

К заседанию секции медико-биологических наук
Отделения физиологических и медико-биологических наук РАН

Синергия технологий искусственного интеллекта и функционального скрининга для решения задач медицинской химии

Заместитель директора по науке
ФГБНУ Институт биоорганической химии
им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН
д.х.н., проф.
член-корреспондент РАН
Смирнов Иван Витальевич

21 октября 2026 года, Москва

УКАЗ
ПРЕЗИДЕНТА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
О НАЦИОНАЛЬНЫХ ЦЕЛЯХ
РАЗВИТИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ НА ПЕРИОД ДО 2030 ГОДА И НА
ПЕРСПЕКТИВУ ДО 2036 ГОДА

национальные цели развития Российской Федерации

а) сохранение населения, укрепление здоровья и повышение благополучия людей, поддержка семьи;

...

е) технологическое лидерство

целевые показатели и задачи

а) обеспечение технологической независимости и формирование новых рынков по таким направлениям, как биоэкономика, сбережение здоровья граждан, продовольственная безопасность, беспилотные авиационные системы, средства производства и автоматизации, транспортная мобильность (включая автономные транспортные средства), экономика данных и цифровая трансформация, искусственный интеллект, новые материалы и химия, перспективные космические технологии и сервисы, новые энергетические технологии (в том числе атомные);

...

д) увеличение к 2030 году доли отечественных высокотехнологичных товаров и услуг, созданных на основе собственных линий разработки, в общем объеме потребления таких товаров и услуг в Российской Федерации в полтора раза по сравнению с уровнем 2023 года;

НАЦИОНАЛЬНЫЙ ПЛАН ВНЕДРЕНИЯ ИИ НА 2027–2030 ГГ.: НАУКА И ВЫСШЕЕ ОБРАЗОВАНИЕ



Ориентиры к 2030 году

70 %

исследований
с применением ИИ

80 %

научных организаций
и вузов используют ИИ

≥50%

научных работников в них
пользуются ИИ

Сегодня

~700 ИИ-решений применяется
в подведомственных организациях
100+ организаций с собственными
ИИ-разработками
85 % ученых уже используют ИИ
по состоянию на 2023 г.

Для достижения эффекта нужно развивать одновременно:

- Вычислительные мощности
- Данные
- ИИ-компетенции
- Нормативное регулирование
- Мониторинг эффективности

Научный результат к 2030 году будет обязательно включать большие фундаментальные ИИ-модели и базы данных, доступные для дальнейшего обучения и развития науки



Алгоритмы предсказания реакционной способности субстрата/ингибитора из широкой библиотеки для конкретного биокатализатора

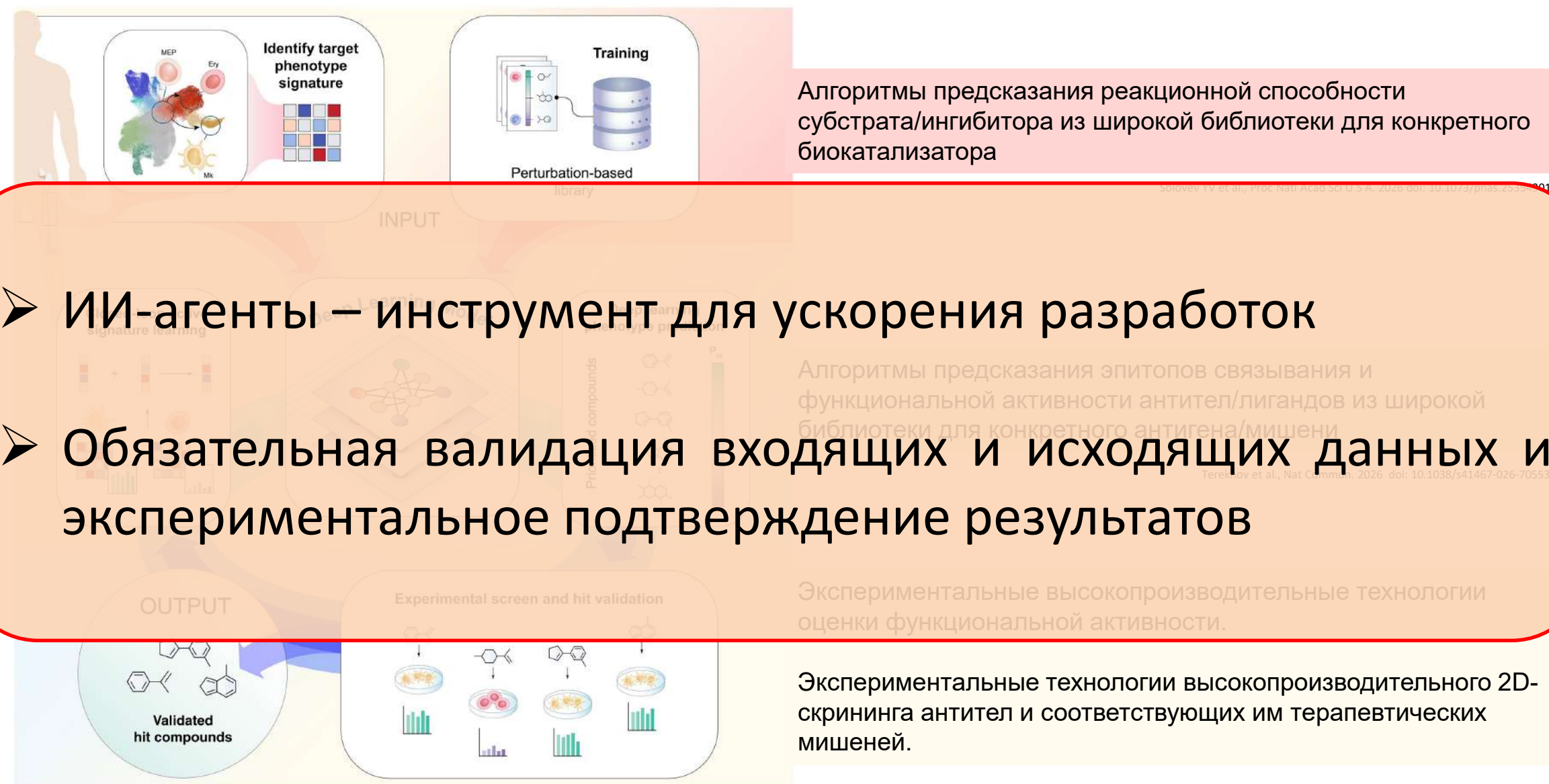
Solovev YV et al., Proc Natl Acad Sci U S A. 2026 doi: 10.1073/pnas.2535430123

Алгоритмы предсказания эпитопов связывания и функциональной активности антител/лигандов из широкой библиотеки для конкретного антигена/мишени

Terekhov et al., Nat Commun. 2026 doi: 10.1038/s41467-026-70553-6.

Экспериментальные высокопроизводительные технологии оценки функциональной активности.

Экспериментальные технологии высокопроизводительного 2D-скрининга антител и соответствующих им терапевтических мишеней.



Алгоритмы предсказания реакционной способности субстрата/ингибитора из широкой библиотеки для конкретного биокатализатора

- ИИ-агенты – инструмент для ускорения разработок
- Обязательная валидация входящих и исходящих данных и экспериментальное подтверждение результатов

Алгоритмы предсказания эпитопов связывания и функциональной активности антител/лигандов из широкой библиотеки для конкретного антигена/мишени

Экспериментальные высокопроизводительные технологии оценки функциональной активности.

Экспериментальные технологии высокопроизводительного 2D-скрининга антител и соответствующих им терапевтических мишеней.

Предсказания реакционной способности субстрата/ингибитора из широкой библиотеки для конкретного биокатализатора

research papers

Acta Crystallographica Section D: Biological Crystallography
ISSN 1399-0047

Natalia Ponomarenko,^{1,†} Spyros D. Chatziefthimiou,^{1,‡} Inna Kurkova,⁴ Yuliana Mokrushina,^{1,‡} Anastasiya Stepanova,⁴ Ivan Smirnov,⁴ Marat Avakyan,⁴ Tatyana Bobik,⁴ Azad Mamedov,⁴ Vladimir Mitkevich,⁵ Alexey Belogurov Jr.,^{4,6} Olga S. Fedorova,⁴ Michael Dubina,⁷ Andrey Golovin,⁸ Victor Lamzin,⁹ Alain Fréchet^{1,‡}

The engineering of catalytic function precise information on their structure presented that show how the antibody affects its functionality. The previously phage-metabolizing reactibody A17 has replacing its constant κ light chain by the X-ray structure of A17 λ has been resolution. It was found that compare centre of A17 λ is displaced, stabilizes owing to interdomain interactions from the V_L and V_H domains. These V_L domain mobility is deduced from the

Received: 22 February 2024 | Revised: 28 May 2024 | Accepted: 19 June 2024

DOI: 10.1002/pro.5100

RESEARCH ARTICLE

Dynamic interchange between two protonation states is characteristic of active sites of cholinesterases

Alexander Zlobin^{1,2} | Ivan Smirnov³ | Andrey Golovin^{2,3,4}

¹Institute for Drug Discovery, Leipzig University Medical School, Leipzig, Germany

²Faculty of Bioengineering and Bioinformatics, Lomonosov University, Moscow, Russia

³Shemyakin and Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

Abstract



QM/MM Description of Newly Selected Catalytic Bioscavengers Against Organophosphorus Compounds Revealed Reactivation Stimulus Mediated by Histidine Residue in the Acyl-Binding Loop

OPEN ACCESS

Edited by:

Silvia Sestini, Università degli Studi di Catania, Italy

Reviewed by:

Sergey Dmitriyev, Vektor-Institut für Biochemie, Ernst Institute of Biochemical Physics RAS, Russia
Elvira Doronina, Universität Paderborn, Germany

Alexander Zlobin¹, Yuliana Mokrushina², Stanislav Terekhov¹, Arthur Zalevsky¹, Tatyana Bobik⁴, Anastasiya Stepanova⁴, Maria Alekseychik⁴, Olga Kartseva⁴, Sergey Panteleev⁴, Andrey Golovin^{1,4}, Alexey Belogurov Jr.^{1,4,6}, Alexander Gabibov^{1,2,11†} and Ivan Smirnov⁴

SCIENCE ADVANCES | RESEARCH ARTICLE

STRUCTURAL BIOLOGY

A kinase bioscavenger provides antibiotic resistance by extremely tight substrate binding

Stanislav S. Terekhov^{1,2,*}, Yuliana A. Mokrushina^{1,2,*}, Anton S. Nazarov^{1,*}, Alexander Zlobin^{1,3,*}, Arthur Zalevsky^{1,3,4}, Gleb Bourenkov⁵, Andrey Golovin^{1,3,4}, Alexey Belogurov Jr.¹, Ilya A. Osterman^{2,6}, Alexandra A. Kulikova⁷, Vladimir A. Mitkevich⁷, Hua Jane Lou⁸, Benjamin E. Turk⁸, Matthias Wilmanns⁵, Ivan V. Smirnov^{1,2,†}, Sidney Altman^{9,10,†}, Alexander G. Gabibov^{1,2,11†}

Microbial communities are self-controlled by repertoires of lethal agents, the antibiotics. In their turn, these antibiotics are regulated by bioscavengers that are selected in the course of evolution. Kinase-mediated phosphorylation represents one of the general strategies for the emergence of antibiotic resistance. A new subfamily of AmiN-like kinases, isolated from the Siberian bear microbiome, inactivates antibiotic amicoumacin by phosphorylation. The nanomolar substrate affinity defines AmiN as a phosphotransferase with a unique catalytic efficiency proximal to the diffusion limit. Crystallographic analysis and multiscale simulations revealed a catalytically perfect mechanism providing phosphorylation exclusively in the case of a closed active site that counteracts substrate promiscuity. AmiN kinase is a member of the previously unknown subfamily representing the first evidence of a specialized phosphotransferase bioscavenger.



