

Docente: Matteo Re

UNIVERSITÀ DEGLI  
STUDI DI MILANO



# Cheminformatica in **R**

*Matteo Re*

*matteo.re@unimi.it*

*<http://homes.di.unimi.it/~re>*

DI – Dipartimento di Scienze dell' Informazione

Università degli Studi di Milano

# Cheminformatica

- **Cheminformatica** è una disciplina definita recentemente (**1998**) che si pone come obiettivo quello di integrare informazioni disponibili in banche dati pubbliche e riguardanti **farmaci, molecole e processi patologici** in modo da produrre nuove conoscenze che possano essere di supporto durante il processo di **sviluppo di nuovi farmaci**.

# Cheminformatica

- In **R** esistono diverse librerie contenenti strumenti utilizzabili in esperimenti cheminformatici. In particolare noi utilizzeremo:
  - **rcdk** (CRAN)
  - **ChemmineR** (Bioconductor)

# Cheminformatica

La realizzazione di una generica analisi cheminformatica pone alcuni problemi generali:

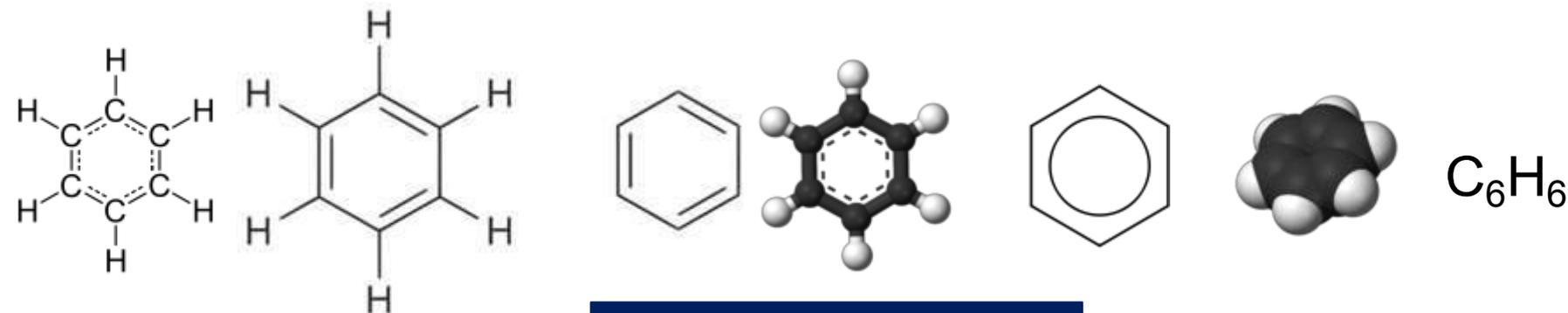
- **Rappresentazione** di molecole in modo che esse possano essere analizzate con un calcolatore.
- Definizione di nozioni di **similarità** tra molecole.
- Progettazione/implementazione di test che possano essere utilizzati per **predire un effetto della molecola su un sistema biologico**

# 1

## Cheminformatica : rappresentazione di molecole

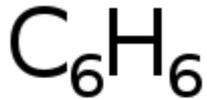
**Molecola:** «gruppo elettricamente neutro di atomi tenuti insieme da legami chimici di tipo covalente»

benzene:

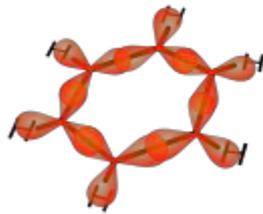
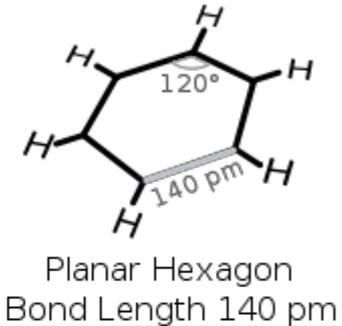
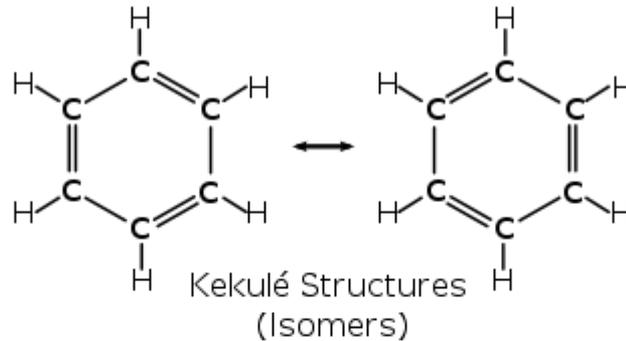


