

1. はじめに
2. 酵素と EC 番号
3. 機械学習による EC 番号予測
4. 提案手法
5. 実験結果並びに考察
6. おわりに

有機合成に最適な酵素候補提示のための 特徴量エンジニアリングによる EC 番号予測

EC Number Prediction Using Feature Engineering
to Present Optimal Enzyme Candidates
in Organic Synthesis

武藤 克弥 (Katsuya Muto)
u255018@st.pu-toyama.ac.jp

富山県立大学大学院 電子・情報工学専攻 情報基盤工学部門

February 2, 2024

1. はじめに

2/18

1.1 研究背景

有機合成化学において、生体触媒の効率性や環境面から化学反応の設計に酵素を生体触媒として利用される機会が増加している。酵素は EC 番号によって分類されており、代謝経路の解析や新たな酵素反応設計のため、機械学習で EC 番号を予測し、酵素の性質を特定する研究が行われている。

1. はじめに
2. 酵素と EC 番号
3. 機械学習による EC 番号予測
4. 提案手法
5. 実験結果並びに考察
6. おわりに

1.2 本研究の目的

有機合成に用いる酵素を探索する実験コストや時間削減のため、化学反応に最適な酵素候補を EC 番号として予測できる EC 番号予測手法を開発する。

1. 代謝経路の解明 = 生体の機能の解明

未知のタンパク質配列

[MAKLLLIFGVFIFVNSQAQTFPTILEKHN · · ·]

どんな性質か知る
時間 大
コスト 大

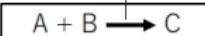
→ ?

2. 新たな化合物の設計 = 医薬品など

酵素(生体触媒)

効率よく反応

環境にやさしい



どの酵素最適か?
時間 大
コスト 大

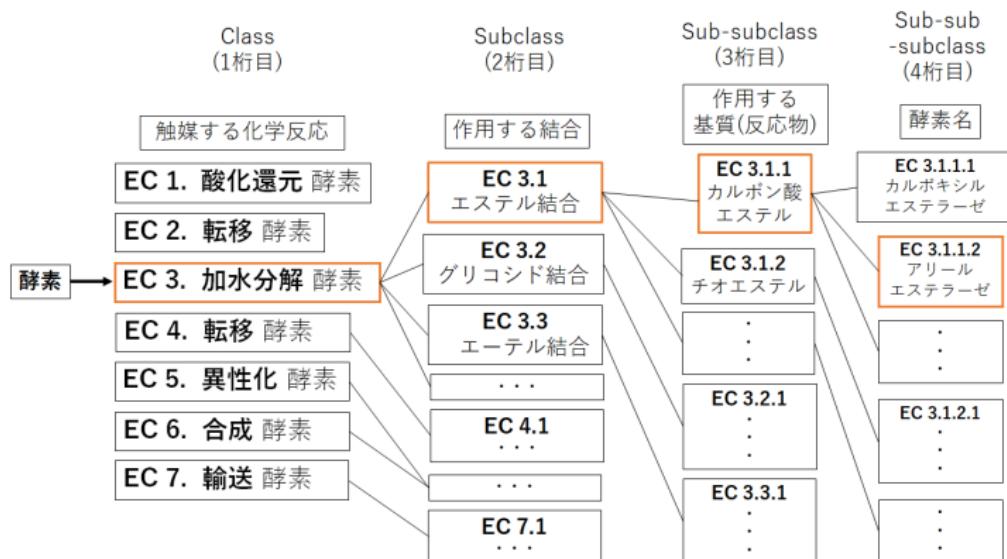
→ ?

