

Лекция 3. Сравнительное моделирование.

Курс: Машинное обучение в структурной биологии

Головин А.В.¹

¹МГУ им М.В. Ломоносова, Факультет Биоинженерии и Биоинформатики

Москва, 2021

» Содержание

Введение

Сравнительное моделирование

Моделирование *Ab initio*

Threading — протягивание нити

Распознавание укладки

Мета серверы

ML методы для предсказания структуры

* Данные

* Представление

Варианты NN

Предсказание структуры белков

Заключение



» Основные проблемы:

- * Монте-Карло: 100 а.к. $3N$ степеней свободы, получаем 10^{48} конформаций.
- * **Парадокс Левинталя:** "Промежуток времени, за который полипептид приходит к своему скрученному состоянию, на много порядков меньше, чем если бы полипептид просто перебирал все возможные конфигурации".
- * Для решения разумно использовать накопленные знания для моделирования.



» Последовательность-структура

Причины парадокса Левинталя:

- * Теоретические модели, не соответствуют тому, что природа старается оптимизировать;
- * В ходе эволюции были отобраны только те белки, которые легко сворачиваются;
- * белки могут сворачиваться разными путями, не обязательно следуя глобально оптимальному пути.
- * Считается, что структура определяется последовательностью, но иногда нужны другие факторы.
- * Структура более консервативна чем последовательность



» Сравнительное моделирование

- * Зачем искать конформации если можно представить, что при подобии последовательностей подобны и структуры.
- * Надо оценить насколько вероятно, что отличие в последовательности может привести изменению способа укладки цепи.
- * Надо отфильтровать ошибки полученные при определении структуры.



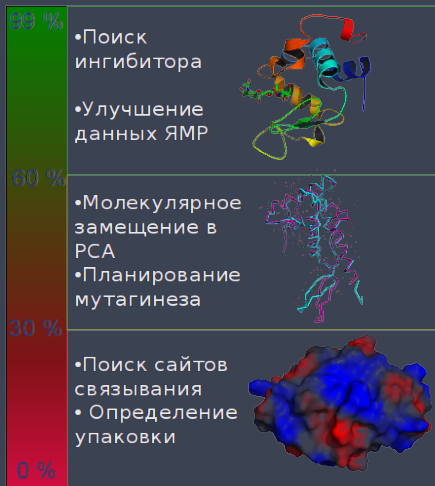
» Известные структуры и последовательности

- * Сейчас известно порядка $1.6 \cdot 10^5$ структур уникальных белков.
- * UniProt это 562 000 белков.
- * Для 50% последовательностей можно предсказать способ укладки.



» Степень идентичности и сравнительное моделирование

Sali, A. & Kuriyan, J. Trends
Biochem. Sci. 22, M20–M24
(1999)



» Как это реализовать?

- * Надо найти белок заготовку с известной структурой.
- * Построить первичное выравнивание.
- * Улучшить выравнивание.
- * Построить ход основной цепи.
- * Моделирование петель
- * Достроить/моделировать положение боковых радикалов
- * Проверка модели



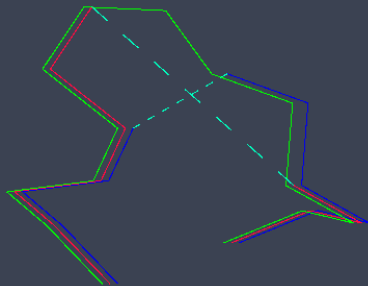
» Поиск белка заготовки

- * Поиск по PDB с помощью:
 - * Blast
 - * Psi-Blast
 - * Методов распознавания упаковки
- * Используя биологическую информацию.
- * Функциональное аннотирование в базах данных.
- * Используя информацию об активных сайтах, или мотивы.



» Улучшение выравнивания

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
PHE	ASP	ILE	CYS	ARG	LEU	PRO	GLY	SER	ALA	GLU	ALA	VAL	CYS
PHE	ASN	VAL	CYS	ARG	THR	PRO	---	---	---	GLU	ALA	ILE	CYS
PHE	ASN	VAL	CYS	ARG	---	---	---	THR	PRO	GLU	ALA	ILE	CYS

