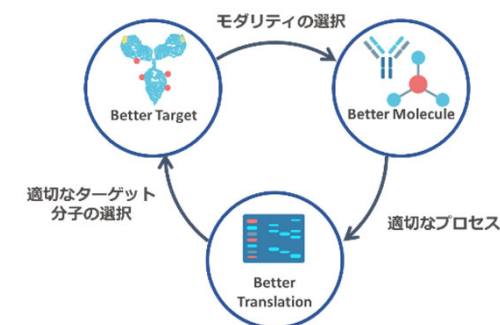


創薬研究を加速！ 創薬インシリコ技術：A-CODEのご紹介

Axcelead high performance
COmputing systems for **D**rug **dE**sign

Axcelead Drug Discovery Partners株式会社



1. 創薬探索研究におけるインシリコ技術
2. A-CODEシステムの概要
3. 代表的なシステムの例
4. 創薬インシリコ技術/A-CODEによるサービス

1. 創薬探索研究におけるインシリコ技術
2. A-CODEシステムの概要
3. 代表的なシステムの例
4. 創薬インシリコ技術/A-CODEによるサービス



ターゲット
探索・評価

ヒット化合物の
同定

リード化合物の
創製

リード化合物の
最適化

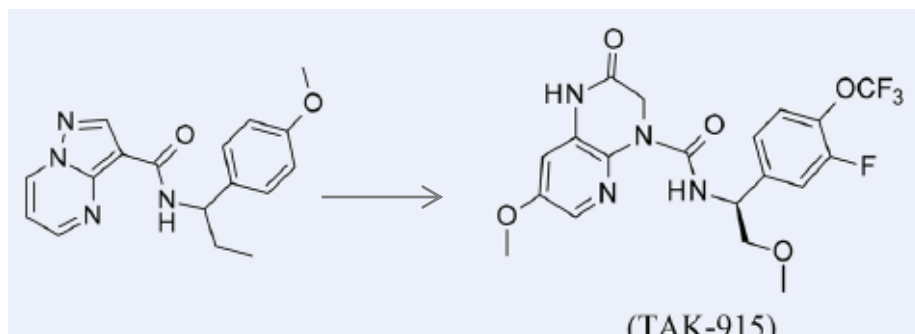
最適化化合物
の精査

IND用
試験



ヒットから臨床化合物への最適化66組の解析

Brown, D. G., Bostrom, J., Where Do Recent Small Molecule Clinical Development Candidates Come From? J.Med.Chem, 2018, 61, 9442-9468.

