Click.mAb.

多智能体 AI 抗体设计平台
企业级解决方案

一键实现特定表位抗体从头设计
生成式 AI，助力每一个抗体发现项目

- 前沿生成式算法
- 自然语言交互
- 多智能体协同
- 多人在线协作

科迈生物

目录

01 关于科迈生物 P1

02 核心能力

抗体研发迈向精准设计，AI 算法突破关键瓶颈 P2

特定表位抗体从头设计 P3–P4

抗原表位预测 P5

科研文档撰写 P6

CDR多样性改造 P7–P8

亲和力成熟 P9–P10

单抗人源化 P11

纳米抗体人源化 P12

可开发性评估 P13

03 多智能体协作

智能交互与多智能体协作 P14

04 项目级管理

项目级管理，助力团队协作 P15

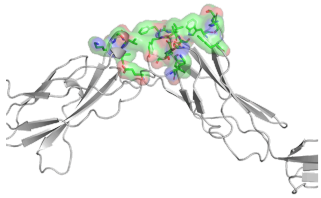
05 合作与服务

三类合作与服务方式 P16

06 联系我们 P17

关于科迈生物

科迈生物（Clickmab）致力于打造全球领先的 AI Native 抗体设计平台，通过自研大模型、海量私有抗体数据和多智能体系统，为全球生物医药企业提供覆盖抗体发现与工程优化全流程的 AI 解决方案。

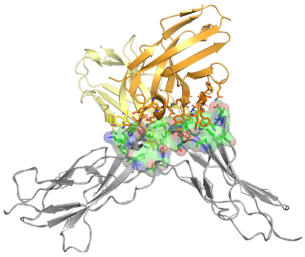


抗原表位

用户指定的功能区域

Click.mAb.

生成式 AI 平台



从头设计抗体

全人源共轻链设计

核心技术优势

自有湿实验数据

依托内部湿实验产生的大量高质量自有数据，确保模型训练的准确性与可靠性

世界领先 AI 算法

自主研发的 AI 抗体设计算法，处于世界领先水平，实现精准高效的抗体设计

AI 智能体技术

基于 AI 智能体技术，实现多智能体协作的全流程自动化抗体研发

核心团队能力

由AI专家、结构生物学家、抗体工程师和湿实验团队组成的跨学科精英团队

核心团队

AI 算法

拥有顶尖的 AI 算法、蛋白语言模型和结构预测团队。

结构生物学

深刻理解蛋白结构与功能的生物物理学原理。

抗体工程

具备资深的抗体工程与药物研发经验。

湿实验

拥有自建湿实验团队，实现计算与实验的快速闭环。

抗体研发迈向精准设计，AI 算法突破关键瓶颈

研发挑战

困难表位难突破

传统方法倾向命中免疫优势区域，针对隐蔽、保守等困难表位，往往难以获得有效抗体。

抗体优化周期长

人源化、亲和力成熟、可开发性优化依赖多轮试错，耗时耗力。

研发效率难提升

周期长、淘汰率高、关键节点风险集中，单靠经验筛选，已难满足行业提速需求。

解决方案

锁定目标表位　实现可控抗体设计

01 特定表位抗体从头设计

无需动物免疫，直接针对特定表位从头生成全新抗体，真正实现从功能需求出发的"指哪打哪"式理性设计。

02 抗原表位预测

已获得多条抗体 binder 时，可以对抗体提前进行基于表位的筛选，选择最有可能具备目标功能的抗体，减少进入后续功能实验验证的抗体数量，降低成本，缩短周期。

03 科研文档撰写

生成靶点调研、文献解读、专利技术交底书与项目总结初稿，提供高效的科研文档支持，节省研发团队的时间和精力。

高效完成工程优化　极致缩短研发周期

04 CDR多样性改造

以母本为锚点，定向扩增 CDR 多样性，产出可直接建库筛选的高质量突变序列集。

05 亲和力成熟

AI 预测的抗原抗体复合物结构，分析残基空间协同关系，识别协同突变位点，通过“1+1>2”的策略，在小规模文库中提升亲和力。

06 单抗人源化

依托大规模人源框架库和 AI 结构预测，从更广的序列空间中匹配最优框架区，精准保持 CDR-框架相互作用，无需回复突变，人源化程度更高、周期更短。

07 纳米抗体人源化

依托AI高精度结构预测与逐步回复突变设计，从结构层面综合评估关键残基作用，尽可能保持亲和力并提升人源化程度，推荐序列更精准、实验成本更低、开发周期更短。

08 可开发性评估

从聚集性、化学修饰、人源性、多反应性，以及黏度（单抗）或热稳定性（纳米抗体）开展可开发性风险分析，辅助研发团队进行候选比较与筛选。

特定表位抗体从头设计

无需动物免疫，直接针对特定表位从头生成全新抗体，真正实现从功能需求出发的"指哪打哪"式理性设计

参考价格 18,888 积分

预计耗时 48 小时

输入 靶点结构及表位信息

计算流程

01 指定目标表位 → 02 预测合适框架区 → 03 生成CDRH3 → 04 多维度评分 → 05 输出报告

核心技术优势

✓ **结构约束的框架筛选**
基于目标表位的空间特征筛选候选框架区，为后续从头设计提供更合适的起始骨架。

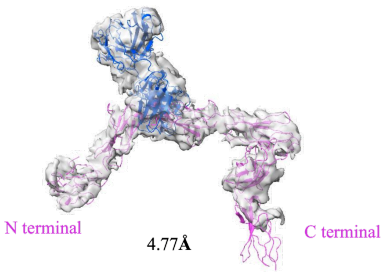
✓ **生成式 AI 设计 CDRH3**
基于生成模型从头设计CDRH3，突破传统模板库与已有 binder 优化路径的限制，拓展候选序列空间。

✓ **多维评分与筛选**
结合模型预测与结构相关特征，对候选序列进行排序和筛选，提高首轮候选输出质量。

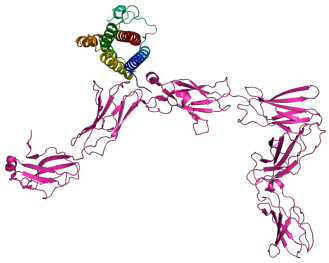
✓ **全链路可追溯报告**
输出候选序列与设计报告，支持后续实验建库筛选。

应用案例

案例1: 针对高难度功能性表位开展从头设计，获得 7 条经 BLI 验证的阳性抗体，KD 达 10^{-7} 至 10^{-9} M；其中 2 条可阻断天然配体结合，并在细胞层面观察到 STAT-3 磷酸化抑制活性，冷冻电镜进一步验证了 P211858 的准确表位



