

後藤 雅将

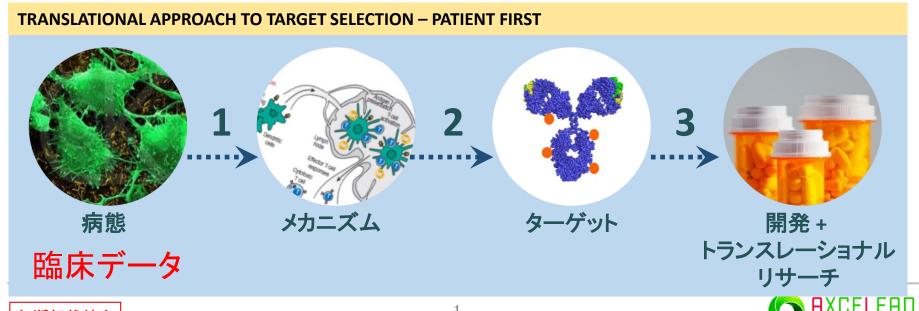
Therapeutic Area (薬理) リサーチマネージャー

Axcelead Drug Discovery Partners, Inc.



"Traditional Approach "から"Translational Approach"へ

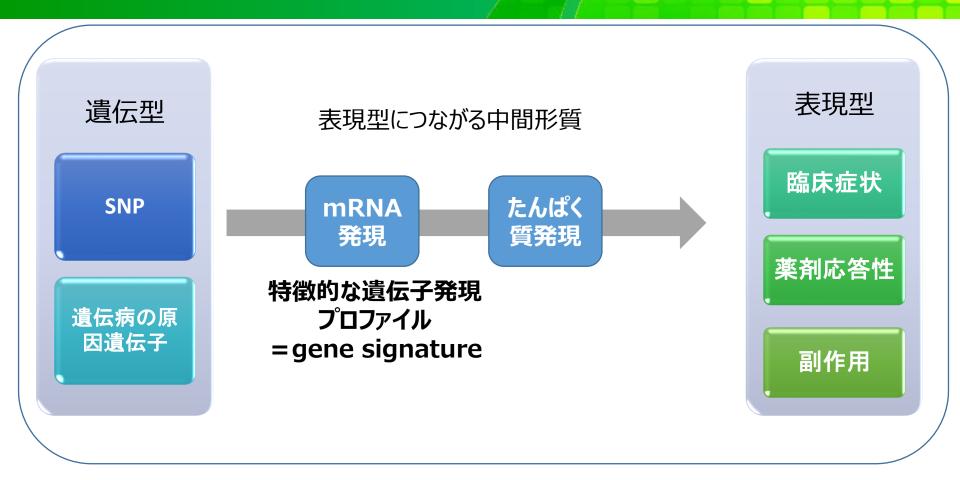




- 1. 臨床の網羅的遺伝子発現データから創薬コンセプト(仮説)の 探索
- 2. Gene Signatureを用いた創薬標的の探索
- 3. In vitro/in vivoにおける仮説の検証



Gene signatureとは



表現型を説明する指標としてのgene signatureを有効に活用する



- 1. 臨床の網羅的遺伝子発現データから創薬コンセプト(仮説)の 探索
- 2. Gene Signatureを用いた創薬標的の探索
- 3. In vitro/in vivoにおける仮説の検証



IBDの腸管上皮における分子病理の解明





Mucosal Gene Expression of Antimicrobial Peptides in Inflammatory Bowel Disease Before and After First Infliximab Treatment

(PLoS One. 2009 Nov 24;4(11):e7984)

健常人 (Colon N=6)



クローン病患者(CD)* (Colon N=19)



<u>Infliximab (抗TNFα抗体)</u> 処置(4-6week)

いなお

(Colon N=12)

ノンレスポンダー(NR) (Colon N=7)

レスポンダー(Res)**

腸サンプルの遺伝子発現データ [GSE16879]

Group	n
Colon_control	6
Colon_CD_After.NR 7	
Colon_CD_After.Responder	11
Colon_CD_Before.NR 7	
Colon_CD_Before.Responder	12



^{*} reflactory to corticosteroids and/or immunosuppression.