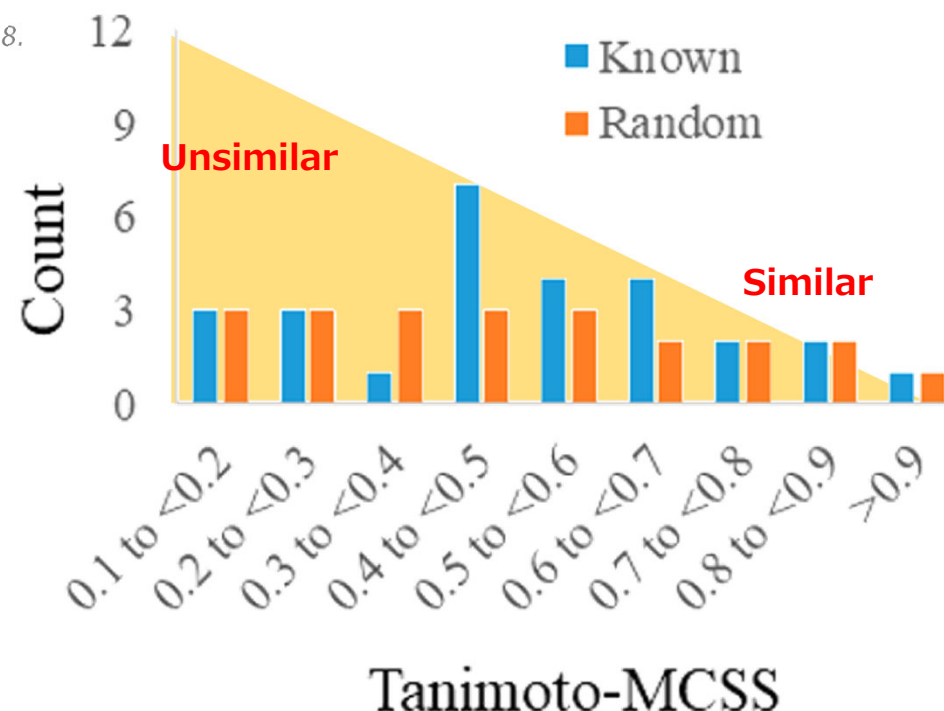


ヒット/リード

臨床化合物

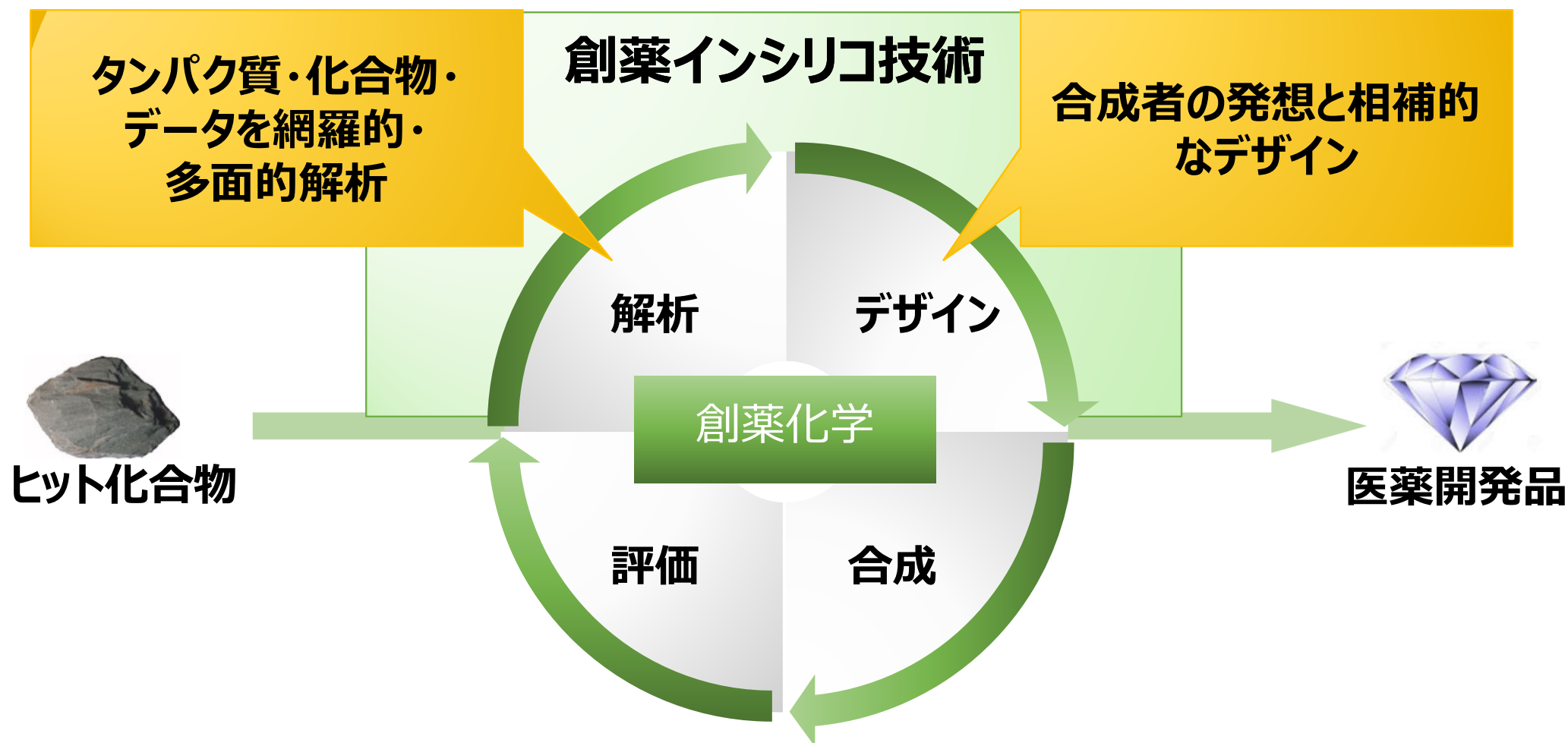
ヒットから臨床化合物へは、最適化研究により、骨格の大きな変換がなされている

ヒットと臨床化合物間のMCS類似度



- ヒットから臨床化合物を生み出す創薬化学
- 活性向上、薬理作用、物性・動態、安全性、新規性、すべてを最適化していく

Drug Discovery Cycleにおけるインシリコ技術



解析とデザインの質を上げて、化合物の創出を加速すること

Axcelead high performance COmputing systems for Drug dESign

1. 18種の独自システム群

- 創薬課題の解決のために構築
- 分子動力学をコア技術とするSBDDシステム8種
- 新規分子を設計するLBDDシステム3種
- 膨大な測定データから抽出したナレッジシステム3種
- 自動処理ケムインフォマティクスシステム4種

2. AXL-大規模計算システム

- GPU (2018/04設備導入)
- 約2000 CPUのクラスタ計算機

3. 新規開発を継続

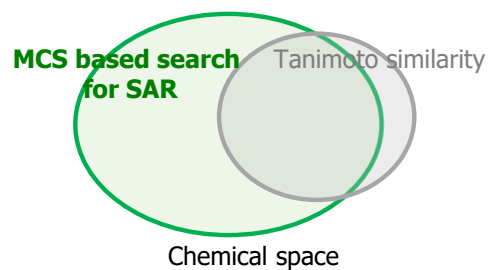
-  **AutoDesign** をリリース (2019/03)

A-code

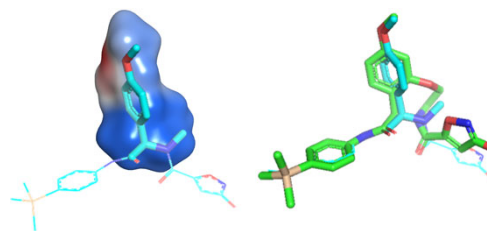


A-CODE開発ポリシー：創薬研究の加速と挑戦

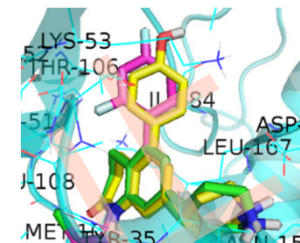
 Search



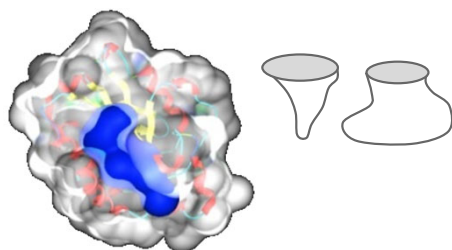
 Hopping



 AutoDesign



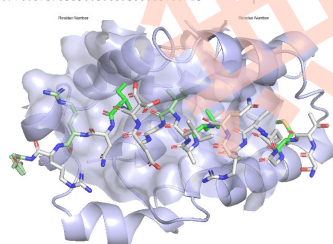
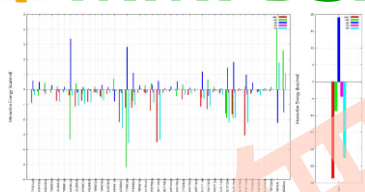
 Pocket



 e-ADME

Property	Property
PAMPA	PAMPA
BA	BA
MDR1	MDR1
MS	MS
hERG	hERG
CYSs	CYSs
Cytotox	Cytotox
Solubility	Solubility
logD	logD