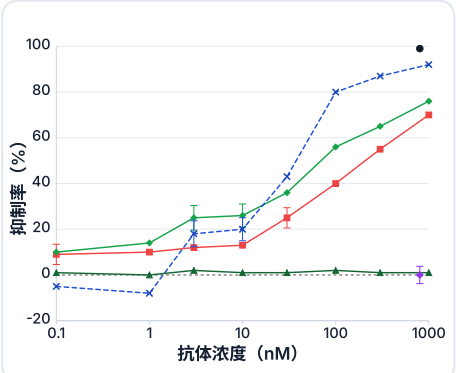
冷冻电镜表位验证



表位预测结果

抗体	KD (M)	ka (M^{-1} s^{-1})	kd (s^{-1})
P95531	**7.10E-07**	2.01E+04	1.43E-02
P211853	**1.03E-07**	1.39E+04	1.43E-03
P211854	**7.60E-09**	8.50E+04	6.46E-04
P211855	**9.62E-08**	9.14E+03	8.79E-04
P211856	**7.04E-08**	9.20E+03	6.48E-04
P211857	**9.35E-08**	9.46E+03	8.84E-04
P211858	**5.87E-09**	9.68E+04	5.68E-04
P211859	**3.97E-09**	1.70E+05	6.75E-04

BLI 亲和力测定结果

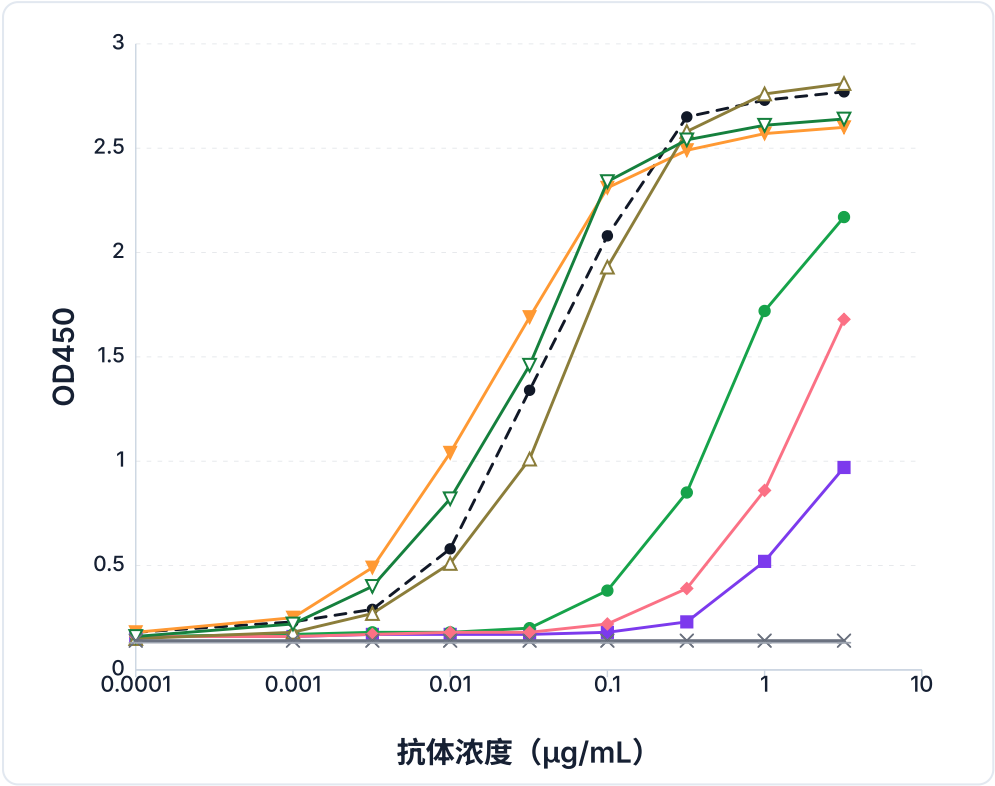


样本	IC50(nM)
P211858	159.5
P211859	68.30
阳性对照	12.53

STAT-3 磷酸化抑制活性

实验验证（续）

结合活性实验



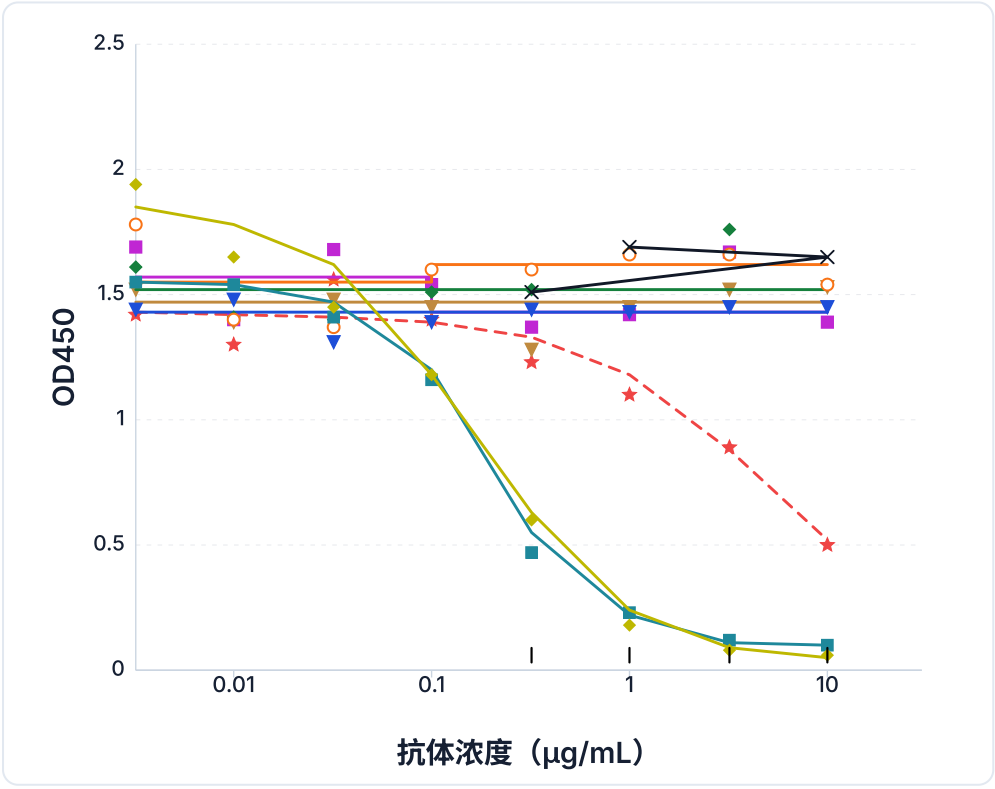
图例

- P95531 (PC)
- P211854
- P211855
- P211856
- P211857
- P211858
- P211859
- NC (IPI)
- BC (1% PBSM)

EC50

样本	数值
P95531 (PC)	0.04748
P211854	0.02238
P211855	1.319
P211856	0.6156
P211857	2.490
P211858	0.06618
P211859	0.03155

配体阻断实验



图例

- P95531 (PC)
- P211853
- P211854
- P211855
- P211856
- P211857
- P211858
- P211859
- NC (IPI)
- BC (1% PBSM)

EC50

样本	数值
P95531 (PC)	9.840
P211853	~ 0.2025
P211854	~ 0.000
P211855	~ 1.004e+029
P211856	~ 0.000
A083 (P211857)	~ 0.1119
P211858	0.2076
P211859	0.1756