Multiscale computation delivers organophosphorus reactivity and stereoselectivity to immunoglobulin scavengers

Yuliana A. Mokrushina^{a,b,c,1}, Andrey V. Golovin^{a,d,e,1}, Ivan V. Smirnov^{a,b,f,1}, Spyros D. Chatziefthimiou^c, Anastasiya V. Stepanova^{a,1}, Tatyana V. Bobik^a, Arthur O. Zalevsky^{a,d,e}, Alexander S. Zlobin^{a,d}, Kirill A. Kononov^d, Stanislav S. Terekhov^{a,b}, Alexey V. Stepanov^{a,1}, Sofiya O. Pipiya^a, Olga G. Shamborant^a, Ekaterina Round^c, Alexey A. Belogurov Jr.^{a,g}, Gleb Bourenkov^c, Alexander A. Makarov^h, Matthias Wilmanns^c, Jia Xieⁱ, G. Michael Blackburn^{j,2}, Alexander G. Gabibov^{a,g,2}, and Richard A. Lerner^{1,2}

^aShemyakin-Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academy of Sciences, 117997 Moscow, Russian Federation; ^bFaculty of Chemistry, Lomonosov Moscow State University, 119991 Moscow, Russian Federation; ^cEuropean Molecular Biology Laboratory, 22603 Hamburg, Germany; ^dFaculty of Bioengineering and Bioinformatics, Lomonosov Moscow State University, 119991 Moscow, Russian Federation; ^eSirius University of Science and Technology, 354340 Sochi, Russian Federation; ^fEndocrinology Research Centre, 115478 Moscow, Russian Federation; ^gFaculty of Fundamental Medicine, Lomonosov Moscow State University, 119991 Moscow, Russian Federation; ^hEngelhardt Institute of Molecular Biology, Russian Academy of Sciences, 119991 Moscow, Russian Federation; ⁱDepartment of Chemistry, The Scripps Research Institute, La Jolla, CA 92037; and ^jKrebs Institute, University of Sheffield, Sheffield S10 2TN, United Kingdom

SCIENCE ADVANCES | RESEARCH ARTICLE

IMMUNOLOGY

Robotic QM/MM-driven maturation of antibody combining sites

Ivan V. Smirnov,^{1,*†} Andrey V. Golovin,^{2,*} Spyros D. Chatziefthimiou,^{3,*} Anastasiya V. Stepanova,^{1,*††} Yingjie Peng,⁴ Olga I. Zolotareva,² Alexey A. Belogurov Jr.,¹ Inna N. Kurkova,^{1,†‡} Natalie A. Ponomarenko,¹ Matthias Wilmanns,³ G. Michael Blackburn,^{5§} Alexander G. Gabibov,^{1,2§} Richard A. Lerner^{4§}

In vitro selection of antibodies from large repertoires of immunoglobulin (Ig) combining sites using combinatorial libraries is a powerful tool, with great potential for generating in vivo scavengers for toxins. However, addition of a maturation function is necessary to enable these selected antibodies to more closely mimic the full mammalian immune response. We approached this goal using quantum mechanics/molecular mechanics (QM/MM) calculations to achieve maturation in silico. We preselected A17, an Ig template, from a naive library for its ability to disarm a toxic pesticide related to organophosphorus nerve agents. Virtual screening of 167,538 robotically generated mutants identified an optimum single point mutation, which experimentally boosted wild-type Ig scavenger performance by 170-fold. We validated the QM/MM predictions via kinetic analysis and crystal structures of mutant apo-A17 and covalently modified Ig, thereby identifying the displacement of one water molecule by an arginine as delivering this catalysis.

2016 © The Authors, some rights reserved; exclusive licensee American Association for the Advancement of Science. Distributed under a Creative Commons Attribution NonCommercial License 4.0 (CC BY-NC).

Предсказания реакционной способности субстрата/ингибитора из широкой библиотеки для конкретного биокатализатора

research papers

Acta Crystallographica Section D:
Biological
Crystallography
ISSN 1399-0047

Natalia Ponomarenko,^{1,2}
Spyros D. Chatziefthimiou,^{1,2}
Inna Kurkova,¹ Yuliana
Mokrushina,^{1,2} Anastasiya
Stepanova,¹ Ivan Smirnov,¹
Marat Avakyan,¹ Tatyana Bobik,¹
Azad Mamedov,¹ Vladimir
Mitkevich,¹ Alexey Belogurov
Jr.,^{1,2} Olga S. Fedorova,¹ Michael
Dubina,¹ Andrey Golovin,¹
Victor Lamzin,¹ Alain Fréchet,¹
Received 12 February 2024; revised 18 May 2024; accepted 19 June 2024
DOI: 10.1107/2024/0000000 and Alexander
Gabibov,^{1,2,3,4}

RESEARCH ARTICLE

Role of $\kappa \rightarrow \lambda$ light-chain constant-domain switch in the structure and function of the catalytic site of the phage-metabolizing reactibody A17

The engineering of catalytic function requires precise information on their structure. We presented data that show how the replacement of the constant κ light chain of the phage-metabolizing reactibody A17 by a λ light chain affects its functionality. The previously determined X-ray structure of A17 has been refined to 1.2 Å resolution. It was found that the centre of A17 is displaced, stabilizing the structure. The lower mobility is deduced from the structure. The structural differences account for the observed changes in the catalytic activity.



Alexander Zlobin^{1,2} | Ivan Smirnov³ | Andrey

¹Institute for Drug Discovery, Leipzig University Medical School, Leipzig, Germany

²Faculty of Bioengineering and Bioinformatics, Lomonosov Moscow State University, Moscow

³Shemyakin and Odesskiy Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academy of Sciences, Moscow

Abstract

Results and involved in forming, maturation and ligand recognition. The presentation pattern of active sites of chaperones influences all the described

- Большинство методов направлено на анализ связывания лиганда и мишени
- Оценка и предсказания реакционной способности требует разработки более сложных расчётных методов

Предсказания реакционной способности субстрата/ингибитора из широкой библиотеки для конкретного биокатализатора

research papers	SCIENCE ADVANCES RESEARCH ARTICLE				
Acta Crystallographica Section D: Biological Crystallography	Data of crystallographic structure of the substrate				
DOI: 10.1107/S2059798324000000	Направление	Соединение	Терапевтическая мишень	В чём заключается химическое взаимодействие	Применение и подтверждённый статус
Natalia Spyros, Inna Ki Mokru, Stepan Marat, Azad A Mitkev Jr., O Dubins, Victor	Онкология	Ибрутиниб	Тирозинкиназа BTK	Необратимое ковалентное присоединение к Cys481 BTK; подавление сигналинга В-клеточного рецептора	Зарегистрированный препарат для ряда В-клеточных злокачественных заболеваний. FDA одобрило комбинацию с ритуксимабом при хроническом лимфолейкозе
Received 12 Jan 2024	Онкология	Осимертиниб	Мутантные формы EGFR	Образование необратимой ковалентной связи с Cys797 EGFR	Зарегистрирован FDA для лечения EGFR-мутированного немелкоклеточного рака лёгкого; первое одобрение — 2015 год.
DOI: 10.1107/S2059798324000000	Аутоиммунные заболевания / неврология	Диметилфумарат	В числе химически модифицируемых белков — KEAP1, регулятор пути NRF2	Электрофильное присоединение к тиольным группам цистеинов KEAP1 — сукцинирование; это способствует активации NRF2-зависимого ответа	Зарегистрирован FDA и EMA для рецидивирующего рассеянного склероза. Не высокоселективный ингибитор одной мишени
RESEARCH	Сердечно-сосудистые заболевания	Клопидогрел	Рецептор ADP P2Y12 на тромбоцитах	Активный метаболит ковалентно и необратимо модифицирует рецептор, подавляя ADP-зависимую активацию тромбоцитов	Зарегистрированный антиагрегант для профилактики атеротромботических событий.
Dynam charac	Неврология	Ривастигмин	Ацетилхолинэстераза и бутирилхолинэстераза	Перенос карбамоильной группы на серин активного центра — ковалентное карбамоилирование; последующая реактивация фермента происходит медленно	Зарегистрирован FDA для симптоматической терапии болезни Альцгеймера и деменции при болезни Паркинсона. Такой механизм часто называют псевдонеобратимым.
Alexandre	Бактериальные инфекции	Фосфомицин	MurA — фермент раннего этапа биосинтеза пептидогликана	Цистеин активного центра атакует эпоксидную группу фосфомицина; раскрытие эпоксидного кольца приводит к необратимому ковалентному аддукту	Зарегистрированный антибактериальный препарат
	Бактериальные инфекции	Пенницилин и аналоги	β-лактамаза	β-лактамаза разрушает бета-лактамное кольцо антибиотика	Зарегистрированные антибактериальные препараты

¹Institute for Data Science, University of Medicine and Health, Germany

²Faculty of Bioinformatics, University of Moscow

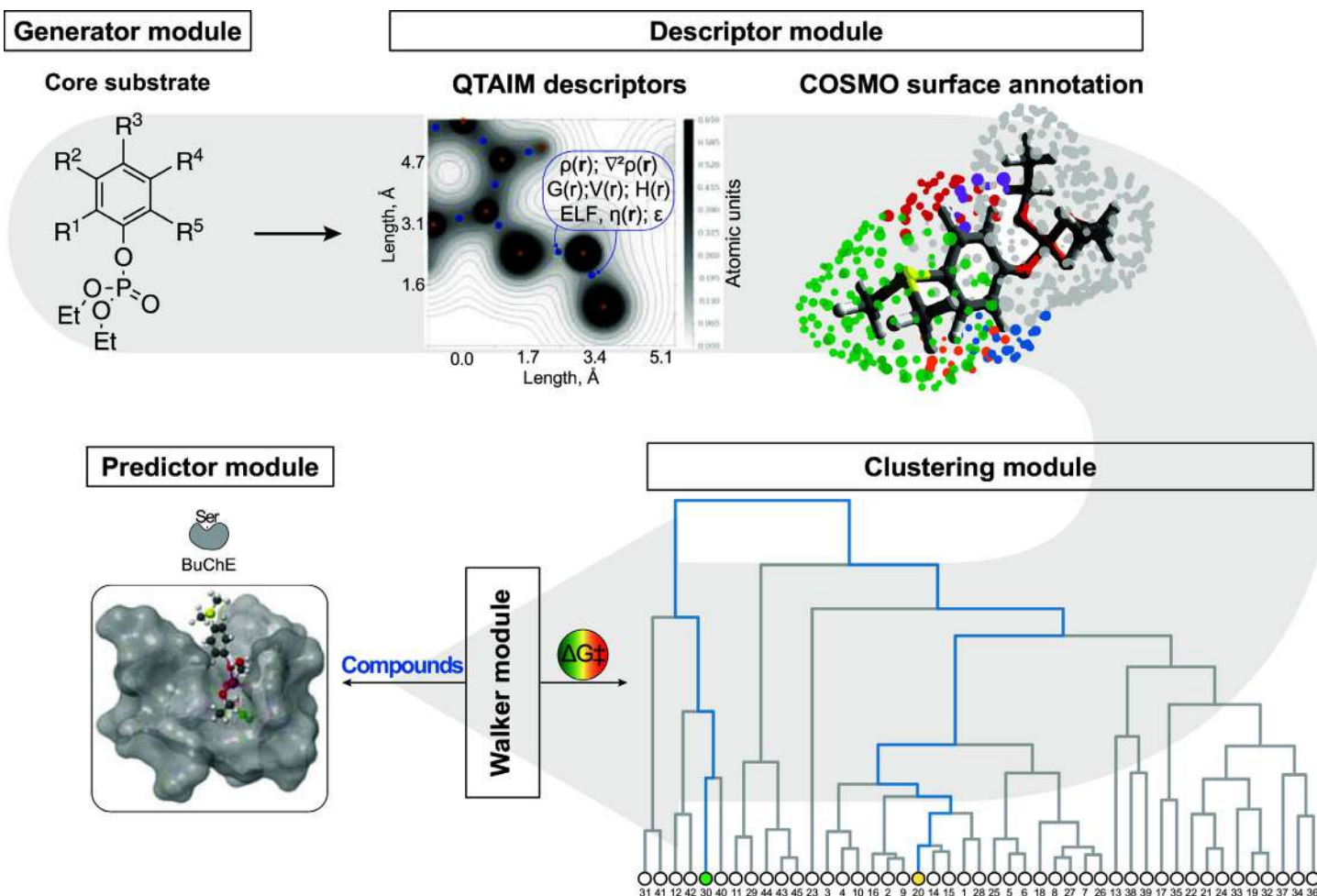
³Shemyakin and Khavinson Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academy of Sciences, Moscow

Reviewed by: Sergey Gorbunov, Institute of Biochemistry, Russian Academy of Sciences; Alexander Zlobin¹, Yuliana Mokrushina², Stanislav Zaslavskiy³, Tatiana Babitskaya¹, Anastasiya Shepanova¹, Maria Alekseychik¹, Olga Kartsova¹, Sergey Parfomov¹, Andrey Golovinskiy¹, Alexey Bolgarev Jr.^{1,2,3}, Alexander Gatskov^{1,2} and Ivan Smirnov^{1,2}

...used an optimum single point mutation, which experimentally boosted wild-type Ig scavenger performance by 170-fold. We validated the QM/MM predictions via kinetic analysis and crystal structures of mutant apo-A17 and covalently modified Ig, thereby identifying the displacement of one water molecule by an arginine as delivering this catalysis.

