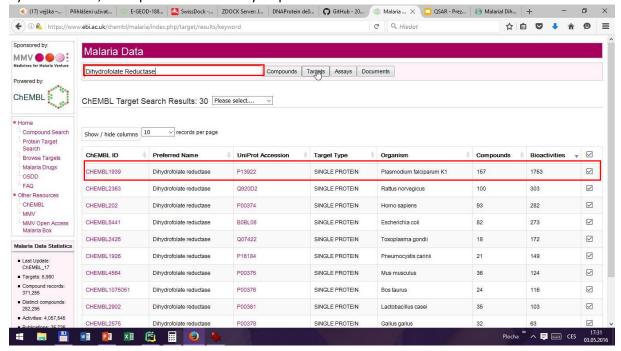
Postup analýzy Malaria Dat

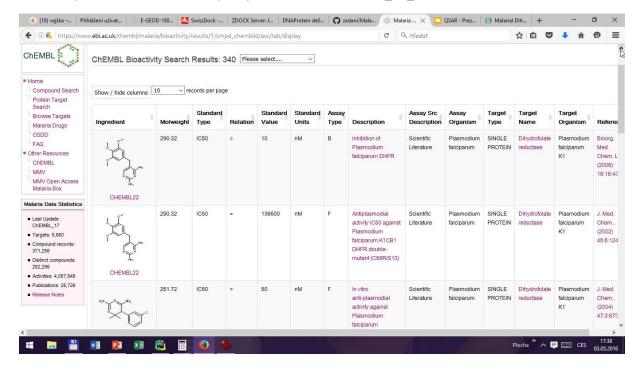
Na stránkách https://www.ebi.ac.uk/chembl/malaria/ jsem vyhledala enzym DHFR. Následně jsem vybrala ta data, která pochází ze Zimničky tropické.



Následně jsem vybrala ta data, která měla udnou hodnotu IC50.



Nakonec jsem stáhla takto získaný set jako bioactivities-16 15_40_42.tab.

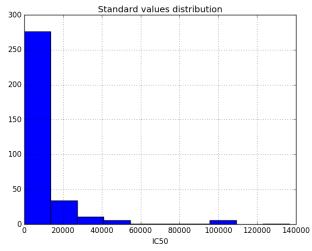


Takto získaná data jsem pomocí pythonu načetla.

Nejdříve jsem odstranila data, která neměla vyplněnou hodnotu IC50 a ověřila, zda jsou hodnoty ve stejných jednotkách.

Pomocí rdKitu jsme si spočítala všechny dostupné deskriptory pro dané molekuly a odstranila ty, které neměly pro daná data žádnou vypovídající hodnotu.

Také jsem se podívala jak vypadá rozložení středních hodnot ve všech datech



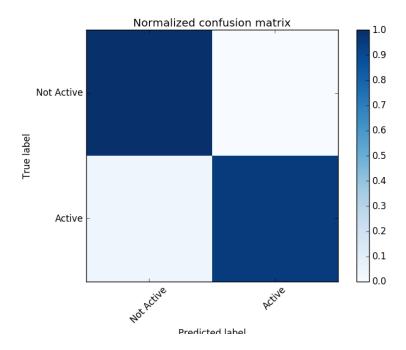
Podle zvoleného tresholdu jsem data rozdělila na aktivní/neaktivní a následně je rozdělila na trénovací/testovací v poměru 70x30. Takto rozdělená data jsem si uložila do souboru train.csv a test.csv.

Spočítala jsem si průměrnou podobnost (pomocí fingerprints a Tanimotovi vzdálenosti) mezi jednotlivými molekulami trénovací sady, která mi vyšla 0,5.

Dále jsem si vypočetla PCA a poté natrénovala SVM model. Tento model jsem trénovala s různými parametry a vybrala nejlepší z nich.

Pro testovací data jsem ověřila, že jsou si podobné více než 0,125.

Na takto přefiltrovaných datech jsem natrénovaný model vyzkoušela a vypsala výsledky spolu s grafem konfuzní matice.



Funkci qsarIC50, která počítá celý model lze upravit vstupní parametry a to tak, že lze změnit velikost testovací množiny a treshold pro rozdělení dat na aktivní a neaktivní.