

УДК 544.165

**КЛАССИФИКАЦИОННЫЕ QSAR МОДЕЛИ
СУБСТРАТНОЙ АКТИВНОСТИ ХИМИЧЕСКИХ СОЕДИНЕНИЙ
ПО ОТНОШЕНИЮ К Р-ГЛИКОПРОТЕИНУ НА БАЗЕ СПЕКТРА
МЕЖАТОМНЫХ ВНУТРИМОЛЕКУЛЯРНЫХ ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ**

¹Раздольский А.Н., ¹Григорьев В.Ю., ¹Ярков А.В., ²Григорьева Л.Д.,
¹Страхова Н.Н., ¹Казаченко В.П., ¹Раевская, О.Е., Раевский О.А.

¹Институт физиологически активных веществ РАН, Черноголовка, e-mail: rasd@ipac.ac.ru;

²Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва

С использованием статистических методов линейного дискриминантного анализа, случайного леса, опорных векторов и дескрипторов на базе спектров межатомных внутримолекулярных взаимодействий (СМВВ) сконструирована 21 классификационная модель субстратной активности 125 молекул по отношению к Р-гликопротеину. Классификационные модели позволяют априори отделять соединения с субстратной активностью по отношению к Р-гликопротеину от соединений, не обладающих такой активностью. При расчете дескрипторов учитывались электростатические, ван-дер-ваальсовы взаимодействия по типу водородной связи. Диапазон учитываемых в моделях межатомных внутримолекулярных расстояний составлял от 0 до 20 ангстрем для каждой молекулы. Проведено сравнение классификационных моделей, построенных на базе дескрипторов СМВВ, и моделей на основе дескрипторов, рассчитанных с помощью компьютерной программы HVBOT и фрактальных дескрипторов. Показаны преимущества моделей на базе СМВВ. Лучшие две модели, обладающие удовлетворительными статистическими характеристиками и ясной физико-химической интерпретацией, были рекомендованы к практическому использованию для непосредственного отнесения веществ к одному из классов субстрат/несубстрат к Р-гликопротеину, а также для анализа пространственной структуры молекул и генерирования гипотез при поиске новых субстратов к Р-гликопротеину.

Ключевые слова: QSAR, ГЭБ, Р-гликопротеин, MOLTRA, HVBOT

**CLASSIFICATION QSAR MODELS OF SUBSTRATE ACTIVITY
OF CHEMICAL RELATIVE TO P-GLYCOPROTEIN BASED
ON THE SPECTRUM OF INTERATOMIC INTRAMOLECULAR INTERACRTION**

¹Rasdolskiy A.N., ¹Grigorev V.Yu., ¹Yarkov A.V., ²Grigoreva L.D.,
¹Strakhova N.N., ¹Kazachenko V.P., ¹Raevskaya O.E., Raevskiy O.A.

¹Institute of Physiologically Active Compounds of Russian Academy of Sciences,

Chernogolovka, e-mail: rasd@ipac.ac.ru;

²Lomonosov Moscow State University, Moscow

21 classification models of substrate activity of 125 molecules with respect to P-glycoprotein have been constructed using statistical methods of linear discriminant analysis, random forest, support vector machine and descriptors based on spectra of interatomic intramolecular interactions (SIII). Classification models allow a priori to separate compounds with substrate activity in relation to P-glycoprotein from compounds that do not have such activity. In calculating the descriptors, the electrostatic, van der waals and hydrogen bond interactions were taken into account. The range of interatomic intramolecular distances taken into account in the models was from 0 to 20 angstroms for each molecule. A comparison was made between classification models based on SIII descriptors and models based on descriptors calculated using the HVBOT computer program and fractal descriptors. The benefits of SIII-based models are shown. The best two models with satisfactory statistical characteristics and clear physicochemical interpretation were recommended for practical use for the direct assignment of substances to one of the substrate / non-substrate classes to P-glycoprotein, as well as for the analysis of the spatial structure of molecules and generation of hypotheses in the search for new substrates for P-glycoprotein.

