

研究背景与动机

登革热：全球性公共卫生威胁与药物发现挑战



登革热：被忽视的全球威胁

- ▶ **3.9亿人/年感染**, 遍布129国家
- ▶ WHO列为**十大全球健康威胁**
- ▶ 气候变化加剧传播: 预计2050年**+20亿**风险人口
- ▶ **无特效药**, 仅支持性治疗
- ▶ 疫苗效力有限 (Dengvaxia仅60%, 有副作用风险)

关键靶点: NS2B-NS3蛋白酶

病毒复制必需 | 保守性高 | 成药性好



传统药物发现的困境

- ▶ **时间长**: 10-15年从发现到上市
- ▶ **成本高**: 平均26亿美元/新药
- ▶ **成功率低**: 仅0.01%化合物进入临床
- ▶ **化学空间巨大**: 10^{60} 种类药分子
- ▶ **高通量筛选局限**: 仅能覆盖 $10^6\text{-}10^7$ 化合物

DENV抑制剂现状 (2024) :

- 临床试验: 0个进入III期
- 已报道抑制剂: IC50普遍>1μM
- 成药性差: 美药性/合成难度高

为什么选择AI驱动的从头药物设计?

✓ 突破化学空间限制

生成式AI可探索未知化学结构

✓ 多目标同步优化

活性+成药性+可合成性一体化设计

✓ 数据驱动+知识引导

结合QSAR模型与药物化学规则

REINVENT4：强化学习驱动的分子生成

从通用工具到靶向设计：LibInvent策略的选择逻辑

🔥 REINVENT系列：AstraZeneca的开源贡献

2017

REINVENT 1.0
RNN-based
SMILES生成
基础RL框架

2020

REINVENT 2.0
LibInvent
LinkInvent
骨架装饰

2021

REINVENT 3.0
多组件评分
课程学习
生产级工具

2024

REINVENT 4.0
模块化架构
Transformer
插件系统

⚡ REINVENT4核心优势：为什么选择它？



强化学习引导

DAP/SDAP算法，平衡探索与利用，避免mode collapse



模块化评分

15+组件：活性/ADMET/合成/结构，可自定义权重组合



插件生态系统

支持QSAR/对接/QM/自定义评分，易于扩展



多种生成模式

De novo/Scaffold/Linker/R-group，适配不同设计需求



工业验证

AstraZeneca内部使用，多个项目进入临床前



开源免费

MIT协议，完整文档，活跃社区，持续更新

💡 项目策略：为什么用LibInvent而非De Novo？

Reinvent

完全从头设计
化学空间无限
风险：难收敛

LibInvent

骨架约束设计
双芳环吡咯烷
平衡：可控+新颖

本项目

LibInvent + QSAR
2个R位点探索
优势：高效聚焦



DENV NS2B-NS3抑制剂AI生成

Run9_T1200 实验进展汇报 | LibInvent + QSAR引导生成

实验进行中: 2219 / 6000 步 (37%)

项目目标

- 靶点: 登革热病毒(DENV) NS2B-NS3蛋白酶
- 设计策略: 双芳环吡咯烷骨架
- 活性目标: $\text{pIC50} \geq 8.0$ ($\text{IC50} \leq 10 \text{ nM}$)
- 成药性: QED ≥ 0.7 , SA ≤ 4.0
- 当前规模: 113.6万候选分子

预计完成: ~160万分子

当前成果 (中期数据)

- 金标准候选物: 96个 (去重后)
- 活性范围: $\text{IC50} = 6.5\text{-}10 \text{ nM}$
- 最优分子: $\text{IC50} = 6.5 \text{ nM}$
- 高活性分子($\text{pIC50} \geq 7.5$): 110万 (97.5%)
- 极高活性($\text{IC50} < 10 \text{nM}$): 2,170个

成功率稳定 - 持续优化中

实验进展

当前步数	~2219 / 6000
完成度	37%
已生成分子	113.6万
去重后	109.7万 (96.6%)
R基团多样性	111.9万组合
预计最终	~160万分子
预计金标准	~140个

技术亮点

- QSAR模型: 随机森林预测器 ($R^2 = 0.85$)
- 生成策略: LibInvent 双R基团设计
- 多目标优化: 15个scoring components
- 显存优化: batch_size 32 (适配4GB显存)
- 化学稳定性: 15种substructure alerts过滤

生产级配置

⚙ 方法学与实验设计

多层次评分策略 + QSAR引导优化

▶ 评分组件架构 (15 Components)