2. 酵素と EC 番号

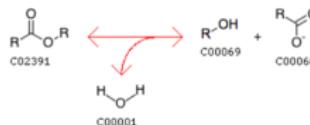
酵素を 4 組の数字 (EC ○. ○. ○. ○) の組み合わせで分類したもの。

EC 番号の機械学習予測 = 酵素候補の絞り込み

- はじめに
- 酵素と EC 番号
- 機械学習による EC 番号予測
- 提案手法
- 実験結果並びに考察
- おわりに



例. EC 3.1.1.1 の酵素を用いた反応

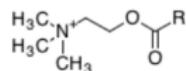


3.1 化合物の構造表現法

計算機上で化学反応を表現する各種方法

- はじめに
- 酵素と EC 番号
- 機械学習による EC 番号予測
- 提案手法
- 実験結果並びに考察
- おわりに

構造式



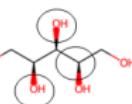
計算機表現

SMILES

*C(=O)OCC[N+](C)(C)C

フィンガープリント

(100001011···) =



化合物の構造を表現

例1)官能基の有無

例2)分子の結合関係

物理・化学的特性値

分子量、電荷、疎水性、etc.

例) 化合物A: (100, 8.32, -0.23, ···)
→化学反応の表現(特性値ベクトル)

RDKit

化学のデータ分析モジュール(Python)
→210種類の特性値(記述子)

```
from rdkit import Chem
Xylitol = Chem.MolFromMolFile('Xylitol.mol')
Xylitol
```



```
from rdkit.Chem import Descriptors
print("SMILES: " + Chem.MolToSmiles(Xylitol))
print("分子量: " + str(Descriptors.MolWt(Xylitol)))
print("LogP: " + str(Descriptors.MolLogP(Xylitol)))
print("TPSA: " + str(Descriptors.TPSA(Xylitol)))
```

SMILES: OC[C@H](O)[C@H](O)[C@H](O)CO

分子量: 152.14600000000002

LogP: -2.9462999999999995

TPSA: 101.15

3.2 EC 番号予測手法 123

5/18

EC 番号予測の目的

酵素探索の短縮: 既存データで学習 & 予測精度向上 → (将来的) 未知データ適用

- はじめに
- 酵素と EC 番号
- 機械学習による EC 番号予測
- 提案手法
- 実験結果並びに考察
- おわりに

(1) タンパク質配列¹ **予測範囲: 1行目～4行目**
画像処理(CNN), 自然言語処理(Transformer)ベースの予測

MAKLLLNSQATFPTILEKHN · · ·

(2) 化合物の物理・化学的特性値²
分子量, 電荷, 疎水性など

予測範囲
1行目～3行目
データ数小

(3) 差分反応フィンガープリント³
SMILESをハッシュ化
→ 2048次元のバイナリベクトル

予測範囲
1行目～3行目
データ数大

EC 番号反応式: 反応物 1 + 反応物 2 \longleftrightarrow 生成物 1 + 生成物 2
 $\rightarrow RFP = FP_{\text{生成物 1+生成物 2}} - FP_{\text{反応物 1+反応物 2}}$

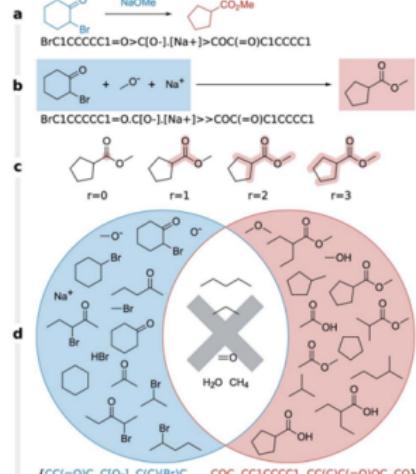
反応物→生成物の変化
= フィンガープリントの変化

有機合成目線

¹Naoki Watanabe et al., 2023.

²Diogo A. R. S. Latino et al., 2009.

³Daniel Probstl., 2023.