Предсказания реакционной способности субстрата/ингибитора из широкой библиотеки для конкретного биокатализатора

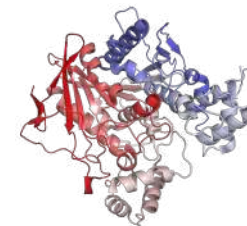
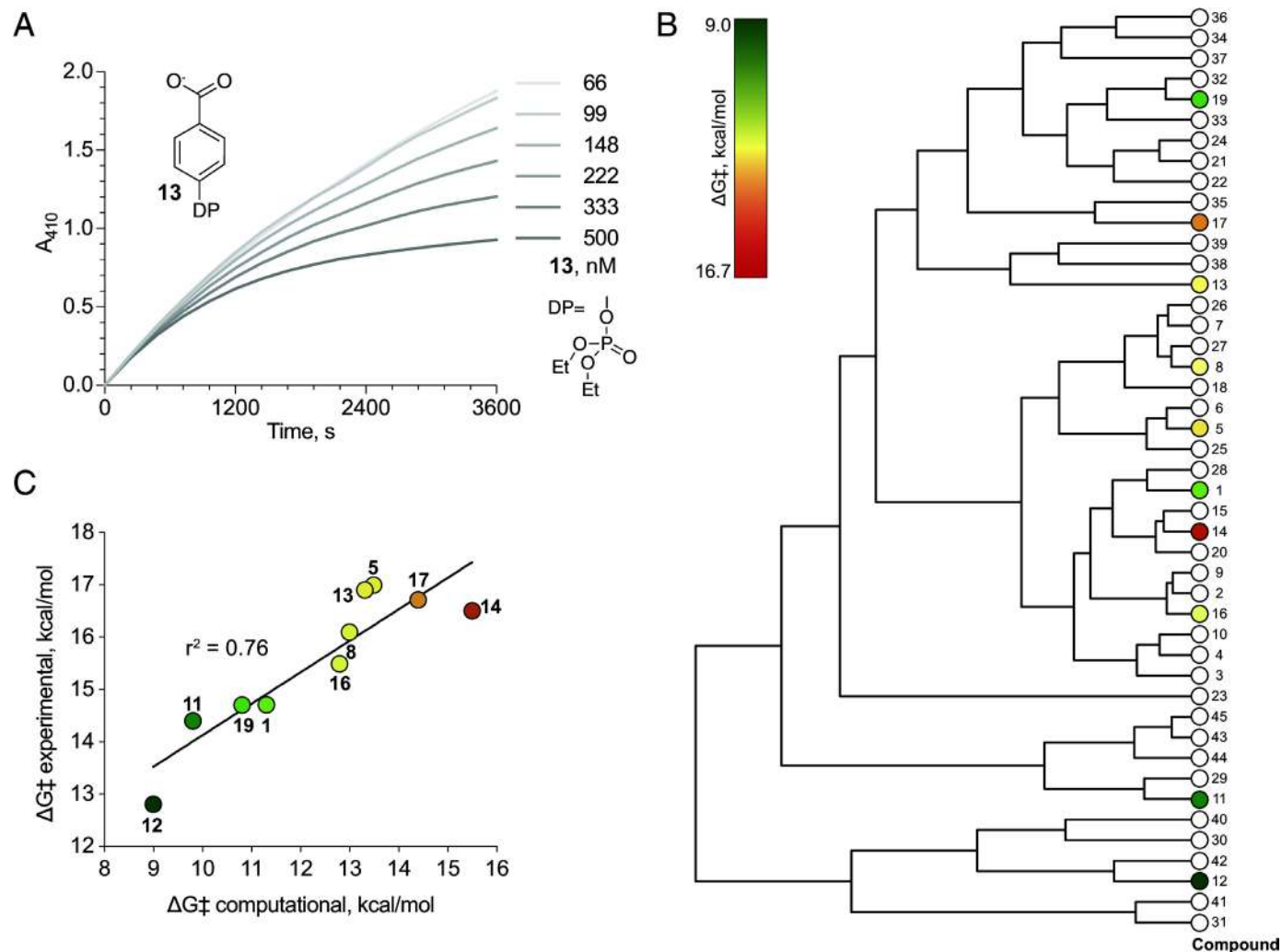
Subdate — модульный рабочий процесс, который сочетает в себе организацию аналогов субстрата на основе дескрипторов и метадинамическое моделирование *ab initio* для определения приоритетности реакционноспособных соединений.



Рабочий процесс включает в себя:

- создание библиотеки субстратов,
- генерацию конформеров и определение набора дескрипторов,
- кластеризацию библиотеки,
- выбор репрезентативных субстратов,
- количественное прогнозирование энергии активации

Предсказания реакционной способности субстрата/ингибитора из широкой библиотеки для конкретного биокатализатора



Бутирилхолинэстераза – естественный «биосквэнджер» при отравлении ФОТ



Антитело A17 – искусственный «биосквэнджер» при отравлении ФОТ

Применительно к выбранным биокатализаторам Subdate позволяет **количественно** определить тенденции в реакционной способности, которые согласуются с экспериментальными кинетическими измерениями.

Разработанный рабочий процесс представляет собой учитывающую механизм стратегию определения приоритетности реакционноспособных субстратов для эффективного отбора из химической библиотеки в биокатализе.

Антитела как терапевтические препараты

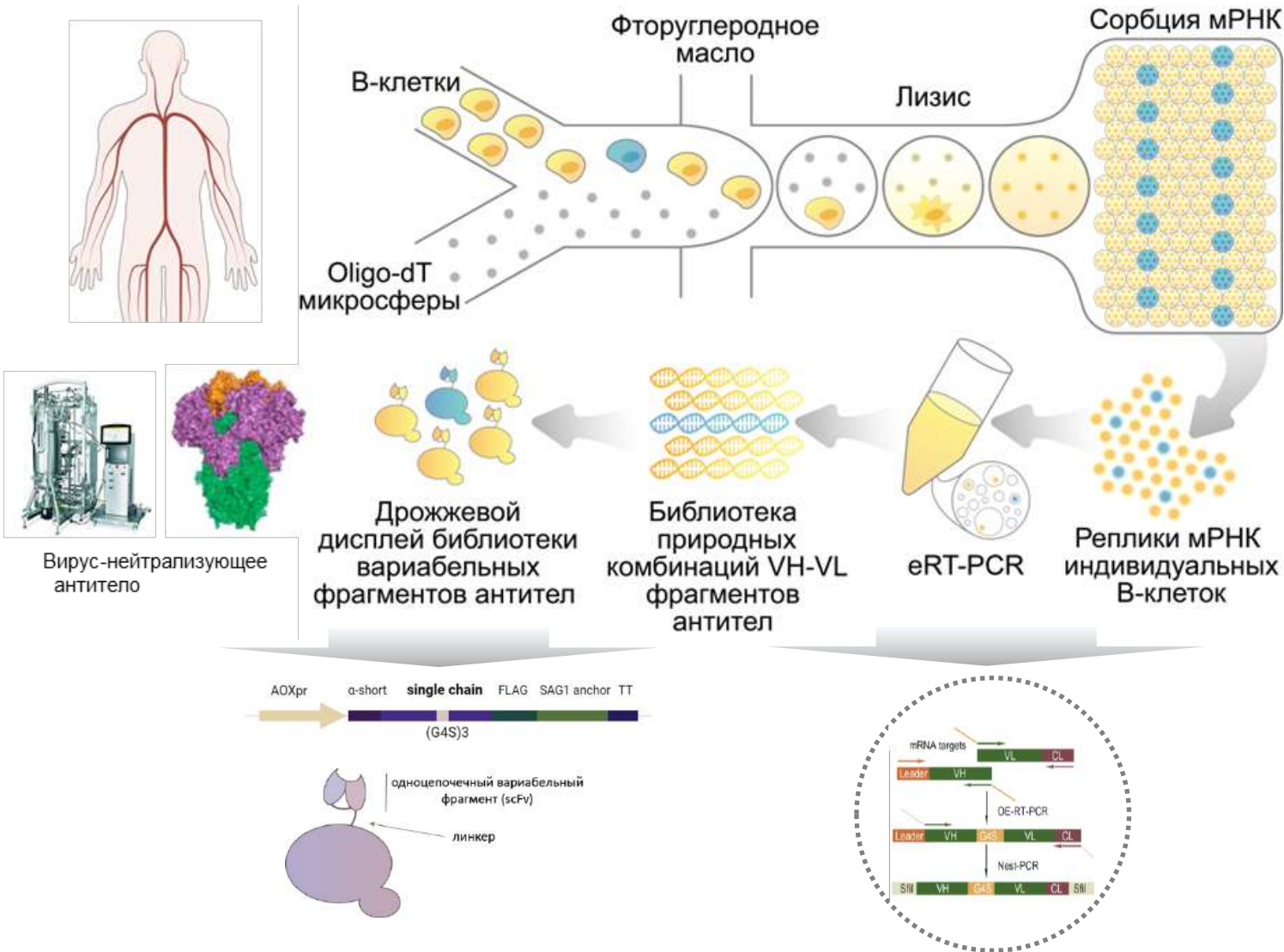
- Объём глобального рынка терапии антителами в 2024 г. составил около 260 млрд USD, с ожидаемым ростом до ~720 млрд USD к 2032 г.,
- В России в 2023 г. Рынок антител составлял около 190 млрд. руб. и прогнозируется рост около 580 млрд. руб. до 2032 г.
- около **200 уникальных антительных терапевтических молекул**, получивших первое разрешение хотя бы в одной стране, **>1500 кандидатов** на разных фазах
- Основные приложения в РФ: **онкология, аутоиммунные и ревматические заболевания**, реже **инфекционные заболевания**.



Иммунобиологические препараты на основе антител и их миметиков

Название антитела / препарата	Тип	Мишень	Нозология / применение	Как получено
Пембролизумаб (Keytruda)	Антитело	PD-1	Меланома, НМРЛ, уротелиальный рак, рак почки и др.	Гибридная технология/гуманизация
Адалимумаб (Humira)	Антитело	TNF-α	Ревматоидный артрит, псориаз, ВЗК, увеит	Фаговый дисплей
Трастузумаб (Herceptin и биоаналоги)	Антитело	HER2/ERBB2	HER2-положительный рак молочной железы и желудка	Гибридная технология/гуманизация
Casirivimab, Imdevimab, Bamlanivimab, Etesevimab, Sotrovimab, Cilgavimab, Tixagevimab, Bebtelovimab, Pemivibart, Sipavibart	Антитело	SARS-CoV-2 (COVID-19)	Нейтрализация вируса, профилактика/терапия	Секвенирование единичных В-клеток/фаг-дисплей
Трастузумаб дерукстекан (Enhertu)	ADC-препарат	HER2	HER2-положительный и HER2-low рак молочной железы; рак желудка, лёгкого и др.	Гибридная технология/гуманизация; конъюгация с DXd
Энфортумаб ведотин (Padcev)	ADC-препарат	Nectin-4	Местнораспространённый/метастатический уротелиальный рак	Фаговый дисплей; конъюгация с MMAE
Каплацизумаб (Cablivi)	Гуманизированное VHH одноцепочечное антитело	Домен A1 фактора фон Виллебранда	Приобретённая тромботическая тромбоцитопеническая пурпура (aTTP)	Иммунизация верблюдовых; фаговый дисплей
Блинатумомаб (Blincyto)	Биспецифическое антитело	CD19	CD19-положительный В-клеточный острый лимфобластный лейкоз	Гибридная технология/генная инженерия
Ранибизумаб (Lucentis и биоаналоги)	Fab-фрагмент гуманизированного anti-VEGF антитела	VEGF	Неоваскулярная возрастная макулярная дегенерация	Гибридная технология/аффинное созревание фаг-дисплеем
CD19-CAR-T	Клеточный препарат	CD19	CD19-положительный В-клеточный острый лимфобластный лейкоз	Гибридная технология/генная инженерия/клеточная инженерия