Sono tutte  
rappresentazioni valide  
ma incomprensibili per un  
computer

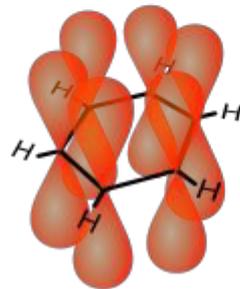
# Cheminformatica : rappresentazione di molecole



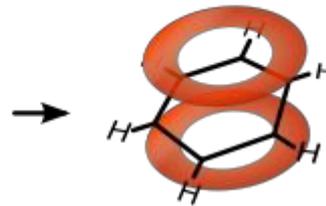
Benzene  
Molecular formula



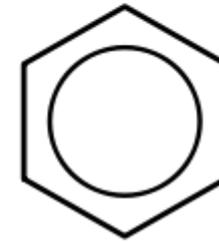
Sigma Bonds  
 $sp^2$  Hybridized orbitals



6  $p_z$  orbitals



delocalized pi  
system



Benzene ring  
Simplified depiction

E' un **problema di codifica**. Ci sono molti modi di rappresentare la struttura di questa molecola. Dobbiamo trovarne uno che sia adatto ad essere «compreso» da una macchina.

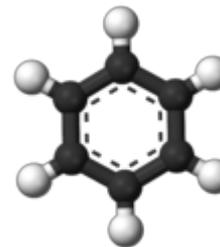
# Cheminformatica :

## rappresentazione di molecole

Sono stati proposti diversi formati di file adatti a rappresentare la struttura delle molecole. Alcuni permettono di rappresentare solo la struttura, altri permettono l'inclusione di informazioni aggiuntive.

- MDL **MOL** (\*.mol) : permette di codificare atomi, legami tra di essi, coordinate atomiche. Il file MOL (o molfile) contiene alcune righe di intestazione, la **Connection Table** (CT) contenente informazioni sugli atomi, una sezione dedicata ai **legami tra atomi** e sezioni aggiuntive adatte a contenere eventuali informazioni più complesse.
- Structure Data Format (**SDF**) è una estensione del formato MOL adatta a rappresentare informazioni aggiuntive più complesse e a gestire insiemi di molecole.
- Simplified Molecular Input Line Entry Specification (**SMILES**) rappresenta ogni molecola utilizzando una sola riga di testo

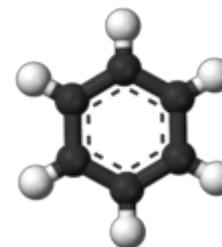
# MOL file



```
1 benzene
2 ACD/Labs0812062058
3
4 6 6 0 0 0 0 0 0 0 0 1 V2000
5 1.9050 -0.7932 0.0000 C 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
6 1.9050 -2.1232 0.0000 C 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
7 0.7531 -0.1282 0.0000 C 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
8 0.7531 -2.7882 0.0000 C 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
9 -0.3987 -0.7932 0.0000 C 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
10 -0.3987 -2.1232 0.0000 C 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
11 2 1 1 0 0 0 0
12 3 1 2 0 0 0 0
13 4 2 2 0 0 0 0
14 5 3 1 0 0 0 0
15 6 4 1 0 0 0 0
16 6 5 2 0 0 0 0
17 M END
18 $$$$
```

...

# MOL file



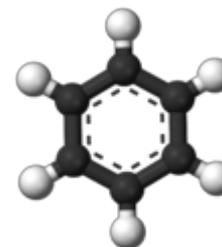
intestazione

1	benzene																
2	ACD/Labs0812062058																
3																	
4	6 6 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 V2000																
5	1.9050	-0.7932	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	1.9050	-2.1232	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
7	0.7531	-0.1282	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
8	0.7531	-2.7882	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
9	-0.3987	-0.7932	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	-0.3987	-2.1232	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
11	2	1	1	0	0	0	0										
12	3	1	2	0	0	0	0										
13	4	2	2	0	0	0	0										
14	5	3	1	0	0	0	0										
15	6	4	1	0	0	0	0										
16	6	5	2	0	0	0	0										
17	M END																
18	\$\$\$\$																

Connection Table (CT)

Conteggio: 6 atomi, 6 legami, ... , standard V2000

# MOL file



intestazione

1  
2  
3  
4  
5  
6  
7  
8  
9  
10  
11  
12  
13  
14  
15  
16  
17  
18  
...

```
benzene
ACD/Labs0812062058
```

Connection Table (CT)

6	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	V2000
1.9050	-0.7932	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1.9050	-2.1232	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0.7531	-0.1282	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0.7531	-2.7882	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
-0.3987	-0.7932	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
-0.3987	-2.1232	0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