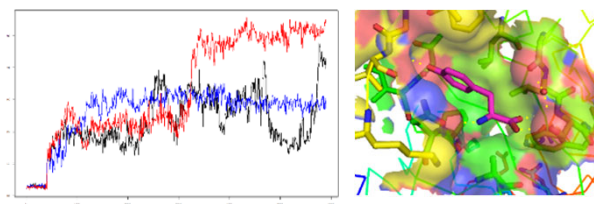
 MMPBSA



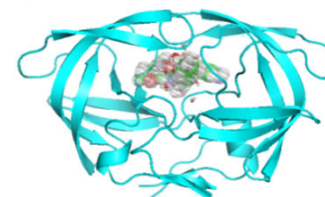
A-code

創薬研究の加速と挑戦

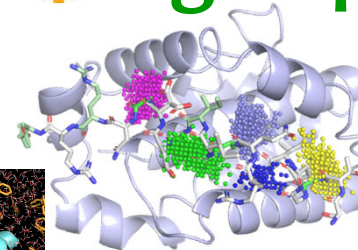
 Dynamics



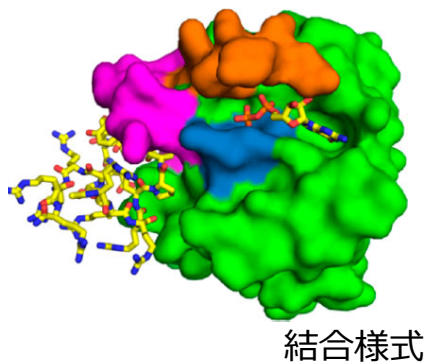
 DDM



 LigMap



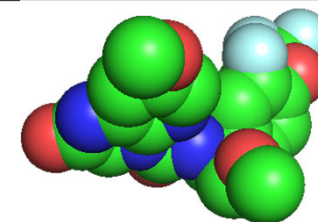
タンパク質複合体結晶構造



合成者による
化合物デザイン

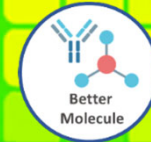
ドッキング計算

合成・評価



- ✓ 多くの複合体結晶構造解析を要し、タイムリーに情報を得ることが難しい
- ✓ 化合物デザインは合成者次第で、インシリコ技術は合成前評価

SBDDのワークフロー: A-CODE使用

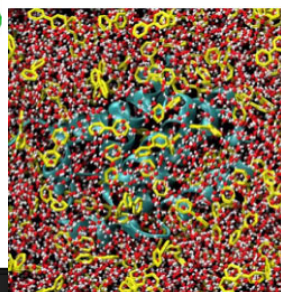


ターゲットタンパク質構造

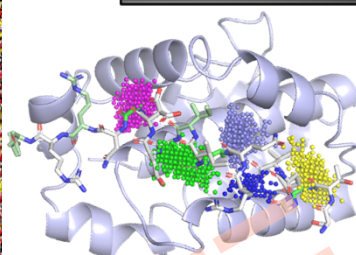
LigMap

ホットスポット探索

化合物の結合に重要なタンパク質表面の解析



合成者による 化合物デザイン



Design

デザイン提案

- ✓ AutoDesign
- ✓ Scaffold hopping
- ✓ ADME回避デザイン

構造変換の目的・状況に応じて、
種々の方法で新規分子をデザイン

Property	Property
PAMPA	PAMPA
BA	BA
MDR1	MDR1
MS	MS
hERG	hERG
CYSs	CYSs
Cytotox	Cytotox
Solubility	Solubility
logD	logD

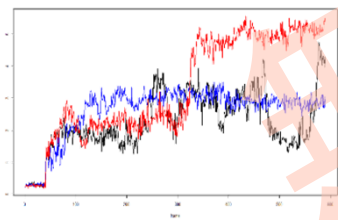
ドッキング計算

複数の候補ポーズと経験的な
スコアが得られる

Dynamics

結合モード安定性評価 短時間MD計算

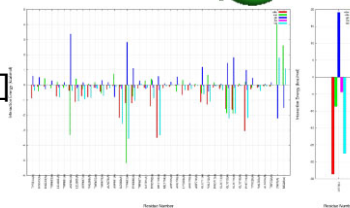
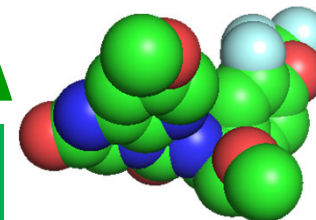
溶媒効果を考慮して結合モードを決定。確度の高い結合様式を推定。



MMPBSA

高精度Kd予測 MM/PB(GB)SA計算

化合物構造の溶媒効果、タンパク質の緩和を取り入れたエネルギー算出。
アミノ酸残基ごとの相互作用の種類と強さ。



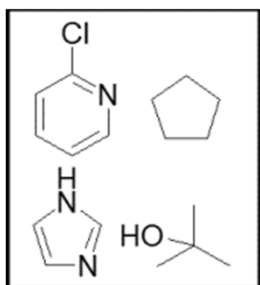
合成・評価

A-CODEを活用し、創薬テーマの課題を解決可能な質の論理的デザイン

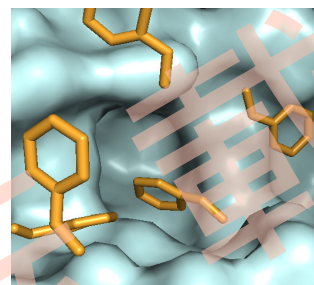
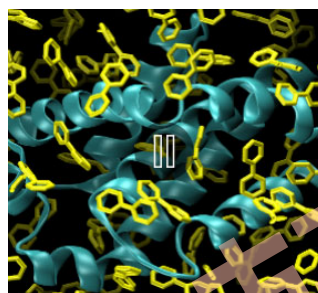
1. 創薬探索研究におけるインシリコ技術
2. A-CODEシステムの概要
3. 代表的なシステムの例
4. 創薬インシリコ技術/A-CODEによるサービス

- ✓ タンパク質表面に化合物が結合しやすいホットスポットを探索
- ✓ タンパク質タンパク質相互作用阻害、ペプチドの低分子での置き換え等に有効
- ✓ 薬物フラグメントを溶媒と混ぜた共溶媒中で、タンパク質のMDシミュレーションを実施し、フラグメントごとの各結合位置での密度（頻度）を解析し、フラグメントが結合しやすいサイトを予測