Keywords: QSAR, BBB, P-glycoprotein, MOLTRA, HVBOT

Важной проблемой в поиске лекарств, действующих на мишени в пределах центральной нервной системы (ЦНС), является оценка возможности проникновения соединений через гематоэнцефалический барьер (ГЭБ). Этому процессу препятствует взаимодействие веществ с Р-гликопротеином (Р-gp), который является существенной частью ГЭБ. Этот трансмембранный белок выталкивает чужеродные вещества, ток-

сины, а также лекарственные препараты за пределы ЦНС, обеспечивая тем самым стабильность среды. Однако некоторые молекулы могут модифицировать работу Р-gp, блокируя или существенно снижая его активность. Создание QSAR (Количественная Связь Структура Активность) моделей целенаправленного воздействия веществ на активность Р-гликопротеина является задачей многих исследований в области ком-

пьютерного поиска новых лекарственных препаратов [1]. При этом имеющиеся модели всё еще не обладают высокой точностью, трудны в интерпретации, не в полной мере учитывают физико-химические свойства атомов, особенно в части их способности к образованию водородных связей, а также особенности пространственного строения молекул.

В нашей лаборатории работы по компьютерному моделированию проникновения веществ из кровотока в мозг ведутся с 2011 г. В результате был создан ряд моделей проницаемости веществ через гематоэнцефалический барьер, базирующихся на различных QSAR методах.

Настоящее исследование посвящено созданию классификационных моделей субстратной специфичности веществ по отношению к Р-гликопротеину на базе новых пространственных (3D) дескрипторов и известных математических методов: линейного дискриминантного анализа (LDA), случайного леса (RF) и опорных векторов (SVM).

Материалы и методы исследования

Выборка соединений была сформирована на основе данных работы [2]. Для этого было отобрано 125 неионизированных (при $pH = 7,0$) молекул. В табл. 1 приведены вещества и их субстратная активность по отношению к Р-гликопротеину.

В качестве меры субстратной активности веществ были использованы величины ER (Efflux ratio), которые представляют собой отношение коэффициентов проницаемости соединений через клеточную мембрану в двух противоположных направлениях. Чем выше ER, тем выше концентрация вещества за пределами ЦНС. Все соединения были поделены на два класса. К первому классу (условно несубстраты) отнесли соединения с ER меньше 2. Ко второму классу (субстраты) были отнесены вещества с ER равным или превышающим 2. Таким образом, была сформирована выборка, состоящая из 69 несубстратов и 56 субстратов (табл. 1).

Для каждой молекулы был проведен полный конформационный анализ с использованием программы Cache Worksystem Pro 6.0 [3] (процедура Conflex). Использовали метод молекулярной механики в параметризации MM2 с порогом выхода из итерационного процесса минимизации энергии в 0,01 ккал/моль. Пространственные структуры с минимальной энергией напряжения использовали далее в качестве наиболее вероятных структур.

В качестве дескрипторов применяли интегралы интенсивностей спектров межа-

томных внутримолекулярных взаимодействий (СМВВ) в диапазоне от 0 до 20 ангстрем с шагом 0,2 ангстрема. Расчет СМВВ осуществляли с помощью программы MOLTRA [4]. Алгоритм программы разработан на основе модификации функции радиального распределения [5]. Пример расчета СМВВ представлен на рис. 1.

Каждый отдельный дескриптор представлял собой площадь прямоугольника с основанием 0,2 ангстрема (по оси абсцисс) и стороной (по оси ординат), равной величине интенсивности взаимодействия. Общее число дескрипторов на выбранном диапазоне составляло 100 для каждого типа взаимодействия. Учитывались следующие типы атом-атомных взаимодействий (ААВ): 1) взаимодействие атомов – доноров водородной связи (dd); 2) взаимодействие атомов – акцепторов водородной связи (aa); 3) взаимодействие атомов – доноров с атомами – акцепторами Н-связи (da); 4) взаимодействие положительно заряженных атомов (pp); 5) взаимодействие отрицательно заряженных атомов (nn); 6) взаимодействие положительно и отрицательно заряженных атомов (pn); 7) стерическое (ван-дер-ваальсовое) взаимодействие атомов (vdw). Таким образом, индивидуальный дескриптор представлял собой сумму ААВ определённого типа для всех атомных пар, находящихся на определённом расстоянии внутри молекулы. При отсутствии на данном расстоянии взаимодействующих пар атомов дескриптор был равен нулю.