2	1	1	0	0	0	0
3	1	2	0	0	0	0
4	2	2	0	0	0	0
5	3	1	0	0	0	0
6	4	1	0	0	0	0
6	5	2	0	0	0	0

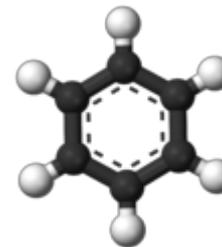
M END

\$\$\$\$

Atomi e coordinate

Tipo di atomo

# MOL file



intestazione

1	benzene															
2	ACD/Labs0812062058															
3																
4	6	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	V2000			
5		1.9050		-0.7932		0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6		1.9050		-2.1232		0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0
7		0.7531		-0.1282		0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0
8		0.7531		-2.7882		0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0
9		-0.3987		-0.7932		0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10		-0.3987		-2.1232		0.0000	C	0	0	0	0	0	0	0	0	0
11	2	1	1	0	0	0	0									
12	3	1	2	0	0	0	0									
13	4	2	2	0	0	0	0									
14	5	3	1	0	0	0	0									
15	6	4	1	0	0	0	0									
16	6	5	2	0	0	0	0									
17	M	END														
18	\$\$\$\$															

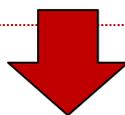
Connection Table (CT)

Definizione legami (da, a, tipo,...)



# SDF file

Che molecola è ?



```
Marvin 02220718252D  
  
3 2 0 0 0 0          999 V2000  
-0.4125  0.7145  0.0000 H  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0  
0.0000  0.0000  0.0000 O  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0  
-0.4125 -0.7145  0.0000 H  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0  
2 1 1 0 0 0 0  
2 3 1 0 0 0 0  
M  END
```

```
> <ChEBI ID>  
CHEBI:15377  
  
> <ChEBI Name>  
water  
  
> <Star>  
3
```

Entries separate da \$\$\$

**SDF: formato MOL arricchito con informazioni aggiuntive**

# SDF file

```
Marvin 02220718252D
  3  2  0  0  0  0          999 v2000
  -0.4125  0.7145  0.0000 H  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0
   0.0000  0.0000  0.0000 O  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0
  -0.4125 -0.7145  0.0000 H  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0
  2  1  1  0  0  0  0
  2  3  1  0  0  0  0
M  END
> <ChEBI ID>
CHEBI:15377

> <ChEBI Name>
water

> <Star>
3

> <Secondary ChEBI ID>
CHEBI:10743
CHEBI:13352
...
CHEBI:44819

> <SMILES>
[H]O[H]

> <InChI>
InChI=1/H2O/h1H2

> <InChIKey>
InChIKey=XLYOFNOQVPJJNP-UHFFFAOYAF

> <Formulae>
H2O

> <Charge>
0

> <Mass>
18.01528

> <IUPAC Names>
oxidane
water

> <Synonyms>
H(2)O

> <Beilstein Registry Numbers>
3587155

> <CAS Registry Numbers>
7732-18-5

> <Gmelin Registry Numbers>
117

> <ArrayExpress Database Links>
E-TOXM-12
E-TOXM-14

> <BioModels Database Links>
BIOMD0000000090

> <IntEnz Database Links>
EC 1.1.1.115

> <IntEnz Database Links>
EC 1.1.1.115
...
EC 6.6.1.2

> <KEGG COMPOUND Database Links>
C00001

> <MolBase Database Links>
1

> <MSDchem Database Links>
HOH

> <Patent Database Links>
EP0769531
...
WO2008157552

> <PubChem Database Links>
8145132

> <Reactome Database Links>
REACT_10000
...
REACT_9996
```

Entries separate  
da \$\$\$\$

Link a banche  
dati pubbliche

# SMILES file

**Simplified Molecular Input Line Entry Specification (SMILES)** è un sistema di codifica per la struttura delle molecole in grado di convertire una struttura chimica in una stringa di testo seguendo un set di regole predefinite. Le stringhe SMILES contengono tipi di atomi e legami tra di essi ma non contengono coordinate 2D o 3D.

Gli atomi H non sono rappresentati. Altri atomi vengono rappresentati mediante il loro simbolo chimico, ad es. B, C, N, O, F, P, S, Cl, Br, e I. Il simbolo "=" rappresenta il doppio legame ed il simbolo "#" rappresenta il triplo legame. Gruppi di atomi (es, CH<sub>3</sub> per il metile) vengono racchiusi tra parentesi. I cicli sono espressi da coppie di numeri (ad es. la rappresentazione SMILES dell'anello del benzene inizia e finisce con **1: C1 ... 1 .**