抗原表位预测

参考价格 免费

预计耗时 20 分钟

提供抗原结构与抗体序列，INSPIRE-SEEN 模型以极高准确度预测结构性抗原表位，为抗体筛选与差异化设计提供关键依据。较传统实验成本降低百倍，较现有计算方法准确度由 50% 提升至 78%（+28 个百分点），单次预测仅需约 10~20 分钟。

输入 抗原结构及抗体序列

计算流程

01 输入抗原/抗体信息

02 Patch 区域划分

03 亲和力预测打分

04 选择最优 Patch

05 输出表位残基

核心技术优势

✓ **高度准确，持续进化**

准确度较 AF2-multimer 提升 28 个百分点（50%→78%），基于内部海量冷冻电镜数据持续迭代训练。

✓ **极速低成本**

从任务提交到结果产出仅需约 10~20 分钟，较传统湿实验成本降低百倍甚至千倍。

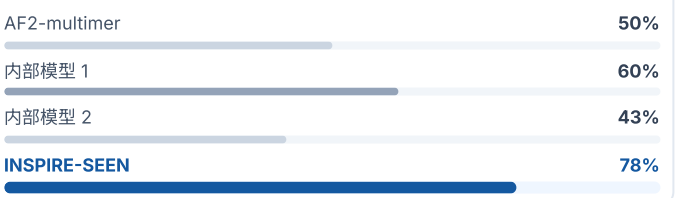
应用案例

案例1： 110 个已知表位测试集对比 — Patch 二分类准确率 78%，最高分 Patch 正确率显著超越竞品

Patch 二分类对比

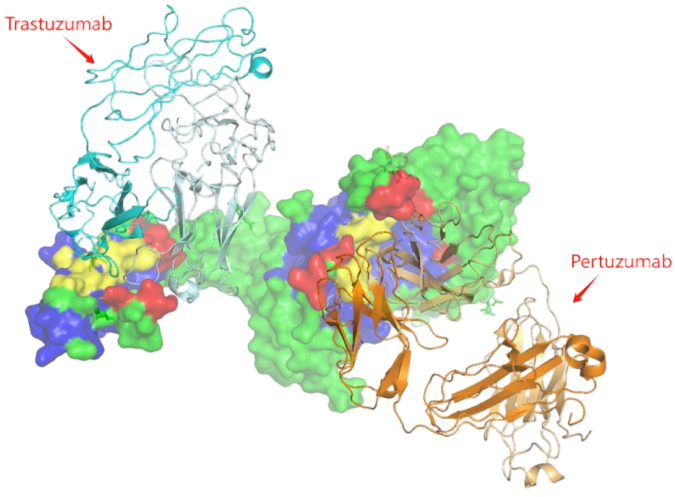
模型	召回率	精确率	AUROC	AUPRC
AF2-multimer	0.40	0.43	0.65	0.48
内部模型 1	0.42	0.52	0.72	0.55
内部模型 2	0.27	0.34	0.58	0.37
INSPIRE-SEEN	**0.52**	**0.55**	**0.71**	**0.60**

最高分 Patch 正确率



案例2： HER2 × Trastuzumab / Pertuzumab — AI 模型预测表位与真实结合表位高度重叠

输入 HER2 抗原晶体结构及 Trastuzumab、Pertuzumab 抗体序列，INSPIRE-SEEN 模型对结构与序列特征进行深度学习分析，输出高可信度的潜在表位预测。结果显示模型预测的表位 patch 与真实结合表位存在重叠，且正确区分两条抗体的不同结合位置。



预测结果对比图例

- 抗原晶体结构
- 真实结合表位
- AI 预测最高分 patch
- 预测与真实重叠区

科研文档撰写

整合公开证据与项目记录，生成结构化科研文档，覆盖靶点调研、文献解读、专利技术交底书与项目总结报告。

输入 靶点名称、PDF 文献、专利申请相关数据或项目数据

计算流程

01 明确研究目标 → 02 收集相关资料 → 03 整理与评价证据 → 04 生成结构化初稿 → 05 复核与完善

核心能力

靶点调研

评估靶点生物学、疾病相关性、成药性、表位及竞争格局。

交付内容

附来源标注的靶点评估报告，梳理机会、风险与研究重点，支持项目讨论。

文献解读

解析 PDF 文献的研究问题、方法、主要发现及结论依据。

交付内容

将主要发现与图表证据对应，形成包含局限性分析与研究启示的结构化解读。

专利技术交底书

系统整理分子设计、创新点、方法、结果及序列信息。

交付内容

生成供发明人与专利代理复核的交底书初稿，规范记录 VH/VL、CDR、SEQ ID，并标注待补信息。

项目总结报告

项目目标、设计迭代、计算分析、实验结果与决策记录。

交付内容

形成涵盖项目进展、关键发现、待解决问题及下一步计划的总结，支持评审与交接。

应用展示



CDR多样性改造

参考价格 12,888 积分

预计耗时 2 小时

抗体的特异性与亲和力主要由 CDR 决定。基于 AI 的结构导向设计，在保持结构稳定性与亲和力的同时系统性探索序列空间，构建更小规模、更高质量的突变文库，获取相同功能抗体更大范围的序列多样性。

输入 抗体序列；按任务需要提供抗原序列或复合物结构

计算流程

01 输入抗体 / 抗原序列或复合物结构

02 CDR 区域识别（多编号体系）

03 结构预测与优化

04 饱和突变设计与能量评分

05 输出候选序列库与报告

核心技术优势

✓ **结构导向的突变设计**
在三维结构层面评估每个突变的影响，自动识别抗原接触残基与结构支撑位点，量化突变影响以缩小有效范围。

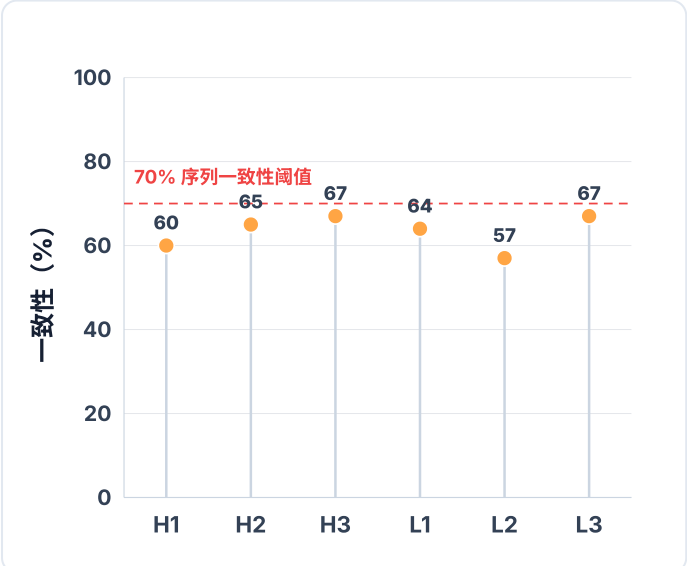
✓ **智能的序列空间采样**
基于物理化学性质与进化信息定向采样，支持位点级保护策略（avoid/include）及 N/C 端边界灵活调整。