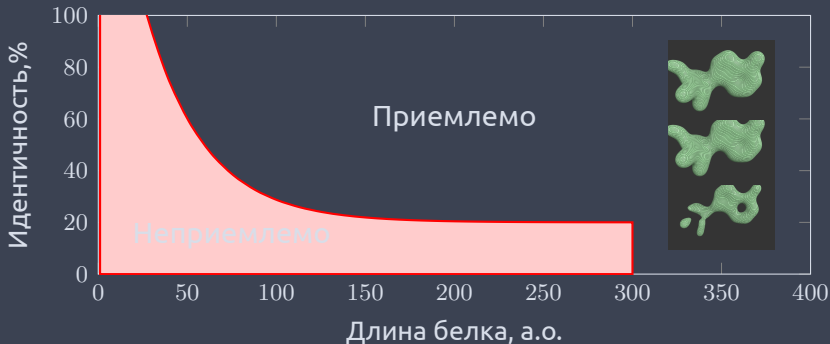


Из книги "Professional Gambling" от Gert Vriend



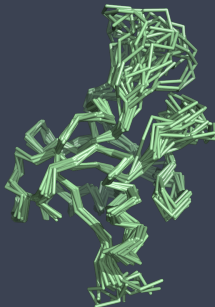
» Качество белка заготовки

- * Выбор качественного белка заготовки очень важен.
- * Лучший вариант не обязательно обладает лучшей степенью идентичности.
 - * Белок 1: ID 93%, 3.5 ангстрема разрешение. Хуже.
 - * Белок 2: ID 90%, 1.5 ангстрема разрешение. Лучше!

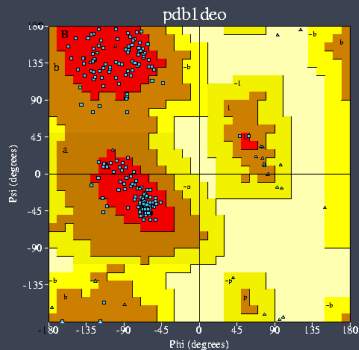


» Если структура белка заготовки получена ЯМР

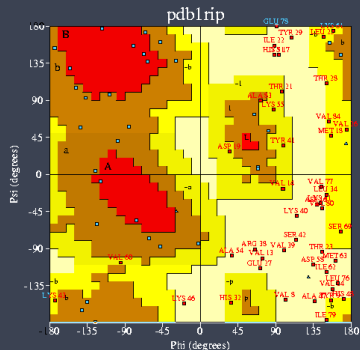
- * Определимся какие области определены лучше.
- * Соотнесём с выравниванием.
- * Если низкая гомология выпадает на “подвижные” области, то структура подходит.



» Качество заготовки, Рамачандран



РСА, хорошая структура.



ЯМР, сомнительные данные.



» Построение остова

- * Генерируем координаты остова моделируемого белка для остатков из выравненных областей.
- * Не обязательно использовать координаты, могут подойти дистанционные ограничения.
- * Большинство исследователей предпочитают Modeller. Modeller использует дистанционные ограничения.



» Моделирование петель

- * Эмпирическое моделирование:
 - * Поиск подходящего фрагмента по PDB
 - * Использовать базы данных (LIP, etc..)
- * Молекулярная механика.
- * Монте-Карло.
- * Rosetta:
 - * Поиск фрагментов близких по последовательности.
 - * Комбинирование результатов поиска с помощью Монте-Карло.

Комбинации выше перечисленных.



» Моделирование боковых радикалов

- * Если идентичность последовательностей высока то можно ожидать высокую консервативность третичных контактов.
- * Если анализ показывает, что важные контакты консервативны то:

Лучше оставить конформацию боковых радикалов из заготовки чем моделировать.



» Моделирование боковых радикалов

- * Конформация боковых радикалов зависит от конформации основной цепи.
- * Существуют базы данных ротамеров.
- * Некоторые исследователи считают, что SCWRL метод самый удачный.

Это эмпирический метод на основе теории графов.

<http://dunbrack.fccc.edu/SCWRL3.php>



» Точность моделирования боковых радикалов

- * Высокая точность моделирования достигается для боковых радикалов внутри глобулы.
 - * Причина: в экспериментах остатки на поверхности более подвижны.
 - * Вычислительное проще упаковать гидрофобные остатки, чем учесть полярные контакты и водородные связи с водой или с участием воды.



» Улучшение модели

- * Методы минимизации энергии.
- * Моделирование молекулярной динамики (оптимизация гидрофобики)
- * Моделирование Монте-Карло.
- * Любой известный подход для оптимизации структуры.



» Ошибки

- * Обычно ошибки не исправляются на последующих этапах моделирования.
 - * Хорошее выравнивание не исправит плохой выбор белка заготовки.
 - * Хорошее моделирование петель не исправит плохое выравнивание.
- * При обнаружении ошибки необходимо повторять некоторые этапы.