Технология получения антител на основе адаптированной технологии MDE-FACS

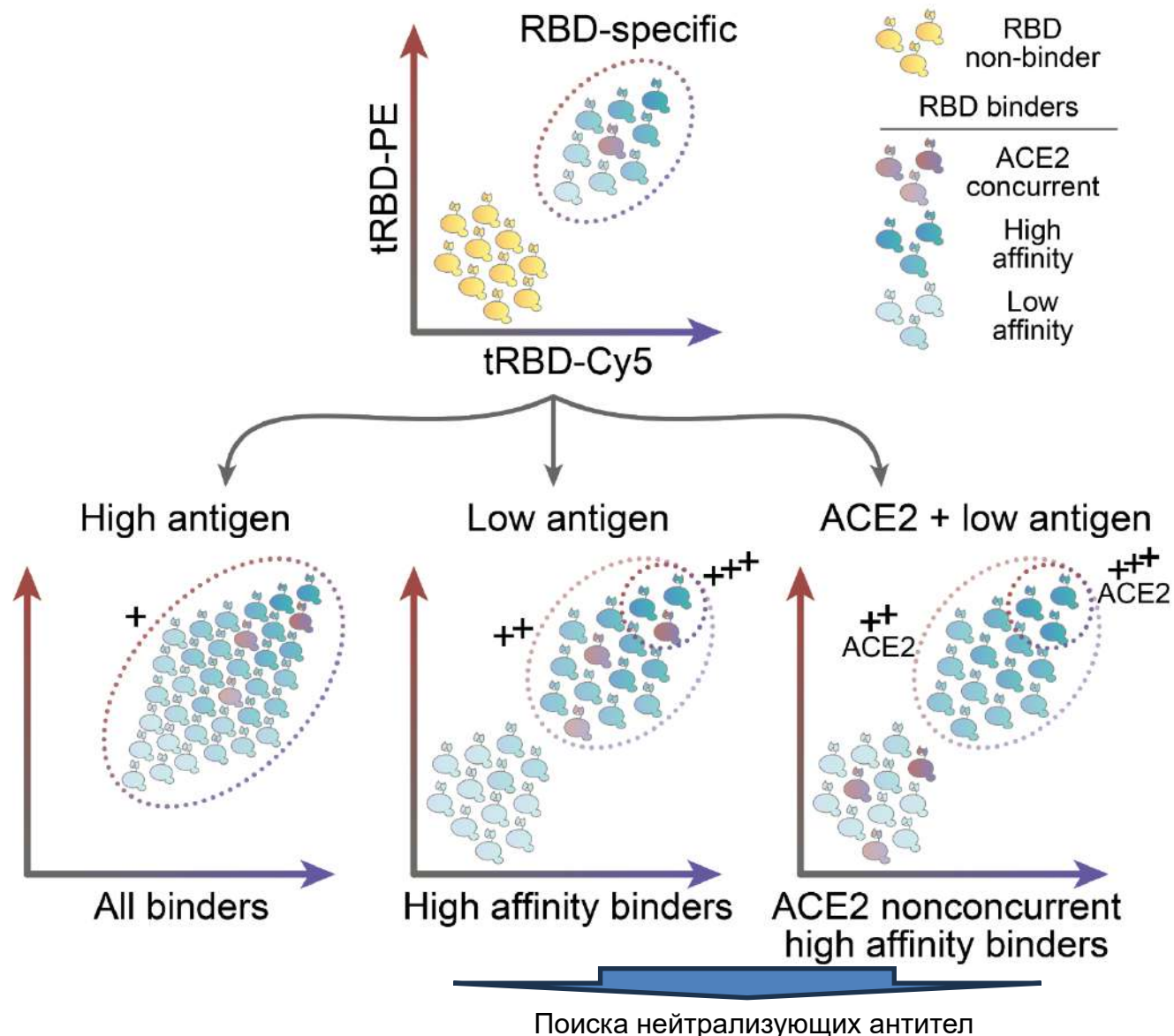


Технология позволяет:

- Проводить глубокий анализ широкого репертуара биоразнообразия антител (свыше 100 000 вариантов)
- Оценить количественные характеристики эффективности вакцинации на клеточном уровне – «В-клеточный портрет вакцинации»
- Дает возможность приоритизации нейтрализующей активности антител
- Выделять антитела с наивысшей активностью из малопредставленных популяций, обладающих уникальным фенотипом

С использованием **технологии** получена панель моноклональных антител человека, обладающих вируснейтрализующей активностью в **субнаномолярном диапазоне** против штаммов SARS-CoV-2 **Ухань, Дельта и Омикрон**

Функциональный скрининг библиотек антител реконструированных из В-клеток пациентов, иммунизированных вакцинами Sputnik V и Pfizer

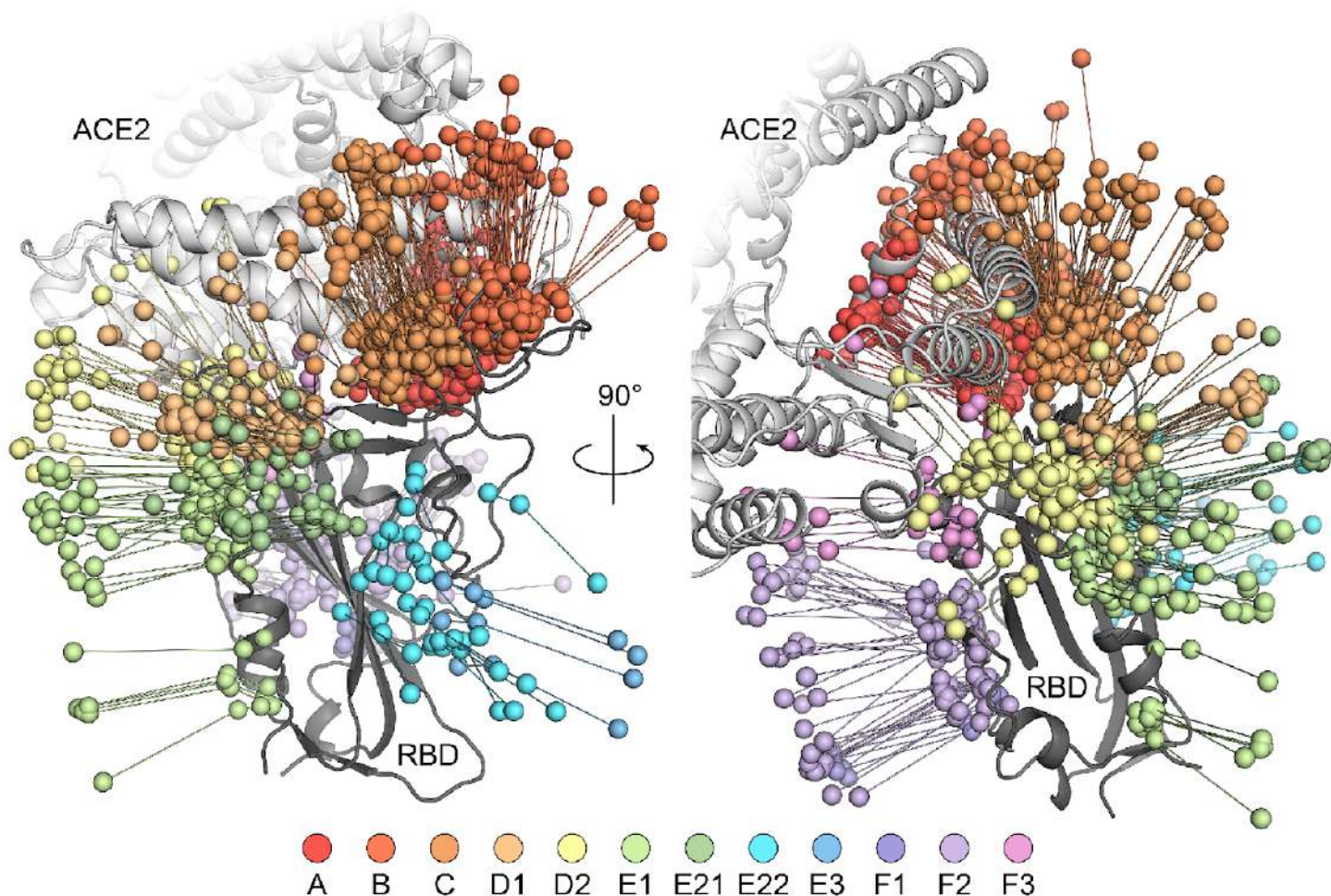


	Neutralization		
	WT	δ	BA.1
T3	0.22	0.35	>50
D1	0.20	0.42	27
TA9	0.17	0.66	>50
V1	0.54	4.3	>50
D16	0.15	28	>50
L1	1.4	>50	1.1
B2	1.8	>50	1.2
T11	10	17	0.20
T15	19	20	>50
TA4	12	20	>50
N1	>50	>50	>50

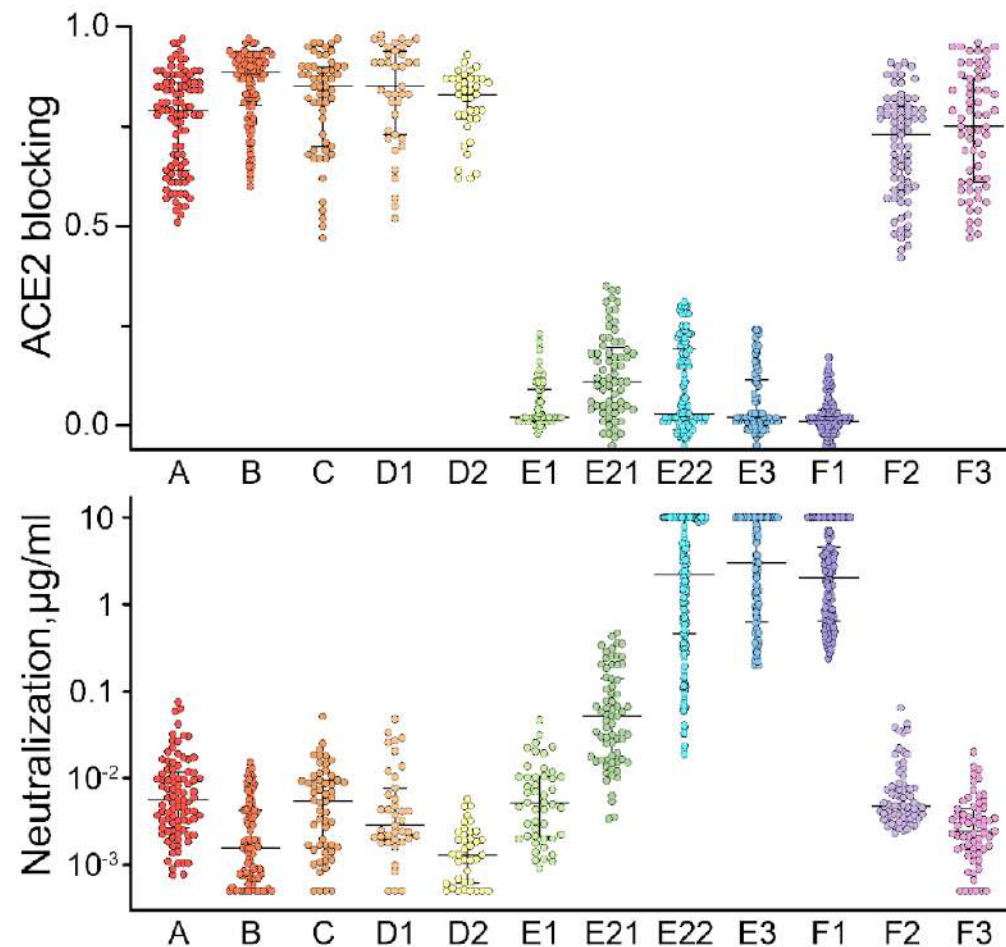
IC₅₀, nM

Color scale: 1 (yellow), 10 (purple), >50 (black)

Анализ экспериментальных данных для последующего машинного обучения



Визуальное представление 12-классовой модели, используемой для классификации набора данных антител