# SMILES file

## Esempi :

Nome	Formula	stringa SMILES
Metano	CH <sub>4</sub>	C
Acqua	H <sub>2</sub> O	O
Etanolo	C <sub>2</sub> H <sub>6</sub> O	CCO
Benzene	C <sub>6</sub> H <sub>6</sub>	C <sup>1</sup> =CC=CC=C <sup>1</sup> oppure c <sup>1</sup> ccccc <sup>1</sup>
Etilene	C <sub>2</sub> H <sub>4</sub>	C=C

Idrogeni non sono rappresentati

anello

# SMILES file

```
DB00116 NC1=NC(=O)C2=C(NCC(CNC3=CC=C(C=C3)C(=O)N[C@@H](CCC(O)=O)C(O)=O)N2)N1
DB00117 N[C@@H](CC1=CN=CN1)C(O)=O
DB00118 C[S+](CC[C@H](N)C(O)=O)C[C@H]1O[C@H]([C@H](O)[C@@H]1O)N1C=NC2=C1N=CN=C2N
DB00119 CC(=O)C(O)=O
DB00120 N[C@@H](CC1=CC=CC=C1)C(O)=O
DB00121 [H][C@]12CS[C@@H](CCCC(O)=O)[C@@]1([H])NC(=O)N2
DB00122 C[N+](C)(C)CCO
DB00123 NCCCC[C@H](N)C(O)=O
DB00125 N[C@@H](CCCNC(N)=N)C(O)=O
DB00126 [H][C@@]1(OC(=O)C(O)=C1O)[C@@H](O)CO
DB00127 NCCCNCCCCNCCCN
DB00128 N[C@@H](CC(O)=O)C(O)=O
DB00129 NCCC[C@H](N)C(O)=O
DB00130 N[C@@H](CCC(N)=O)C(O)=O
DB00131 NC1=NC=NC2=C1N=CN2[C@@H]1O[C@H](COP(O)(O)=O)[C@@H](O)[C@H]1O
DB00132 CC\C=C/C\C=C/C\C=C/C/CCCCCCCC(O)=O
DB00133 N[C@@H](CO)C(O)=O
DB00134 CSCC[C@H](N)C(O)=O
DB00135 N[C@@H](CC1=CC=C(O)C=C1)C(O)=O
DB00136 [H][C@@]1(CC[C@@]2([H])C(CCC[C@]12C)=CC=C1C[C@@H](O)C[C@H](O)C1=C)[C@H](C)CCCC(C)(C)O
DB00137 CC(\C=C\C=C(C)\C=C\C1C(C)=CC(O)CC1(C)C)=C/C=C/C=C(C)/C=C/C=C(C)/C=C/C1=C(C)CC(O)CC1(C)C
DB00138 N[C@@H](CSSC[C@H](N)C(O)=O)C(O)=O
DB00139 OC(=O)CCC(O)=O
DB00140 CC1=CC2=C(C=C1C)N(C[C@H](O)[C@H](O)[C@H](O)CO)C1=NC(=O)NC(=O)C1=N2
DB00141 CC(=O)N[C@H]1C(O)O[C@H](CO)[C@@H](O)[C@@H]1O
DB00142 N[C@@H](CCC(O)=O)C(O)=O
DB00143 N[C@@H](CCC(=O)N[C@@H](CS)C(=O)NCC(O)=O)C(O)=O
DB00144 CCCC(=O)O[C@H](COC(=O)CC)COP(O)(=O)OC[C@H](N)C(O)=O
DB00145 NCC(O)=O
```

...



**ID molecola**  
**(Drugbank ID)**



**stringa SMILES**

# Cheminformatica :

## librerie R

Ora proveremo ad importare alcune collezioni di molecole in R. Per riuscirci dovremo installare due package R : **rcdk** e **ChemmineR**.

Installazione:

**rcdk :**

```
> install.packages('rcdk', dependencies=TRUE)
```

**ChemmineR :**

```
> source("http://bioconductor.org/biocLite.R")
```

```
> biocLite("ChemmineR")
```

# Cheminformatica :

## librerie R

**rcdk** è una collezione di funzioni R basate sul Chemistry Development Kit (CDK). La libreria CDK è scritta in Java. rcdk non fa altro che «tradurre» le chiamate R in chiamate comprensibili per CDK, aspetta che CDK completi le sue elaborazioni, prende l'output di CDK e lo restituisce all'utente sottoforma di variabili R.

Per avere più informazioni sulle funzioni disponibili:

```
>vignette('rcdk')      # tutorial
```

rcdk (e CDK in generale) permette di effettuare molte operazioni tra cui:

- Manipolazione di molecole (es. aggiungere annotazioni)
- I/O molecole
- Visualizzazione molecole
- Calcolo di descrittori molecolari
- Calcolo di fingerprints

# Cheminformatica :

## librerie R

Per i nostri test noi utilizzeremo principalmente ChemminerR. Dopo aver installato ChemmineR carichiamo la libreria in R :

```
> library("ChemmineR")
```

Ora scaricate i file SDF e SMILES dalla pagina web del corso (sono nella sezione «File esercizi programmazione» e salvateli sul desktop. In R cambiate directory corrente (posizionandovi nel folder Desktop).