» Проверка

- * Большинство программ для моделирования по гомологии выдают правильные значения для связей и валентных углов.
- * Карта Рамачандрана в большинстве случаев для модели выглядит также, как для белка заготовки
- * Проверка на ориентацию или положение заряженных остатков может быть полезна.
- * Использование любых экспериментальных данных:
 - * Остатки активного центра.
 - * Места модификаций.
 - * Места контактов.

RgOQ сервер оптимизирован на поиск правильной модели а не нативной структуры.



» Ресурсы для гомологичного моделирования

- * Modeller
- * SwissModel
- * Eva-CM
- * Nest И т.д.



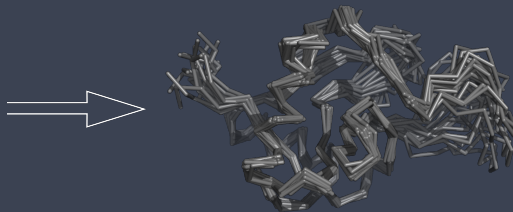
» Предсказание структуры белка *Ab initio*

- * Теоретически можно использовать молекулярную динамику.
- * Моделирование отжига, как в МД так и в Монте-Карло.
- * На основе фрагментов, Rosetta



» *Ab initio*, Rosseta

- * Метод использует информацию о предсказании вторичной структуры
- * Сравниваем фрагменты от 3 до 9 остатков с библиотекой известных структур. Строим эти фрагменты.
- * Соединяем эти фрагменты и используем Монте-Карло для оптимизации третичной структуры.



» *Ab initio*, Rosseta

- * Для определения хорошей конформации использую специальные потенциалы, которые делают модель похожей на нативную
- * Что можно использовать:
 - * Потенциалы для третичных контактов
 - * Гидрофобные потенциалы
 - * Потенциал для уменьшения радиуса вращения молекулы
 - * Водородные связи и т.д.

Можно добавить знание об дисульфидных мостиках, местах связывания катионов металлов и т.д.

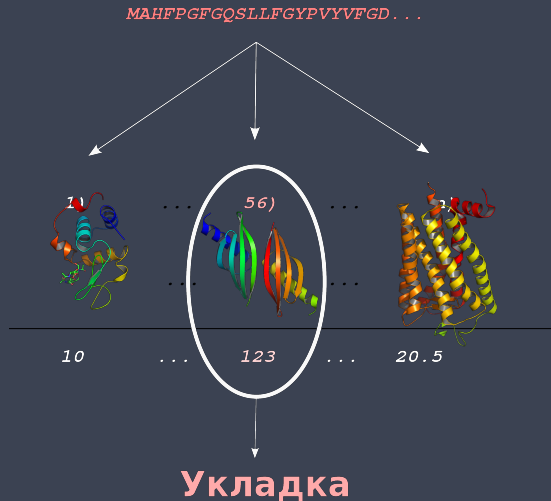


» Threading — протягивание нити

- * Сравниваем последовательность со всеми известными способами укладки.
- * Используем потенциалы для определения тенденций в известных способах укладки.
 - * Каждую аминокислоту из модели помещаем в позиции белков разных укладок
 - * Определяем как хорошо эта аминокислота подходит белку заготовке на основе парных взаимодействий
 - * На основе суммарного результата определяем белок заготовку.



» Threading — протягивание нити



» Threading — недостатки

- * Взаимодействия в белке не всегда описываются парными контактами.
- * Потенциалы часто основываются на профилях последовательностей.