● 第一优先级: 生物活性 (Weight: 2.5)

QSARScorer - Random Forest pIC50预测
Transform: double_sigmoid (4.0-9.0)

权重: 2.5

● 第二优先级: 化学稳定性 (Total: 1.6)

CustomAlerts - 15种不稳定substructures
NumAtomStereoCenters

1.0

0.6

● 第三优先级: 类药性 (Total: 0.7)

QED - Drug-likeness
SAScore - Synthetic Accessibility

0.3

0.4

● 第四优先级: 物理化学性质 (Total: 1.9)

MW: 250-600 Da
LogP: 0.5-5.0
TPSA: 30-120 U
HBA ≤ 8
HBD ≤ 4
Heavy Atoms: 18-45

0.5

0.3

0.2

0.3

0.2

0.4

🔧 技术配置

生成器	Libinvent
骨架	双芳环吡咯烷
Prior Model	libinvent.prior
Learning Rate	0.0001
Batch Size	32
Sigma (DAP)	120
Min Steps	1,500
Max Steps	6,000
Current	~2,219 (37%)
Target Score	0.80

💡 显存优化策略

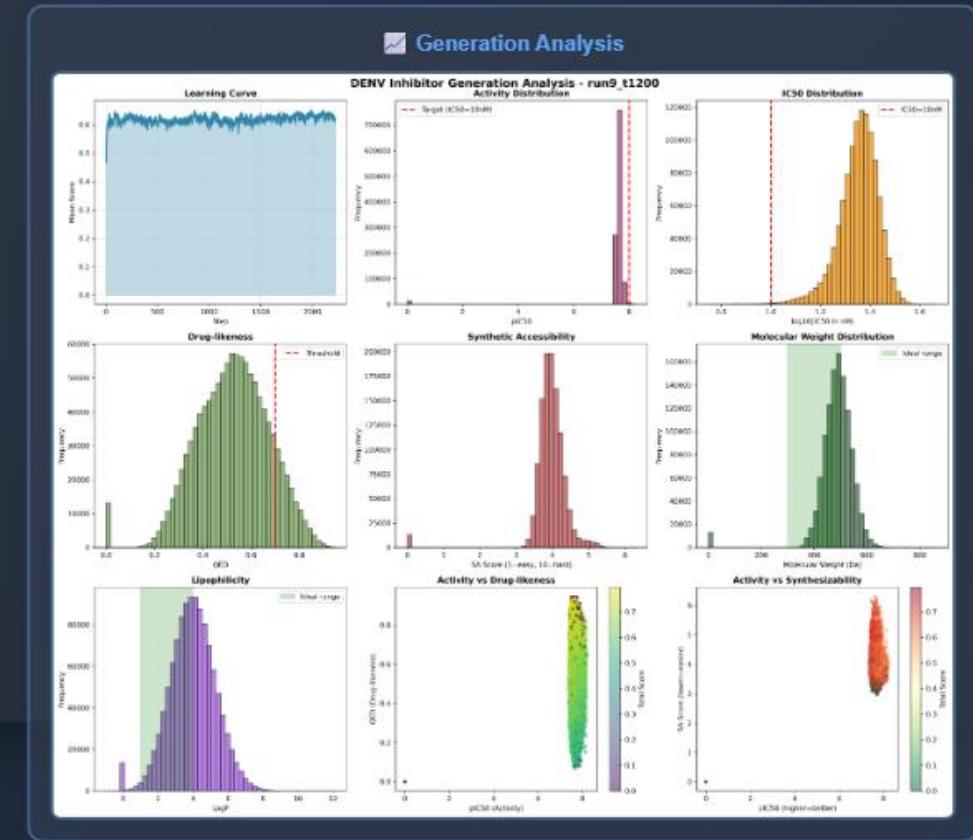
Batch size从64降至32，减少50%显存占用
成功在4GB VRAM环境运行

QSAR模型

Random Forest Regressor
特征: Morgan Fingerprint ($r=2$, 4096 bits)
训练集性能: $R^2 = 0.85$

