1. Mějme množinu naměřených bodů:

x1 = 2; y1 = 0,5

x2 = 3; y2 = 15

x3 = 4; y3 = 2

x4 = 6; y4 = 6,5

Body si zadejte do Exceové tabulky a udělejte si jejich graf.

* Je v této množině bodů hrubá chyba (outlier)? Pokud ano, jaká a proč.
* Pracujte s množinou bodů, ze které jste odstranili hrubé chyby.
* Vypočítejte směrnici (b1) a úsek (b0) lineární rovnice, kterou proložíte těmito body (použijte lineárni regresi).
* Vypočítejte korelační index R2.

1. Doplňte následující tabulku:

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | **Název molekuly** | **pKa** | **Náboj na atomu** | | |
| **H** | **O** | **C** |
| Tréningová sada | Carboxyacetic acid | 2.85 | 0.48 |  |  |
| Hydroxyethanoic acid | 3.83 |  | -0.694 |  |
| Dipropylacetic acid | 4.6 |  |  | 0.439 |
| n-Butanoic acid | 4.82 |  | -0.727 |  |
| n-Dodecanoic acid | 5.3 | 0.396 |  |  |
| Testova- cí sada | Almond acid | 3.41 |  | -0.706 |  |
| Amber acid | 4.21 |  |  | 0.524 |
| n-Capric acid | 4.9 |  |  | 0.475 |

Poznámka: V tabulce jsou karboxylové kyseliny, náboje zjišťujeme na COOH skupině. O označuje kyslík, na kterém je vázán H. Struktury molekul získáme z PubChemu. Náboje počítejte pomocí programu ACC2 (<https://acc2.ncbr.muni.cz/>), použijte defaultní nastavení (= nahrajte molekulu a dejte “Compute charges”).

* Pro QSPR model: pka = p1\*qH + p2 vytvořte v Excelu graf závislosti pKa na pH. Pro vytvoření modelu použijte jen tréningovou sadu.
* Pro tento model dopočítejte p1 a p2.
* Pomocí modelu predikujte pKa pro všechny molekuly. (Přidejte si do tabulky sloupec pka\_p.)
* Vypočítejte relativní odchylku pro všechny body. (Přidejte si do tabulky sloupec pka\_d.)
* Vypočítejte R2, RMSD a průměrnou relativní odchylku pro tréninkovou sadu.
* Vypočítejte Q2, RMSD a průměrnou relativní odchylku pro testovací sadu.

**Domácí úkol:**

Pro QSPR model: pka = pp1\*qH + pp2\*qO + pp3\*qC + pp4 dopočítejte pp1, pp2, pp3 a pp4. (Pomocí např: <http://home.ubalt.edu/ntsbarsh/business-stat/otherapplets/MultRgression.htm>, <http://www.wessa.net/rwasp_multipleregression.wasp>).

Pomocí modelu predikujte pKa pro všechny molekuly. (Přidejte si do tabulky sloupec pka\_p2.)

Vypočítejte relativní odchylku pro všechny body. (Přidejte si do tabulky sloupec pka\_d2.)

Vypočítejte R2, RMSD a průměrnou relativní odchylku.

Vypočítejte Q2, RMSD a průměrnou relativní odchylku pro testovací sadu.

Bonus navíc (za 5% navíc):-))>

Dokážete najít další nábojový deskriptor, který by model zlepšil? Pokud ano, který to je. Ukažte, jak vypadá nový QSPR model s tímto descriptorem.