Для бинарной классификации соединений (субстрат/несубстрат) применяли следующие методы машинного обучения: метод линейного дискриминантного анализа (LDA), метод случайного леса (RF) и метод опорных векторов (SVM). Линейный дискриминантный анализ проводили с использованием компьютерной программы SVD [6]. Для классификации на основе метода RF применяли программу rf5new [7] с исходными параметрами и числом деревьев, равным 100. Генерирование классификационных SVM моделей проводили с помощью компьютерной программы flssvm [8] на основе радиальной базисной функции.

Бинарные классификационные модели оценивали на основе следующих величин: TP – число правильно распознанных соединений, принадлежащих к первому классу, FN – число ошибочно распознанных соединений среди первого класса, TN – число правильно распознанных соединений, принадлежащих ко второму классу и FP – число ошибочно распознанных соединений среди второго класса.

Таблица 1

Соединения и их субстратная активность (ER)

№	Соединение	ER	№	Соединение	ER	№	Соединение	ER
1	Caffeine	0.6	43	Bromazepam	1.2	85	Lovastatinacid	3.2
2	Testosterone	0.7	44	Nitrazepam	1.2	86	Mitoxantrone	3.4
3	Diazepam	0.7	45	Pyridostigmine	1.2	87	Bromocriptine	3.5
4	Methotrexate	0.7	46	Nifedipine	1.3	88	Cimetidine	3.5
5	Indomethacin	0.7	47	Amitriptyline	1.3	89	Reserpine	3.7
6	Antipyrine	0.8	48	Clemastine	1.3	90	Prednisone	3.8
7	Haloperidol	0.8	49	Solifenacin	1.3	91	Prazosin	3.8
8	Desipramine	0.8	50	Clemastine	1.3	92	Darifenacin	4.0
9	Selegiline	0.8	51	Clonazepam	1.3	93	Lopinavir	4.9
10	Lidocaine	0.8	52	Ropinirole	1.3	94	Aprepitant	5.5
11	Amantadine	0.9	53	Sumatriptan	1.4	95	Prednisolone	5.8
12	Carbamazepine	0.9	54	Loratadine	1.4	96	Vincristine	6.3
13	Diphenhydramine	0.9	55	Alprazolam	1.4	97	Apomorphine	6.9
14	Lamotrigine	0.9	56	Zaleplon	1.4	98	Sertraline	7.4
15	Buspirone	0.9	57	Oxcarbazepine	1.4	99	Loperamide	9.0
16	Nordazepam	0.9	58	Reboxetine	1.4	100	Desloratadine	9.1
17	Mannitol	0.9	59	Cyclobenzaprine	1.4	101	Doxorubicin	9.2
18	Enoxacin	0.9	60	Tolterodine	1.4	102	Digoxin	10.6
19	Ciprofloxacin	0.9	61	Tiagabine	1.5	103	Clomipramine	10.9
20	Zolpidem	1.0	62	Riluzole	1.5	104	Dexamethasone	12.4
21	Zonisamide	1.0	63	Diltiazem	1.6	105	Daunorubicin	14.2
22	Meprobamate	1.0	64	Fluvoxamine	1.7	106	Cabergoline	14.3
23	Galantamine	1.0	65	Nalbuphine	1.7	107	Methylprednisolone	14.7
24	Nortriptyline	1.0	66	Risperidone	1.8	108	Colchicine	15.0
25	Phenytoin	1.0	67	Duloxetine	1.8	109	Nelfinavir	15.6
26	Flumazenil	1.0	68	Quetiapine	1.8	110	Quinidine	16.8
27	Naltrexone	1.0	69	Pravastatinacid	1.9	111	Etoposide	18.8
28	Clonidine	1.0	70	Simvastatinacid	2.0	112	Indinavir	22.5
29	Rivastigmine	1.0	71	Olanzapine	2.0	113	Dipyridamole	22.7
30	Ropivacaine	1.0	72	Neostigmine	2.0	114	Erythromycin	24.7
31	Ketoconazole	1.0	73	Escitalopram	2.0	115	Amprenavir	27.4
32	Ramelteon	1.0	74	Ranitidine	2.1	116	Clarithromycin	31.3
33	Imipramine	1.1	75	Astemizole	2.2	117	Eletriptan	32.9
34	Maprotiline	1.1	76	Ziprasidone	2.3	118	Ximelagatran	33.0
35	Topiramate	1.1	77	Chlorpromazine	2.4	119	Vinblastine	37.3
36	Rosuvastatin	1.1	78	Zolmitriptan	2.5	120	Ritonavir	38.8
37	Nalmefene	1.1	79	Atomoxetine	2.5	121	Domperidone	47.0
38	Metoclopramide	1.1	80	Clozapine	2.5	122	Paclitaxel	75.1
39	Sulfasalazine	1.1	81	Trimethoprim	2.8	123	Hoechst 33342	92.4
40	Tacrine	1.1	82	Methysergide	3.1	124	Rhodamine 123	115.0
41	Doxepin	1.2	83	Paroxetine	3.1	125	Saquinavir	162.9
42	Promazine	1.2	84	Famciclovir	3.2			