^{**} defined as a complete mucosal healing with a decrease of at least 3 points on the histological score (CDc)

抗TNF-α抗体治療後の腸管における 遺伝子発現の異常

Inflamm Bowel Dis. 2018;24(6): 1251-65

9872
genes
Mucosal CD
signature
(CD vs Healthy)

Infliximab
(4-6w)

2061 genes

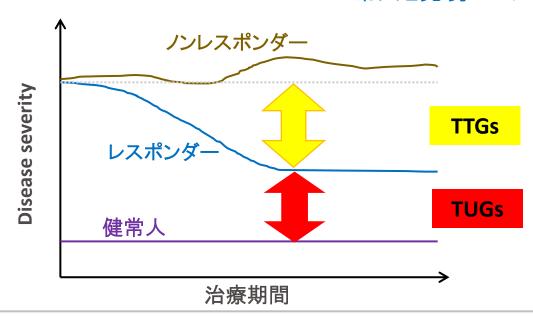
3545 genes

"Anti-TNF therapy Treatable Genes (TTGs)"

抗TNF抗体で治療を行って健常人と同様な発現レベルに戻った遺伝子群

"Anti-TNF therapy Untreatable Genes (TUGs)"

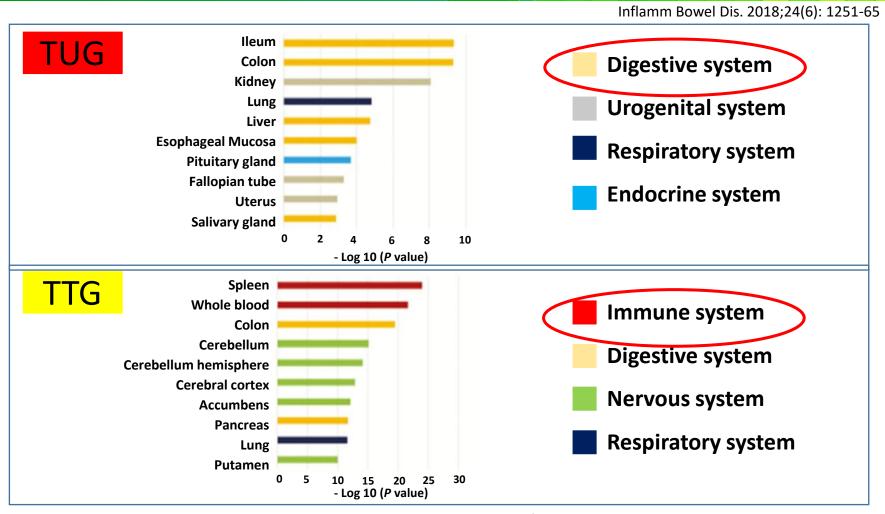
抗TNF抗体で治療を行っても、まだ健常人と発現レベルが異なる遺伝子群





TUG・TTGの解析

- RNA sequence-based NextBio Body Atlasによる解析 -

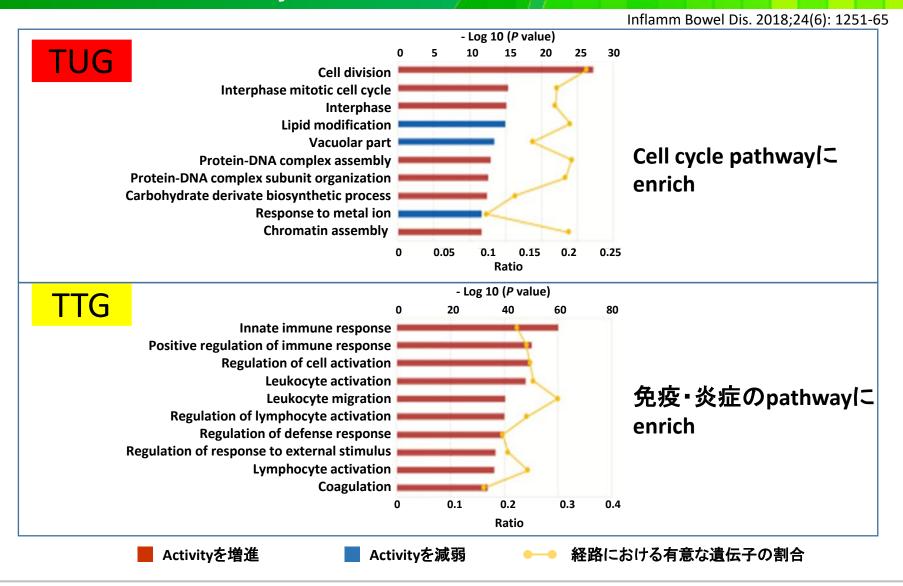


- ✓ TUGは下部消化器器官に発現が集中
- ✓ TTGは脾臓など免疫組織に発現が集中



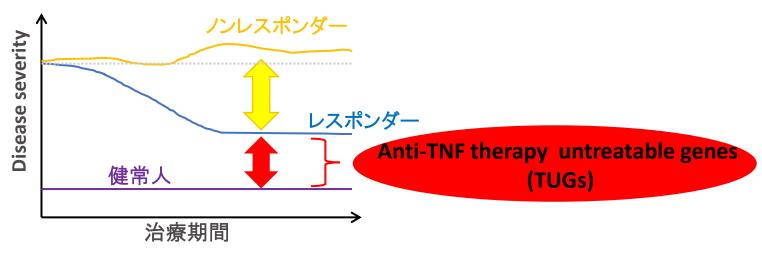
TUG・TTGの解析

- Nextbio Pathway enrichment 解析 -





Anti-TNF therapy untreatable genes (TUGs)解析 からの創薬コンセプト



▶TUGのキャラクター

- ✓ 細胞: 大腸や小腸の細胞