0 1014 1154 1344 1859 2041 2047

[0, ..., 1, ..., 1, ..., 1, ..., 1, ..., 1, ..., 0]

SMILESの2値ベクトル化³

4.1 提案手法の概要

6/18

RDKit 特性値を用いた EC 番号予測

反応物から生成物に変化するときの 208 種類の特性値変化量を計算

- はじめに
- 酵素と EC 番号
- 機械学習による EC 番号予測
- 提案手法
- 実験結果並びに考察
- おわりに

特性値(RDKit) 分子量, 電荷, 疎水性 官能基1, 官能基2, 官能基3
 化合物 $A = (100, 8.32, -0.23, \dots, 1, 0, 0, \dots)$
 210種
 $B = (99, 9.32, -6.23, \dots, 0, 0, 0, \dots)$
 $C = (100, 8.32, -0.23, \dots)$
 $D = (89, 7.32, 0, \dots)$

反応式: $A + B \rightarrow C + D$
 特徴ベクトル: $(A + B) - (C + D)$
 $= (10, 2, -6.23, \dots, 1, 0, -1, \dots)$
 210次元

有意性

- (2)特性値ベース
 +
 (3)フィンガープリント(一部)の組み合わせ

(3)との比較

- 1~3桁目の予測(同様)
- 構造情報 + 物理化学情報

→ 化学反応時の特徴をより詳細化

RDKit特性値(記述子)				
	MaxEstateIndex	MinEstateIndex	MinAbsEstateIndex	qed
特 徴 ベ ク ト ル ↓	4.1.1.74	-7.449074	-2.629630	-0.064815 -0.360209 -1
	1.2.1.8	-0.197403	1.307870	0.405116 -0.079826 0
	2.5.1.85	0.593569	0.196239	-2.312624 0.488055 -4
	1.4.1.4	0.234718	-0.413194	0.418052 0.389325 0
	1.1.1.3	-0.155930	-0.317778	0.059255 0.016389 -2

	4.4.1.13	-3.236897	-0.282721	-1.272102 -0.270358 5
	2.3.1.-	-0.286151	0.039395	0.454936 -0.386083 0
	2.3.1.57	-0.286151	0.039395	0.454936 -0.386083 0

4.2 提案手法 特微量 (記述子) 選択

7/18

RDKit 記述子の中から必要なものだけを選択する

ラッパー法による記述子選択 (SequentialFeatureSelector(SFS)⁴)

分類モデルの予測精度を評価し、最高評価となる組み合わせの記述子を選択

用いる手法: Step Forward 法

- ① n 個の記述子から 1 つ選択し、 n 種類の分類モデルを作成
- ② 最も評価の高いモデルに用いられている、記述子を選択
- ③ $n - 1$ 個の記述子から 1 つ選択し、先ほど選択されたモデルに追加することで、新たな分類モデルを作成
- ④ $n - 1$ 個のモデルで最も評価の高いものに用いられている、記述子の組み合わせを選択
- ⑤ 指定した特徴数になるまで 3 と 4 を繰り返す。

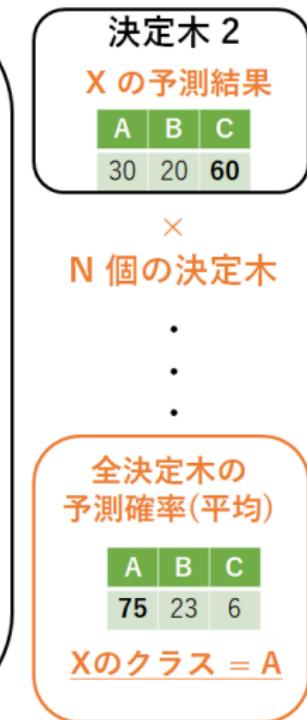
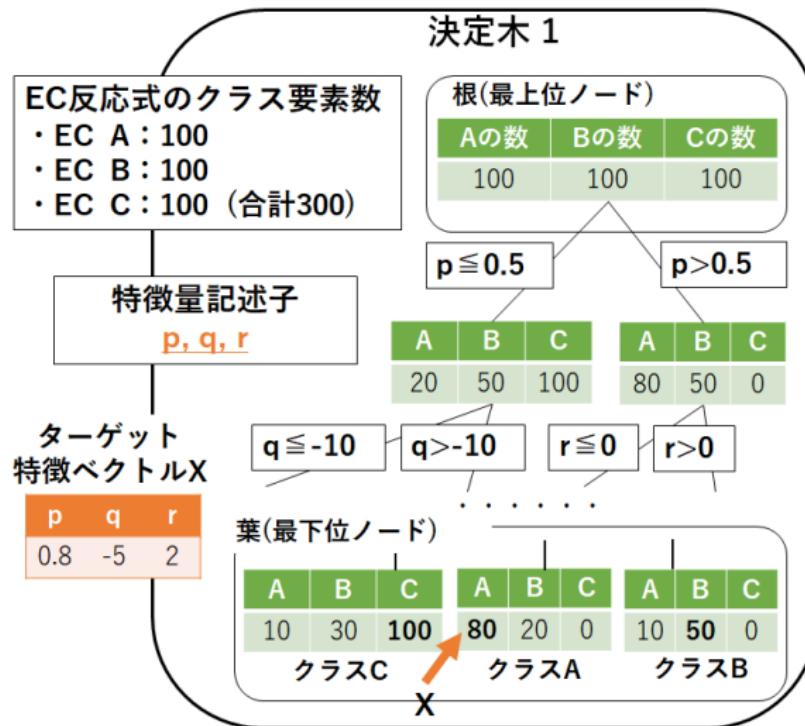
モデルの評価基準: F1 スコア平均 (層化 5 分割交差検証)