Есть гибридные методы Rosseta/Threading: I-Tasser



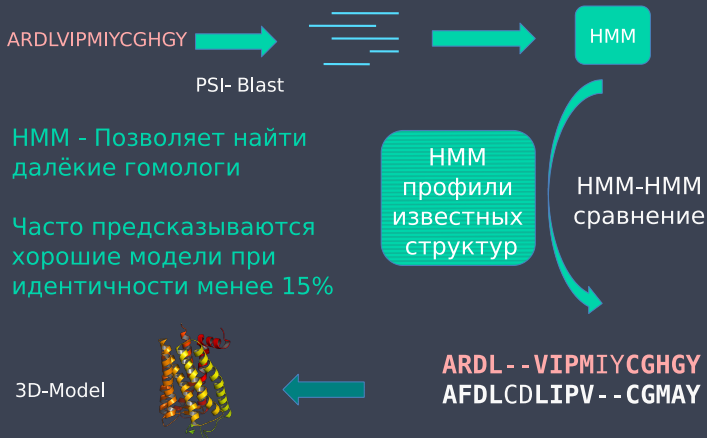
» Распознавание укладки, Phyge2



» Phyre2



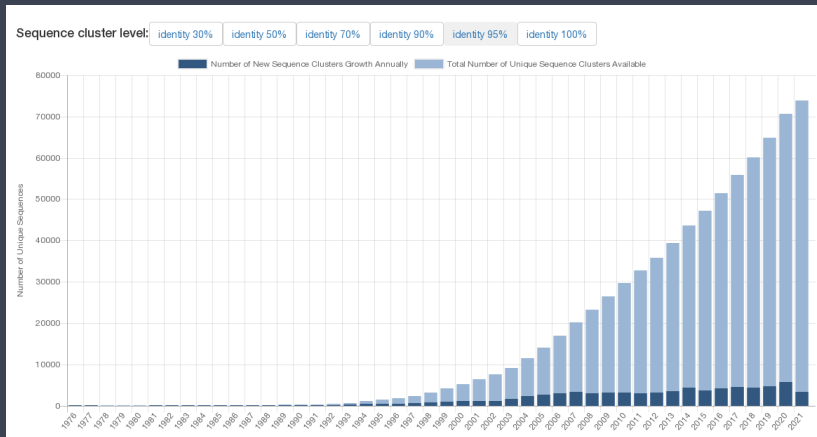
» Phyre2



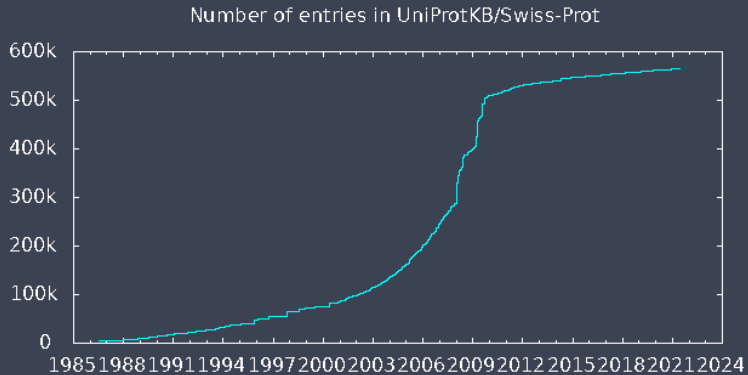
» Мета серверы

- * Сравнение разных методов.
- * Большинство методов предсказывают правильную укладку в первых 10-20 результатах.
- * Удаление структур с высоким значением параметров модели, но с единственной укладкой.
- * Суперпозиция результатов, взвешивание.
- * Часто выдают только позиции атомов остова.



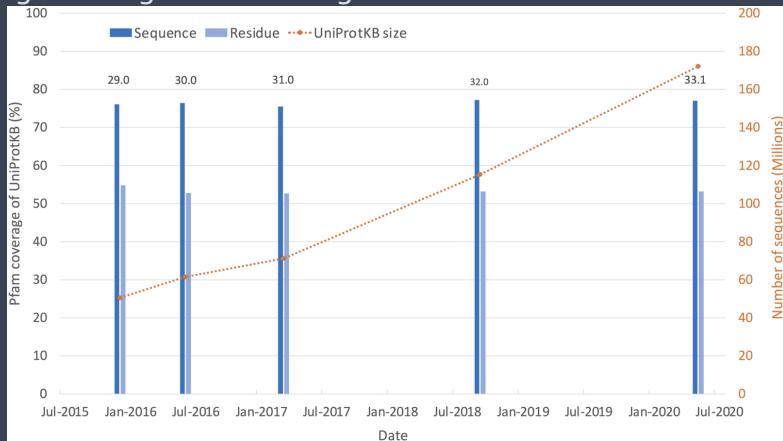


» UNIPROT



» PFAM

Pfam is a database of protein families that includes their annotations and multiple sequence alignments generated using hidden Markov models



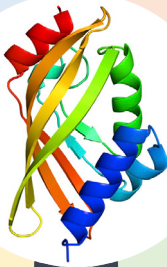
» Разнообразие

Sequence Feature

Amino Acid Sequence
Chemical Descriptors
Evolutional Information

Learned Feature

Variational Auto-Encoders
ProtVec
UniRep



Protein Graph
Voxelization
Torsion Angles
Full Structure

Protein Surface
Secondary Structure
Inter-residue Distance
Structural Feature

10.1016/j.patter.2020.100142



» Представление последовательности

- * Естественное представление это аминокислота = целое число
- * Можно добавить MSA, PSSM как реальное число
- * Вторичная структура как 3 или 8 букв
- * Данные об коэволюции