中期结果与可视化

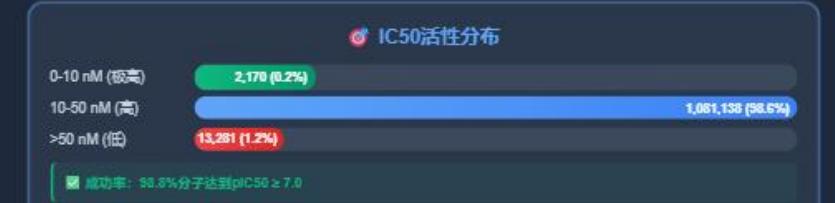
113.6万分子 (37%进度) | 97.5%高活性 | 96个金标准候选物



关键指标

总分子数	113.6万	
唯一分子	109.7万	98.6%
IC50 < 10nM	2,170个	0.2%
IC50 10-50nM	108.1万	98.6%
金标准	96个	0.01%
pIC50 ≥ 8.0	8.00-8.19	
QED	0.70-0.86	
SA	3.44-4.00	
高标准	28.9万	28.4%
中标准	60.8万	55.4%

▲ 数据说明
以上为基于去重后数据的结果



物化性质统计

分子量	486 ± 71 Da	97.0%达标
LogP	3.98 ± 1.31	78.8%达标
HBA	5.58 ± 1.45	99.9%≤10
HBD	1.35 ± 0.59	100%≤5



金标准候选物与结构展示

96个极高活性分子 (去重后) | IC50 6.5-10 nM | 无结构警报

金标准

96

- ✓ pIC50 ≥ 8.0
- ✓ IC50: 6.5-10 nM
- ✓ QED ≥ 0.7
- ✓ SA ≤ 4.0
- ✓ MW: 300-600 Da
- ✓ LogP: 1-4

高标准

289,397

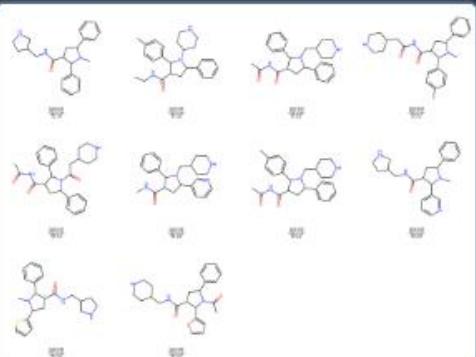
- ✓ pIC50 ≥ 7.5
- ✓ IC50: 5.6-31.6 nM
- ✓ QED ≥ 0.6
- ✓ SA ≤ 4.5

中标准

607,640

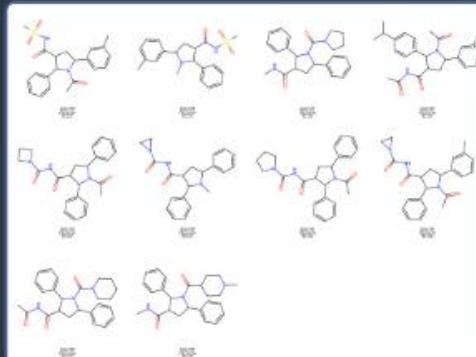
- ✓ pIC50 ≥ 7.0
- ✓ IC50: 5.6-45.5 nM
- ✓ QED ≥ 0.5
- ✓ SA ≤ 5.0

金标准 Top 10



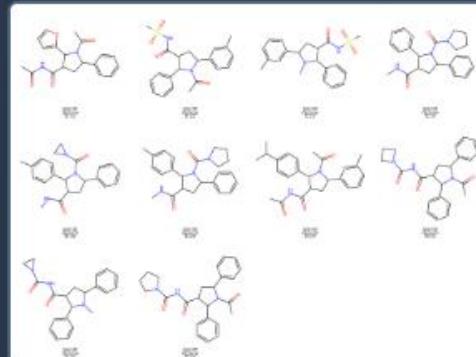
IC50范围	6.5-10 nM
平均QED	0.79
平均SA	3.63

高标准 Top 10



IC50范围	5.6-31.6 nM
平均QED	0.69
平均SA	4.01

中标准 Top 10



IC50范围	5.6-45.5 nM
平均QED	0.63
平均SA	4.03

下一步工作

- ✓ 等待实验完成 (预计4000步后稳定)
- ✓ 从最终全标准中选择20-30个进行合成
- ✓ 体外酶活性测定 (NS2B-NS3 protease)
- ✓ 细胞毒性评估 (CC50)
- ✓ 抗病毒活性测试 (EC50)

中期总结

- 当前生成113.6万候选分子 (37%进度)
- 获得96个金标准极高活性候选物
- 98.8%分子达到pIC50 ≥ 7.0
- 化学稳定性优秀：仅0.5%警报
- 预计最终：~160万分子, ~140个金标准