

보유기술의 명칭

<기본 정보>

MODALITY	<input type="checkbox"/> 저분자치료제 <input type="checkbox"/> 항체치료제 <input type="checkbox"/> 유전자치료제 <input type="checkbox"/> 세포치료제 <input type="checkbox"/> 단백질치료제 <input checked="" type="checkbox"/> 기타(인공지능 신약개발 플랫폼)
AI 적용과정	<input type="checkbox"/> Target identification <input checked="" type="checkbox"/> Hit discovery <input checked="" type="checkbox"/> Hit to Lead <input type="checkbox"/> Lead Optimization <input type="checkbox"/> Pre-clinical <input type="checkbox"/> Clinical (Phase I, II, III) <input type="checkbox"/> 기타()
희망 파트너십	<input checked="" type="checkbox"/> 공동연구 <input checked="" type="checkbox"/> 투자 <input type="checkbox"/> 합작투자회사 설립 <input type="checkbox"/> 기타()
기술요약	<ul style="list-style-type: none"> 당사의 인공지능 신약개발 플랫폼 iSTAs는 <u>데이터 관리 플랫폼 ArchiSTA, 저분자 신약 개발 플랫폼 MoliSTA, 약물전달체 개발 플랫폼인 DDiSTA로 구성되어</u> 빠르고 유연하고 집중된 신약개발 환경을 제공함. 저분자 신약개발 플랫폼 MoliSTA는 화합물의 효능 뿐 아니라 약물의 물성, 새로운 화합물질의 합성 등 저분자 신약개발에 필요한 예측을 사용자의 워크플로우에 맞게 설계가 가능함.

<기술 정보>

논문 또는 특허 핵심기술 관련 3건만 기재	1. 인공지능 딥러닝을 활용한 p 450 저해 예측 방법 및 시스템 (<input type="checkbox"/> 논문 <input checked="" type="checkbox"/> 특허출원 <input type="checkbox"/> 특허등록)
	2.Prediction of human cytochrome P450 inhibition using bio-selectivity induced deep neural network. (<input checked="" type="checkbox"/> 논문 <input type="checkbox"/> 특허출원 <input type="checkbox"/> 특허등록) https://doi.org/10.1002/bkcs.12445
	3. 세포 투과성 펩타이드 예측 방법 및 시스템 (<input type="checkbox"/> 논문 <input checked="" type="checkbox"/> 특허출원 <input type="checkbox"/> 특허등록)