✓ **多编号体系兼容**
支持 Kabat、Chothia、IMGT、AHO 四种主流编号体系及 ALL 并集模式，确保与不同数据库和文献兼容。

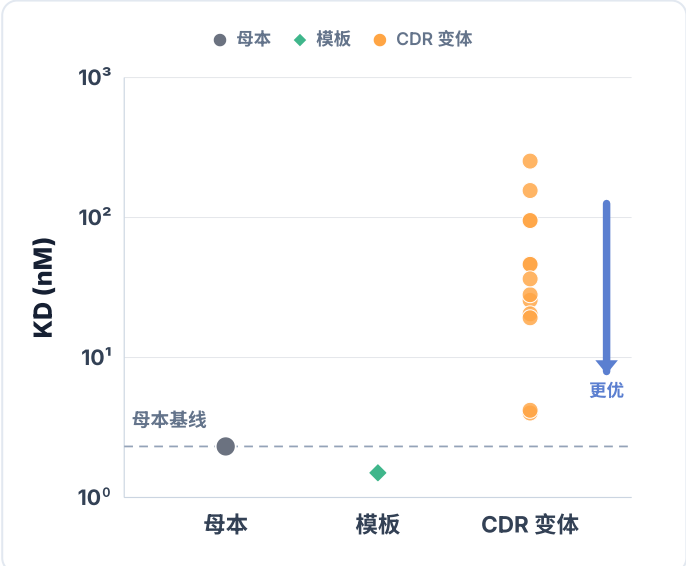
✓ **双分支工作流程**
序列分支全自动建模无需人工；结构分支基于复合物结构提供更精确的能量计算与位点特异性分析。

应用案例

案例： 以 Trop2 抗体为母本，在所有 CDR 序列与母本一致性均低于 70% 的条件下构建多样化文库，并对代表性候选开展表达、纯化及生物物理性质测试。实验结果表明，结构导向的 CDR 多样化设计能够在显著扩展序列空间的同时，保持良好的开发潜力：抗体重链、轻链的 CDR 1/2/3 序列与母本序列一致性均低于 70%，共有 2 个候选仍保持超过母本 50% 的亲和力，11 个候选的表达量达到母本 50% 以上，8 个候选的 SEC-HPLC 纯度优于母本。