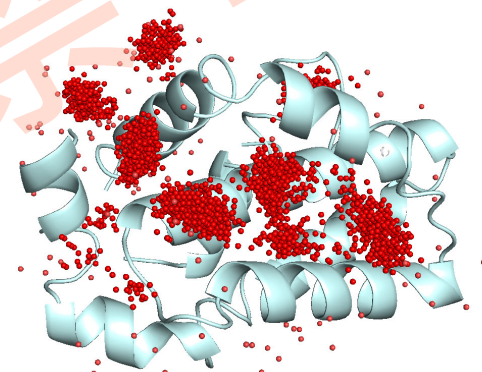
Small molecule
library



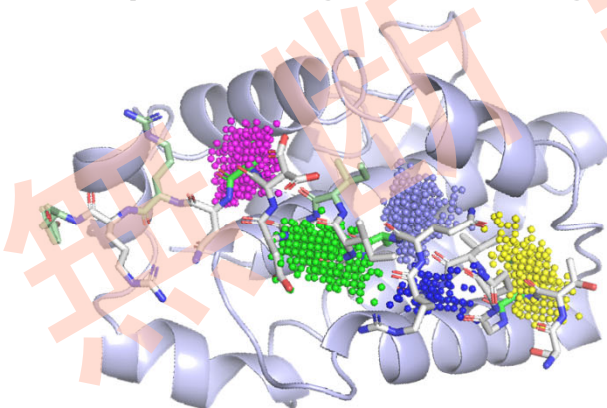
MD simulation in cosolvent solutions



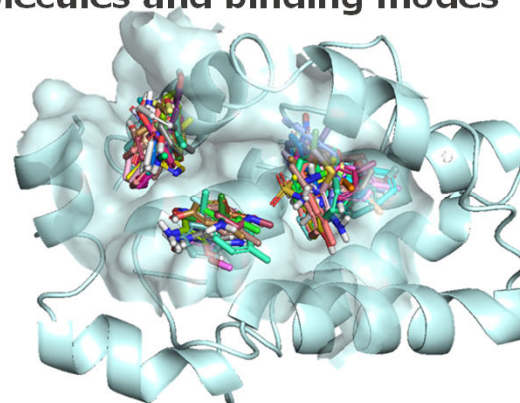
Acquisition of density map



Hot spot for fragment binding

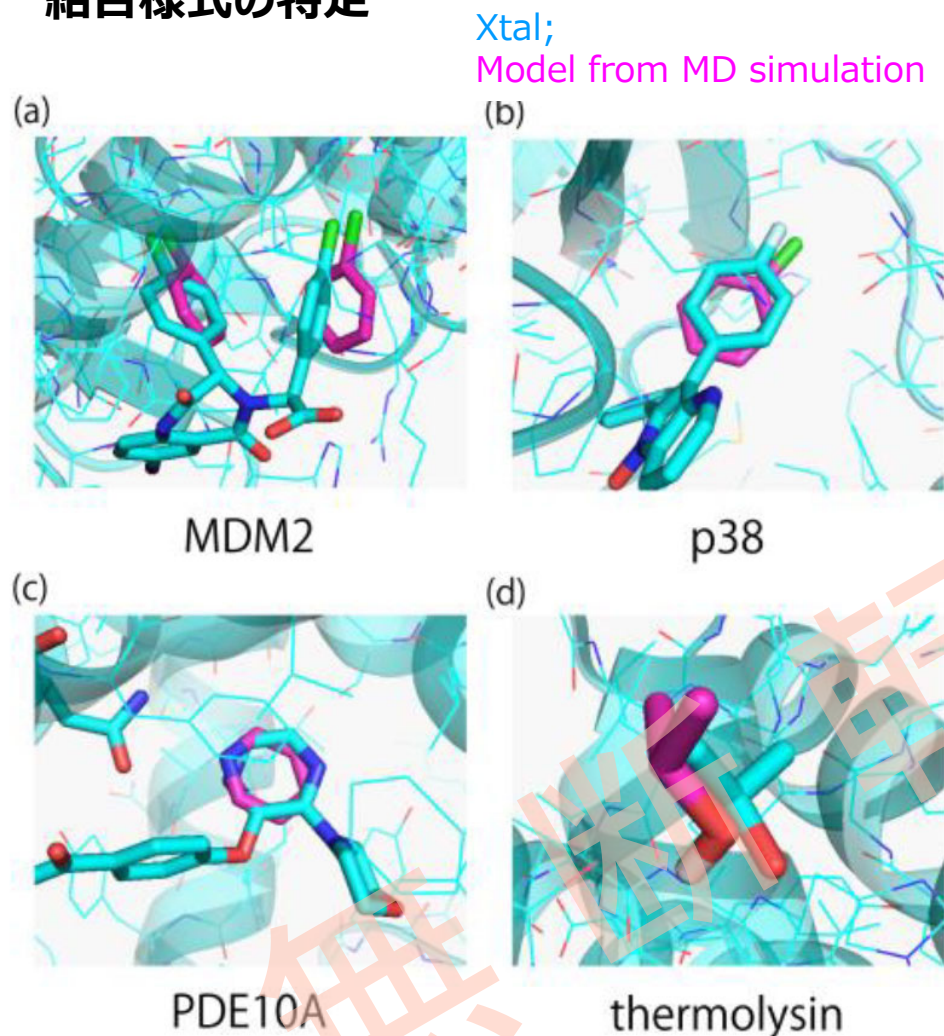


Prediction of appropriate
molecules and binding modes



H. Kokubo, A. Yokota, A. Okabe, *Ensemble* (Molecular Simulation Society of Japan), 2015, 17(2), 72-76. 第53回日本生物物理学会, 3Pos031, 2015.

結合様式の特定



論理的に予測されたホットスポットからヒット・リード化合物の結合様式を特定し、デザインをしていくことが可能

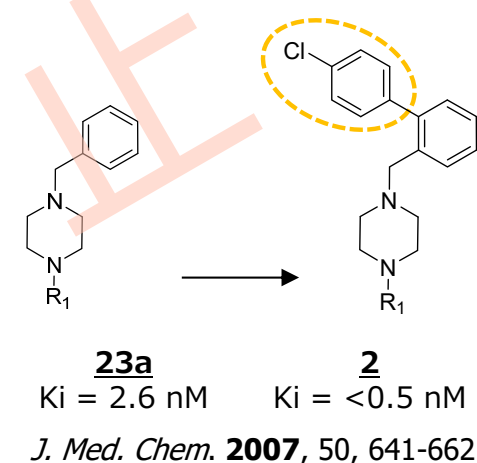
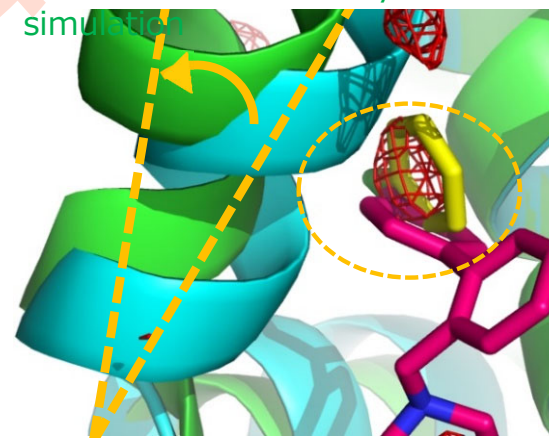
Induced-fitの考慮