Proviamo a importare le molecole contenute nel file SDF:

```
> sdfset <- read.SDFset("approved.sdf")
```

**NB:** Se ChemmineR incontra problemi durante l'importazione (in questo esempio trova 4 molecole mal formattate) non le carica. Controllo consistenza.

# Cheminformatica :

## librerie R

Cosa abbiamo importato ? E che tipo di variabile è sdfset ?

```
> length(sdfset)
```

```
[1] 1412
```

```
> str(sdfset)
```

Output più complesso. Ci informa che l'oggetto è di tipo «SDF» e che contiene 2 slot (due variabili). Le variabili si chiamano SDF e ID e contengono, rispettivamente, le molecole e gli identificativi. Per accedere agli slot si utilizza il simbolo @ :

```
> sdfset@SDF
```

```
> sdfset@ID
```

Gli slot sono delle LISTE.

# Accesso alle singole molecole

```
> sdfset[[1]]
```

An instance of "SDF"

```
<<header>>
```

```
Molecule_Name      Source
      ""            " Mrv0541 09201116592D      "
Comment              Counts_Line
      "" "182193  0  0  1  0              999 V2000"
```

```
<<atomblock>>
```

	C1	C2	C3	C5	C6	C7	C8	C9	C10	C11	C12	C13	C14	C15	C16
C_1	-0.6472	-1.5655	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
N_2	-0.7591	-0.762	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
H_181	-4.1602	-7.1395	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H_182	-2.7824	-6.6797	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

```
<<bondblock>>
```

	C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7
1	46	1	2	0	0	0	0
2	1	2	1	0	0	0	0
...	...	...	...	...	...	...	...
192	90	181	1	0	0	0	0
193	90	182	1	0	0	0	0

Notare i **blocchi**: sono gli stessi del MOL esteso (SDF)

```
<<datablock>> (18 data items)
```

```
DRUGBANK_ID
  "DB00115"
DRUG_GROUPS
  "approved; nutraceutical"
GENERIC_NAME
  "Cyanocobalamin"
SYNONYMS
```

nome generico molecola



Informazioni estese

# Funzioni di calcolo delle proprietà delle molecole

I ) Conteggio atomi (singola molecola)

```
> atomcount(sdfset[[1]])
```

```
  C  Co   H   N   O   P
63   1  89  14  14   1
```

II ) Peso molecolare, molecular weight (singola molecola)

```
> MW(sdfset[[1]])
```

```
      CMP
1356.373
```

III ) Molecular formula

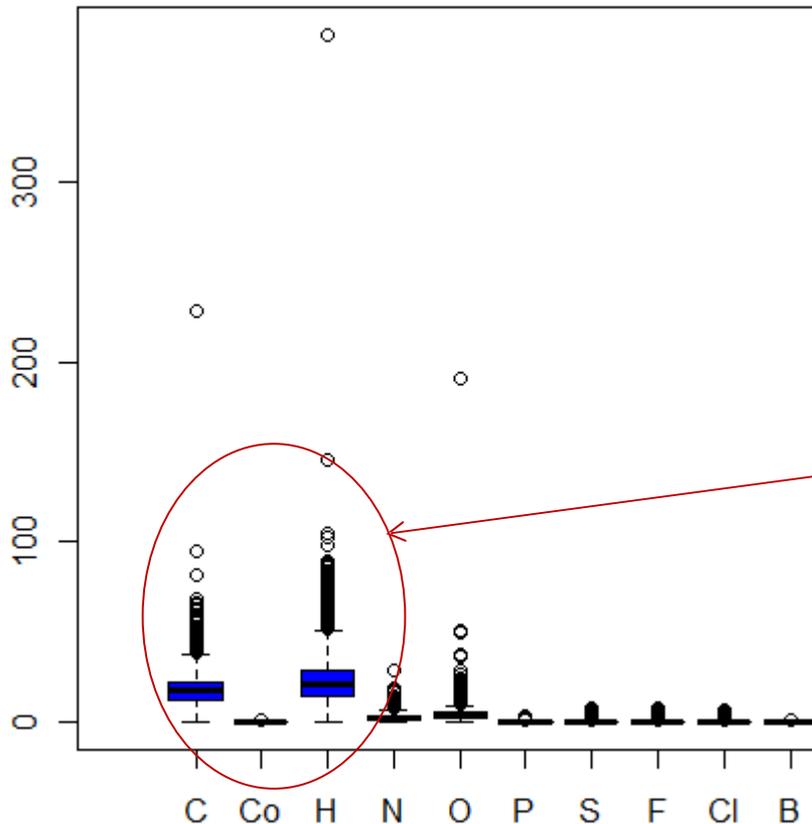
```
> MF(sdfset[[1]])
```

```
      CMP
"C63H89CoN14O14P"
```