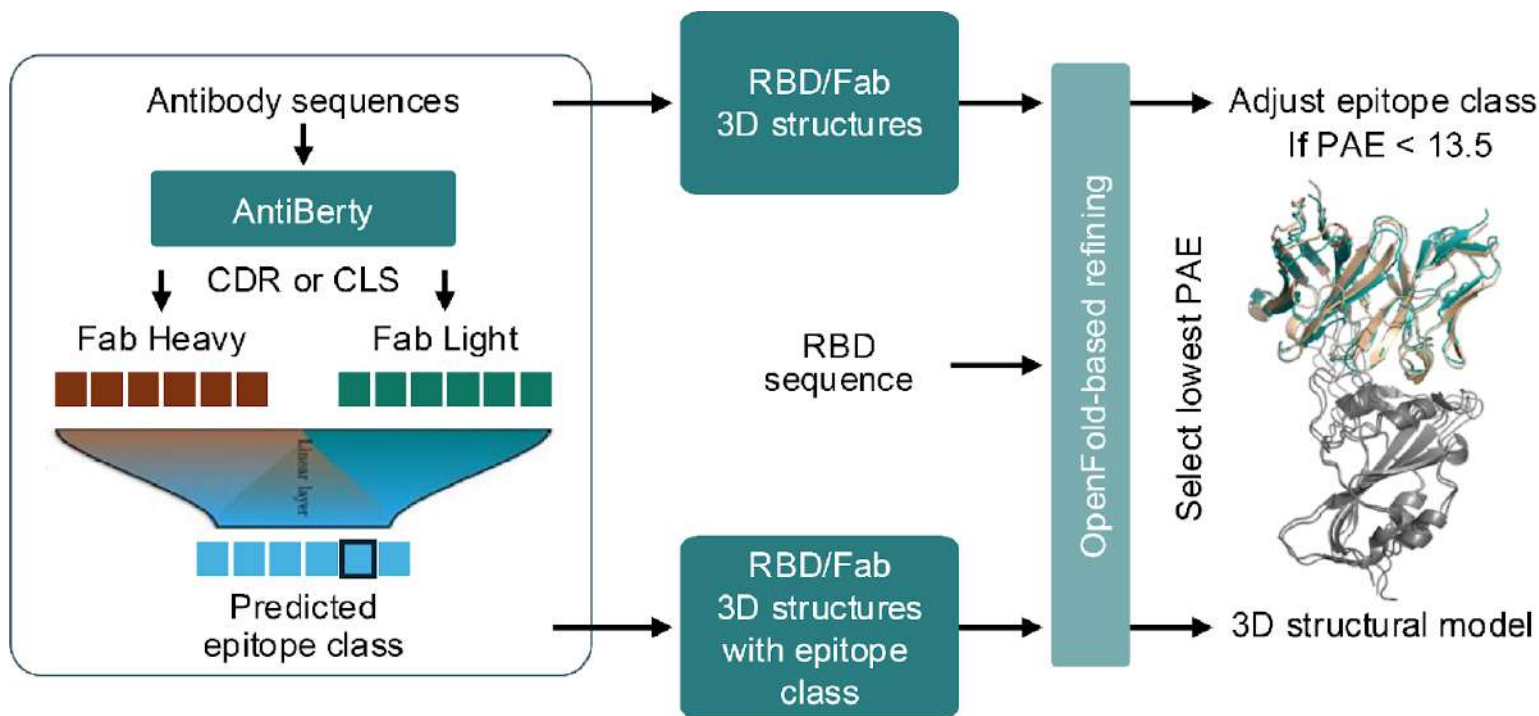


Распределение свойств антител, блокирующих связывание с ACE2 и нейтрализующих SARS-CoV-2

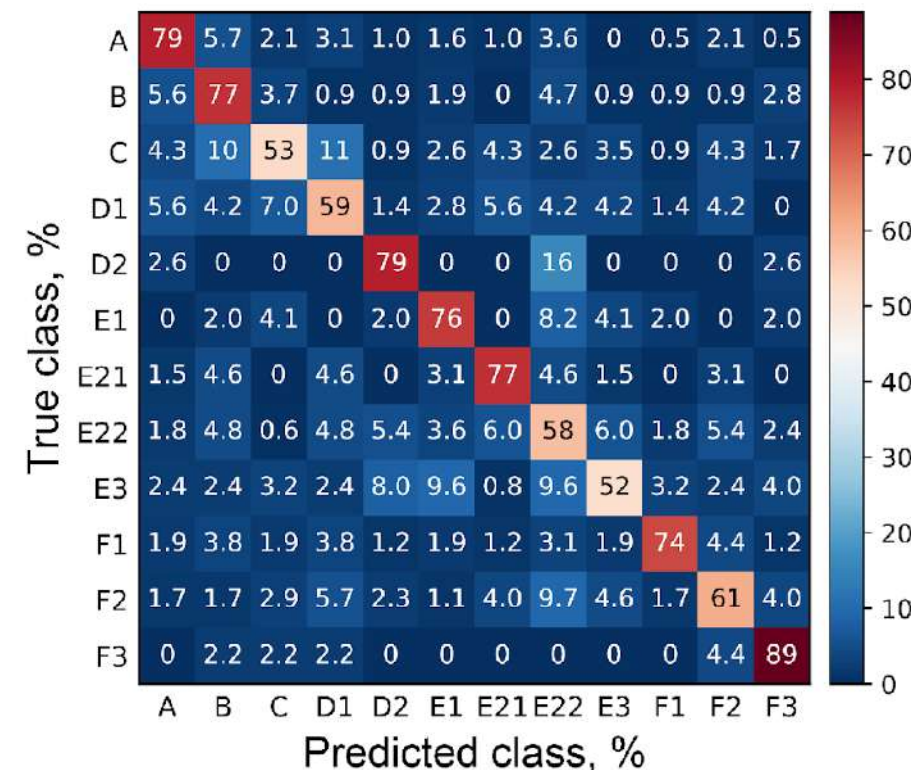
Тренировка на >450 экспериментально полученных кристаллических структур

Предсказание антигенных детерминант антител с использованием ИСКУССТВЕННОГО ИНТЕЛЛЕКТА

RBD-AIM «пайплайн» <https://rbdaim.2a2i.org/>



AntiBerty is model to predict the epitope class from the input light and heavy chains of an antibody



Матрица ошибок для прогнозируемых антител по классам эпитопов, рассчитанная с использованием RBD-AIM

<https://rbdaim.2a2i.org/>

[Home](#) [About](#)

RBD-AIM

RBD Antibody Interaction Mapper

Heavy chain ? [paste example](#)

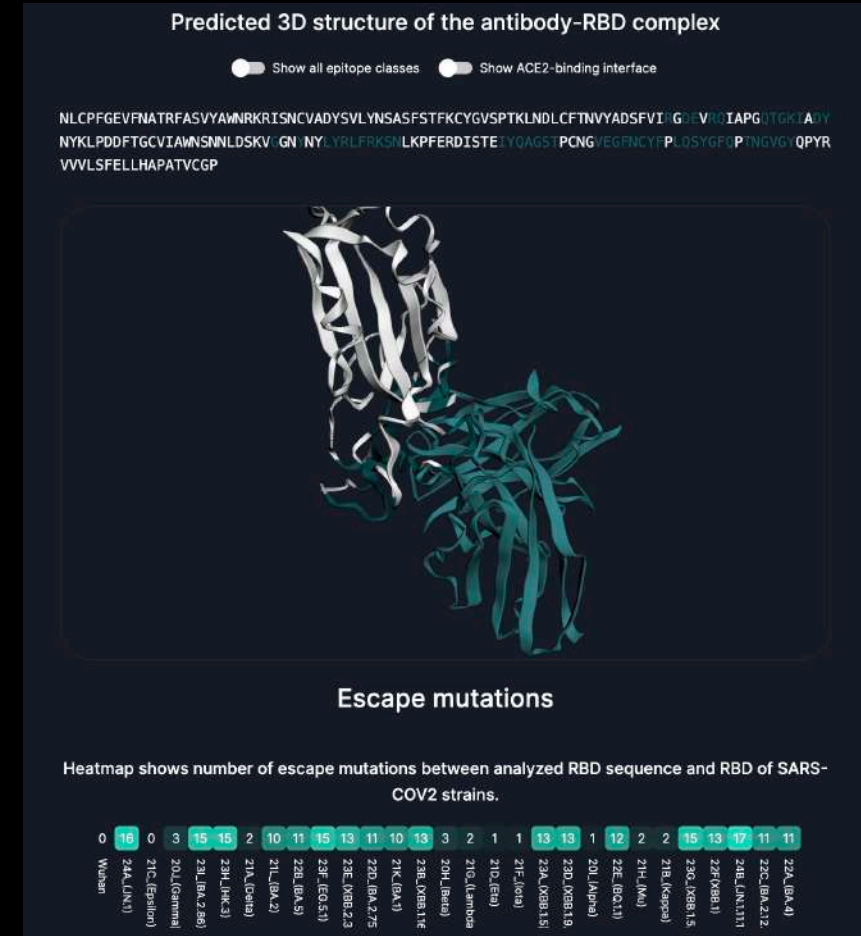
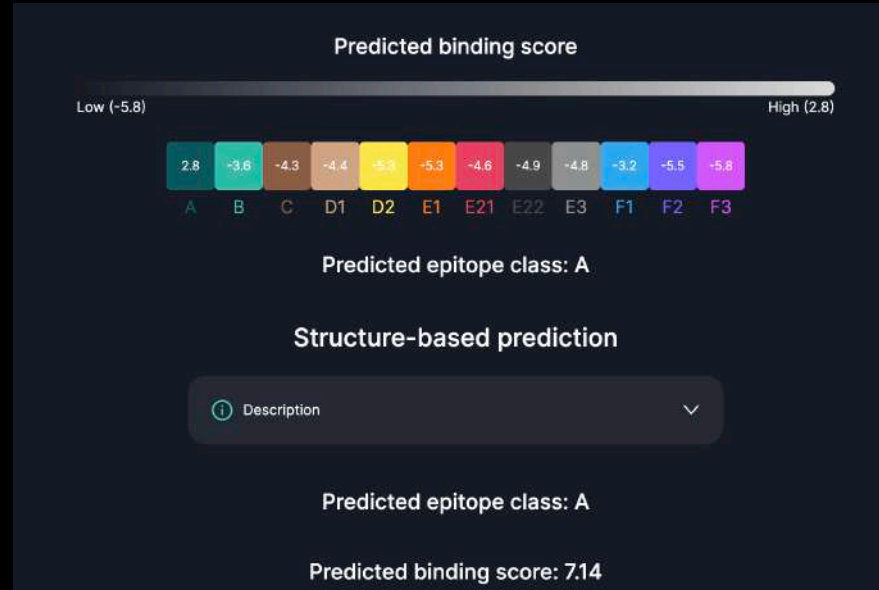
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKLEWY
SVIYSGGSTFYADSVKGRFTISRDNMNTFLQMNSLRAEDTAVYYCARV
LPMYGDYLDYWGGGTLTVSS

Light chain ?

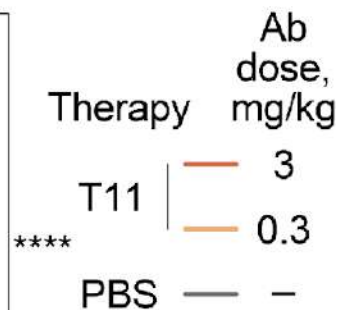
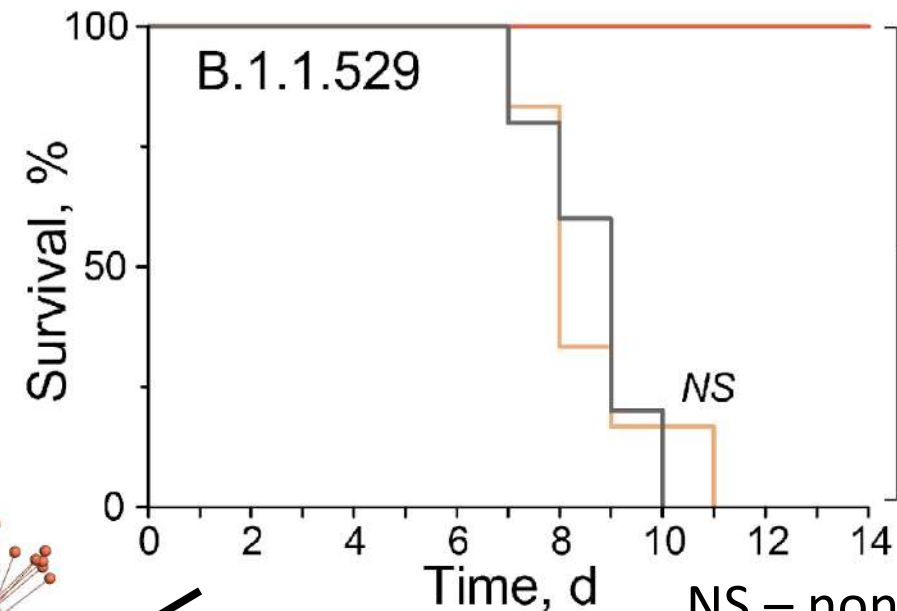
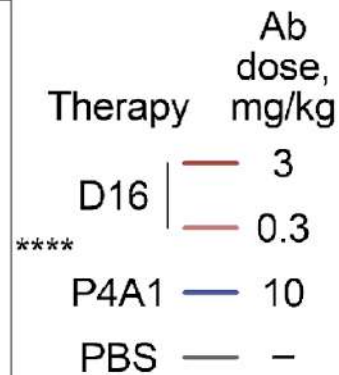
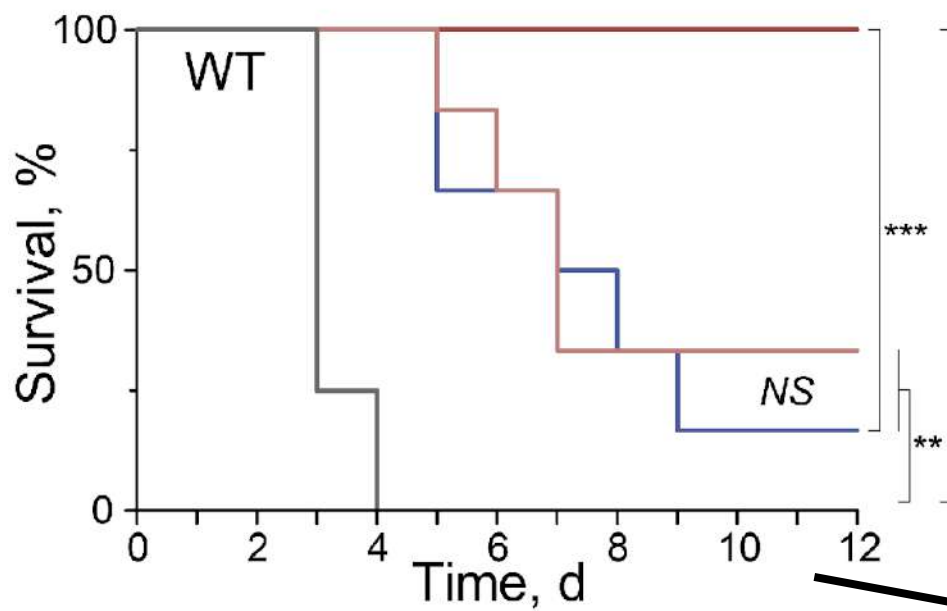
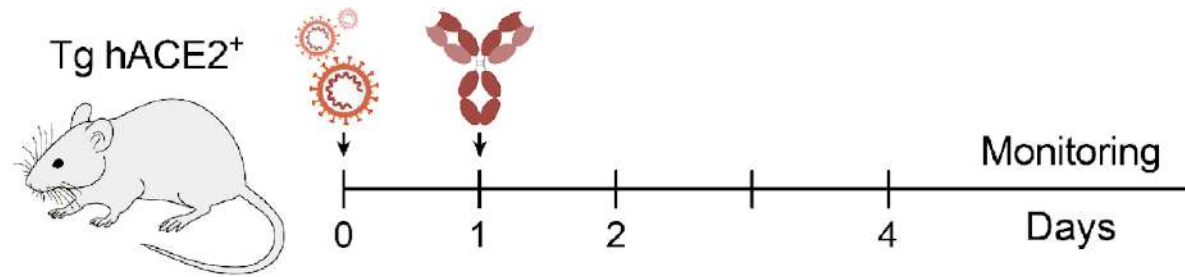
DIVMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQISRYLNWYQQKPGKAPKLLIYAA
SSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQSYSTPPEYTFG
QGKLEIK