Xtal; not induced fit
Xtal; Induced fit



Hot spot探索MD

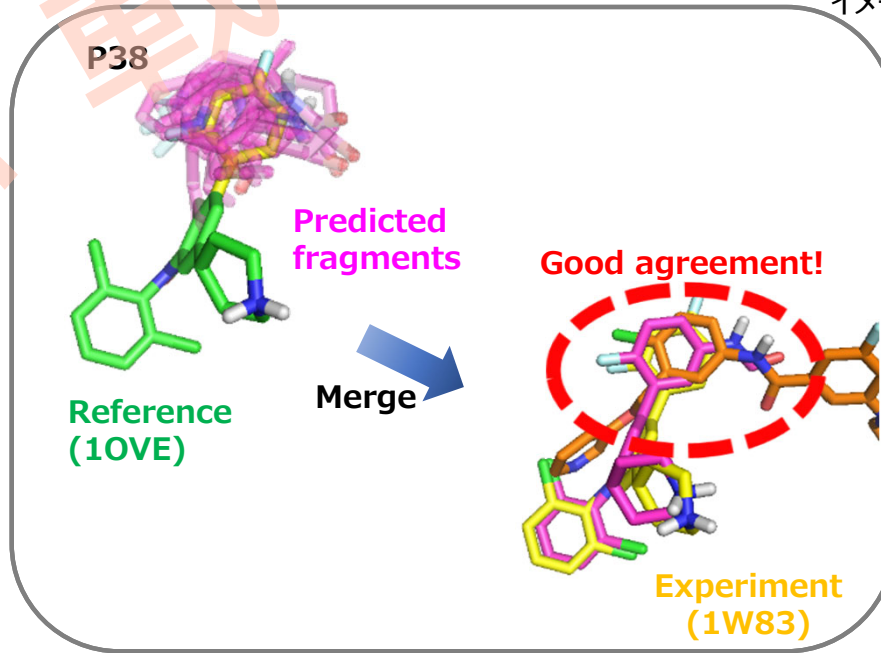
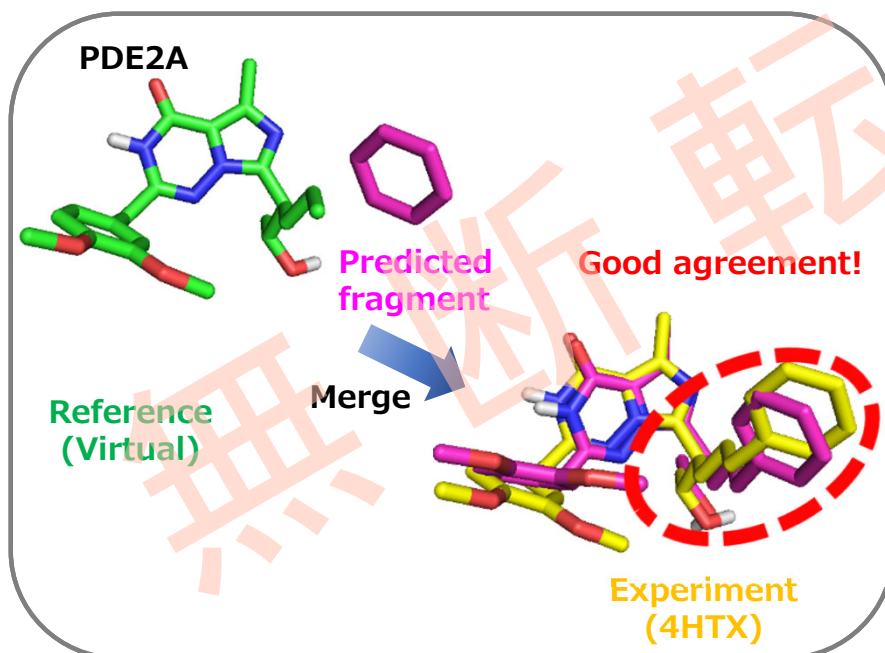
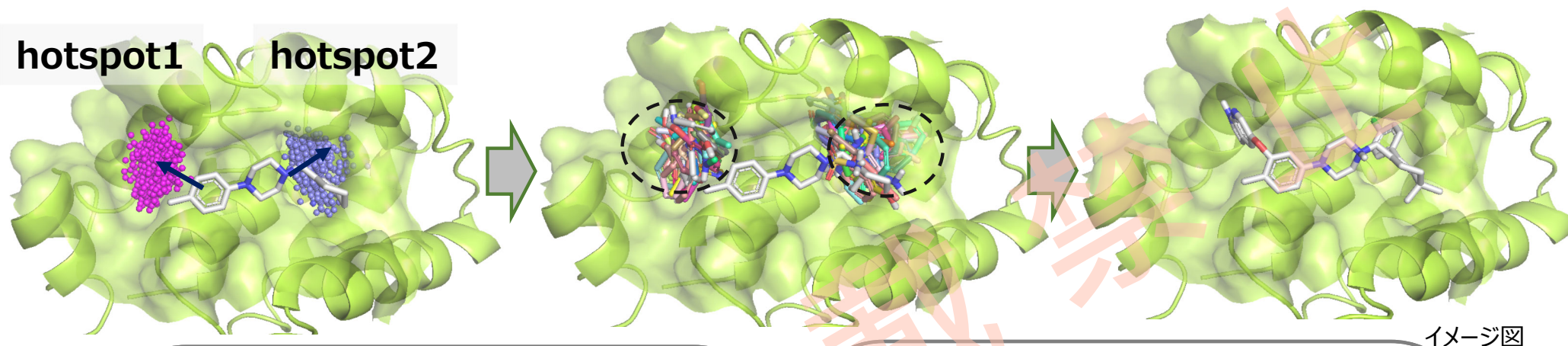
Xtal; not induced fit (initial)
Predicted induced fit by simulation



タンパク質の動きを
MDシミュレーションで
探索

H. Kokubo, A. Yokota, A. Okabe, *Ensemble* (Molecular Simulation Society of Japan), 2015, 17(2), 72-76. 第53回日本生物物理学会, 3Pos031, 2015.