# Funzioni di calcolo delle proprietà di **SET** di molecole

IV) grafico della frequenza delle specie atomiche ( set di molecole)

```
> boxplot(atomcountMA(sdfset), col="blue", main="Atom Frequency")
```



- Conteggio di TUTTI gli atomi di TUTTE le molecole in sdfset
- Ci sono specie atomiche più frequenti di altre: **C** e **H**

# Matrice dei legami

V) `sdfset[[3]]` è L-istidina . Grazie alla funzione `conMA` (connection matrix) possiamo visualizzare i legami tra i suoi atomi in forma di matrice:

```
> conMA(sdfset[[3]], exclude=c("H")) # notare che escludo gli H
```

	O_1	O_2	N_3	N_4	N_5	C_6	C_7	C_8	C_9	C_10	C_11
O_1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
O_2	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
N_3	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
N_4	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
N_5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2
C_6	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
C_7	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0
C_8	0	0	1	0	0	1	0	0	0	2	0
C_9	1	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0
C_10	0	0	0	0	1	0	0	2	0	0	0
C_11	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0	0

O\_1 e C\_9 sono connessi da un singolo legame

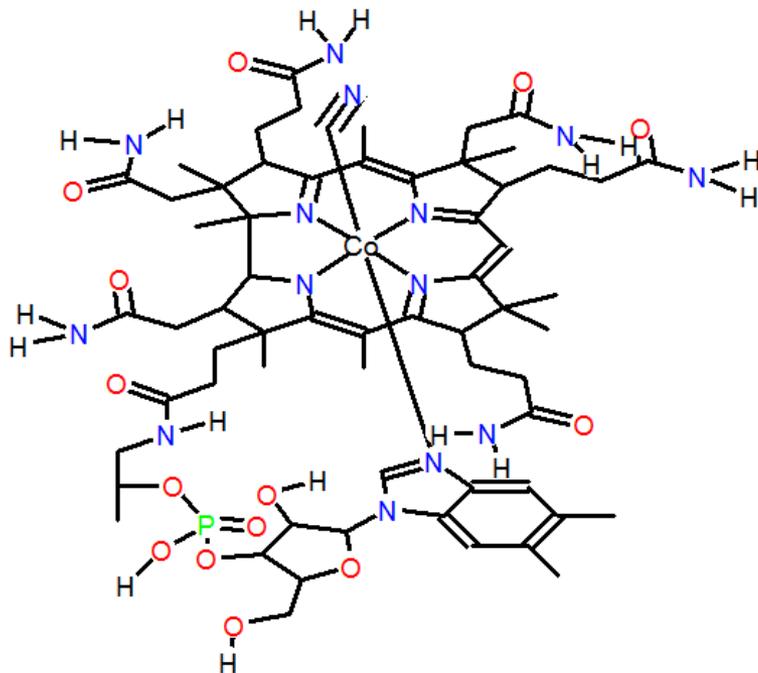
C\_8 e C\_10 sono connessi da un DOPPIO legame

la matrice è simmetrica

# Visualizzazione di molecole

VI) Per visualizzare una molecola è possibile utilizzare la funzione plot

```
> plot(sdfset[[1]])
```

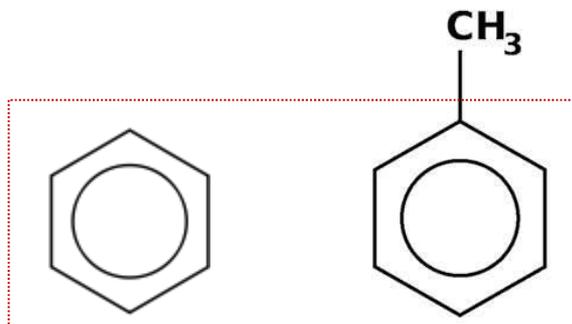


(R stampa informazioni aggiuntive riguardanti la molecola nella console)

# 2

## Cheminformatica : confronto tra molecole

Ora sappiamo caricare e manipolare set di molecole in R. Ma dobbiamo riuscire calcolare in modo automatico quanto sono «simili» due molecole.



