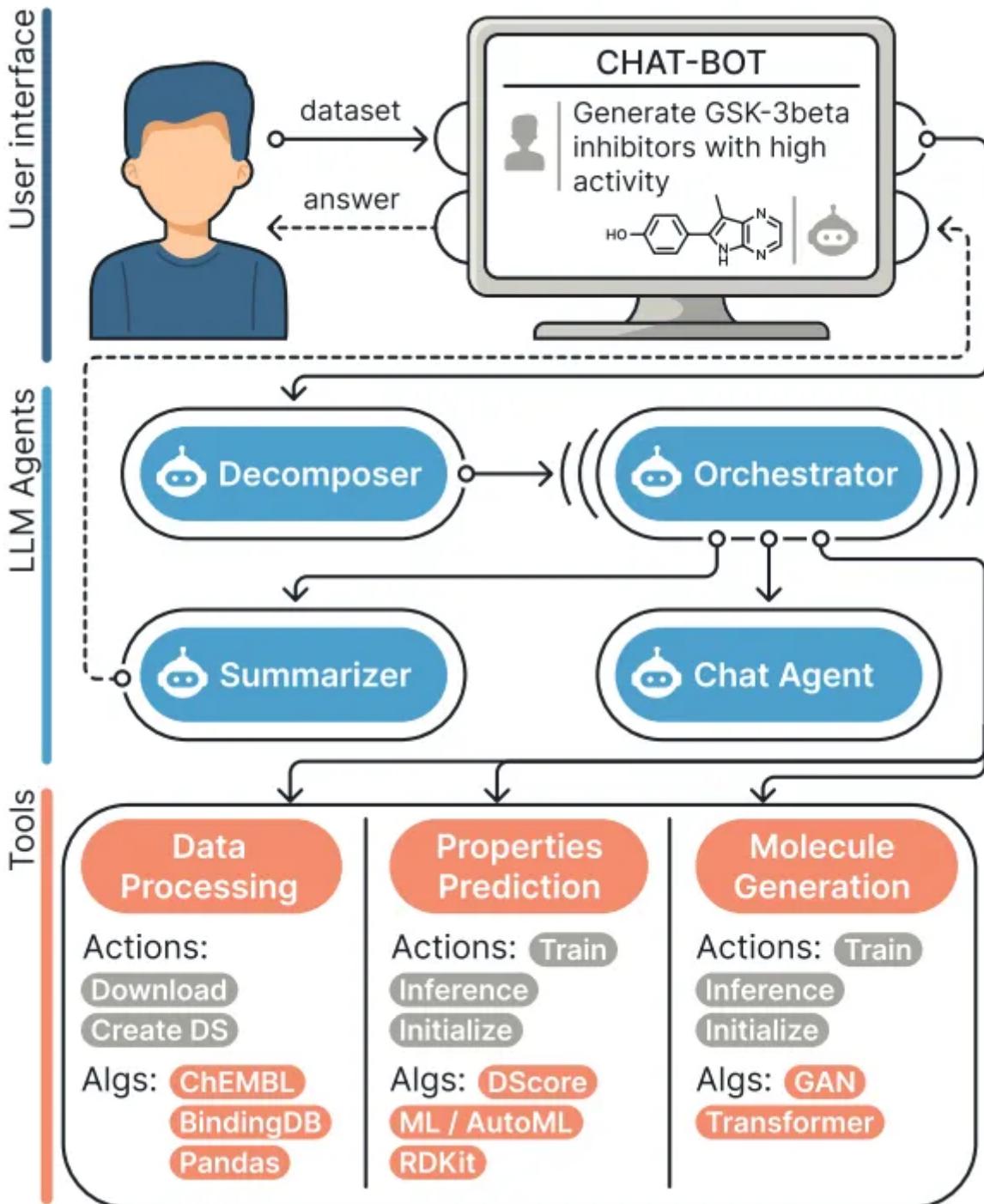


AIDD-1



如何构建 LBP 候选药物打分模型（详细实操）

下面给出候选评分的特征集、权重建议、模型结构与示例评分公式，以及验证指标与决策门槛。

4.4.1 候选评分的核心特征类别（输入特征）

分为 6 大类——每类下举例具体特征（用于可复现实现）：

A. 生物学相关性 (Biological relevance)

- `differential_abundance_score`：在病例 vs 对照中显著富集的 effect size (log2 fold change)
- `prevalence_case`：在病例组中出现率 (%)
- `prevalence_control`：在对照组出现率
- `co_occurrence_with_pathogen`：负相关系数 (越负越可能抑制病原)
- `association_with_outcome`：与关键结局 (exacerbation reduction) 统计学关联 p-value -> 转为 score

B. 功能潜力 (Functional potential)

- `SCFA_production_potential` (估算)
- `anti_inflammatory_pathway_score` (如IL-10 上调相关通路)
- `biofilm_degradation_enzymes_presence` (与噬菌体/lysins合作)

C. 安全性 (必须硬性过筛项)

- `AMR_gene_count`
- `virulence_gene_presence` (boolean)
- `toxin_genes_presence` (boolean)
- `human_pathogenicity_score` (基于宿主致病基因集合)

任何 `virulence_genes_presence == True` 或 `AMR_gene_count > threshold` 的候选先行剔除或标为高风险。

D. 可培养性 / 工艺可行性 (Manufacturability)

- `isolate_recovered_flag` (1/0)
- `growth_rate` (hours doubling)
- `aerobe_facultative_flag` (更易培养得分高)
- `freeze_dry_survival_rate` (实验或预测值)