» Экстракция представлений

- * NLP алгоритмы: Word2Vec, Doc2Vec, BioVec, ProtVec
- * Неперекрывающиеся трипептиды
- * mLSTM (RNN), фиксированное описание для пептидов
- * BERT и GPT3 хорошо сработали для предсказания вторичной структуры
- * AE и VAE были удачно применены для связи последовательности со стабильностью



» Представление структуры

- * Прямое использование координат атомов затруднительно
- * Voxels, 3D сетка окружения для CNN
- * Торсионные углы, малые изменения сильно меняют структуру
- * Попарные расстояния или карты контактов
- * Графы для GNN, можно отделить ферменты от белков, предсказания интерфейсов
- * Представление поверхности, MASIF



» Оценочные функции и силовые поля

- * MM Силовые поля достаточно хороши для стандартных взаимодействий
- * ML используется для внедрения квантовых явлений при сохранении производительности
- * Точность может достигать очень затратных QM методов.
- * SchNet, ANI-1x, PhysNet

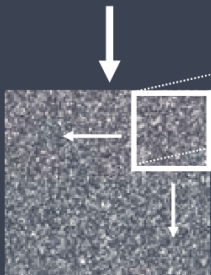


» Convolutional NN

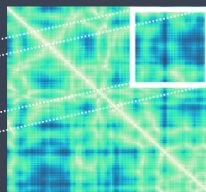
Convolutional Neural Network

Sequence:

MGSSHH

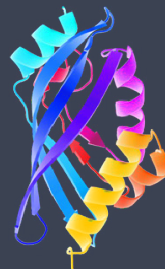
Convolutional
Kernel

Pairwise Features



Predicted Distance

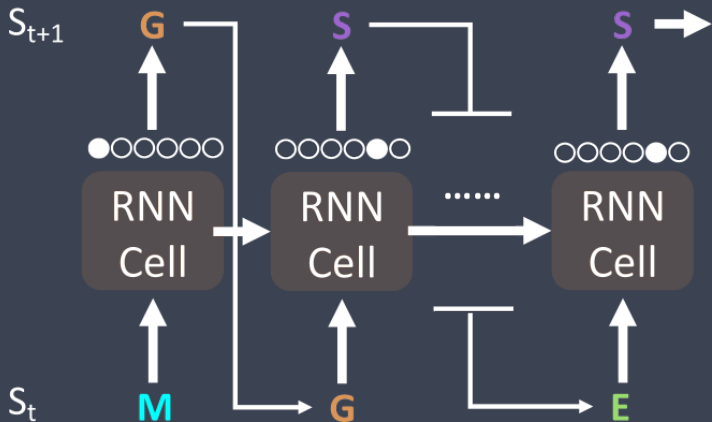
Matrix

Simulated
Annealing

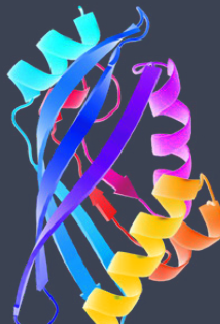
10.1016/j.patter.2020.100142



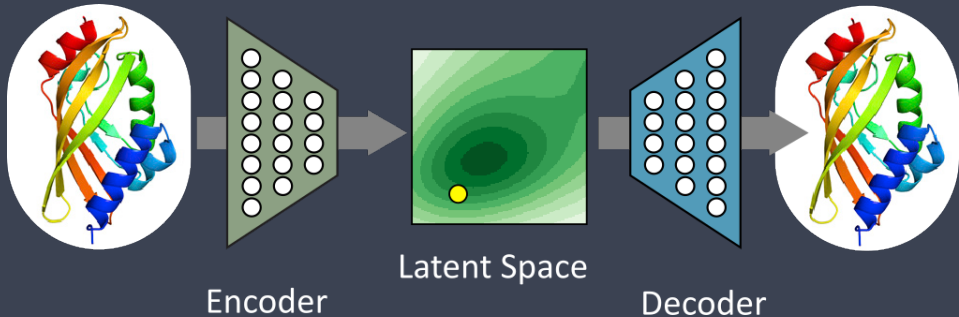
» Recurrent NN



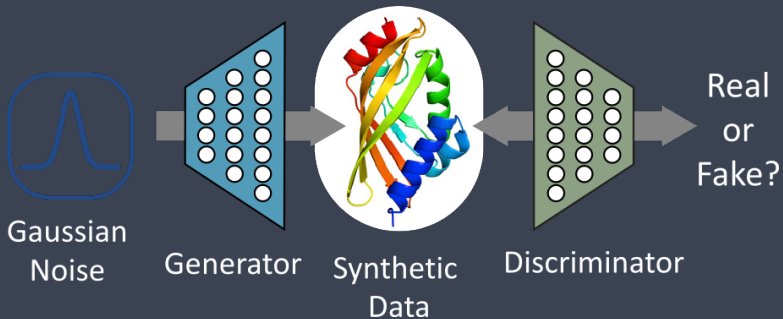
Sequence:
M**G****S****S****H****H**



» Variational Auto Encoder



» Generative Adversarial Network

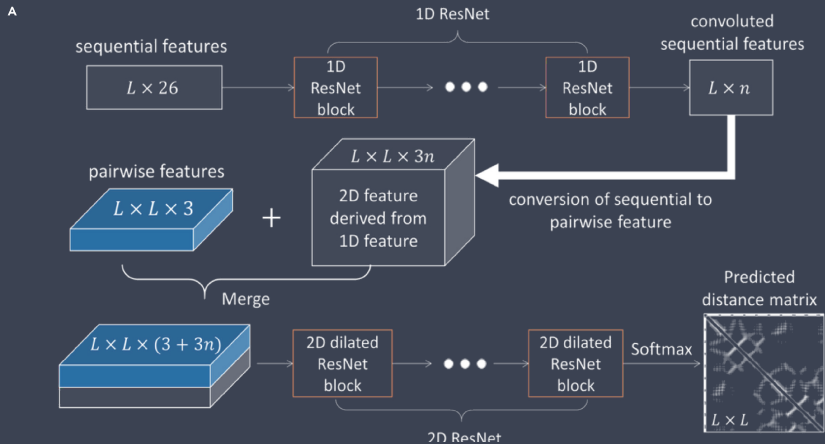


» Основная идея

- * Классические методы опираются на силовые поля и сложные протоколы
- * Новая идея: контактирующие остатки эволюционируют вместе
- * Нужна информация об гомологах, большие MSA
- * RaptorX и AlphaFold