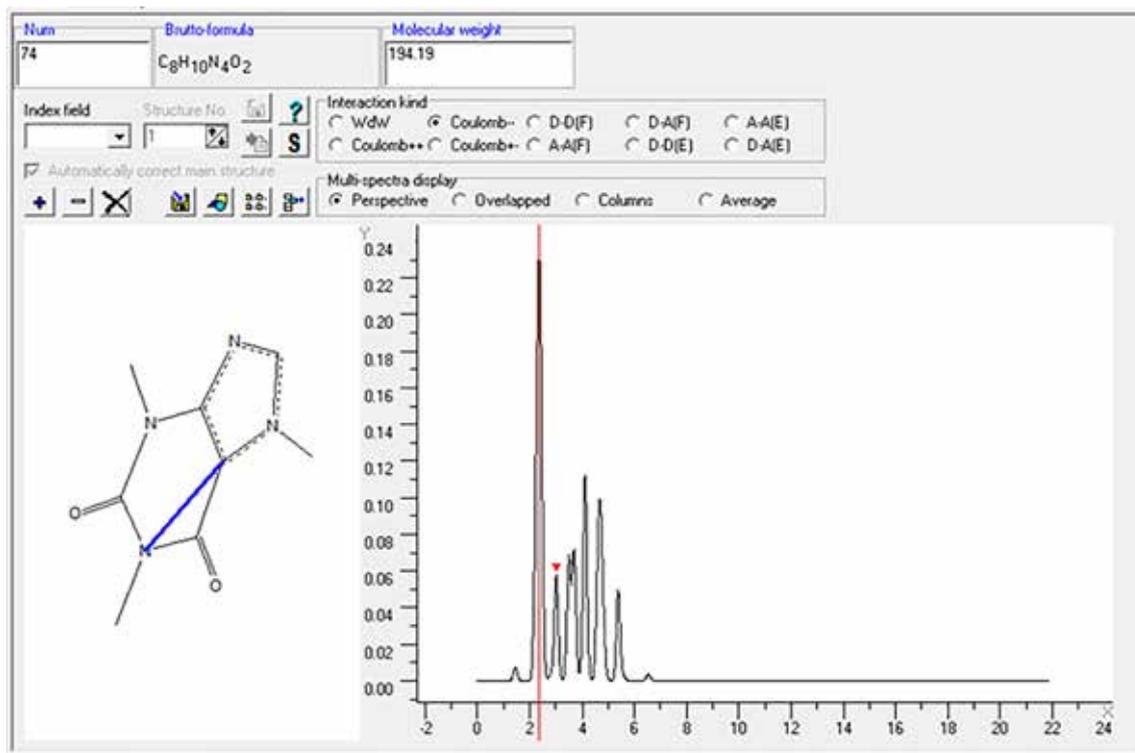


Рис. 1. Спектр межатомных внутримолекулярных взаимодействий отрицательно заряженных атомов кофеина

С использованием величин TP, FN, TN и FP рассчитывали следующие статистики: чувствительность $SN=TP/(TP+FN)$; специфичность $SP=TN/(TN+FP)$; общую точность

$$AC=(TP+TN)/(TP+FN+TN+FP)$$

и коэффициент корреляции Мэтьюза:

$$MCC=(TP*TN-FP*FN)/((TP+FP)* (TP+FN)*(TN+FP)*(TN+FN))^{0.5}$$

Тестирование полученных классификационных моделей проводили с помощью внутренней и внешней валидации. Для внутренней валидации использовали метод перекрестного контроля с выбором по пять. В методе RF аналогичную роль выполняла процедура OOB (out-of-bag). Для проведения внешнего тестирования общая выборка (125 соединений) была случайным образом разбита на обучающий ряд (100 соединений) и тестовый ряд (25 соединений).

С целью уменьшения размерности пространства дескрипторы анализировали на основе алгоритма [9] с применением в качестве граничного значения величины коэффициента линейной парной корреляции, равной 0.8–0.9. В результате удалось сократить размер пространства со 100 до 12–61 дескриптора. Дальнейший отбор дескрипторов в классификационные модели осуществляли с использованием метода полного перебора комбинаций из 3–4-х дескрипторов. В каче-

стве критерия отбора применяли модифицированную сбалансированную точность $MBA=w1*(SN+SP)/2+w2*(1-abs(SN-SP)/2)$, где весовые коэффициенты $w1$ и $w2$ были равны 0,5.

Для оценки области применимости (AD) QSAR моделей использовали интервальный X-метод, суть которого состоит в определении попадания дескрипторов соединений тестовой выборки в соответствующие интервалы переменных для соединений обучающей выборки.

Результаты исследований и их обсуждение

В табл. 2 представлены характеристики моделей бинарной классификации, построенные на базе дескрипторов CMVB.

Полученные данные свидетельствуют о том, что две модели (15, 21) имеют удовлетворительные ($SN \geq 0,75$, $SP \geq 0,75$ при внутренней и внешней валидации), статистические параметры, а три модели (3, 6, 12) – «почти» удовлетворительные. Обращает на себя внимание тот факт, что все вышеперечисленные модели созданы с использованием метода SVM. Очевидно, что по сравнению с другими методами (LDA, RF) он является наиболее адекватным.

Таблица 2

Классификационные модели субстратной активности молекул по отношению к Р-гликопротеину, рассчитанные на основе СМВВ дескрипторов