Select SARS-COV2 strains ?

Wuhan

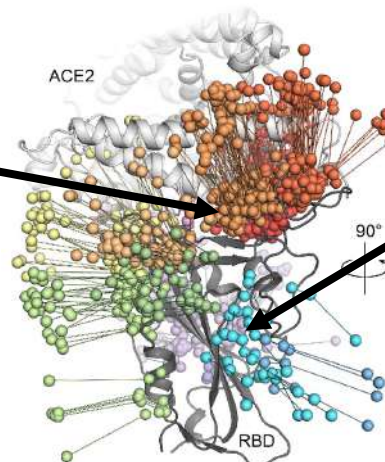


Разработка вирус-нейтрализующих антител

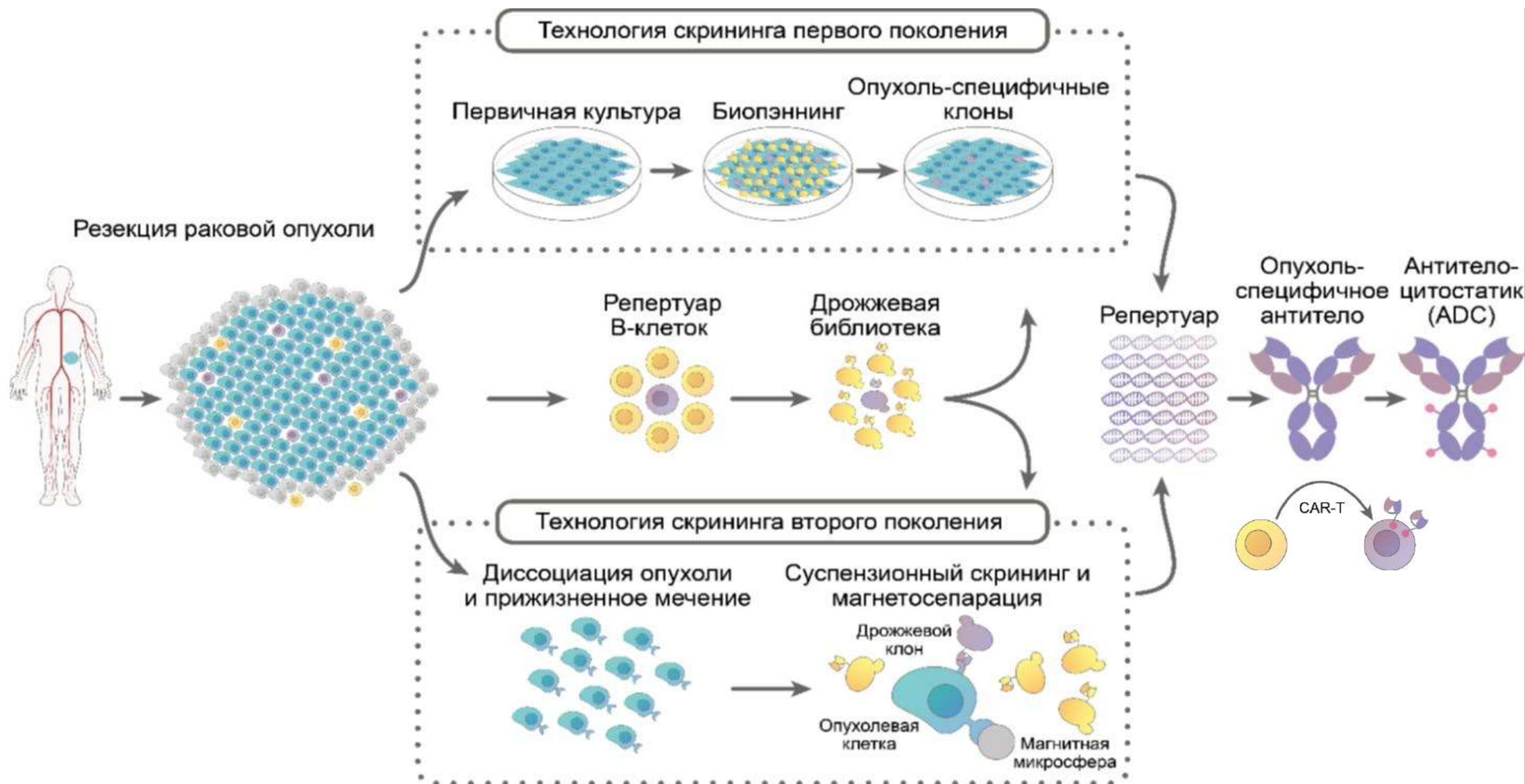


C-class

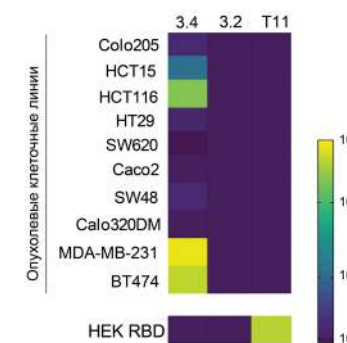
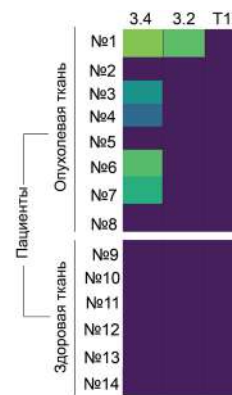
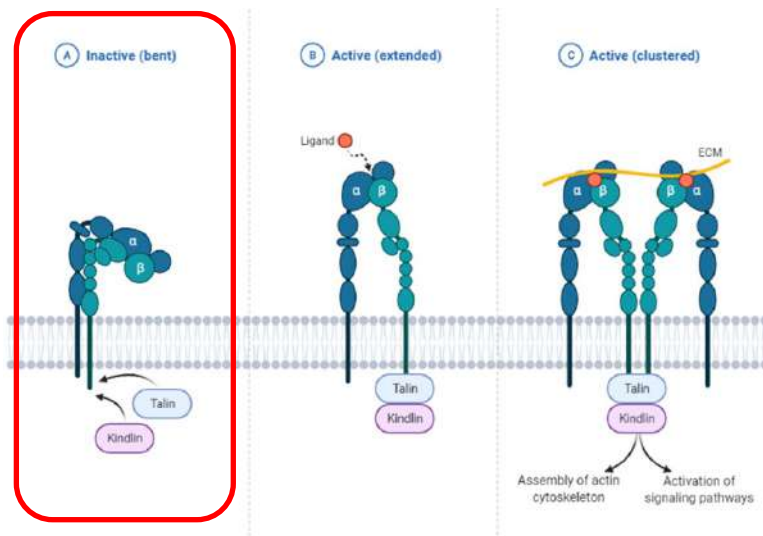
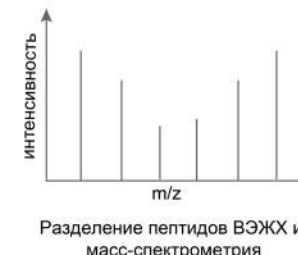
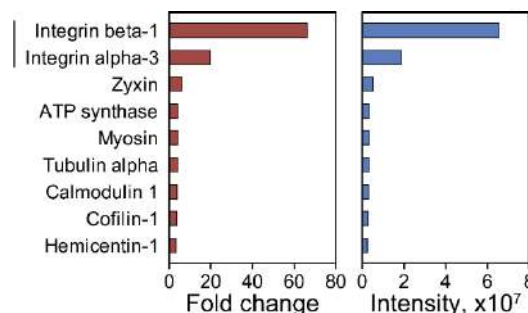
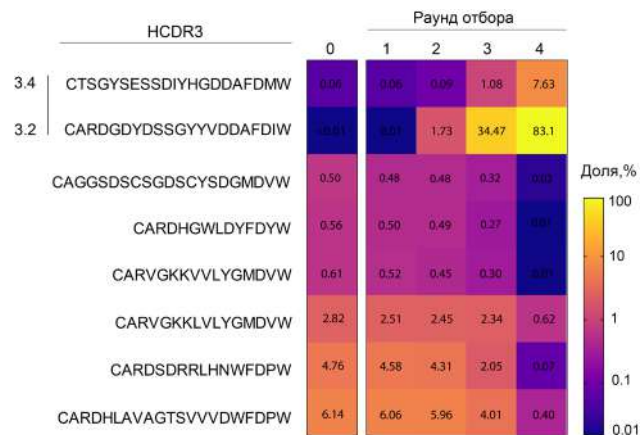
E22-class



Поиск опухоль-специфических антител среди биоразнообразия репертуаров опухоль-инфильтрирующих В-лимфоцитов

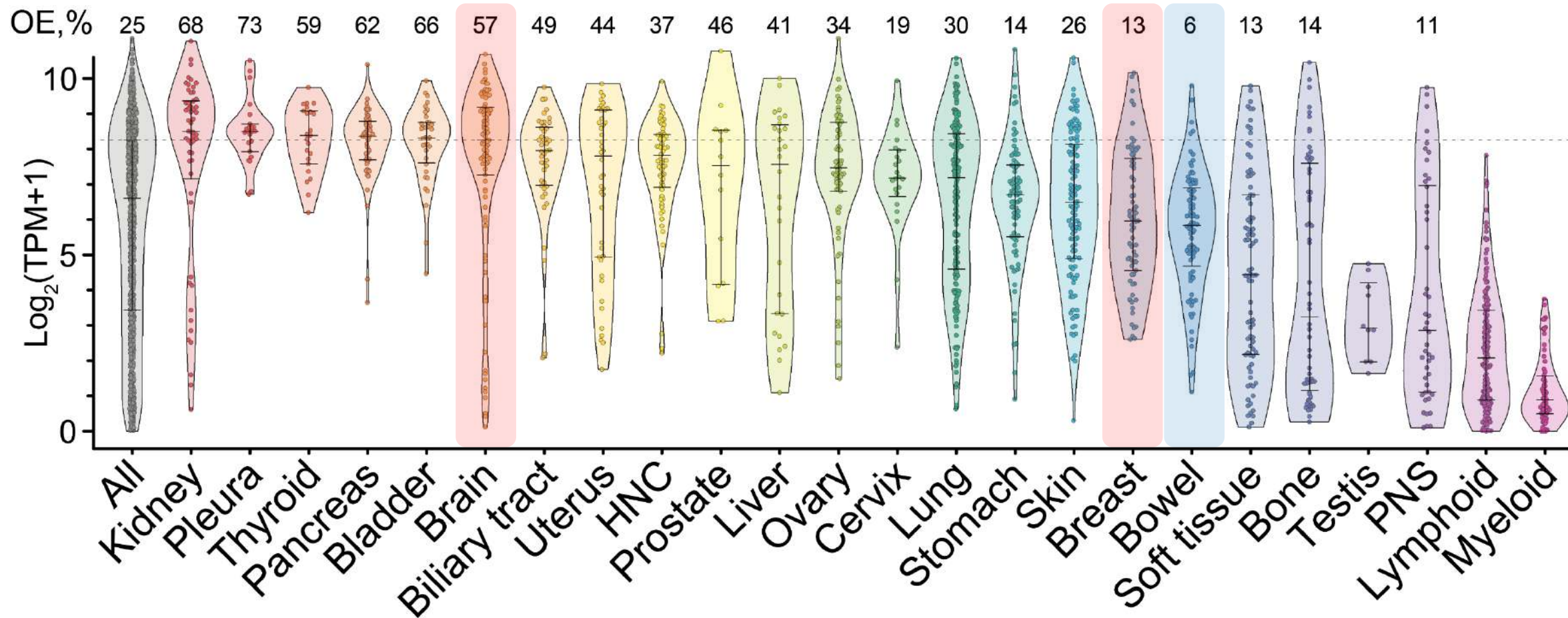


Поиск опухоль-специфичных антител и идентификация опухоль-ассоциированного антигена

