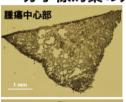
平成 24 年度 成果報告

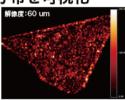
全ゲノム配列解読・分子イメージング技術を組み合わせた 革新的創薬研究手法の開発と個別化医療の実現

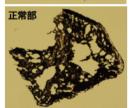
国立がん研究センター中央病院、研究所

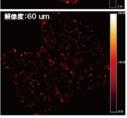
目的:全ゲノム配列解読および新規分子イメージング技術であるマスイメージングを活用し新しい抗がん剤開発を含めた 治療法、治療戦略を開発する。また、薬物の吸収・分布・代謝・排泄に関わる個人差を探索し、治療効果および 副作用を予測し最適な治療法を構築する。

ヒト腫瘍手術検体における 分子標的薬の分布を可視化









島根大学医学部 呼吸器・臨床腫瘍学との共同研究 腫瘍中心部と正常部を比較して. 腫瘍選択性があることが示された。

動物モデルにおける分子標的薬の分布を可視化.

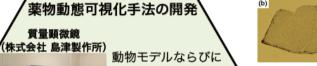


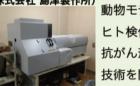






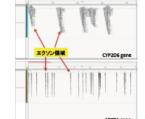
(a) 腫瘍組織における 薬剤分布 (b) 肝臓に おける薬剤分布 ,(c) 壊死部への特異的蓄 積を高解像度で可視 化 (解像度 10 um)





ヒト検体を用いた既存 抗がん剤を可視化を行う 技術を開発

薬剤投与後30分で腫瘍組織に薬剤は到達し、腫瘍部と 比較すると壊死部へ蓄積する傾向が認められた



PGx gene の 効果的な濃縮

エクソン領域が 特異的に解読 されている。

革新的技術を用いた

質量顕微鏡による

新規医薬品の

開発促進

国立がん研究センター および PMDA 人材交流

平成24年10月より交流開始





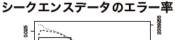
クタイプ 次世代シーケンサーに

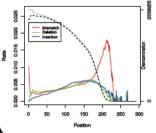
よる全ゲノム解析手法の構築

lon proton

DNA サンプルからの PGx genes の効果的な 濃縮と高速シークエンサ

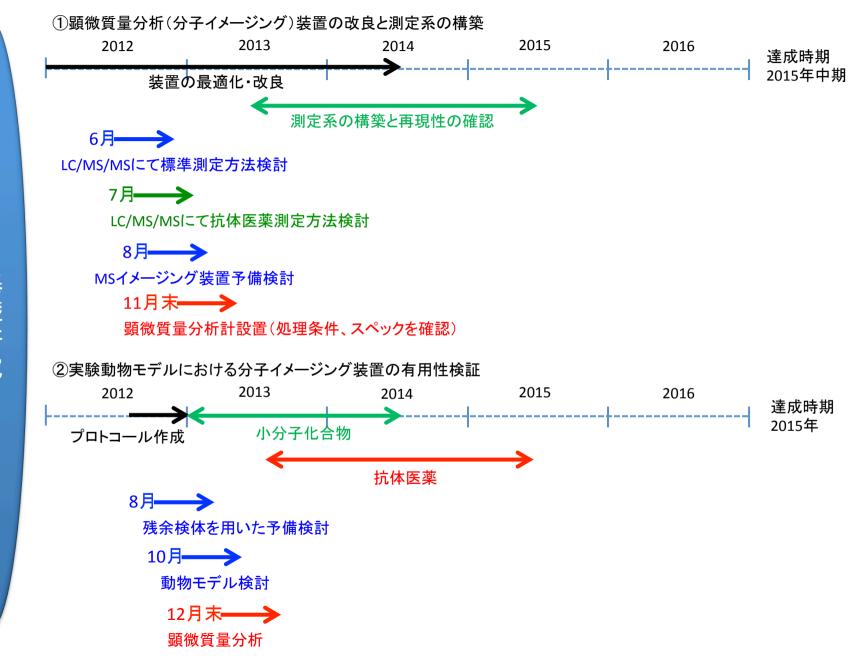
解読の条件検討





175 残基までは 1%以下のエラー率

分子イメージングを用いた革新的創薬研究手法のロードマップ(平成24年度①)



分子イメージングを用いた革新的創薬研究手法のロードマップ(平成24年度②)

