# DTI模型测试

- (1) 其中部分数据没有证据支撑,比如某个分子C记录提示其靶点为T,但没有证据证明化合物C对靶点T的活性,这里drugbank的这个数据构造机制不明;建议额外增加一些有活性实验值的数据来作评测集,比如ChEMBL上下载,这个我们也会另外找一批有IC50值的数据来评测,再确认一下模型性能:
  - (1) 用我们准备的Chembl数据继续测试,那个数据有pIC50;
- (2)暂时先全部用抑制剂的靶点(如CDK2/4/6, BACE1, PDE9A,HDAC2,PDE4D )测试,不用其它的(激活剂等)

如果能找出对应的IC50进行排名,跟测试结果比较更有说服力

- (2) drugbank这11167个里,有不常规的像[Li+], [Zn++], 或者18F类似的放射性分子,这类情况,模型的预测确实会有问题(和模型学习的数据类型差别很大,不恰当的比喻,就像学习的是钥匙能不能开锁,这里来了一根牙签),对于这部分分子量比较小或其他明显特征的化合物,应该排除或者在模型训练数据中手工加上;
- (3) 如果要排名的话测试前去除小分子量的化合物;

总体上,这次的drugbank数据集,可能对药物重定向、图谱的预测是OK的,但是对于靶点亲和力作用/药物活性可能不太适合,我们再增加更吻合的活性数据来评测确认(模型的适用场景不一样,如果证实图谱的评测数据准确,可以药物重定向任务用图谱,大规模的虚拟筛选用DTI模型);

药物之所以有活性就是因为有亲和力,虽然有亲和力不一定有活性,IC50就是因为亲和力引起的,drugbank可以用来测试DTI模型

DTI模型测试 1

还有像这个化合物,在drugbank里面显示是CDK2靶点抑制剂,但是实际 IC50非常大,drugbank的药物-靶点对应这个数据,可能有一些问题,或者 机制我们不明确

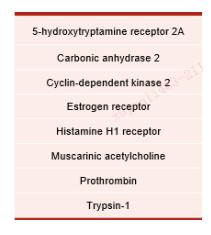
Target/Host (Institution)	Ligand	Target/Host Links	Ligand Links	Trg + Lig Links	Ki nM	ΔG° kcal/mole	IC50 nM	Kd nM	EC50 nM
Cyclin-dependent kinase 2 Homo sapiens (Human))	BDBM24626 NH <sub>2</sub>	PDB MMDB	Purchase	MMDB PDB Article PubMed	n/a	n/a	3.50E+5	n/a	n/a
Astex Therapeutics Ltd	CI	UniProtKB/SwissProt UniProtKB/TrEMBL	PC dd		Assay Description Inhibition of CDK2				THIS E
Curated by ChEMBL	(8-chloropyrazin-2-amine   8-chloropyrazin-	DrugBank antibodypedia GoogleScholar					ata for this Target Pair		WN918

- (1) 如果是只考虑是不是药物的话,可以考虑去除这些活性比较低的化合物;当然也可以测试化合物的IC50预测准不准,这样不管化合物IC50多大多小都没关系,主要看预测的准确度就可以
  - (2) 找已经上市的药物,这些化合物IC50肯定会比较小

# 针对以上问题,改进测试方案:

=======

原测试靶点:



新增靶点:PDE9A, PDE4D, HDAC2, CDK4, CDK6, ACHE

测试内容1:设想需要从drugbank中筛选药物,查看针对该靶点的药物能不能排名比较考前,且观察下预测的PIC50值是不是比较大(例如是否大于5或者6)这里假设除药物外的其它化合物对该靶点是没有作用的,虽然这个假设不一定100%正确,但在一定程度上是可以的

筛选数据:在drugbank中11167基础上删除分子量过小或者过大的化合物

测试数据:以下数据中找每个靶点对应的化合物

drugbank target drug info 202110.xlsx

**备注:**可以在已经测试得到的数据基础上,让向冰算下化合物分子量,去除掉分子量小于 200和大于1000的化合物,然后再排序

#### 测试内容2:

- (1)ZINC中下载的某靶点的化合物全部预测一遍,跟模型PIC50结果比较,计算R2,RMSE;
- (2) 把模型结果按PIC50为6进行切分,大于6为1,小于5为0,ZINC数据集也按照相同的方法划分为1和0, 再根据混淆矩阵计算AUC,accuracy, sensitivy, specificity等指标;
- (3)更具体一些的研究下化合物:可以把针对某靶点活性比较高的化合物(例如 affinity>8) 抽取出来, 看下模型预测出来的结果是多少(如果模型效果好的情况下,预测值也应该比较高);另一方面可以把针对靶点活性比较差的化合物(例如affinity>8) ,也抽取出来,看下模型预测出来的结果是多少(如果模型效果好的情况下,预测值也应该比较低)

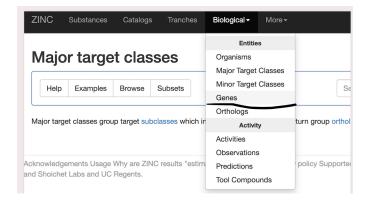
测试数据:来源于zinc中每个靶点的数据

### 备注:测试内容2中数据的下载方法:

1. 登陆网站: https://zinc.docking.org/

2. biological → genes:

DTI模型测试 3



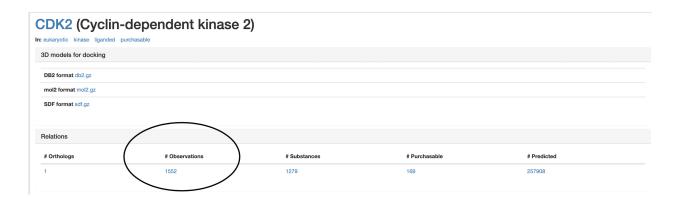
### 4. input gene name and search:



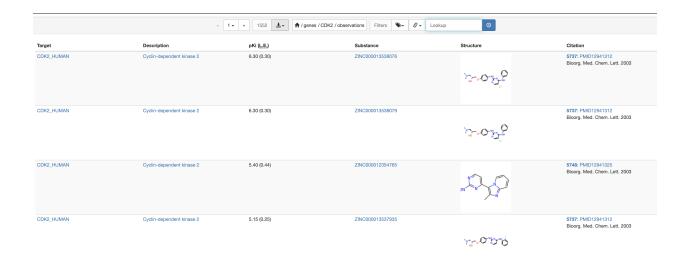
## 5. select gene:



#### 6. select observations:



#### 7. download:



其它待解决问题:训练数据集中含有与测试数据中相同的化合物