A 各 CDR 与母本序列一致性（均 <70% 多样化阈值）

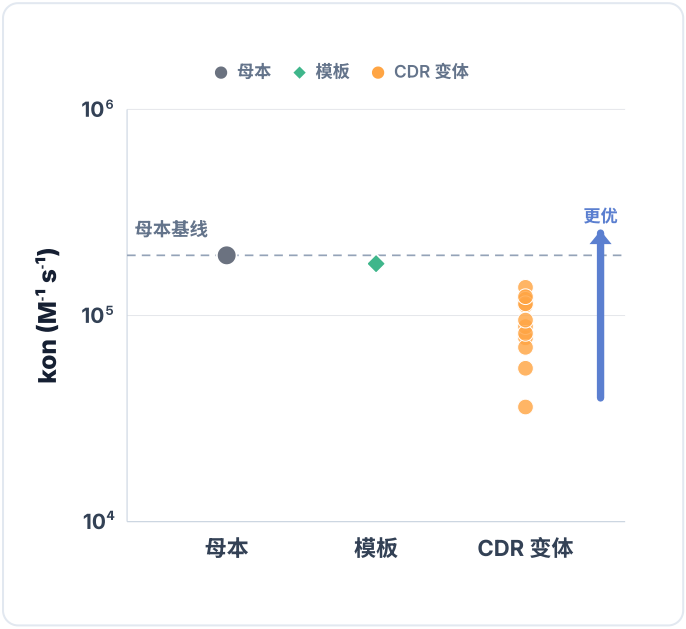


B 亲和力 KD（nM，越低越优）

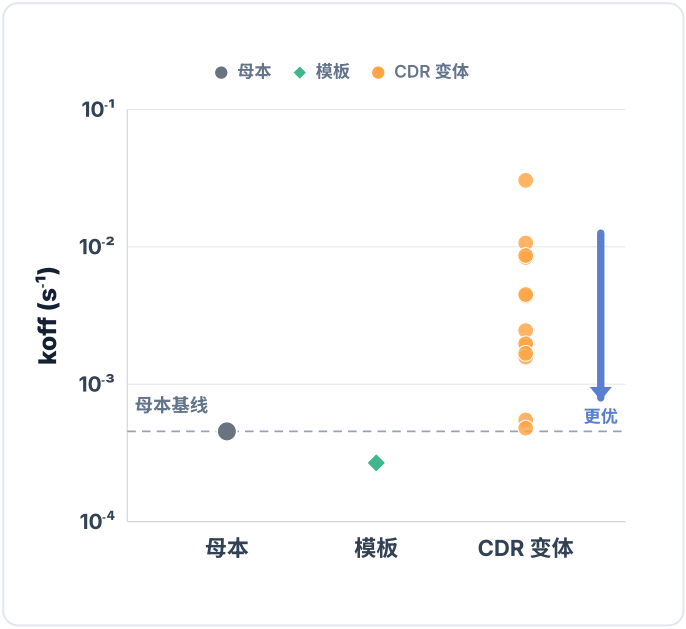
CDR多样性改造

多样化候选在动力学（k_{on} / k_{off}）、表达量与纯度等可开发性维度上的综合表现，母本、模板与多样化设计（n=13）横向对比。

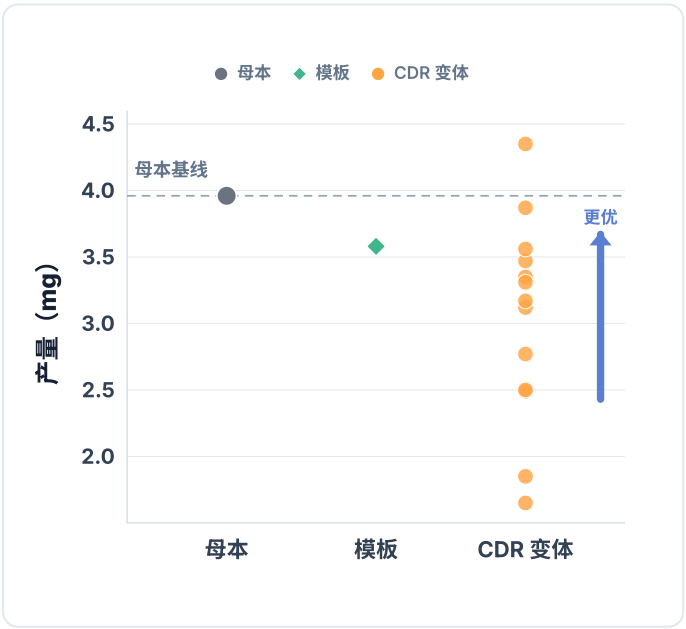
应用案例（续）



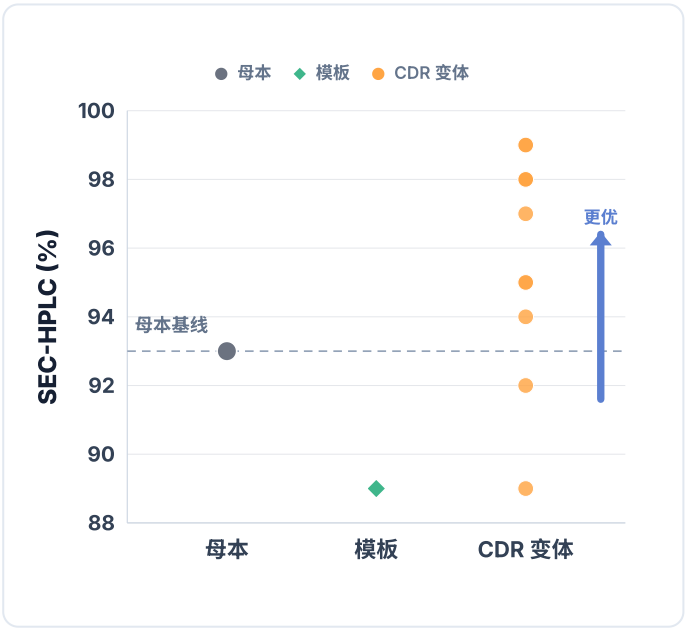
C 结合速率 k_{on}（1/Ms，越高越优）



D 解离速率 k_{off}（1/s，越低越优）



E 表达量（mg，越高越优）



F 纯度 SEC-HPLC（%，越高越优）

亲和力成熟

参考价格 9,888 积分

预计耗时 3 小时

AI 预测的抗原抗体复合物结构，分析残基空间协同关系，识别协同突变位点，通过“1+1>2”的策略，在小规模文库中提升亲和力。

输入 抗原及抗体序列，或抗原抗体复合物及链ID，表位约束信息

计算流程

01 输入抗原抗体序列

02 AI 结构预测

03 AI 突变分析

04 突变位点选择

05 构建多个子库

核心技术优势

✓ **多模型融合突变评估**

结合蛋白语言模型、逆折叠模型与复合物结构分析，从序列进化、结构接触和残基兼容性等多个维度评估候选突变。

✓ **结构驱动的亲和力优化**

基于 AI 预测的抗原-抗体复合物三维结构，识别可能提升结合能力的关键位点，而非依赖经验或大规模随机扫描。

✓ **协同突变挖掘与智能排序**

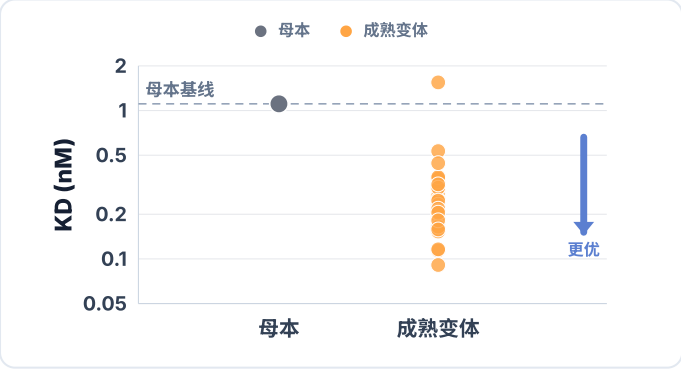
通过超参数优化与空间协同分析，发现可能具有“1+1>2”效果的突变组合，并对候选位点进行优先级排序。

✓ **紧凑型子库自动设计**

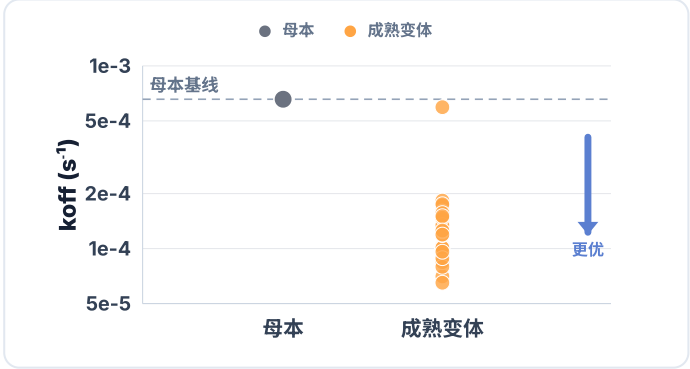
围绕 FWR/CDR 优选突变自动生成多个紧凑型子库，减少无效实验，并输出结构、评分和风险注释等综合报告。

应用案例

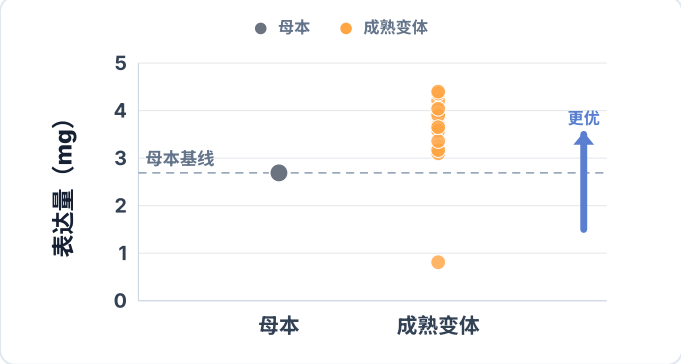
案例： 平台通过突变轻链构建小规模文库获得 32 条成熟抗体，大多数亲和力提升超 3 倍，最佳抗体 KD 由 1.11 nM 降至 0.091 nM；同时 31/32 个样品表达量高于母本，纯度多数超过 90%，兼顾活性与可开发性。