⁴ MLxtend.feature_selection,
http://rasbt.github.io/mlxtend/api_subpackages/mlxtend.feature_selection/

4.3 提案手法 ランダムフォレスト (RF) による EC 番号分類 (1)

8/18

- はじめに
- 酵素と EC 番号
- 機械学習による EC 番号予測
- 提案手法
- 実験結果並びに考察
- おわりに



4.3 提案手法 ランダムフォレスト (RF) による EC 番号分類 (2)

9/18

各ノードで IG が最大となるように、特徴量 f とデータを分割する閾値を決定

$$IG(D_p, f) = I_{imp}(D_p) - \frac{N_{left}}{N_p} I_{imp}(D_{left}) - \frac{N_{right}}{N_p} I_{imp}(D_{right})$$

D_p : 上位ノード内のデータ (特徴ベクトル)

f : 分割時に用いられる特徴量

$I_{imp}(t)$: ジニ不純度

D_{left}, D_{right} : 分割先の下位ノード内のデータ

N_p, N_{left}, N_{right} : 上位ノード, 下位 (左右) ノードのデータ数

$$I_{imp}(t) = \sum_{i=1}^c p(i|t)(1 - p(i|t)) = 1 - \sum_{i=1}^c p(i|t)^2$$

$p(i|t)$: ノード t のクラス i のデータ割合, c : ノード t 内のクラス数

パラメータ調整(グリッドサーチ) → 各決定木の最大深さ、決定木数

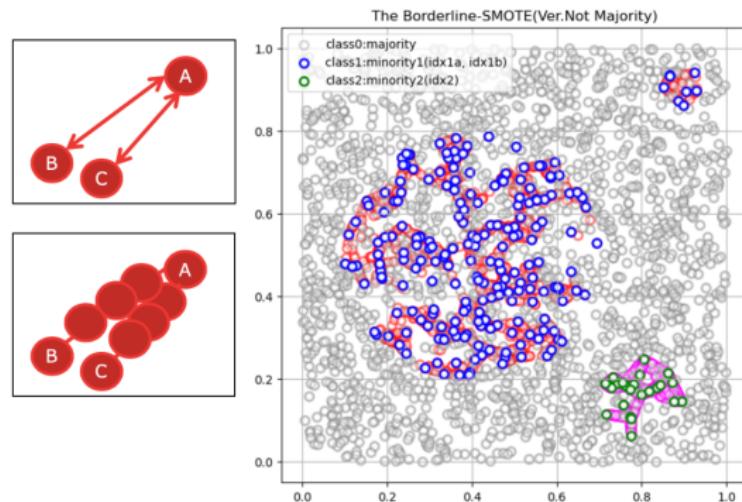
4.3. 提案手法 特微量エンジニアリング

10/18

SMOTE⁵ によるオーバーサンプリング

不均衡なクラスタデータを調整^{6,7}

1. はじめに
2. 酵素と EC 番号
3. 機械学習による EC 番号予測
4. 提案手法
5. 実験結果並びに考察
6. おわりに



⁵Nitesh V. Chawla et al., 2002.