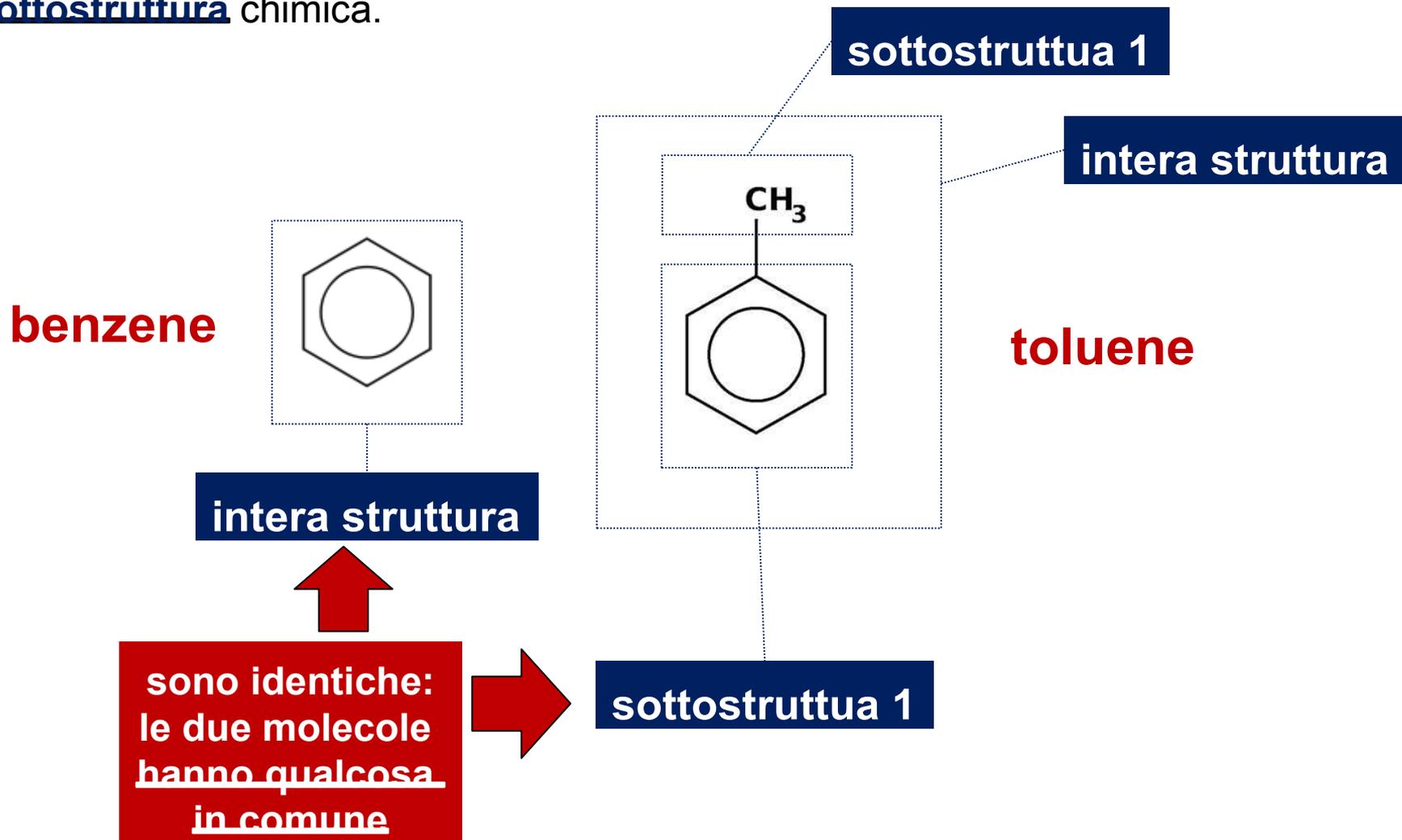
benzene

toluene

«A occhio» le loro strutture  
sono simili ... ma  
«a occhio» per un  
calcolatore non ha senso

# Il concetto di **fingerprint** molecolare

Le fingerprint molecolari sono strettamente correlate ai concetti di struttura e sottostruttura chimica.

