杨正江

电话: 176 4981 9235 QQ:1223821976 邮箱: kotori@cbdd.me



教育经历 _____

硕士 中南大学 药物化学 计算机辅助药物设计 本科 长春中医药大学大学 药学

2018.09 - 2021.06 2014 09 - 2018 06

获奖经历

• 2019年第15届全国计算 (机) 化学学术会议优秀墙报 (13/150)

项目经验

>>> 药物负向设计工具: Scopy

开发者

- 项目地址: https://github.com/kotori-y/Scopy
- 项目简介: 高通量筛选 (HTS) 和虚拟筛选 (VS) 现已广泛用于在先导化合物发现。但是,大型化学文库中的许多分子表现出较 差的类药性,多靶点结合性和潜在毒性,大大削弱了HTS和VS的效率。Scopy是基于Python语言的负向设计工具,可用于过滤 筛选库中的不良化合物,从而提升先导化合物发现的效率。
- 项目发表: Yang, Z. Y., Yang, Z. J., et al.,Lu, A. P., Hou, T. J., & Cao, D. S. (2020). Briefings in Bioinformatics (doi: 10.1093/bib/bbaa194, IF=8.99).
- 专利公开:基于python语言的高通量负向设计虚拟筛选系统

>>> 药物结构警示搜索工具: pySmash

开发者

- 项目地址: https://github.com/kotori-y/pySmash
- 项目简介:结构警示 (Structural Alerts) 广泛用于分子生物活性和ADMET性质的评估,并且可以辅助解释先导化合物的优 化。pySmash专为结构警示的提取及应用设计:提供三种子结构推导算法(环形指纹算法,路径算法,官能团算法);提供 Python软件包和用户友好的软件;提供子结构应用的接口,便于其他药物发现工作流的调用。
- 项目发表: Briefings in Bioinformatics. (manuscript)

>>> 分子翻译及优化平台: ChemMort

底层模型开发者

- 项目地址: http://chemmort.scbdd.com/
- 项目简介:ChemMort是一个结合分子翻译及性质优化的平台,可用于改善目标化合物的ADME/T性质,减少临床试验中由于 不良的药物动力学性质而产生的损耗。首先使用当前先进的LSTM神经网络建立了一个分子翻译模型来实现从SMILES到512维 的描述符的映射,该描述符经翻译模型还能返回至原始的SMILES,实现"逆向QSAR"。此外,ChemMort还包含了一个基于 PSO优化算法及加权算法的优化模型,能够对分子进行多目标优化,在保持生物活性不变的情况下,改善化合物的ADMET性
- 项目发表: Nucleic Acid Research (in progress)

>>> 量子化学描述符提取工具: QUANTUM

开发者

● 项目简介: QUANTUM是一个方便的/Python环境无依赖的量子化学描述符提取软件。量子化学描述符具有不依赖实验,无统 计误差,物理意义明确,可解释性强,描述分子结构、电子结构及反应性精确等优势,可用于包括毒理学在内的QSAR模型的 建立。然而,对于大多数药物化学家来说,从Gaussian等计算量子化学特征的软件输出的结果文件中,提取位于模型技术底层 的量子化学描述符是一项非常困难且耗时的任务。QUANTUM基于Python语言,使用字符串匹配进行特征提取,可对 Gaussian软件计算输出文件的17个局部和39个全局量子化学描述符进行自动提取。

>>> 其他项目

• 频繁命中化合物预测系列平台: ChemAgg 5等.

机器学习模型建立

• 集成靶点预测分析平台: metaTarFisher <a>I.

底层爬虫编写及平台维护

• 基本分子描述符在线计算平台: BDes 🗹.

描述符算法编写

etc.

技能描述

- 掌握 Python编程语言及相关项目开发;
- 掌握RDKit, OpenBabel及MOE等化学信息学工具;
- 熟悉TensorFlow, pyTorch和Scikit-learn等主流人工智能学习框架及主流机器学习算法;
- 熟悉HTML, JavaScript及CSS前端工具;
- 了解C++, Go, R等主流编程语言。

自我评价

学习能力强,在无任何计算机背景下,自学了Python, Javascript等编程语言及各种机器学习算法; 对计算机和计算化学充满热情,在课余时间学习了RDKit等化学信息学工具及网络爬虫; 乐于合作, 具有团队精神, 经常对同门提供代码支持。