⁶【リレー連載】わたしの推しノード -機械学習時代の申し子「SMOTE ノード」
が不均衡データの壁を突破する、

<https://www.ibm.com/blogs/solutions/jp-ja/spssmodeler-push-node-10/>

⁷BorderlineSMOTE(Ver.Multiclass_Classification).ipynb.,

<https://github.com/hkoshio/pimientitosML/blob/main/>

5.1 数値実験の概要

11/18

数値実験の流れ

3 種類実行

- ① 従来の分類法⁸ と SMOTE 適用後の比較
- ② 記述子選択
- ③ EC 1~3 衍までの多クラス分類

1. はじめに
2. 酵素と EC 番号
3. 機械学習による EC 番号予測
4. 提案手法
5. 実験結果並びに考察
6. おわりに

⁸武藤 克弥, 富山県立大学学位論文 2022

5.1 数値実験の概要

12/18

化学反応データの取得と整形

4 つのデータベース (Rhea, BRENDA, MetaNetX, PathBank) からなる SMILES
データセット⁹ を使用

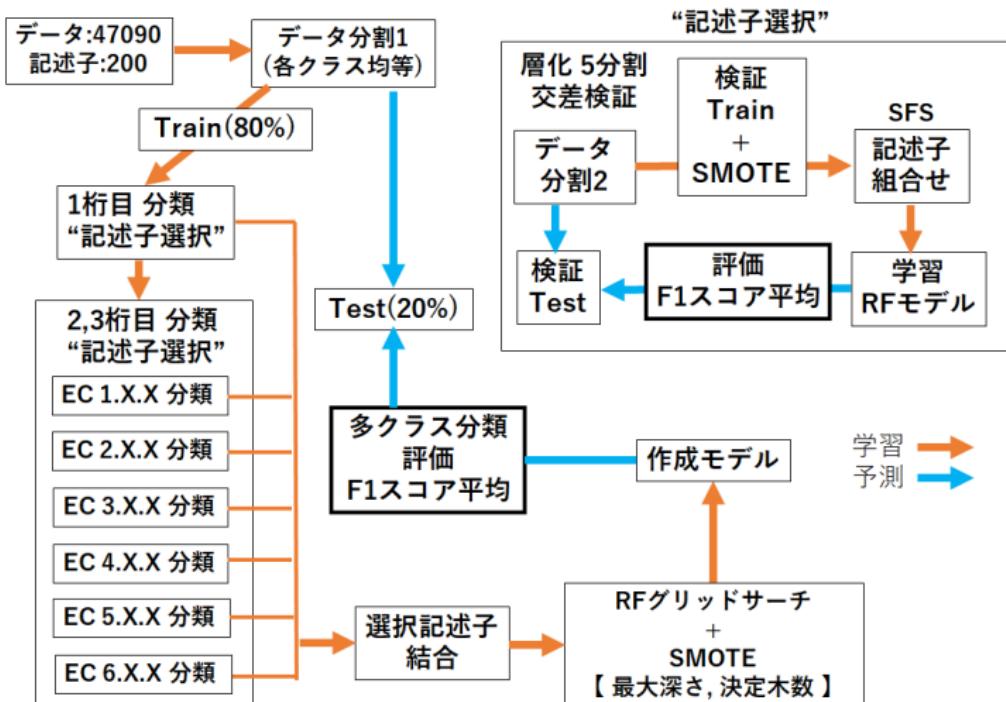
1. はじめに
2. 酵素と EC
番号
3. 機械学習による
EC 番号予測
4. 提案手法
5. 実験結果並びに
考察
6. おわりに