№	Тип	Метод	Дескрипторы	Кросс-валидация (n = 100)				Тестовая выборка (n = 25)			
				SN	SP	AC	MCC	SN	SP	AC	MCC
1	aa	LDA	17; 26; 28	0,836	0,578	0,720	0,432	0,929	0,455	0,720	0,445
2	aa	RF	7; 13; 44	0,782	0,711	0,750	0,494	0,714	0,727	0,720	0,439
3	aa	SVM	38; 51; 60	0,782	0,756	0,770	0,536	0,857	0,727	0,800	0,592
4	da	LDA	7; 25; 55	0,927	0,577	0,770	0,548	0,857	0,545	0,720	0,428
5	da	RF	27; 30; 70	0,727	0,733	0,730	0,459	0,929	0,636	0,800	0,601
6	da	SVM	28; 33; 42	0,782	0,800	0,790	0,579	0,929	0,727	0,840	0,678
7	dd	LDA	18; 34; 44	0,964	0,311	0,670	0,373	1,000	0,182	0,640	0,333
8	dd	RF	21; 31; 42	0,945	0,422	0,710	0,442	0,857	0,273	0,600	0,161
9	dd	SVM	12; 33; 36	0,618	0,578	0,600	0,195	1,000	0,091	0,600	0,230
10	vdw	LDA	9; 11; 12	0,855	0,689	0,780	0,554	0,786	0,273	0,560	0,068
11	vdw	RF	4; 6; 45	0,818	0,756	0,790	0,575	0,786	0,455	0,640	0,256
12	vdw	SVM	10; 45; 69	0,800	0,711	0,760	0,514	0,786	0,818	0,800	0,600
13	nn	LDA	19; 24; 38	0,909	0,600	0,770	0,543	0,929	0,364	0,680	0,363
14	nn	RF	24; 26; 30	0,836	0,733	0,790	0,574	0,929	0,545	0,760	0,524
15	nn	SVM	18; 38; 52	0,782	0,756	0,770	0,536	0,929	0,818	0,880	0,757
16	pp	LDA	7; 8; 11	0,855	0,578	0,730	0,454	0,929	0,364	0,680	0,363
17	pp	RF	10; 11; 66	0,818	0,667	0,750	0,492	0,786	0,545	0,680	0,342
18	pp	SVM	14; 17; 48	0,727	0,733	0,730	0,459	0,714	0,727	0,720	0,439
19	pn	LDA	6; 19; 72	0,900	0,600	0,770	0,543	0,786	0,364	0,600	0,165
20	pn	RF	8; 26; 42	0,836	0,756	0,800	0,595	0,786	0,545	0,680	0,342
21	pn	SVM	28; 30; 48	0,764	0,756	0,760	0,518	0,786	0,818	0,800	0,600

Примечание. Тип: а – акцептор, d – донор, vdw – ван-дер-ваальсовое взаимодействие, p – положительный заряд, n – отрицательный заряд. Номер дескриптора СМВВ соответствует расстоянию между атомами. Для получения расстояния нужно номер дескриптора умножить на 2 и разделить на 10. Например: 19 соответствует диапазону $(19 \cdot 2 = 38, 38/10 = 3,8) = 3,8 - 3,6$ ангстрема.

В отмеченных классификационных моделях используется 5 из 7 типов ААВ. Относительно низкая селективность этих типов свидетельствует о том, что информация, необходимая для конструирования QSAR моделей, достаточно равномерно распределена среди дескрипторов СМВВ. Что касается самих дескрипторов, то можно сделать вывод о том, что большая часть из них (11 из 15) попадают в интервал расстояний 5.4÷10.2 Å (рис. 2), что соответствует области несвязанных атомов.

Важным фактором, определяющим адекватность статистических QSAR зависимостей, является учет их AD [10]. Принимая это во внимание, на основе моделей 3, 6, 12, 15, 21 была проведена оценка их новых статистических параметров с использованием тестовой выборки (табл. 3).

Таблица 3

Статистические характеристики классификационных моделей (тестовая выборка) с учетом области применимости

№	n	SN	SP	AC	MCC
6	24	0,929	0,700	0,833	0,657
12	24	0,786	0,800	0,792	0,580
21	24	0,786	0,800	0,792	0,580

В результате было установлено, что число соединений в тестовой выборке, которые соответствуют AD, уменьшается на единицу (с 25 до 24) в трех случаях из пяти (табл. 3). Это, очевидно, обусловлено случайным выбором молекул в тестовую выборку, что не гарантирует их попадания в AD.