- ✓ MDシミュレーションの大規模データから、ダイレクトにタンパク質が本質的に“好む”(相互作用をして系が安定化する)構造をデザイン

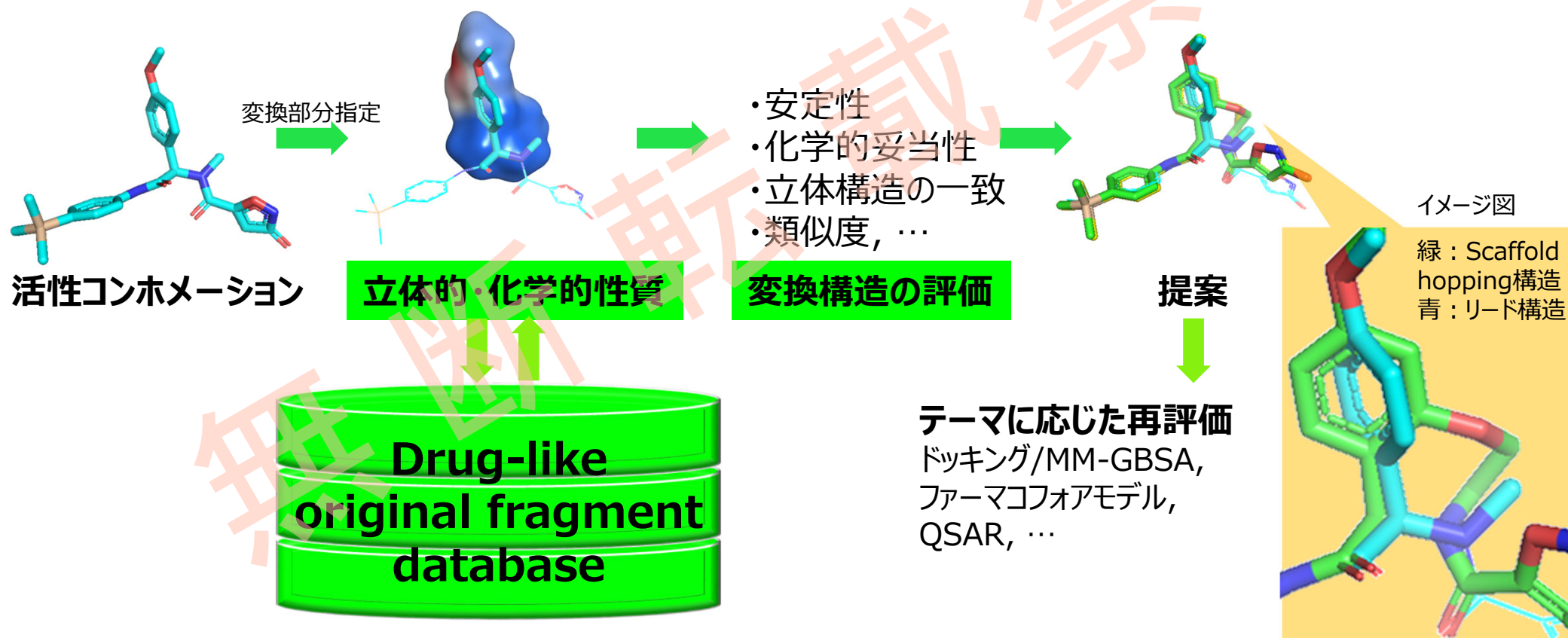


H. Kokubo, N. Miyamoto, Y. Nara, S. Itono, "Autodesign –an automated drug design by using molecular simulation data of protein-ligand systems". 5th International Symposium for Medicinal Sciences. 2019.

Hopping: Scaffold hopping

活性を保持したまま、一部の構造を変換する

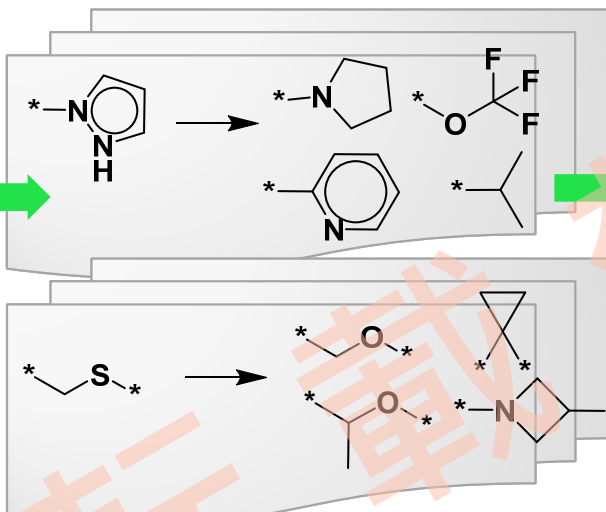
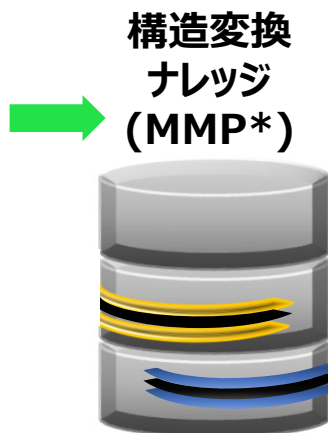
- ✓ 環化、環位置の変換、置換基の変換等、合成者が発想しにくい変換を確度高く提案
- ✓ 分子内の部分構造を、(1)立体的・化学的性質が類似、(2)変換しない部分構造の立体を保つ部分構造に変換
- ✓ 適切な部分構造は、Druglike/leadlikeライブラリおよび特許構造を解析した独自のフラグメントデータベースを対象に検索



✓ 膨大なADME/Toxプロフィール改善ナレッジから、課題を解決する構造変換を提案

リード化合物 → インシリコ解析 → 変換の提案(MPO) → インシリコ評価 → デザイン

Property
PAMPA
BA
MDR1
MS
hERG
CYSs
Cytotox
Solubility
logD



Machine
Learning
(AI)

Property
PAMPA
BA
MDR1
MS
hERG
CYSs
Cytotox
Solubility
logD

ADME/Tox	Property	MMPs	Favor
Absorption	PAMPA		
	BA		
	MDR1		
Metabolism	MS		
Toxicity	hERG		
	CYSs		
	Cytotox		
Property	Solubility		
	logD		

* Hara, H., Development of a novel matched molecular pair methodology, SABUN. P038, 19th Euro QSAR, Vienna Austria (2012)

1. 創薬探索研究におけるインシリコ技術
2. A-CODEシステムの概要
3. 代表的なシステムの例
4. **創薬インシリコ技術/A-CODEによるサービス**



ターゲット
探索・評価

ヒット化合物の
同定

リード化合物の
創製

リード化合物の
最適化

最適化化合物
の精査

IND用
試験



ヒット探索の成功確率向上

低分子創薬の実行可
能性評価

バーチャルスクリーニング

スクリーニング用フォーカスト
ライブラリ的设计

ターゲットタンパク質の
ホットスポット探索

分子動力学シミュレー
ション (MD)

タンパク質構造に基づく
分子設計 (SBDD)

フラグメントからの分子
設計 (FBDD)

リガンド構造に基づく分
子設計 (LBDD)

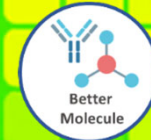
自動デザインおよび
構造変換

Scaffold hopping

ADME課題解決
構造変換

創薬インシリコ技術はヒット探索から最適化までさまざまな局面をサポート

創薬インシリコ技術/A-CODEを用いたサービス



ターゲット
探索・評価

ヒット化合物の
同定

リード化合物の
創製

リード化合物の
最適化

最適化化合物
の精査

IND用
試験



ヒット探索の成功確率向上

低分子創薬の実行可
能性評価

ターゲットタンパク質の
ホットスポット探索

バーチャル

Novel
druggable site

スクリーニング
ライブラリ

- ✓ 低分子で作用機序・必要な選択性が確保できるか評価。
- ✓ ターゲット分子とそのファミリーのタンパク質構造をインシリコ評価。
- ✓ HTSカスケード（評価系の選択・クライテリア）、化合物ライブラリの選択に反映し、ヒット探索の成功確率を上げる。