5.1 数値実験の概要

モデル作成・予測手順

EC1, EC2, EC3, EC4, EC5, EC6 の多クラス分類を実行

- はじめに
- 酵素と EC 番号
- 機械学習による EC 番号予測
- 提案手法
- 実験結果並びに考察
- おわりに



5.2 実験1結果

EC 3 (20 クラス, 962 データ) 2,3 桁目の多クラス分類比較

1. はじめに
2. 酵素と EC
番号
3. 機械学習による
EC 番号予測
4. 提案手法
5. 実験結果並びに
考察
6. おわりに

卒業論文					SMOTE適用後				
	precision	recall	f1-score	support		precision	recall	f1-score	support
3.1.1.	0.96	0.96	0.96	25	3.1.1.	1.00	0.96	0.98	25
3.1.2.	0.92	1.00	0.96	12	3.1.2.	1.00	1.00	1.00	12
3.1.3.	0.91	0.94	0.92	31	3.1.3.	0.97	0.94	0.95	31
3.1.4.	0.86	1.00	0.92	6	3.1.4.	1.00	1.00	1.00	6
3.1.6.	1.00	1.00	1.00	3	3.1.6.	0.75	1.00	0.86	3
3.1.7.	0.00	0.00	0.00	2	3.1.7.	1.00	1.00	1.00	2
3.13.1.	1.00	0.50	0.67	2	3.13.1.	0.50	0.50	0.50	2
3.2.1.	0.96	0.96	0.96	26	3.2.1.	1.00	0.96	0.98	26
3.2.2.	0.83	1.00	0.91	5	3.2.2.	0.71	1.00	0.83	5
3.3.2.	1.00	1.00	1.00	1	3.3.2.	1.00	1.00	1.00	1
3.4.13.	0.00	0.00	0.00	1	3.4.13.	0.00	0.00	0.00	1
3.4.19.	1.00	1.00	1.00	1	3.4.19.	1.00	1.00	1.00	1
3.5.1.	0.94	0.97	0.95	31	3.5.1.	0.94	0.97	0.95	31
3.5.3.	0.83	1.00	0.91	5	3.5.3.	1.00	1.00	1.00	5
3.5.4.	0.89	0.89	0.89	9	3.5.4.	0.88	0.78	0.82	9
3.5.5.	1.00	1.00	1.00	2	3.5.5.	1.00	1.00	1.00	2
3.5.99.	1.00	0.50	0.67	2	3.5.99.	0.67	1.00	0.80	2
3.6.1.	0.86	0.95	0.90	19	3.6.1.	0.89	0.89	0.89	19
3.7.1.	1.00	0.71	0.83	7	3.7.1.	0.88	1.00	0.93	7
3.8.1.	1.00	0.67	0.80	3	3.8.1.	1.00	0.67	0.80	3
accuracy			0.92	193	accuracy			0.94	193
macro avg	0.85	0.80	0.81	193	macro avg	0.86	0.88	0.87	193
weighted avg	0.91	0.92	0.91	193	weighted avg	0.94	0.94	0.94	193