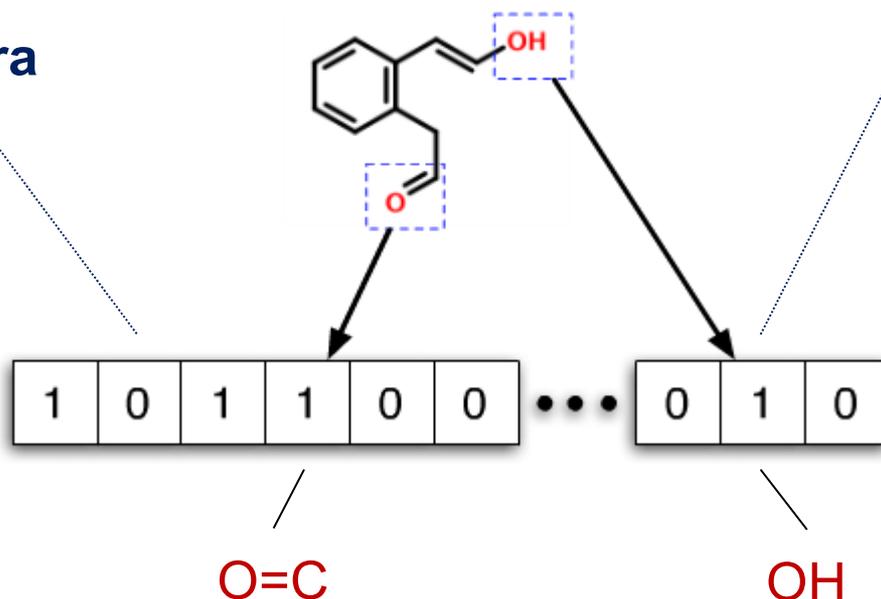


# Il concetto di **fingerprint** molecolare

Le fingerprint molecolari sono strettamente correlate ai concetti di struttura e sottostruttura chimica.

**0** : sottostruttura **assente** nella molecola

**1** : sottostruttura **presente** nella molecola



Codifica **vettoriale** (vettore valori logici) : **comprensibile** per il calcolatore

# Confronto di molecole mediante fingerprint

Una volta codificata la struttura delle molecole mediante fingerprint il loro confronto è relativamente semplice. L'obiettivo è quello di capire quante sottostrutture sono condivise da due molecole ed utilizzare questa informazione per calcolare uno score di similarità.

Date due fingerprint I e II che codificano le sottostrutture di due molecole che vogliamo confrontare definiamo:

**a** : numero di sottostrutture presente in fingerprint I **MA NON** in fingerprint II

**b** : numero di sottostrutture presente in fingerprint I **E** in fingerprint II

**c** : numero di sottostrutture presente in fingerprint II **MA NON** in fingerprint I

Coefficiente di TANIMOTO :

$$\frac{b}{a + b + c}$$

**Numero compreso tra 0 e 1 . 1 indica identità strutturale, 0 indica diversità totale delle strutture.**

# Calcolo di fingerprint e similarità

rcdk rende molto semplice il calcolo delle fingerprint molecolari.

```
> dtapp <- read.table("approved.sdf.SMILES", as.is=T);
> mols <- parse.smiles(dtapp[,2]);
> fps <- lapply(mols,get.fingerprint, type="extended");
> fp.sim <- fp.sim.matrix(fps,method="tanimoto");
> str(fp.sim)
  num [1:1408, 1:1408] 1 0.2519 0.1231 0.3683 0.0373 ...

> rownames(fp.sim)<-dtapp[,1];
> colnames(fp.sim)<-dtapp[,1];

> fp.sim[1:5,1:5]
      DB00115    DB00116    DB00117    DB00118    DB00119
DB00115 1.00000000 0.25192802 0.1231231 0.36828645 0.03728814
DB00116 0.25192802 1.00000000 0.1752137 0.21111111 0.05612245
DB00117 0.12312312 0.17521368 1.0000000 0.15357143 0.13253012
DB00118 0.36828645 0.21111111 0.1535714 1.00000000 0.04938272
DB00119 0.03728814 0.05612245 0.1325301 0.04938272 1.00000000
```

# Calcolo di fingerprint e similarità

Le similarità che abbiamo visto finora sono molto basse, a parte i valori sulla diagonale (sapreste dire perchè?). Proviamo a selezionare le similarità tra alcune molecole selezionate mediante **identificativo drugbank**:

```
> drugset <- c("DB00417", "DB01053", "DB01163", "DB01603", "DB00895")
> fp.sim[drugset, drugset]
```

	DB00417	DB01053	DB01163	DB01603	DB00895
DB00417	1.0000000	0.8109453	0.6977778	0.7808219	0.4930876
DB01053	0.8109453	1.0000000	0.7090909	0.7695853	0.6307692
DB01163	0.6977778	0.7090909	1.0000000	0.6475410	0.4867257
DB01603	0.7808219	0.7695853	0.6475410	1.0000000	0.4763948
DB00895	0.4930876	0.6307692	0.4867257	0.4763948	1.0000000

Queste molecole sono strutturalmente molto simili (hanno score Tanimoto molto più alti di quelli della slide precedente). Come mai? Provate a indagare su **Drugbank**, una banca dati pubblica dedicata ai farmaci:

<http://www.drugbank.ca/>

Cosa hanno in comune queste molecole?