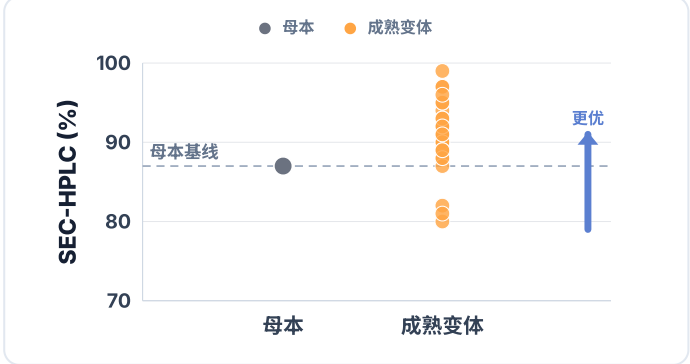
亲和力 KD（核心指标，越低越优，n=32）



解离速率 kdis（越低越优，n=32）



表达总量（mg，越高越优，n=32）



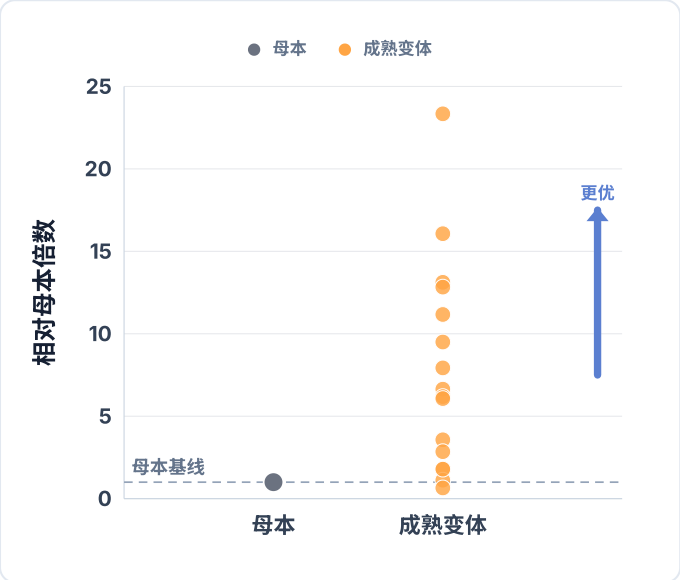
纯度 SEC-HPLC（越高越优，n=32）

亲和力成熟 · 案例补充

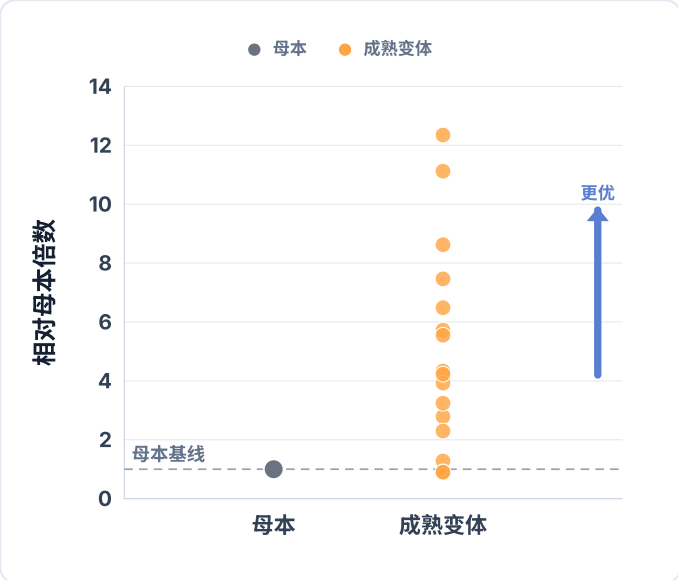
重链 + 轻链协同优化，最佳候选亲和力较母本提升 23.3 倍。

应用案例

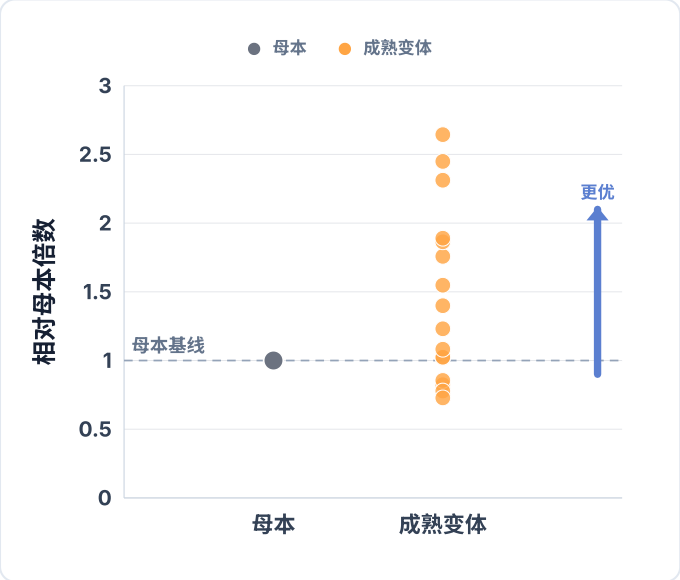
案例： 本批次正式纳入 16 条成熟抗体，结合重链与轻链协同设计。以母本（C48）为基准 1.0，绝大多数候选在亲和力（KD 提升倍数）、解离速率 k_{off} 与结合速率 k_{on} 上均优于母本，最佳候选亲和力提升达 23.3 倍、k_{off} 改善约 12.4 倍，多条候选表达量同步高于母本，兼顾结合性能与可开发性。