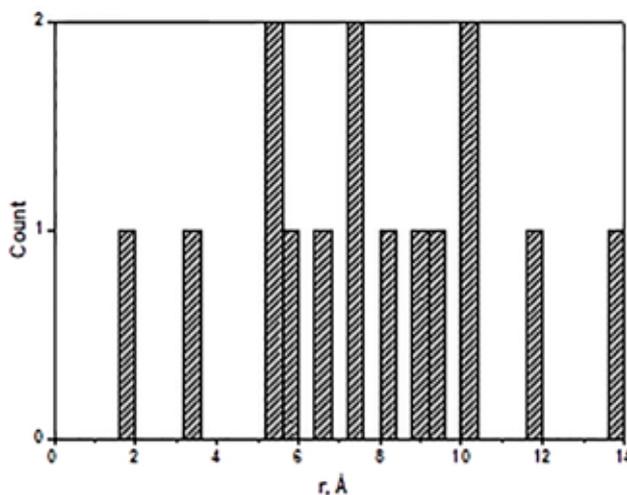


Рис. 2. Гистограмма межатомных расстояний для дескрипторов СМВВ

Таблица 4

Классификационные модели субстратной активности молекул по отношению к Р-гликопротеину, рассчитанные на основе НУВОТ и фрактальных дескрипторов

Метод	Дескрипторы	Кросс-валидация (n = 100)				Тестовая выборка (n = 25)			
		SN	SP	AC	MCC	SN	SP	AC	MCC
LDA	$PSA_{ed}; D_{val}; D_{unb}^*$	0,818	0,778	0,800	0,596	0,857	0,727	0,800	0,592
RF	$\max C_a^* \max C_d; \max C_a; PSA_e$	0,800	0,756	0,780	0,556	0,857	0,818	0,840	0,675
SVM	$\max C_a^* \max C_d; PSA_e; D_{val}; D_{unb}$	0,764	0,800	0,780	0,561	0,857	0,727	0,800	0,592

Примечание. PSA_{ed} – ван-дер-ваальсова поверхность, пропорциональная донорным энтальпийным дескрипторам; D_{val} – валентный фрактальный дескриптор; D_{unb}^* – фрактальная плотность несвязанных атомов; $\max C_a^*$ – максимальный акцепторный свободноэнергетический дескриптор; $\max C_d$ – максимальный донорный свободноэнергетический дескриптор; PSA_e – ван-дер-ваальсова поверхность, пропорциональная сумме донорных и акцепторных энтальпийных дескрипторов; D_{unb} – несвязанный фрактальный дескриптор.

Интересно отметить, что это происходит за счет одного и того же соединения № 122. Наблюдаемое при этом снижение качества классификационных моделей является незначительным и связано, вероятно, в первую очередь с небольшим размером тестовой выборки.

В сравнительных целях были построены классификационные модели на базе дескрипторов компьютерной программы НУВОТ [11] и ряда фрактальных дескрипторов [12]. Всего был рассчитан 41 дескриптор. После применения процедуры уменьшения пространства переменных, которая была ис-

пользована по отношению к СМВВ дескрипторам, был получен ряд из 20 переменных. Методика построения моделей, а также обучающая и тестовая выборки были те же, что и для моделей на базе СМВВ. Результаты представлены в табл. 4.

Полученные QSAR модели имеют сопоставимые классификационные характеристики с соответствующими величинами моделей 3, 6, 12, 15 и 21. В качестве структурных параметров во всех НУВОТ моделях фигурируют дескрипторы Н-связи. Важная роль водородной связи в процессах взаимодействия химических соединений

с P-gr неоднократно упоминалась ранее [13]. Интересно отметить появление в классификационных моделях фрактальных дескрипторов. Эти независимые переменные являются новыми, и их влияние на связывание химических соединений с P-gr требует дальнейшего изучения. При этом следует подчеркнуть, что HYBOT дескрипторы являются двумерными интегральными характеристиками. Это ограничивает их использование при анализе и генерации трехмерных структур в отличие от дескрипторов на основе СМВВ.