E. 可递送性 (Formulation / aerosol)

- `particle_aerodynamics_compatibility` (MMAD 模拟评分)
- `mucus_adherence` (实验或预测评分)

F. IP / Novelty / Freedom-to-operate

- `taxon_patented_flag` (是否被他人专利覆盖)
- `novelty_score` (是否未被广泛用于 LBP)

4.4.2 评分/模型结构 (示例)

我建议把评分分为两层：硬性规则 (rule gate) + 可学习打分 (ML model)。

硬性规则 (Rule gate)

- 如果 `virulence_genes_presence == True` → REJECT
- If `AMR_gene_count >= 2 (clinically relevant genes)` → REJECT or MANUAL REVIEW
- If `isolate_recovered_flag == 0 & predicted_cultivability_score < 0.3` → LOW_PRIORITY

(规则旨在快速去除明显不合格项)

ML Ranker (示例 XGBoost)

输入：所有 numeric 特征 (A-F)。输出：`score ∈ [0, 1]`。

损失/目标可以是 pairwise ranking (学习把已知有效的候选排在前面)。如果没有大量监督 label，可以用 semi-supervised 或 weak supervision (比如把体外验证阳性定为正样本，negative 为体外无效)。

打分公式 (示例可解释混合公式)

最终综合分 $S = \text{sigmoid}(w_{\text{bio}} * \text{BioRel} + w_{\text{func}} * \text{Func} + w_{\text{safe}} * \text{Safe} + w_{\text{manuf}} * \text{Manuf} + w_{\text{deliver}} * \text{Deliver} + w_{\text{ip}} * \text{IP})$

其中：

- $\text{BioRel} = \text{normalized}(\text{differential_abundance_score} * \text{AntiInflammatoryPathwayScore})$
- $\text{Func} = \text{normalized}(\text{SCFA_production_potential} + \text{AntiInflammatoryPathwayScore})$
- $\text{Safe} = 1 - \text{normalized}(\text{AMR_gene_count_normalized} + \text{virulence_flag} * 10)$ (higher is safer)
- $\text{Manuf} = \text{normalized}(\text{growth_rate_score} + \text{freeze_dry_survival})$
- 权重建议 (初始) : $w_{\text{bio}}=0.30, w_{\text{func}}=0.20, w_{\text{safe}}=0.25, w_{\text{manuf}}=0.15, w_{\text{deliver}}=0.08, w_{\text{ip}}=0.02$ (可通过模型调优改变)

说明：上是 interpretable baseline。并行训练 XGBoost ranking model 来学习更复杂的非线性组合。

4.4.3 训练策略与缺乏标签时的替代方案

- **监督学习**: 如果你有历史候选的体外验证结果 (positive/negative) , 用这些作为标注直接训练模型 (优先) 。
- **弱监督 / 半监督**: 用因果/统计显著性 (例如 $p < 0.01$ 的菌群) 作为弱标签, 或用 expert-provided rankings (专家打分的 Top/Bottom) 训练。
- **启发式/多目标优化**: 把问题当作多目标优化 (maximize biological relevance & manufacturability & safety) 并使用 Pareto-front identification 来选择候选组。
- **Active Learning Loop**: 每轮选 Top N 进入 wet-lab, 拿回 validation 结果后用这些真实 label 重新训练模型 (可显著提高效率) 。

4.4.4 模型评价指标 (实际度量)

- **Precision@k** (Top-10 中多少真阳性) — 最关键 (实际研发成本昂贵, Top-k 准确率高价值大)
- **Recall** (对已知有效候选召回率)
- **ROC-AUC / PR-AUC** (若有二分类标签)
- **Enrichment Factor (EF)**: 与随机抽样相比, 你的 Top-10 比例提升倍数
- **Time-to-Prove (wet-lab)** : 从候选导出到实验验证成功所需平均时间 (业务 KPI)

目标示例: `Precision@10 ≥ 40%` 在早期即可显著节约成本。

4.4.5 可解释性与决策支持 (必须)

- 对每个候选输出: SHAP feature breakdown (哪三个特征最驱动评分) + Rule-gate flags (AMR/virulence/uncultivable) + 所属样本/院区的 prevalence statistics。
- 把解释结果做成决策卡 (candidate card) , 便于科学家/CMC 做快速判断。

4.4.6 模型部署与迭代 (从 MVP 到生产)

- 把训练好的 model 存入 Model Registry (带 feature_version 与 training_data_version) 。
- 在 Feature Store 做在线/离线特征服务 (便于实时评分新样本) 。
- 每轮 wet-lab validation 完成后触发自动 retrain pipeline (自动化: ToolUniverse CI/CD) , 并生成 new candidate list。

4.5 质量控制、统计注意事项与偏差修正

- **批次效应 (batch effects)**: 必须在特征级进行批次校正 (ComBat) 或通过模型中加入 batch covariates (hospital_id, run_id) 。
- **宿主读数高造成假阴性**: 若 `host_read_fraction > threshold` 标记样本并尽可能用高深度测序或重新抽样。
- **因果混淆**: 菌群-疾病关联可能受抗生素使用、住院时间等 confounders 影响；模型训练时把这些临床变量作为 covariates 或用因果推断方法 (DoWhy, propensity score matching) 减少偏差。
- **外部验证**: 务必保留独立医院/地域的数据作为外部验证集。