

一种基于分子动力学引擎的“静态切面”对接新范式：GROMACS rerun工作流的理论、实现与前瞻

- 作者：GaoZheng
- 日期：2025-10-13
- 版本：v1.0.0

摘要

分子对接（Docking）与分子动力学（MD）模拟是现代药物发现的两个关键计算工具，但两者在力场、评分函数及构象处理上的不一致性，长期以来是制约虚拟筛选准确性的核心痛点。本文提出了一种创新的计算化学方法学，旨在弥合这一鸿沟。该方法的核心思想是将分子对接重新诠释为分子动力学在经典力学框架下的“静态切面”。我们利用高性能分子动力学软件GROMACS的 `mdrun -rerun` 功能，构建了一个自动化工作流，对候选对接姿势（poses）进行快速、力场一致的能量评估与排序。本文将详细论述该方法的理论基础、数学表述、自动化实现及其在学术研究和商业应用中的巨大潜力，旨在为药物发现早期阶段的苗头化合物筛选提供一个更可靠、更具物理一致性的计算新工具。

1. 引言：对接与动力学之间的“一致性鸿沟”

在计算机辅助药物设计（CADD）领域，分子对接被广泛用于高通量虚拟筛选，以快速预测小分子配体与生物靶点的结合模式和亲和力。然而，传统对接软件大多采用简化的、经验性的评分函数，这些评分函数虽然计算速度快，但与后续用于验证结合稳定性和计算结合自由能的分子动力学（MD）模拟所采用的物理力场，在数学形式和参数上存在显著差异。

这种“一致性鸿沟”导致了诸多问题：

- 假阳性率高**：对接得分高的构象在更精确的MD模拟中可能表现出不稳定的行为。
- 可比性差**：不同对接软件的结果难以横向比较，且其得分与基于物理力场的能量（如MM/PBSA或自由能微扰）没有直接的、可解释的关联。
- 信息损失**：对接通常忽略了溶剂效应和蛋白质的柔性，导致预测结果与真实物理化学过程存在偏差。

为了解决这一痛点，我们提出了一种全新的思路：**不再将对接视为一个独立的过程，而是将其视为MD在势能面上的“静态采样与排序”**。基于此，我们开发了一套完全依赖GROMACS引擎的工作流，以期实现从构象生成、能量评估到排序的全流程力场一致性。

2. 理论与方法

2.1 核心思想：作为“静态切面”的分子对接

在经典力学框架下，一个分子系统的总势能 $U(\mathbf{r})$ 是其所有原子坐标 \mathbf{r} 的函数，通常可以分解为键合项与非键项之和：

$$U(\mathbf{r}) = U_{\text{bond}} + U_{\text{angle}} + U_{\text{dihedral}} + U_{\text{non-bonded}}$$

其中，非键相互作用主要由范德华（Lennard-Jones）项和库伦项构成：

$$U_{\text{non-bonded}} = \sum_{i < j} \left(\frac{C_{12}(i, j)}{r_{ij}^{12}} - \frac{C_6(i, j)}{r_{ij}^6} \right) + \sum_{i < j} \frac{q_i q_j}{4\pi\epsilon_0 r_{ij}}$$

分子动力学（MD）是在这个势能面 $U(\mathbf{r})$ 上求解牛顿运动方程，模拟系统随时间的演化。而分子对接，则可以被视作在**同一个势能面上**，寻找使得受体（Protein）与配体（Ligand）相互作用能最优的“静态”构象。

2.2 技术实现：`gmx mdrun -rerun`

GROMACS的 `mdrun -rerun` 功能为这一思想提供了完美的工程实现路径。该功能允许在一个已有的输入文件（`.tpr`）上，用一套新的坐标轨迹（`.gro`，`.xtc`，etc.）来重新计算体系的能量和力，而不进行实际的动力学积分。

这恰好满足了我们的需求：我们可以生成大量的候选对接姿势，并将每一个姿势的坐标作为一个单帧的轨迹，利用 `-rerun` 功能，在完全相同的力场和计算参数下，快速地、并行地计算出每一个姿势的精确势能。