Substrate
binding site

Cofactor
binding site

リガンド構造に基づく分
子設計（LBDD）

自動デザインおよび
構造変換

Scaffold hopping

ADME課題解決
構造変換



ターゲット
探索・評価

ヒット化合物の
同定

リード化合物の
創製

リード化合物の
最適化

最適化化合物
の精査

IND用
試験



ヒット探索の成功確率向上

低分子創薬の実行可
能性評価

バーチャルスクリーニング

スクリーニング用フォーカスト
ライブラリ的设计

- ✓ ヒット取得の難易度の高いターゲット
- ✓ ターゲットに適したライブラリを弊社ライブラリや購入可能化合物から選択
- ✓ ドッキング、ファーマコフォア等適切な手法を選択
- ✓ 実施した全ターゲットでヒット取得を達成

ターゲットタンパク質の
ホットスポット探索

Novel
druggable site

Substrate
binding site

Cofactor
binding site

フラグメントからの分子
設計 (FBDD)

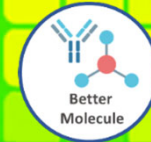
自動デザインおよび
構造変換

リガンド構造に基づく分
子設計 (LBDD)

Scaffold hopping

ADME課題解決
構造変換

創薬インシリコ技術/A-CODEを用いたサービス



ターゲット
探索・評価

ヒット化合物の
同定

リード化合物の
創製

リード化合物の
最適化

最適化化合物
の精査

IND用
試験



MDシミュレーションを活用
したSBDD/FBDD

低分子創薬の実行可
能性評価

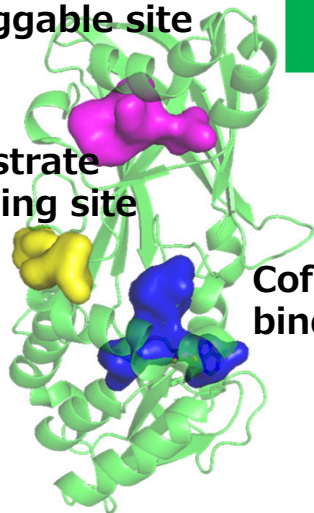
バーチャルスクリーニング

スクリーニング用フォーカスト
ライブラリ的设计

Novel
druggable site

Substrate
binding site

Cofactor
binding site



リガンド構造に基づく分
子設計 (LBDD)

ターゲットタンパク質の
ホットスポット探索

分子動力学シミュレ
ーション (MD)

タンパク質構造に基づく
分子設計 (SBDD)

フラグメントからの分子
設計 (FBDD)

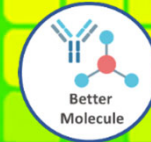
- ✓ PPIなどの難易度の高いターゲットの合成展開
- ✓ タンパク質の挙動・溶媒効果の影響を考慮

自動デザインおよび
構造変換

Scaffold hopping

ADME課題解決
構造変換

創薬インシリコ技術/A-CODEを用いたサービス



ターゲット
探索・評価

ヒット化合物の
同定

リード化合物の
創製

リード化合物の
最適化

最適化化合物
の精査

IND用
試験



低分子創薬の実行可
能性評価

バーチャルスクリーニング

スクリーニング用フォーカスト
ライブラリの設計

ターゲットタンパク質の
ホットスポット探索

分子動力学シミュレー
ション (MD)

タンパク質構造に基づく
分子設計 (SBDD)

フラグメントからの分子
設計 (FBDD)

リガンド構造に基づく分
子設計 (LBDD)

- ✓ Phenotypic drug discovery
- ✓ QSARによる活性予測

自動デザインおよび
構造変換

Scaffold hopping

ADME課題解決
構造変換



ターゲット
探索・評価

ヒット化合物の
同定

リード化合物の
創製

リード化合物の
最適化

最適化化合物
の精査

IND用
試験



ヒット探索の成功確率向上

低分子創薬の実行可
能性評価

バーチャルスクリーニング

スクリーニング用フォーカスト
ライブラリ的设计

ターゲットタンパク質の
ホットスポット探索

分子動力学シミュレー
ション (MD)

タンパク質構造に基づく
分子設計 (SBDD)

フラグメントからの分子
設計 (FBDD)

