

NVIDIA BioNeMo ускоряет работу Anthropic Claude Science

Источник: AI News Healthcare

Оригинал: <https://www.artificialintelligence-news.com/news/nvidia-bionemo-accelerates-anthropic-claude-science/>

NVIDIA BioNeMo

биоинформатика

генеративный ИИ

геномика

дизайн лекарств

протеомика

Anthropic Claude Science интегрирует NVIDIA BioNeMo Agent Toolkit для ускорения вычислительных исследований в области наук о жизни

Anthropic запустила публичное бета-тестирование **Claude Science** — рабочей среды на базе ИИ, созданной для научных исследований. Платформа позволяет ученым напрямую взаимодействовать с цифровыми агентами, используя естественный язык для выполнения сквозных исследовательских рабочих процессов. Эта система нативно подключается к **NVIDIA BioNeMo Agent Toolkit**, предоставляя высокопроизводительные вычислительные ресурсы в качестве вызываемых навыков (skills) внутри среды Claude.

NVIDIA создала то, что большинство сочло бы самым комплексным в мире стеком вычислений с ускорением на **GPU** (графических процессорах), содержащим физическое оборудование, программные фреймворки, операционные библиотеки, научные модели, микросервисы и специализированные отраслевые инструменты. Эта аппаратная и программная база позволяет исследователям запускать сложные рабочие процессы и увеличивать скорость итераций.

Интеграция импортирует модели с ускорением NVIDIA, вычислительные библиотеки и микросервисы **NVIDIA NIM** в среду, где ученые проводят свои основные исследования. 18 из 20 крупнейших мировых фармацевтических компаний уже развертывают **NVIDIA BioNeMo** в своих производственных средах, что демонстрирует высокий уровень проникновения технологии в экосистему.

Claude Science преобразует намерения, выраженные на естественном языке, в операционные действия. Исследователям больше не нужно вручную настраивать прогностические модели, устанавливать конечные точки сети или управлять сложными программными средами. Ученый описывает конкретную исследовательскую задачу — например, анализ геномной последовательности, предсказание точной структуры белка или проектирование потенциального молекулярного связующего звена (binder) — а **Claude Science** интерпретирует запрос на обычном тексте и координирует выполнение задачи, используя предварительно настроенных специализированных агентов.

Выполнение сложных рабочих процессов по молекулярному дизайну

Эти специализированные агенты понимают установленные лабораторные и вычислительные протоколы в области геномики, протеомики, анализа единичных клеток, хемоинформатики и клинических исследований. Инструментарий NVIDIA предоставляет этим научным агентам необходимый контекст данных для сопоставления каждого операционного шага с соответствующей возможностью NVIDIA.

Инструментарий упаковывает функции с ускорением NVIDIA в виде конкретных, вызываемых программных навыков. Он предоставляет агентам подробную информацию о точном назначении каждого конкретного инструмента и необходимых входных данных. Такая конфигурация позволяет **Claude Science** выбирать правильный вычислительный инструмент, форматировать валидные входные данные, выполнять обработку на развернутых вычислительных ресурсах NVIDIA и возвращать готовый результат для проверки человеком.

Интеграция устанавливает быстрый итерационный цикл между человеческим научным мышлением и машинным ускоренным вычислительным процессом. Ученые проверяют полученные результаты, уточняют свои конкретные запросы и определяют последующие шаги, полностью сосредотачиваясь на самой сути науки.

Разработка более эффективных ингибиторов для распространенных мишеней рака демонстрирует практическое применение этой развернутой системы. Ученый инициирует процесс, идентифицируя известную мутацию антигена, вызывающую рак. Затем исследователь просит Claude спроектировать множество потенциальных ингибиторов, нацеленных на эту конкретную мутацию. **Claude Science** работает в тандеме с **BioNeMo Agent Toolkit** и микросервисами **NVIDIA NIM**, чтобы ускорить весь цикл высокопроизводительного прогнозирования, оптимизации и последующей валидации ингибиторов.

Ускорение конвейеров обработки геномных данных и данных единичных клеток

Инструментарий предоставляет ученым доступ к ускоренным рабочим процессам и передовым открытым моделям, включая **Evo 2**, **Boltz-2** и **OpenFold3**. Эти модели обеспечивают биомолекулярные возможности, работающие на базе программных библиотек NVIDIA, гарантируя, что автономный агент обладает специализированной научной моделью для каждой отдельной фазы рабочего процесса.

ИИ-агентам требуются специализированные вычислительные инструменты для рассуждения, планирования и выполнения задач в области наук о жизни. Один комплексный рабочий процесс может потребовать от агента создания «отпечатков» (fingerprinting) массивной библиотеки соединений, кластеризации перспективных молекулярных хитов, генерации конформеров для лучших структурных кандидатов, анализа геномного контекста и сравнения ответов на возмущения перед рекомендацией следующего физического лабораторного эксперимента.

Агент работает лишь настолько быстро, насколько быстро выполняются его базовые вычислительные инструменты. **NVIDIA BioNeMo Agent Toolkit** снабжает этих агентов инструментами с ускорением для работы на максимальной скорости оборудования. Геномный анализ, обрабатываемый

через **NVIDIA Parabricks**, сокращается с часов до минут, что позволяет агенту учитывать сложный геномный контекст в операционных решениях практически в режиме реального времени.

Инструмент **RAPIDS-singlecell**, разработанный **scverse**, сокращает рабочий процесс предварительной обработки и кластеризации 1,3 миллиона клеток с 52 минут до 25 секунд. Такое агрессивное сокращение скорости превращает анализ единичных клеток в активную часть цикла рассуждений агента, а не в отложенную пакетную задачу, выполняемую офлайн. **nvMolKit** ускоряет задачи хемоинформатики, такие как поиск сходства и генерация конформеров, до 3000 раз, быстро предоставляя результаты, пока агент итерирует по массивным химическим пространствам.

Стандартизация производственного развертывания с микросервисами NIM

Командам требуются стабильные механизмы развертывания для этих передовых конвейеров моделирования. NVIDIA упаковывает свои открытые биомолекулярные модели в виде микросервисов **BioNeMo NIM**. Они функционируют как готовые к использованию на уровне предприятия конечные точки логического вывода (inference endpoints), адаптированные для производственных сред.

Микросервисы полностью контейнеризированы и имеют предварительно интегрированный, настроенный и ускоренный программный стек, предназначенный для высокопроизводительного логического вывода. Автономный агент взаимодействует с единым стабильным **API** для запуска этих удаленных производственных развертываний.

NVIDIA BioNeMo Agent Toolkit остается открытым и не привязанным к конкретной платформе управления (harness-agnostic). Такое архитектурное решение гарантирует, что одни и те же научные навыки будут стабильно функционировать в различных фреймворках агентов и независимых корпоративных исследовательских платформах.

Инженерные группы могут загрузить инструментарий и связанные с ним научные навыки через ресурсы для разработчиков NVIDIA и репозитории кода на **GitHub**. В ходе активной фазы публичного бета-тестирования Anthropic запрашивает прямую обратную связь от исследователей относительно необходимых программных интеграций и дополнительных отраслевых специалистов.

Перевод выполнен: 16.07.2026 | ai4med.ru

Машинный перевод. Рекомендуем сверять с оригиналом при клиническом использовании.