» Архитектуры, расстояния

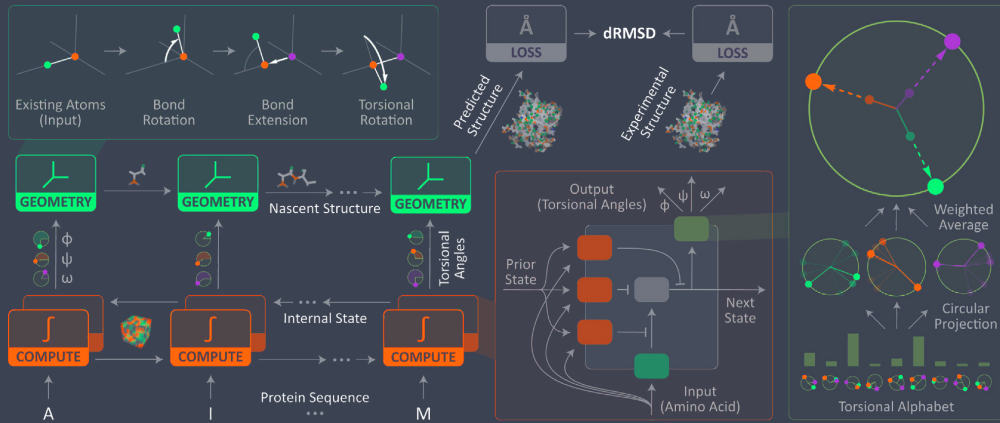


10.1002/prot.25810



» Архитектуры, end2end

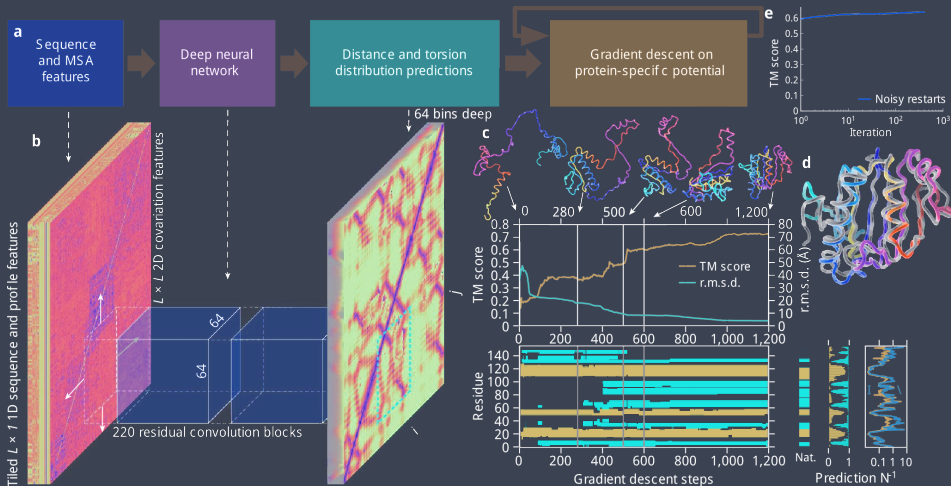
B



10.1016/j.cels.2019.03.006



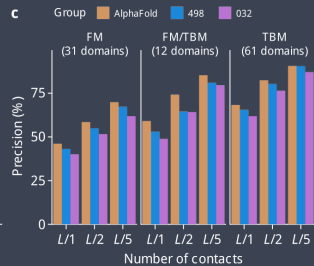
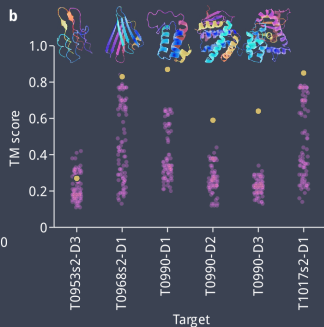
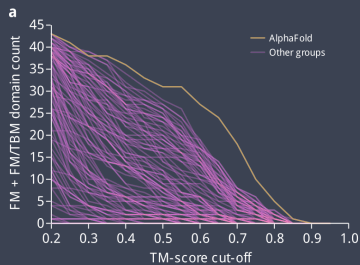
» AlphaFold 1, идея



10.1038/s41586-019-1923-7



» AlphaFold 1, CASP



10.1038/s41586-019-1923-7

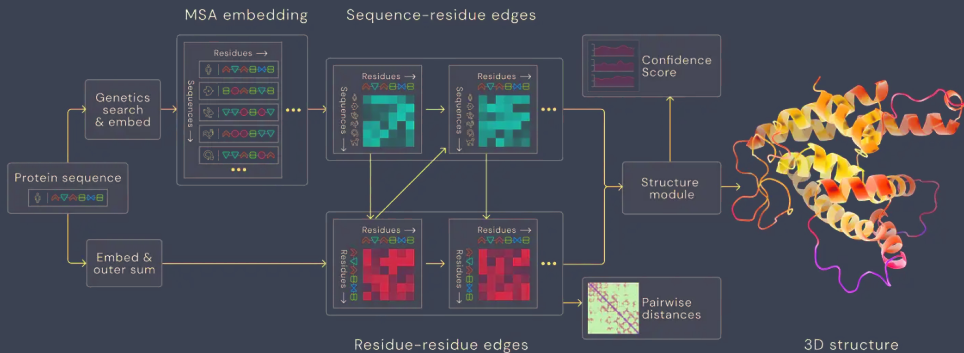


» AlphaFold 2, метод

- * Deep-learning architectures overly favor sequence-local interactions
- * Solution: Developed a novel, attention-based deep learning architecture to achieve self-consistent structure prediction
- * Shallow MSA
- * Deep learning algorithm to attend arbitrarily over the full MSA, instead of using pairwise co-evolution features