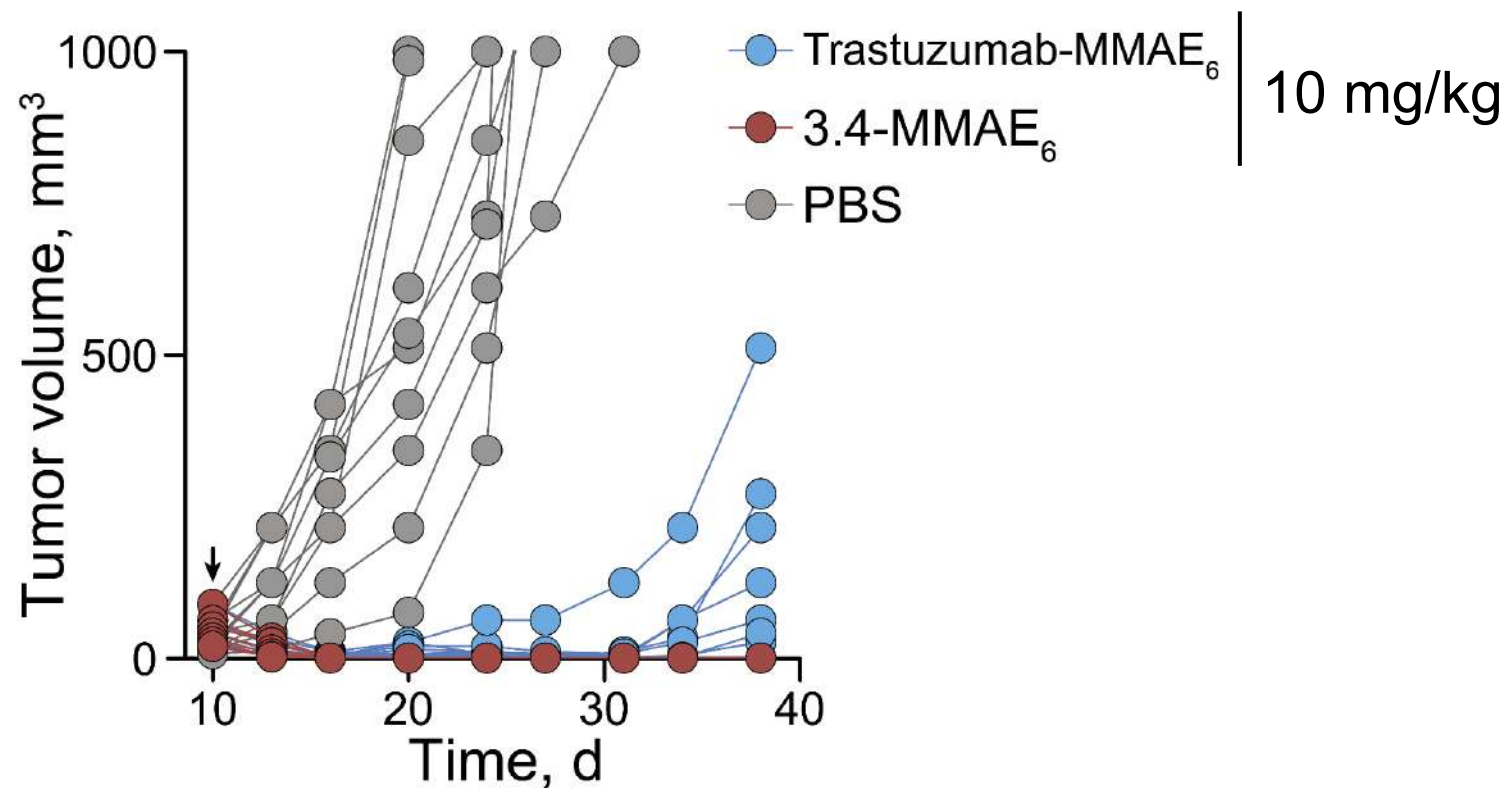
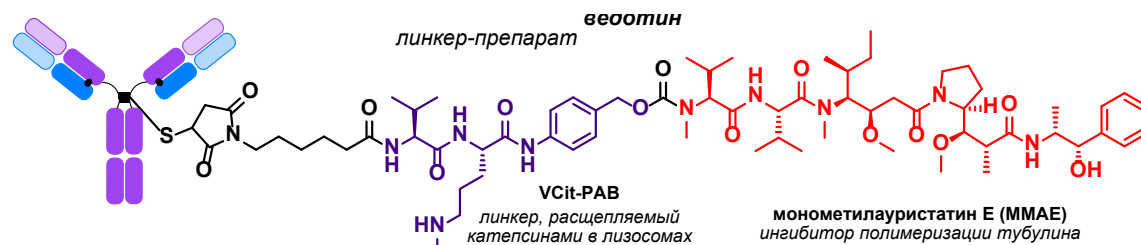
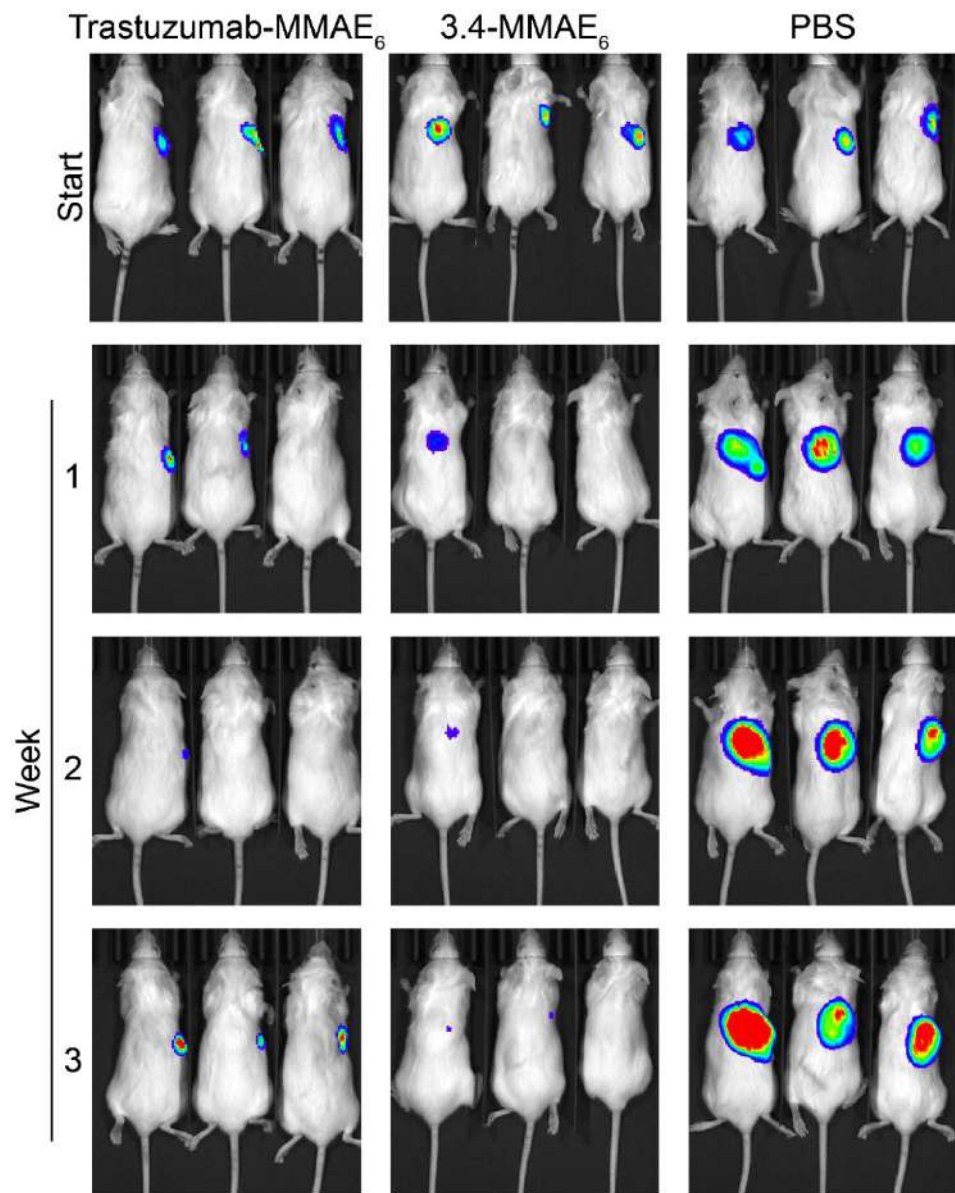