5.2. 実験2結果 記述子選択

特徴選択・パラメータ調整の結果

RF モデル各多クラス分類で 9~27 種の記述子

足し合わせ × 重複削除で 84 種の記述子

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
EC_1D	MolWt	NumValence	BCUT2D_N	BCUT2D_CHGH	HallKierAl	lpc	Kappa3	PEOE_VSA	SlogP_VSA2
EC1	MinESStateInd	BCUT2D_MR	BalabanJ	Chi4v	Kappa1	Kappa3	PEOE_VSA	SMR_VSA	SMR_VSA10
EC2	Avglpc	Chi1	lpc	Kappa1	PEOE_VSA	PEOE_VSA	SMR_VSA	SlogP_VSA	SlogP_VSA3
EC3	BCUT2D_MW	BCUT2D_MW	BCUT2D_L	Chi1	Chi2n	Chi4v	Kappa1	Kappa3	PEOE_VSA12
EC4	BCUT2D_MW	BCUT2D_MW	BCUT2D_L	LabuteASA	SMR_VSA	SMR_VSA	VSA_ESta	RingCount	fr_AI_OH_noTert
EC5	Avglpc	BalabanJ	Chi1n	Chi2n	Chi3v	Chi4v	HallKierAl	VSA_ESta	NumHeteroatoms
EC6	BCUT2D_MW	HallKierAlpha	lpc	EState_VSA3	VSA_ESta	FractionC	fr_COO	fr_sulfide	fr_unbrch_alkane
	10	11	12	13	14	15	16	17	18
EC_1D	SlogP_VSA3	FractionCSP	fr_COO	end 12					
EC1	SMR_VSA3	SMR_VSA7	SlogP_VSA	EState_VSA1	EState_VS	EState_VS	EState_VS	VSA_ESta	VSA_EState8
EC2	EState_VSA4	VSA_EState1	VSA_EState7	VSA_ESta	VSA_ESta	VSA_ESta	NumAliph	fr_AI_OH	fr_C_S
EC3	PEOE_VSA5	PEOE_VSA9	SMR_VSA	SlogP_VSA8	VSA_ESta	NumArom	NumRotat	NumSatur	fr_C_O
EC4	fr_COO2	fr_NH1	fr_aldehyd	fr_benzene	end 13				
EC5	fr_C_O	fr_aldehyde	fr_ester	fr_ketone_Toplis	end 13				
EC6	end 9								
	19	20	21	22	23	24	25	26	27
EC_1D	end 12								
EC1	VSA_EState9	NumAliphatic	NumSatur	fr_Ar_COO	fr_Ar_OH	fr_NH2	fr_SH	fr_aniline	fr_guanido
EC2	fr_aldehyde	fr_epoxide	fr_ether	fr_imide	fr_lactone	fr_methox	fr_phos_ester	end 25	
EC3	fr_NHO	fr_guanido	fr_hdrzone	fr_ketone	fr_ketone	fr_sulfide	end 24		
EC4	end 13								
EC5	end 13								
EC6	end 9								

- はじめに
- 酵素と EC 番号
- 機械学習による EC 番号予測
- 提案手法
- 実験結果並びに考察
- おわりに

5.2 実験3結果 EC 1 桁～3 桁の多クラス分類

84 種の記述子でグリッドサーチしたモデルに Test データを適用

	EC2	EC1	EC3	EC4	EC6	EC5	Total
Train	23160	6380	5377	1878	604	273	37672
Test	5789	1601	1345	462	154	67	9418
						ALL	47090

148 Class
9418 Test

EC Class	Num of Data	precision average	recall average	f1-score
EC 1.X.X	1601	0.78	0.78	0.77
EC 2.X.X	5789	0.81	0.77	0.78
EC 3.X.X	1345	0.83	0.88	0.84
EC 4.X.X	462	0.81	0.85	0.81
EC 5.X.X	67	0.56	0.71	0.59
EC 6.X.X	154	0.93	0.76	0.82
Total	9418			
macro average		0.79	0.80	0.78
weighted average		0.95	0.95	0.95
accuracy		0.95		

5.2 考察

1. はじめに
2. 酵素と EC 番号
3. 機械学習による EC 番号予測
4. 提案手法
5. 実験結果並びに考察
6. おわりに

- EC 5 の予測精度が最も低い
→ EC 5 は他の EC 番号クラスとの類似性が高いことが知られている¹⁰
- 選ばれた各 EC クラスの記述子
→どのような種類の記述子が集まっているのか分析
→各 EC クラスを分類する際の手掛かりに
→フィンガープリントの手法では得られないもの

おわりに

- SMOTE によるオーバーサンプリングの有効性を示した
- 多クラス分類で得られた記述子の分析
→さらに優れたモデルの構築

1. はじめに
2. 酵素と EC 番号
3. 機械学習による EC 番号予測
4. 提案手法
5. 実験結果並びに考察
6. おわりに