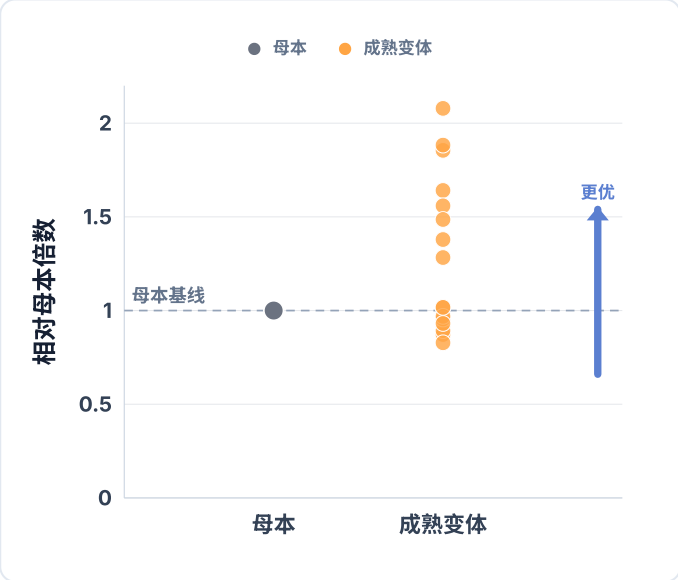
亲和力提升倍数（越高越好；n = 16）



解离速率改善倍数（越高越好；n = 16）



结合速率提升倍数（越高越好；n = 16）



相对表达倍数（越高越好；n = 16）

单抗人源化

参考价格 2,888 积分

预计耗时 4 小时

依托大规模人源框架库和 AI 结构预测，从更广的序列空间中匹配最优框架区，精准保持 CDR-框架相互作用，无需回复突变，人源化程度更高、周期更短。

输入 母本抗体 VH 与 VL 序列

计算流程

01 输入母本单抗序列

02 AI 生成框架区库

03 移植 CDR 至框架区

04 AI 模型打分筛选

05 输出报告

核心技术优势

✓ **智能框架区匹配**

突破传统相似框架限制，结合结构兼容性在更大人源框架空间中筛选更适合支撑母本 CDR 的候选框架。

✓ **结构驱动的亲和力保持设计**

基于 AI 预测的抗体三维结构，评估 CDR 与框架区相互作用，提升人源化后维持亲和力的成功率。

✓ **无需回复突变**

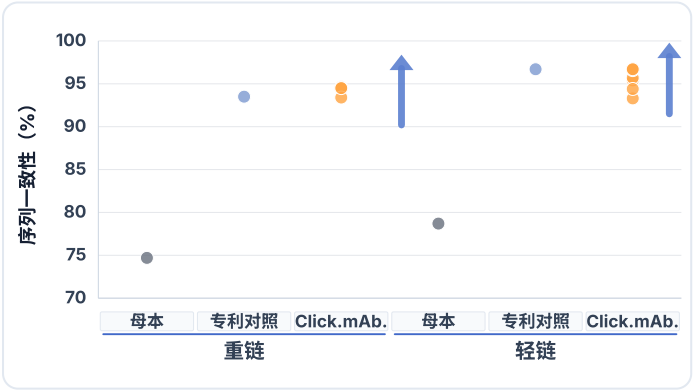
基于结构兼容性与人源框架智能筛选，无需回复突变即可获得高质量候选抗体。

✓ **多维候选筛选与推荐**

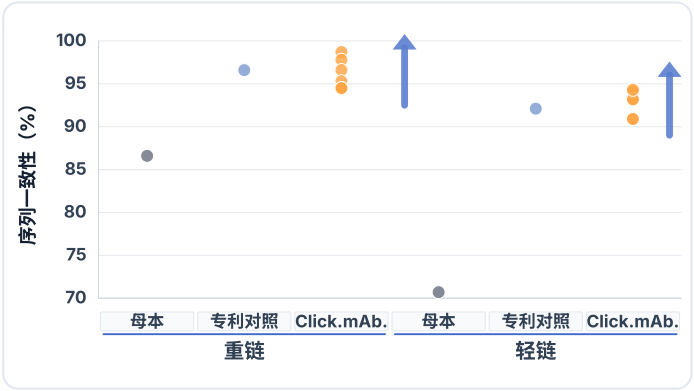
结合人源化程度、稳定性及预测生物物理特性对候选序列进行评分、聚类与筛选，输出更优推荐方案。

应用案例

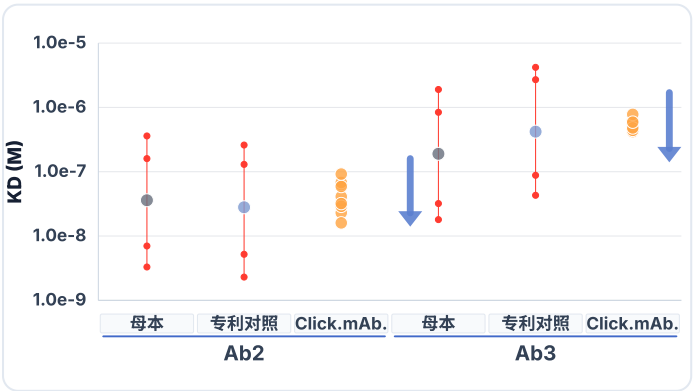
案例： 在与某国外药企客户的合作项目中，针对客户提供的 2 条鼠源单抗 Ab2 和 Ab3 进行人源化改造。各设计 10 条便获得至少 1 条全面优于专利报道分子的抗体，人源化程度 90%~95%。



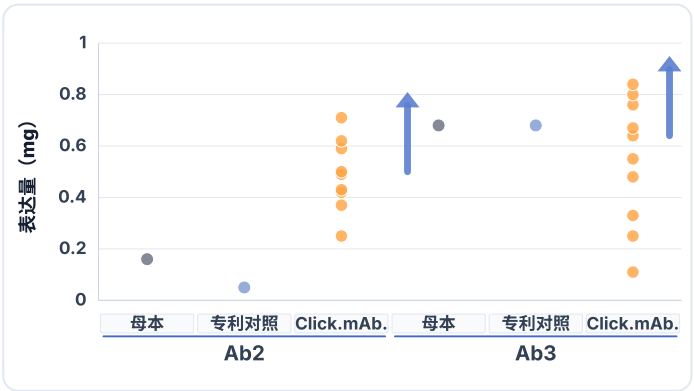
人源化程度 (Ab2)



人源化程度 (Ab3)



亲和力



表达量 (4ml 体系)

纳米抗体人源化

参考价格 2,888 积分

预计耗时 30 分钟

依托 AI 高精度结构预测与逐步回复突变设计，从结构层面综合评估关键残基作用，尽可能保持亲和力并提升人源化程度，推荐序列更精准、实验成本更低、开发周期更短。

输入 母本 VHH 序列

计算流程

01 输入 VHH 序列 → 02 AI 结构建模 → 03 人源框架筛选 → 04 关键位点优化移植 → 05 AI 多维打分筛选 → 06 输出报告

核心技术优势

✓ **专用框架筛选**
面向单域抗体人源化需求，从人源 Germline 框架中智能筛选更适合支撑 VHH CDR 的候选框架。

✓ **特有位点优化**
重点考虑 VHH 特有框架区残基、DE loop 及关键结构位点对构象、表达和稳定性的影响。

✓ **递进式关键残基回复设计**
围绕框架-CDR 界面、Vernier 区、核心结构残基等关键位点，逐步优化回复突变，平衡功能保持与高人源性。

✓ **多维风险与性质评估**
结合人源化程度、结构稳定性、理化性质和风险位点等多维指标，对候选序列进行评分与推荐。

应用案例

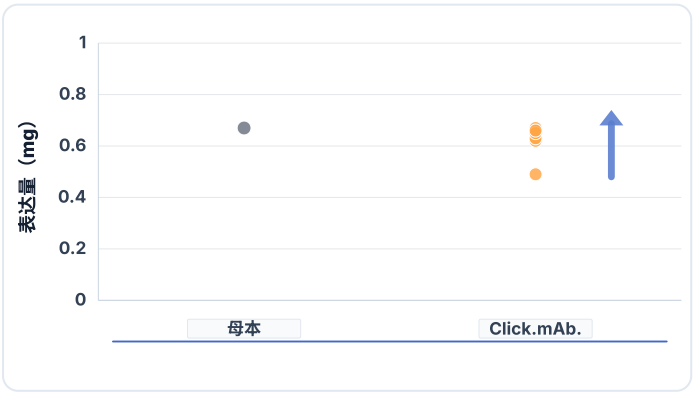
案例： 推荐 7 条人源化序列，人源化程度 89%–94%，4 条亲和力进一步提升，大部分人源化序列的表达量与母本相当。SEC-HPLC 分析显示主峰纯度均超过 90%，聚集体含量低，表明人源化改造未严重影响其表达和基本的理化性质。