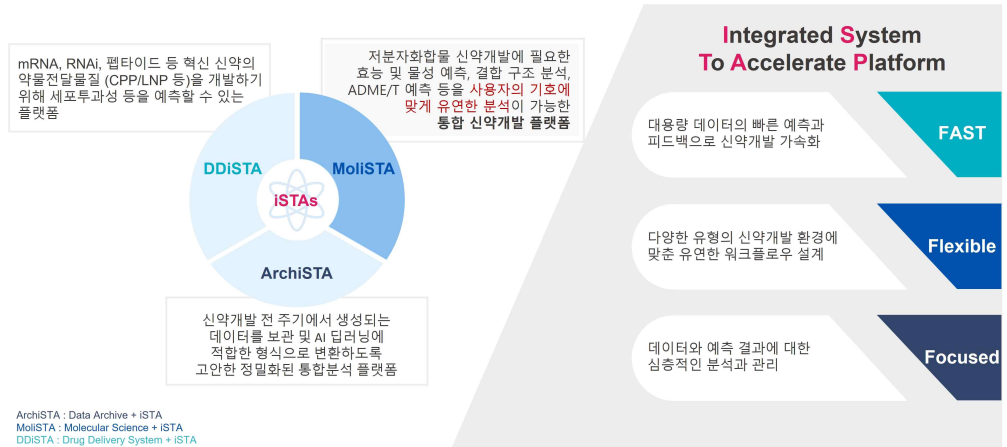
<연구자 정보>

연구자 기관명	(주)에이조스바이오	연구자명	신 재 민
기술 담당자명	박 혜 진		

<기술 정보>

기업 개요	<table border="1" data-bbox="446 280 1428 604"> <tr> <td>회 사 명</td><td>(주)에이조스바이오</td></tr> <tr> <td>대표이사</td><td>신재민</td></tr> <tr> <td>설립일</td><td>2016. 5. 17.</td></tr> <tr> <td>임직원수</td><td>28명</td></tr> <tr> <td>사업분야</td><td>AI 혁신신약 개발 및 약물전달체 플랫폼</td></tr> <tr> <td>본사주소</td><td>경기도 하남시 미사대로 520 현대지식 산업센터 한강미사 2차 D동 724호</td></tr> <tr> <td>AI연구소</td><td>서울특별시 마포구 마포대로 109 101동 1702호</td></tr> <tr> <td>홈페이지</td><td>www.azothbio.com</td></tr> </table> <ul style="list-style-type: none"> • <u>에이조스바이오는 AI에 대한 국내 최고 수준의 실력을 갖춘 기업으로 물리화학, 분자모델 및 면역학 전공자 등 바이오 및 신약개발 분야에 대한 풍부한 경력을 바탕으로 국내 AI 신약개발 기술 개발 초창기부터 지금까지 AI 신약개발 업계를 이끌며 국내 AI 신약개발 생태계 형성에 주도적인 역할을 수행하고 있음.</u> • 에이조스바이오는 <u>국내 Top Tier AI 인력 및 바이오 전문 인력으로 구성된 연구진(박사인력 7명, 석사 인력 9명 등 총 연구인력 21명)이 진취적인 R&D를 통하여 창의적인 AI 신약개발 분야의 기술 및 파이프라인 개발을 위해 기술 개발의 방향성, 신규 연구 및 포트폴리오 구성을 주도하고 있음.</u> • <u>신약개발 분야의 권위 있는 외부 자문단과 공동연구 수행을 통한 플랫폼 및 파이프라인 개발에 대한 검증과 이에 대한 기술성과 전문성을 확보하고 있음.</u> 	회 사 명	(주)에이조스바이오	대표이사	신재민	설립일	2016. 5. 17.	임직원수	28명	사업분야	AI 혁신신약 개발 및 약물전달체 플랫폼	본사주소	경기도 하남시 미사대로 520 현대지식 산업센터 한강미사 2차 D동 724호	AI연구소	서울특별시 마포구 마포대로 109 101동 1702호	홈페이지	www.azothbio.com
회 사 명	(주)에이조스바이오																
대표이사	신재민																
설립일	2016. 5. 17.																
임직원수	28명																
사업분야	AI 혁신신약 개발 및 약물전달체 플랫폼																
본사주소	경기도 하남시 미사대로 520 현대지식 산업센터 한강미사 2차 D동 724호																
AI연구소	서울특별시 마포구 마포대로 109 101동 1702호																
홈페이지	www.azothbio.com																
기술 개요	<ul style="list-style-type: none"> ■ 치료제 발굴 및 개발에서 AI의 필요성 • <u>인공지능(AI, Artificial Intelligence)기술의 발달은 질병의 원인이 되는 작용기전에 따라 적합한 신약 후보물질을 발굴하는데 생물정보학(BI, Bioinformatics)의 빅데이터 활용을 가능하게 하여 신약 개발에 필요한 천문학적인 투자비용과 시간을 단축시켜주고 있음.</u> • 인공지능을 신약개발에 활용하는 것은 전 세계적인 추세로 인공지능 회사의 규모나 연혁에 상관없이 다양한 형태의 협력 및 공동연구가 활발해지고 있음. • 당사는 <u>AI 딥러닝 기반 신규 질병 타겟에 대한 유효물질 도출부터 실제 실험을 통한 검증까지 가능한 신약후보물질 발굴 모델을 구축하였음.</u> • 당사의 플랫폼 iSTAs는 <u>데이터 관리 플랫폼 ArchiSTA, 저분자 신약 개발 플랫폼 Molista, 약물전달체 개발 플랫폼인 DDiSTA로 구성되어 있음.</u> 																

인공지능 신약개발 플랫폼 iSTAs



■ MoliSTA: 저분자 신약 개발 플랫폼

- 당사의 저분자 신약 플랫폼 MoliSTA는 수백만 개의 화합물을 빠르게 탐색하여 타겟 단백질에 대한 효능, 암세포주에 대한 효능, kinase profiling, GPCR profiling, CYP450 profiling 등 저분자 신약개발에 관련된 예측을 수행할 수 있음.



Compound Library



BioDL

MoliSTA's AI



AiKPro



AiCAD



AiSAR



AiGPro



AiP450

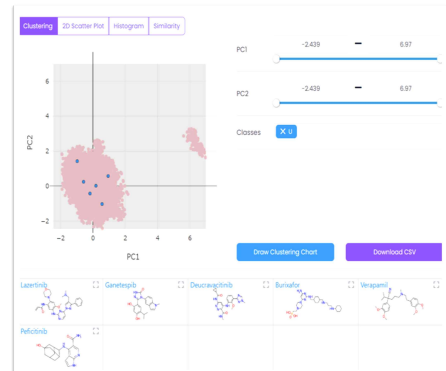
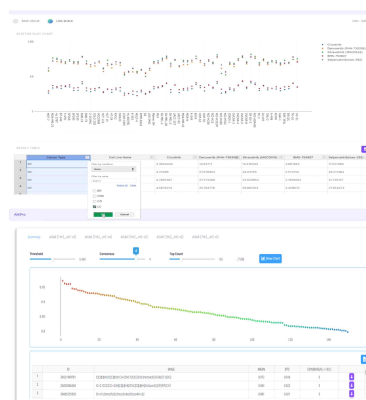


AiMol



Reporter

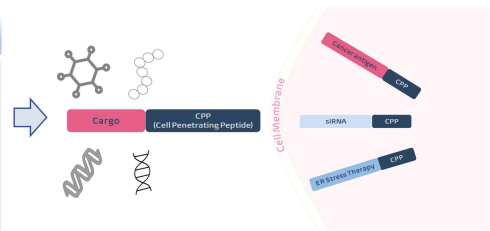
- 또한 화합물에 대한 물성, 예측 결과 등을 분석하여 탐색할 수 있는 플랫폼으로 구성되어 있음.



■ DDiSTA: 약물 전달체 개발 플랫폼

- ❖ 혁신신약의 효율적인 세포 전달 효과 예측 및 면역원성 평가

Figure 1: Schematic representation of the protein structure and the location of the mutation. The top panel shows a protein structure with a dashed box highlighting a region. The middle panel shows a sequence alignment of the protein with the mutation site highlighted. The bottom panel shows a bar chart of the protein structure with the mutation site highlighted.

[illegible]