» AlphaFold 2, метод

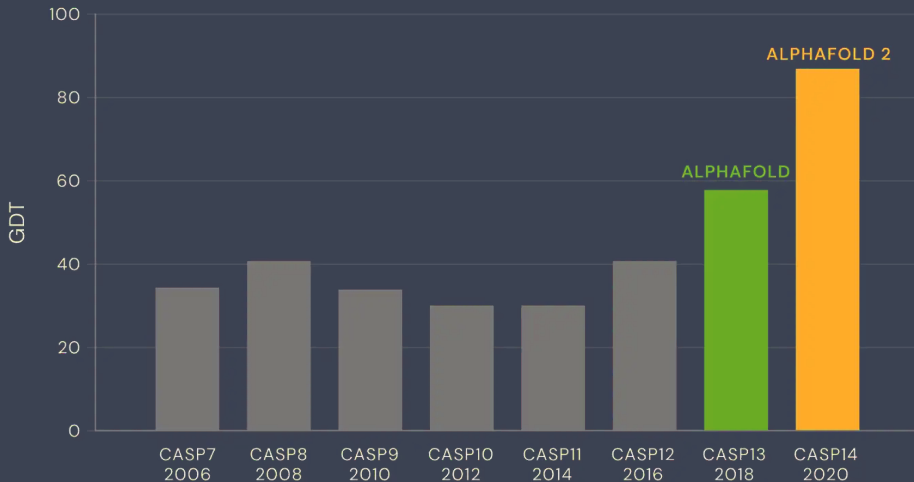


10.1038/s41586-021-03819-2

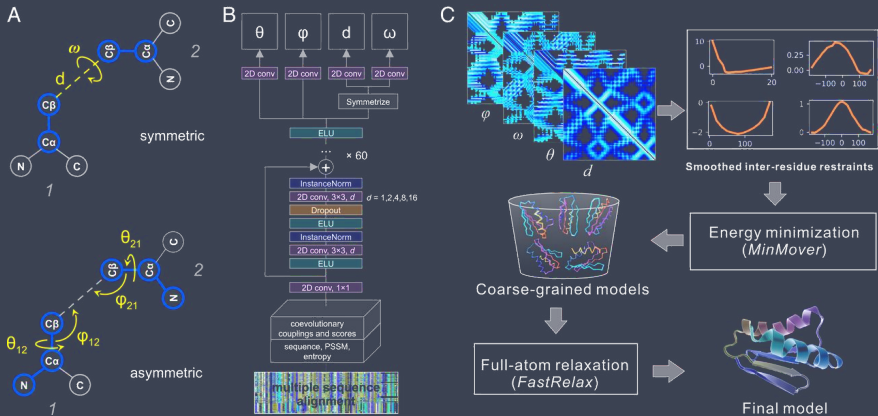


» AlphaFold 2, результат

Median Free-Modelling Accuracy



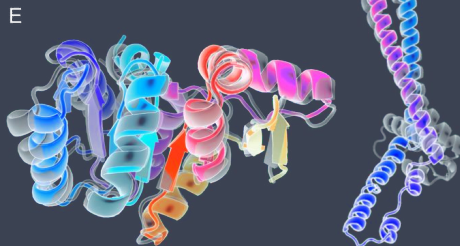
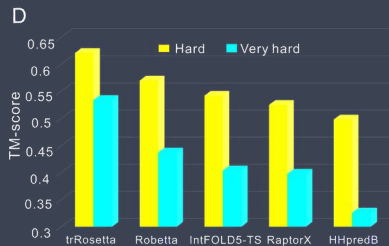
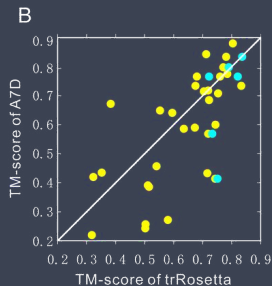
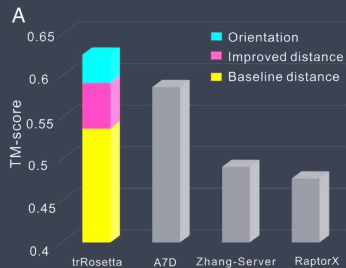
» trRosetta, метод



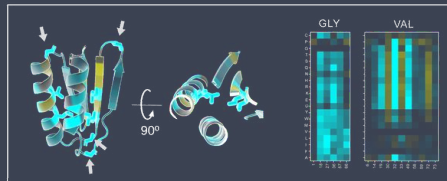
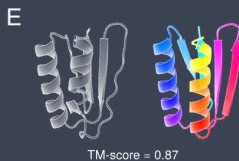
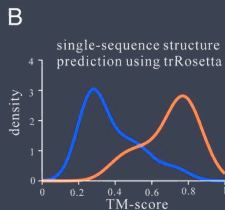
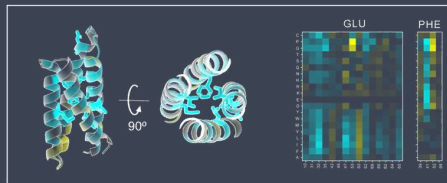
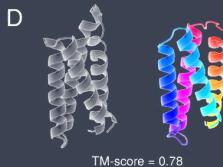
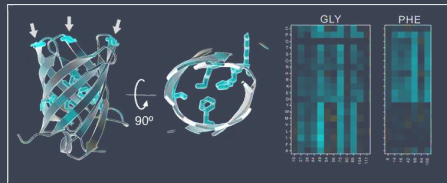
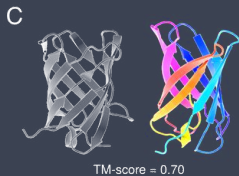
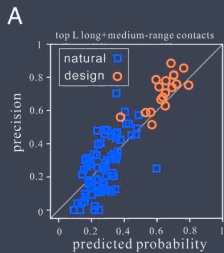
10.1073/pnas.1914677117



» trRosetta, результат



» trRosetta, дизайн



» Заключение

- * Суть современного моделирования белков - эмпирическая
- * Чем больше известной информации используется при моделировании тем точнее модель.
- * Каждый метод имеет недостатки.
- * Критический анализ модели позволяет выявить ошибки и улучшить модель.