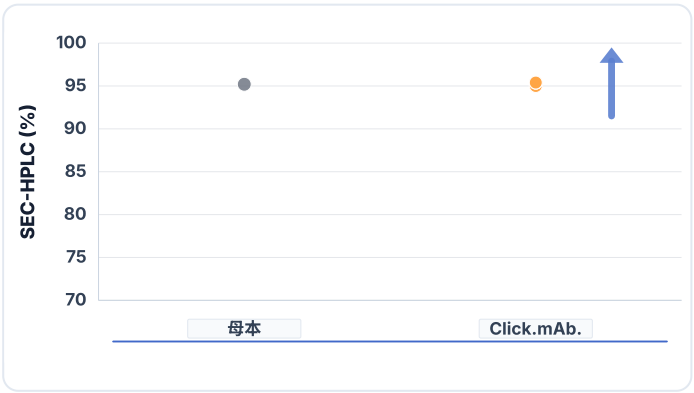
人源化程度



亲和力



表达量



纯度

可开发性评估

参考积分 5 积分/抗体

预计耗时 5 分钟/抗体

从聚集性、化学修饰、人源性、多反应性，以及黏度（单抗）或热稳定性（纳米抗体）开展可开发性风险分析，并输出风险评估结果与量化指标，辅助研发团队进行候选比较与筛选。

输入 单抗 VH/VL 序列或 VHH 序列

计算流程

01 输入抗体序列

02 预测抗体结构

03 按抗体类型开展分析

04 计算指标并标注风险

05 展示评估报告

评估维度

四项共同维度 单抗 + VHH

聚集性
SEC 筛选通过概率、可开发性指数（DI）及表面疏水斑块评分（PSH）。

化学修饰风险
识别潜在氧化、脱酰胺等风险位点，标注残基与位置。

人源性
相对于人源抗体参考集的 OASis 百分位数。

多反应性
PSR 分类概率及正电荷斑块指标（PPC）。

按分子类型选择的第五维度

单抗 **黏度**
DeepViscosity 预测概率、SFvCSP 及 Fv 表面电荷。

VHH **热稳定性**
TEMPRO 预测熔解温度（T_m，°C）。

应用展示



报告节选

五维评估雷达图：聚集性评估指标示例

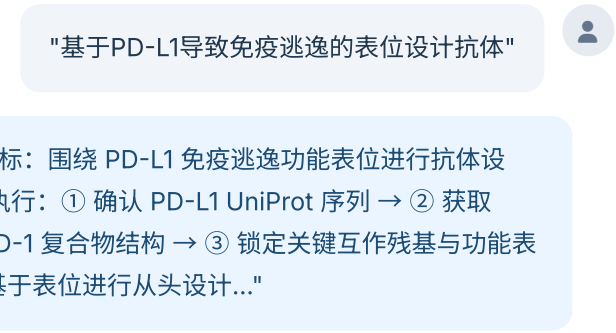
智能交互与多智能体协作

无需学习复杂工具链，用自然语言驱动专业能力。多智能体协同工作，核心算法与轻量工具按需调度，让研究者专注于科学判断。

自然语言交互

用对话代替操作
零门槛驱动 AI

研究人员通过自然语言描述研发需求，平台自动解析意图、选择算法、编排流程并输出结果。无需编程或手动配置参数。



多智能体协作

四大专业助手
自主协同决策

每个智能助手都具备独立专业能力，由协同引擎统一调度，在同一轮对话中完成协作。

抗体设计助手

理解需求、调用工具、输出报告，为研究人员提供专业建议与支持。

可视化助手

3D 结构、风险位点、设计报告，将计算结果直观展示。

风险评估助手

人源性、聚集性、化学稳定性等成药性风险多维评估。

下一步建议助手

基于当前数据给出下一步建议与路径优先级。

智能调用架构

核心计算流程
+ 轻量工具调用

平台将复杂算法流程与轻量工具统一封装，智能助手根据任务需求自动编排调用链路。



项目级管理，助力团队协作

让算法能力与组织管理深度融合，从个人工具升级为团队级研发基础设施，实现研发资产的持续沉淀与复用。

多路径并行

多路线并行推进
决策依据随时回溯

设计路线自动归档

同一项目下可同时推进多条设计路线，所有分支自动归档，历史决策依据一目了然，随时可回溯、可对比。

个人探索 → 团队讨论

串联独立验证
与协同推进

AI 助手全程随行

无论是个人探索还是团队评审，AI 助手在每个环节随时待命，提供序列分析、文献检索与方案推荐等即时支持。

知识自动沉淀

经验不随人走
沉淀为团队资产

项目知识库自动汇聚

项目资料、计算结果与讨论记录自动汇入项目知识库，团队基于同一份信息开展判断与决策，杜绝信息孤岛。

可复盘·可追溯·可交接

项目全过程可复盘、可追溯、可交接。研发经验不再沉淀在个人手中，而能真正转化为可持续复用的团队资产。

协作空间

面向研发团队与高校科研院所的协作空间

企业版　教育版

联系获取报价 ›

- 成员共享用量
- 多人在线协作
- 轻量小工具无限使用
- 专属支持与培训

三类合作与服务方式

从标准化平台到定制化合作，我们提供灵活的合作模式，助力抗体研发更高效、更可控。

01

AI PLATFORM

AI 抗体设计平台

标准化 AI 能力，
自助使用或专属部署

- **线上平台**
  注册即用，灵活高效

面向科研团队的标准化 AI 抗体设计与优化平台，覆盖靶点调研、特定表位抗体从头设计、CDR 多样性改造、亲和力成熟、人源化等关键研发环节，平台能力持续迭代。

- **私有化部署**
  数据可控，安全合规

将 Click.mAb. 部署至专属云环境，为团队提供独立的数据空间、权限体系与平台能力，满足数据安全、合规管理与内部知识沉淀需求。

02

R&D SERVICES

抗体研发服务

AI 计算 + 专家团队 + 湿实验验证

- **联合开发**
  共建管线，共同推进

面向已有明确管线方向或靶点目标的合作伙伴，双方共同定义研发目标、技术路径与验证方案，结合 AI 设计与实验验证能力，围绕关键里程碑推进抗体发现与优化项目。

- **干湿结合抗体设计服务**
  端到端执行，交付研发结果

围绕具体抗体研发需求，结合 AI 计算设计与湿实验能力，完成候选分子设计、建库筛选、表达验证、亲和力检测及结果分析，形成从计算设计到实验验证的一体化研发闭环，并交付可进一步推进的候选分子及完整结果。

03

FDE SOLUTIONS

FDE 研发工程服务

将 AI 能力嵌入企业研发流程

- **FDE 技术服务**
  业务优先，结合实际

面向希望建设自有 AI 研发平台或智能工作流系统的团队，围绕抗体发现、设计、优化与评估等真实研发场景，提供需求梳理、流程设计、智能体能力规划、工具接入与平台搭建等定制化服务，帮助客户形成可使用、可迭代的内部 AI 核心研发能力。

为什么选择我们？

无论哪种合作方式，我们都致力于为合作伙伴提供专业、灵活、可靠的支持。

专业的技术能力
经过多项公开案例验证的算法与研发经验

灵活的合作模式
支持多种合作方式，适配不同项目阶段

重视数据安全
提供完善的数据管理方案，保障核心数据

专业的服务团队
兼具计算与实验背景，提供全流程支持

合作流程

01 **需求沟通**
了解您的研发目标与需求

02 **方案定制**
合作方式与实施方案

03 **执行落地**
项目启动与持续推进

04 **持续支持**
定期沟通，确保项目顺利进行

联系我们

期待与您携手，利用生成式 AI 技术重新定义抗体研发，共同推进下一代创新药物的发现进程。

业务联系

电子邮箱
bd@clickmab.com

官方网站
www.clickmab.com

苏州办公室
苏州工业园区星湖街218号生物医药产业园A3栋B09

北京办公室
北京市昌平区生命科学园医科路9号院2号楼2层C226-1室

关注与咨询

了解平台动态

进入交流社群

商务咨询对接

Click.mAb.

立即开启下一代
AI 驱动抗体研发之旅

合作咨询

扫码或邮件联系我们，获取一体化解决方案。

bd@clickmab.com

www.clickmab.com