Заключение

Таким образом, с использованием методов линейного дискриминантного анализа, случайного леса, опорных векторов и дескрипторов на базе спектров межатомных внутримолекулярных взаимодействий сконструированы классификационные модели, позволяющие априори отделять соединения с субстратной активностью по отношению к P-гликопротеину от соединений, не обладающих такой активностью. Лучшие две модели, обладающие удовлетворительными статистическими характеристиками и ясной физико-химической интерпретацией, могут быть рекомендованы к практическому использованию для непосредственного отнесения веществ к одному из классов субстрат/несубстрат к P-gr, а также для анализа пространственной структуры молекул и генерирования гипотез при поиске новых субстратов к P-gr. Проведено сравнение классификационных моделей, построенных на базе дескрипторов СМВВ, и моделей на базе дескрипторов, рассчитанных с помощью компьютерной программы HYBOT. Показаны преимущества моделей на базе дескрипторов СМВВ.

Список литературы

1. Dyabina A.S., Radchenko E.V., Palyulin V.A., Zefirov N.S. (2016) Prediction of blood-brain barrier permeability of organic compounds. *Dokl // Biochem. Biophys.* 2016. V. 470 (1). P. 371-374. DOI: 10.1134/S1607672916050173.
2. Broccatelli F. QSAR models for P-glycoprotein transport based on a highly consistent data set // *J. Chem. Inf. Model.* 2012. V. 52. P. 2462-2470. DOI: 10.1021/ci3002809.
3. Cache Worksystem Pro. Retrieved July 08. 2020. from <http://www.cacheresearch.com>.
4. Trepalin S.V., Razdolskii A.N., Raevskii O.A. Software package for computer-aided design of effective physiologically active compounds, based on two-dimensional and three-dimensional physicochemical descriptors // *Pharm. Chem. J.* 2000. V. 34 (12). P. 650-653. DOI: 10.1023/A:1010499601434.
5. Novikov V.P., Raevskii O.A. Representation of molecular structure in the form of a spectrum of interatomic distances for a study of the relationship of structure to biological activity // *Pharm. Chem. J.* 1982. V. 16 (5). P. 379-386. DOI: 10.1007/BF00762059.
6. Forsythe G.E., Malcolm M.A., Moler C.B. *Computer Methods for Mathematical Computations.* Englewood Cliffs, NJ: Prentice-Hall, 1977. 270 p.
7. rf5new. Retrieved July 08. 2020. [Электронный ресурс]. URL: http://www.stat.berkeley.edu/~breiman/RandomForests/cc_examples/prog.f
8. flssvm. Retrieved July 08. 2020. from <https://sites.google.com/site/geophysicisai/home/>
9. Raevskiy O.A., Grigorev V.Y., Polyanczyk D.E., Raevskaya O.E., Dearden J.C. Six global and local QSPR models of aqueous solubility at pH=7.4 based on structural similarity and physicochemical descriptors // *SAR QSAR Environ. Res.* 2017. V. 28 (8). P. 661-676. DOI: 10.1080/1062936X.2017.1368704
10. Guidance Document on the Validation of (Quantitative) Structure-Activity Relationship [(Q)SAR] Models, OECD Series on Testing and Assessment, 2014. No. 69. OECD Publishing, Paris. DOI: 10.1787/9789264085442-en.
11. HYBOT. Retrieved July 08. 2020. from <http://molpro.ipac.ac.ru/hybot.html>
12. Grigorev V.Yu., Grigoreva L.D. Calculation and properties of fractal descriptors for C_n-C_n alkanes. *Moscow Univ. Chem. Bull.* 2016. V. 71 (3). P. 199-204. DOI: 10.3103/S0027131416030056.
13. Chen C., Lee M.-H., Weng C.-F., Leong M.K. (2018) Theoretical prediction of the complex P-glycoprotein substrate efflux based on the novel hierarchical support vector regression scheme. *Molecules.* 2018. V. 23 P. 0 1820. DOI: 10.3390/molecules23071820.