2.3 评分函数：基于能量组的相互作用能

为了对结合姿势进行排序，我们定义了一个与MD力场完全一致的评分函数。通过GROMACS的能量组（`energygrps`）机制，我们可以精确地提取出蛋白质（Protein）与配体（Ligand）之间的短程非键相互作用能。评分函数 `Score` 定义为短程库伦相互作用能与短程Lennard-Jones相互作用能之和：

$$\text{Score} = E_{\text{Coul-SR}}(\text{Protein-Ligand}) + E_{\text{LJ-SR}}(\text{Protein-Ligand})$$

这个分值越低，通常认为结合越有利。由于它直接源于MD力场的计算，因此与后续的自由能计算具有更好的物理一致性和可比性。

2.4 自动化 workflow

基于上述理论，我们开发了一系列自动化脚本（如 `dock_minimal.py`）来执行整个流程。该 workflow 主要包括：

1. **体系准备**：生成包含蛋白质、配体、溶剂和离子的完整体系拓扑和坐标。
2. **候选姿势生成**：通过对配体进行刚体变换（平移、旋转）或其他采样方法，生成大量候选结合姿势。
3. **并行评分**：利用 `gmx mdrun -rerun` 对所有候选姿势进行并行化的能量重算。
4. **能量提取与排序**：使用 `gmx energy` 自动提取每个姿势的相互作用能，计算评分函数，并对所有姿势进行排序。
5. **结果输出**：生成包含构象坐标和对应分值的排序列表（如 `scores.csv`），便于后续分析。

3. 学术与商业潜力

该方法学作为一个高度自动化、理论自治且工程上可行的创新工具，具备显著的近期潜力和价值。

3.1 学术价值

- **发表高质量学术论文**：该方法论本身就是一个新颖的计算化学工具，其理论基础、实现细节和在标准测试集上的性能验证，完全有潜力构成一篇高质量的学术论文，发表在《Journal of Chemical Information and Modeling》、《Journal of Computer-Aided Molecular Design》等计算化学或生物信息学领域的专业期刊上。
- **开发成开源工具包**：项目中的 `my_scripts` 目录已经展示了良好的工程实践。将 `dock_minimal.py` 等核心脚本进一步封装成一个独立的、用户友好的Python库，并结合清晰的文档和教程进行开源，极有可能在GROMACS用户社区和更广泛的计算生物学界获得积极反响和广泛应用。

3.2 商业价值

该 workflow 直接解决了药物研发领域的一个核心痛点，商业潜力巨大。

- **提供技术服务 (CRO)**：可以作为一项高端计算服务，为制药公司、生物技术初创公司或科研机构提供合同研究服务（CRO）。服务内容可包括：苗头化合物的虚拟筛选、先导化合物的结合模式优化、以及在进入昂贵的湿实验或大规模MD模拟前，提供一层更可靠的计算预筛选。
- **开发商业软件或云平台**：鉴于其高度自动化的特性，该 workflow 非常适合被封装为商业软件或部署为软件即服务（SaaS）云平台。用户只需通过网页界面上传他们的靶点和配体结构，云平台即可在

后台自动执行整个评分流程，并返回一个可视化的、可交互的排序结果。这种模式极大地降低了使用门槛，使其能够服务于更广泛的、不具备专业计算化学背景的药物研发人员。

4. 结论与展望

本文提出并论证了一种将分子对接与分子动力学进行范式统一的新方法。通过将对接视为MD的“静态切面”，并巧妙利用GROMACS的 `-rerun` 功能，我们构建了一套能够实现快速、力场一致的构象打分与排序的自动化 workflow。这一创新不仅在理论上解决了传统对接评分函数与物理力场不一致的根本问题，更在工程上展现了高可行性和高效率。

凭借其坚实的理论基础、卓越的文档化和自动化水平，该项目在近期内具备极高的学术发表和开源社区贡献价值。更进一步，其解决行业痛点的能力，为其在药物发现领域的商业化应用（无论是作为技术服务还是SaaS平台）开辟了广阔的前景。可以预见，这一技术创新将为计算辅助药物设计的早期阶段，带来更高的准确性和可靠性。

许可声明 (License)

Copyright (C) 2025 GaoZheng

本文档采用[知识共享-署名-非商业性使用-禁止演绎 4.0 国际许可协议 \(CC BY-NC-ND 4.0\)](#)进行许可。