MDシミュレーションを活用
したSBDD/FBDD

合成につなげるデザイン

自動デザインおよび
構造変換

Scaffold hopping

ADME課題解決
構造変換

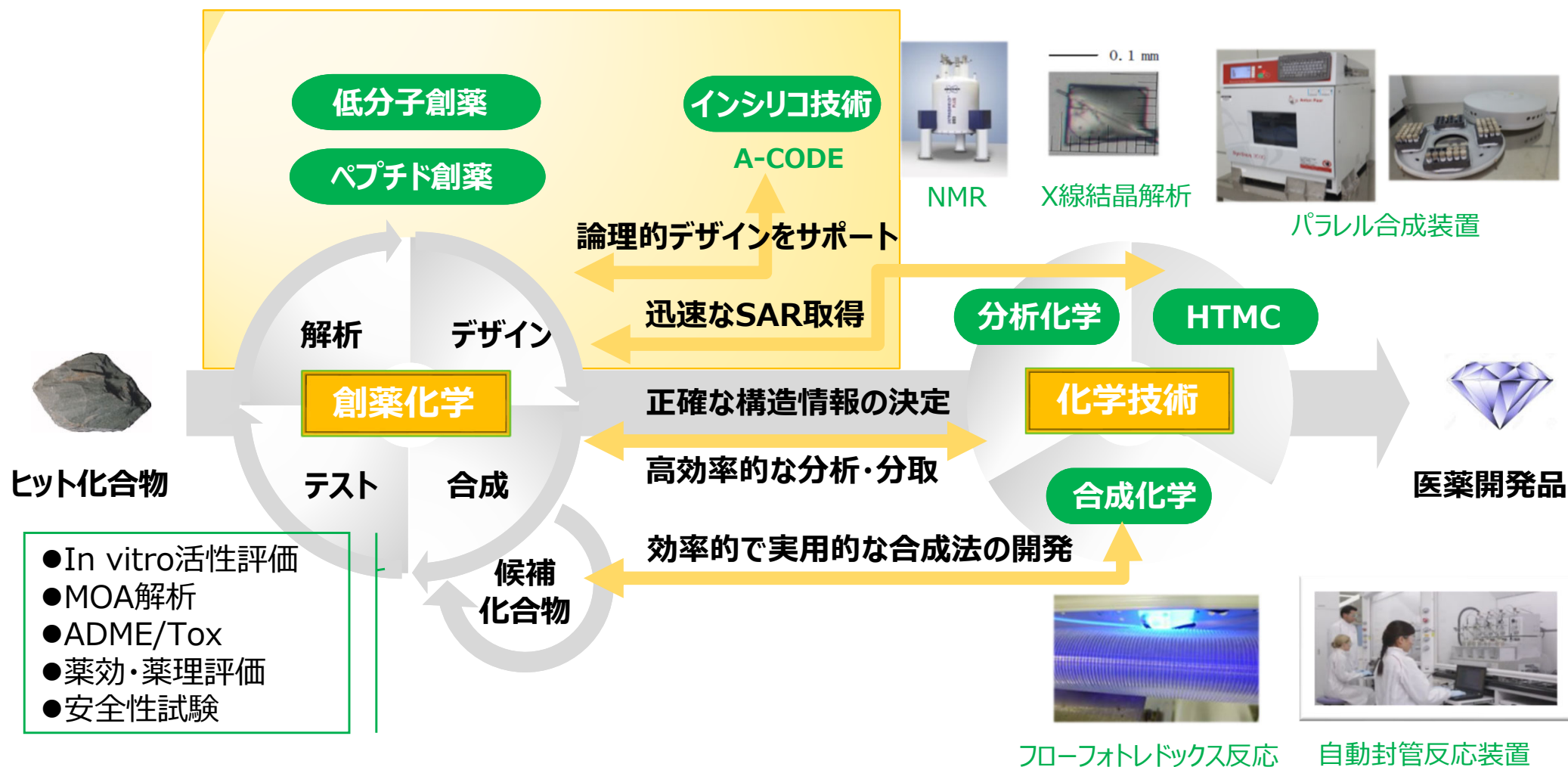
リガンド構造に基づく分
子設計 (LBDD)

✓ 活性向上、薬理作用、物性・動
態、安全性、新規性、すべてを最
適化していくデザイン

A-CODEで創薬研究を推進！

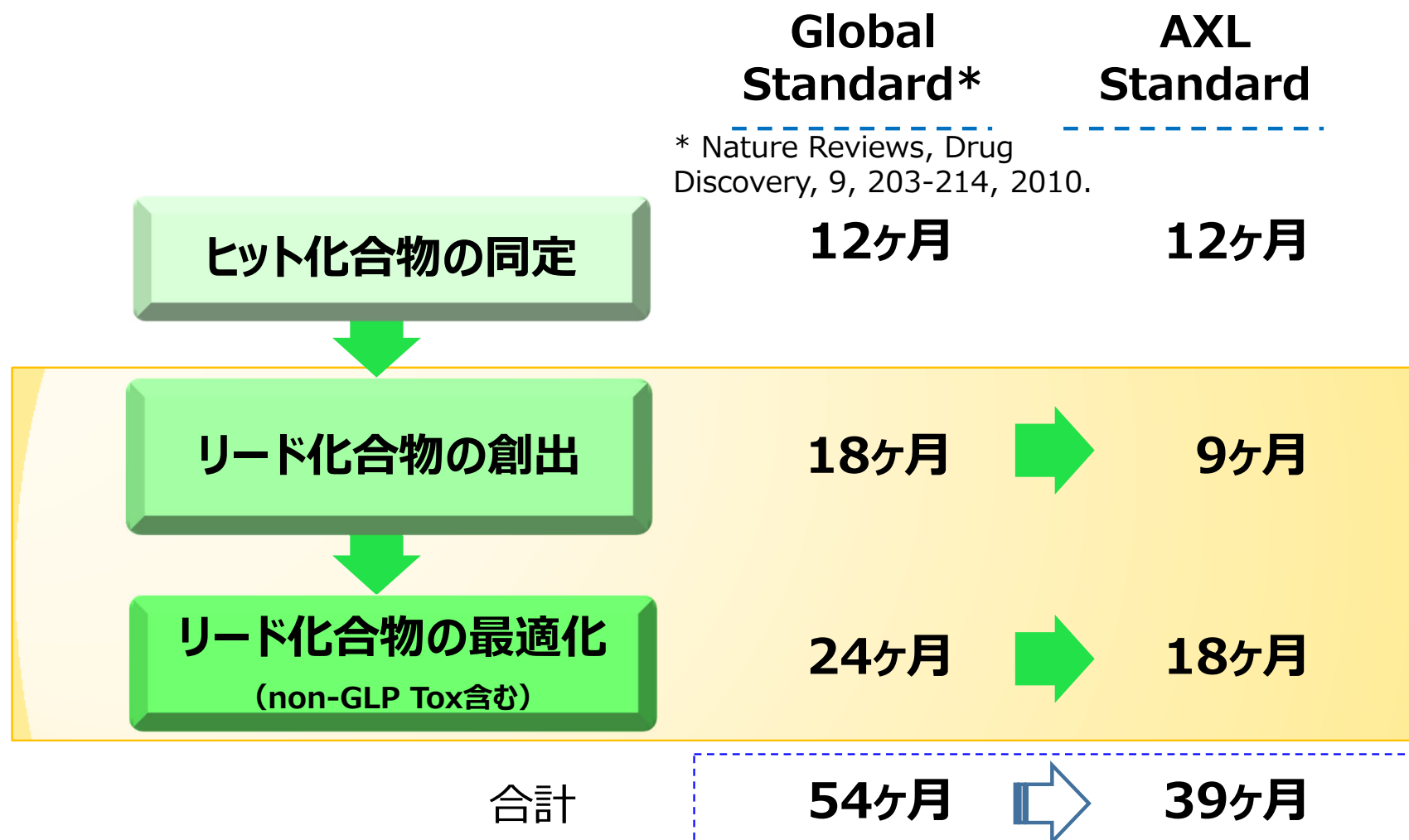


➤ リード創出・リード最適化の受託研究の中でA-CODEを利用した研究を推進



創薬プロジェクトの統合型創薬研究支援サービス (Integrated Drug Discovery, IDD, service)

一般的な研究期間と比較して、約1年強の期間短縮をご提案



進もう。その先へ。




In Silico Research Engine !



Axcelead Drug Discovery Partners
<https://www.axcelead.com>
contact@axcelead.com

We are Your Best Partner



共に手を取り
創薬を通して
希望ある未来を創りたい

Axcelead Drug Discovery Partners

<https://www.axcelead.com>
Contact@axcelead.com