*T11 антитело, специфичное к RBD домену SARS-CoV-2

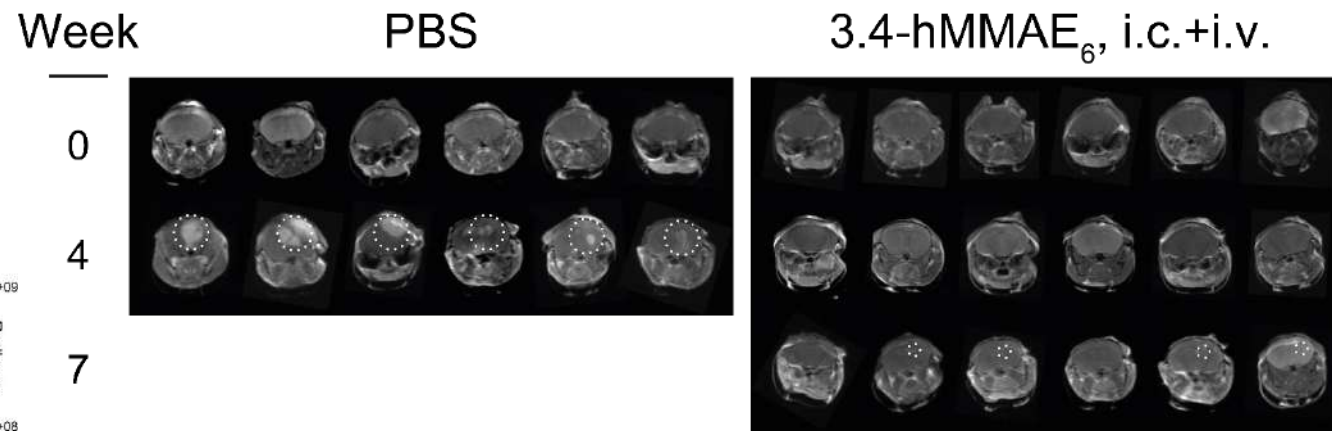
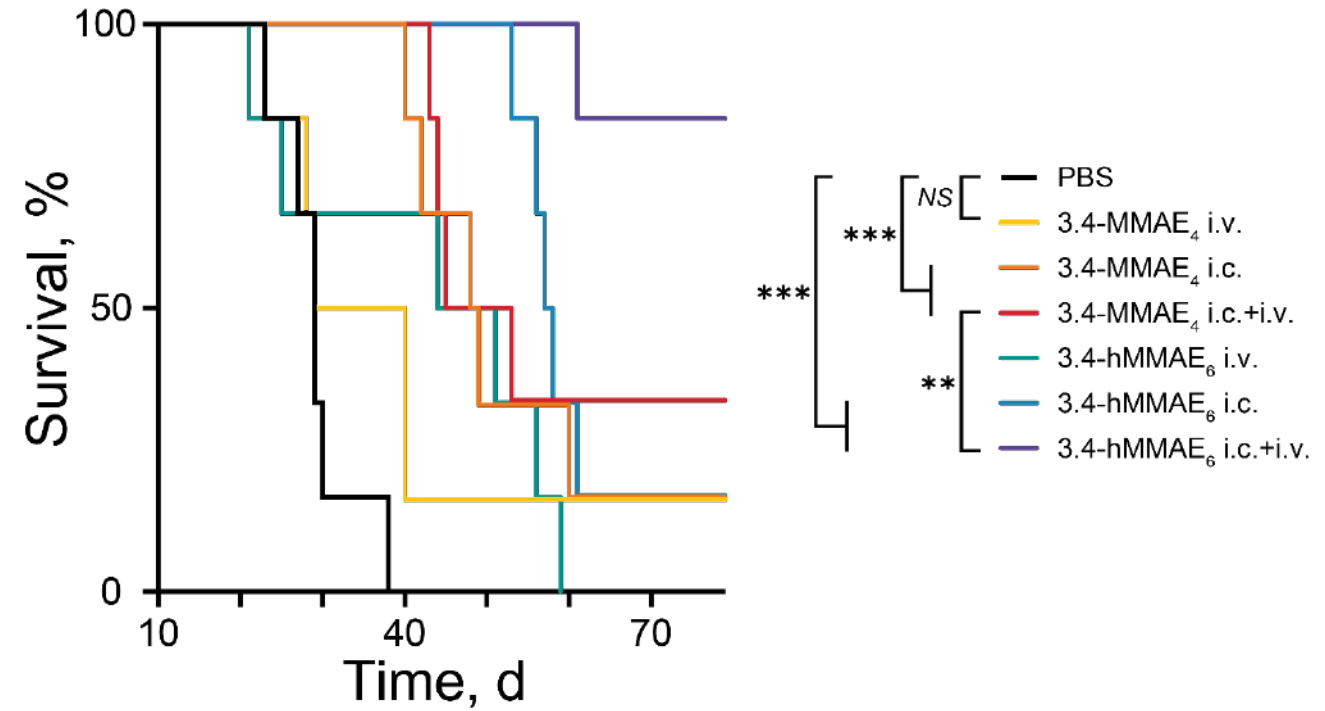
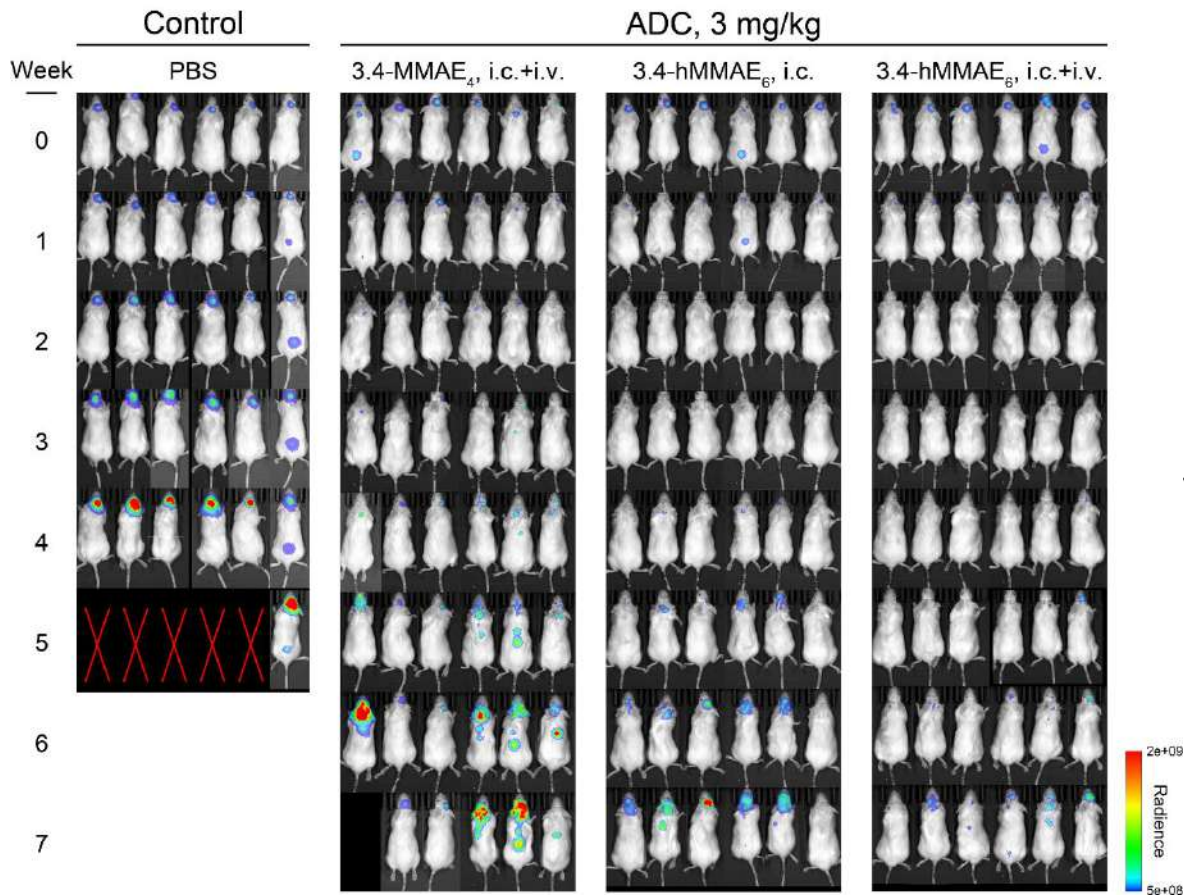
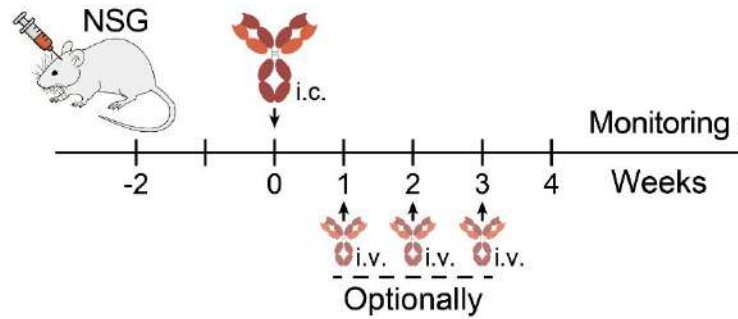
ITGA3 гиперэкспрессирован при различных типа рака



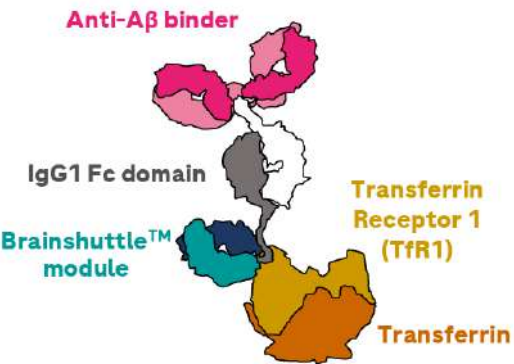
Эффективность ADC в ксенографтной модели тройного негативного рака молочной железы MDA-MB-231



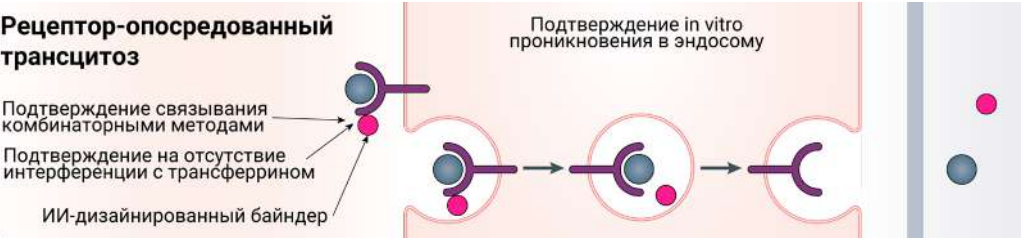
Эффективность ADC в ксенографтной модели глиобластомы U87



Ближайшие перспективы



Trontinemab (тронтинемаб), Roche — экспериментальное биспецифическое антитело для лечения болезни Альцгеймера. Проходит III фазу клинических исследований.



MIT News
ON CAMPUS AND AROUND THE WORLD

MIT scientists debut a generative AI model that could create molecules addressing hard-to-treat diseases

BoltzGen generates protein binders for any biological target from scratch, expanding AI's reach from understanding biology toward engineering it.

Alex Ouyang | Abdul Latif Jameel Clinic for Machine Learning in Health
November 25, 2025

MAbSilio

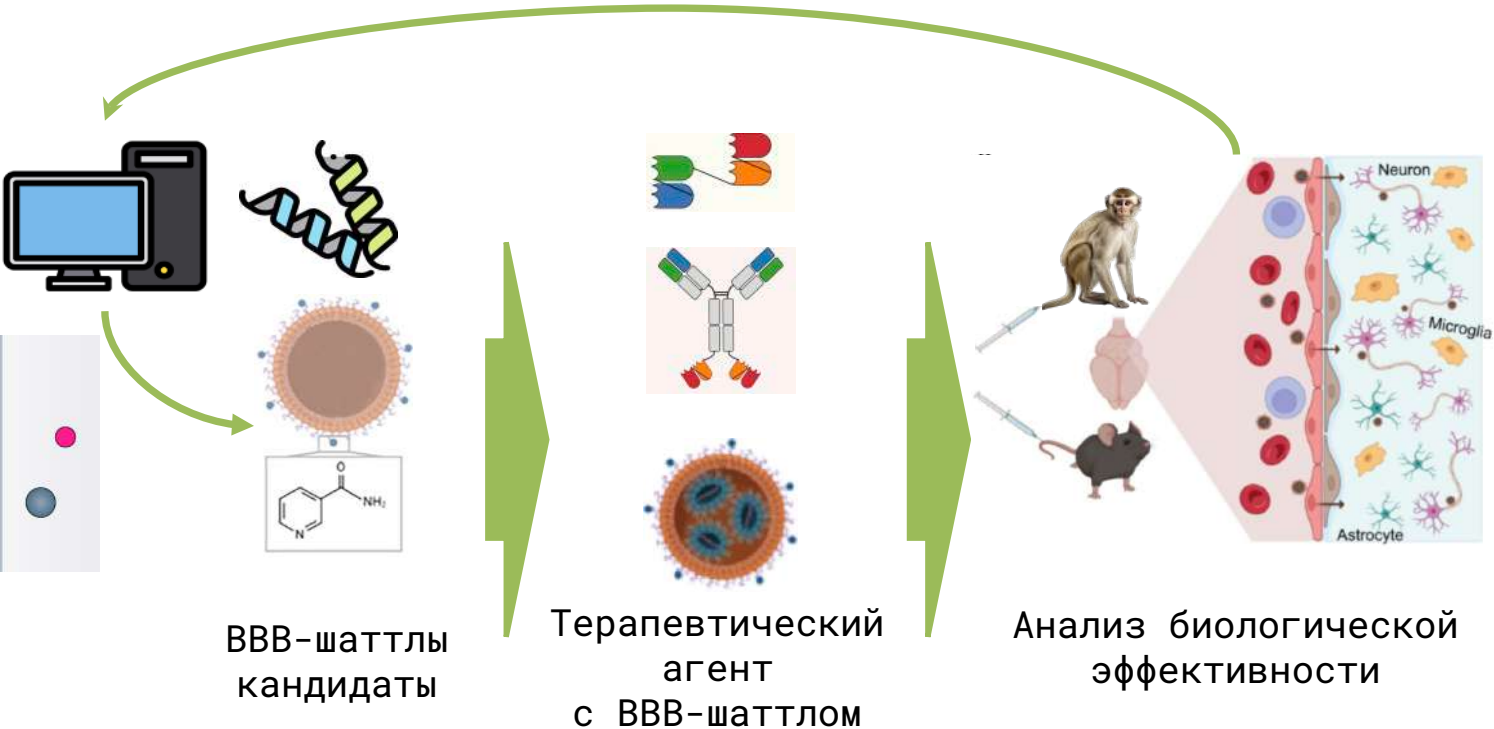
AI in Antibody Discovery

Introduction of AI transforming the way we discover and develop antibody from target identification to manufacturing optimization.

ProteinGen

Antibody Humanization Services

AI-guided design, expert review and wet-lab validation in 3–4 weeks.



Ближайшие перспективы



СПАСИБО ЗА ВНИМАНИЕ