどうしても 解かねばならない問題がある.

— Osamu Watanabe

課題のねらい:

ある 1 つの具体的な問題例をコンピュータを駆使して解く.

講義ノート

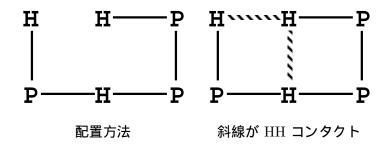
1.問題の説明

今回の課題は,タンパク質を構成するアミノ酸の列から,タンパク質の構造を求める問題,タンパク質の構造決定問題である.

本格的な構造決定問題はかなり手ごわい.今回は,以下のようにぐっと簡略化したものを考える.

- (1) 20 種類のアミノ酸で考えるのではなく,アミノ酸を親水基と疎水基に大別し,親水基か疎水基かで考える.以下,親水基を P,疎水基を H と略記する.つまり,データとしては,P と H の列をもらう.
- (2) 各アミノ酸は二次限の格子上に配置されると考える.
- (3) 構造は,格子上で隣り合った2つのHの組(これをHHコンタクトと呼ぶ)がいくつ存在するか,だけで決まる.つまり,HHコンタクトの数が最大となる配置を「答え」と考える.

たとえば,HPHPPH という入力列— HP 列と呼ぶ — に対し,下図(左)のような配置を求める問題である.ちなみに,この配置の HH コンタクトの数は,下図(右)のように 2 と数えられる.



この問題をコンピュータと協力しながら解くことを今回の課題としよう、最終的には、

問題例 1: P3H2P2H2P5H7P2H2P4H2P2HP2

を解くことを我々の目標としてみたい (注:Pが3つ続く場合,PPPをP3と略記する.) もしうまくいったら,

問題例 2 : P3H2P2H4P2H3PH23H2P8H6P2H6P9HPH2PH11P2H3PH2PHP2HPH3P6H3

にも挑戦したい. ちなみに,問題例 2 に対しては,現在,50 個の HH コタクトを持つ解が知られているが,それが最大であるかどうかはわかっていない.

2. 利用するプログラム

今回は,基本的なバックトラック枝狩り探索法を用いて,最適解を探索するプログラム 1 を使用する.

プログラムの使用法

今回使うプログラム prot1 は , 与えられる HP 列に対し , そのすべてを一括して解析するのではない . 人間がガイドしながら , 列の先頭から十数個~二 , 三十個ずつの解析を行うプログラムである .

具体的には,

s: 現時点から何ステップ先までの HP 列までを解析するかの指定

(x,y):二次元格子座標のどの地点まで進むかの指定

を与えると,その範囲の HP 部分列に対し,よいと思われる埋め込み(最適とは限らない)を答えてくれる.たとえば,下図の HP 列に対し, $s=4,\,(x,y)=(10,6)$ と指定すると,下図左のように答えてくれる(この場合,答えは 1 通りしかない).

HP列:HPHPPHHPPHH···

その答えに対し, $s=10,\,(x,y)=(14,8)$ とやると,上図右のような解を答えてくれる(この場合,1 個の HH コンタクトが得られる).

これをさらに先に進めてもよいが,この解はやめて別の方向へ進むよう指定してもよい.たとえば,s=10 のままで (x,y)=(11,9) にすると,次ページの図のような解が得られる(この場合,HH コンタクトは 2 個).

¹渡辺研の新倉氏 (TA) と加藤氏の力作です.

目標の地点にそもそも到達できない場合には「、到達できない」という答えになる.なお,目標の地点付近には行けるのだが,微妙な長さの差でその座標ちょうどで終わることができない場合もある. その場合には,目標の (x,y) 座標の ± 1 程度の範囲に到達する解が得られる.

0.1.2.3.4.5.6.7.8.9.0.1.2.3.4.5.7.8.9.0.*
1
22
3
44
5
6Р-Р-Р-Н-Р6
7
8
9s
ó
:

プログラムの基本アルゴリズム

プログラム prot1 の基本アルゴリズムは , 基本的なバックトラック探索にいくつかの枝刈りを付け加えたものである .

(1) バックトラック探索とは(ここは授業で示す絵を自分で書いて下さい)

(2) 枝刈りの各種条件

枝刈り条件を決めるパラメータ(これを search parameter と呼ぶことにする)がいくつかある. このパラメータを上手に選んでやることで,プログラムの性能を引き出せる.詳しくは次回の演習資料で.

(3) 目標地点

埋め込みは,埋め込み領域(HP 列の長さにより自動的に決まる)の中心の座標から始まる.それに対し,今回のプログラムは,目標地点 (x,y)(ただし x,y は整数)を指定しなければならない. 長さが足りなくて,スターとの座標から,その目標地点に到達できない場合にはエラーとなり,再度入力しなければならない(長さが足りても,偶奇性により目標地点に到達できない場合もある.その場合には, ± 1 の座標に到達するようになっている.)

今回の宿題(〆切:1月16日,演習開始前)

(1) 次の HP 列に対して,最適な配置を求めよ(注:学籍番号の最後の数字を 4 で割った余りに 応じた列について考えること)

0の人: НРННРРНРН Р

1の人: РНРРННРНР

2 の人: Р Н Н Р Н Р Р Н Н Р Н

3の人: HPHHHPPHPHH

- (2) 問題例1の最初の15個分の列に対して,よさそうな(最適でなくてもよい)配置を求めよ.
- (3) 適当なチューンアップを施した後実行してみたところ,s=10 程度であれば,10 秒くらいで探索ができた.その場合,s=12 にはどの程度の時間がかかりそうか?推定せよ(枝刈りのことは考えないでよい.)