- ✓ 生物学的機能

Biological concepts

- Cell cycle ↑
- 2. DNA repair↑
- 3. Adherens junction ↓
- 4. Cancer signaling ↑
- 5. PI3K/mTORC ↑
- 6. Hypoxia↑
- 7. Lipid metabolism↑↓



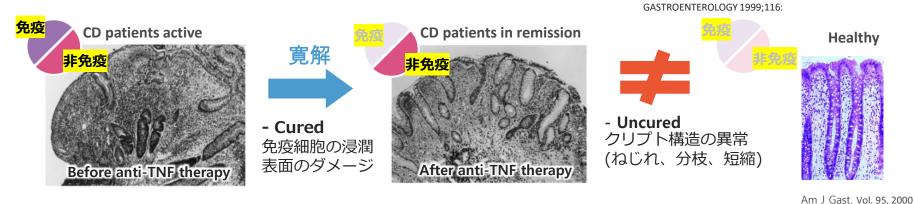
ポテンシャル創薬コンセプト

- Imbalance of IEC differentiation/proliferation
- Impaired redox homeostasis
- Increased ER stress/ impaired autophagy induction
- Impaired lipid β-oxidation
- Increased permeability

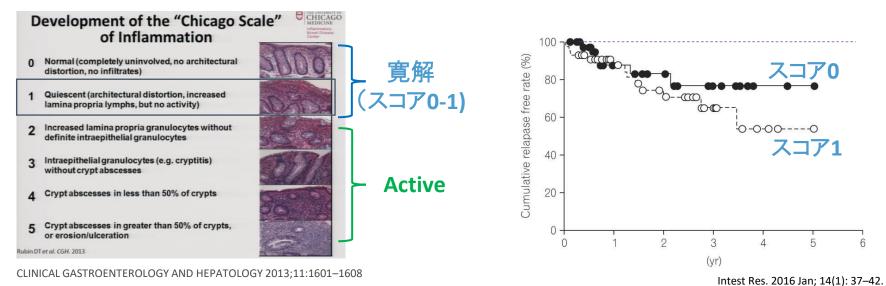


抗TNFα抗体治療の現状

1. 抗TNFα抗体治療で寛解を達成してもクリプト構造に異常が残っている



2. クリプト構造に異常があるUCの患者はrelapse-free 率が低い



AXCELEAD

Orug Discovery Partners

1. 臨床の網羅的遺伝子発現データから創薬コンセプト(仮説)の 探索

- 2. Gene Signatureを用いた創薬標的の探索
- 3. In vitro/in vivoにおける仮説の検証

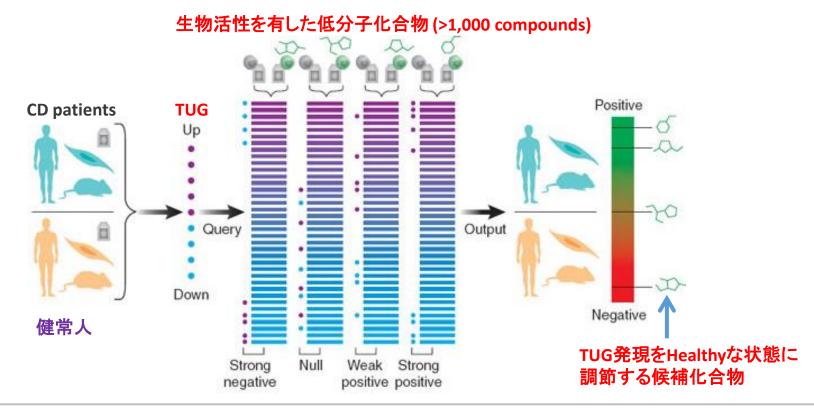


CMAPを使った解析

- TUGを健常人の状態へ導く可能性のある創薬標的の探索 - -

> The Connectivity Map (CMAP)

- ✓ 生物活性を有する低分子化合物で処置したヒト培養細胞からのゲノムワイドな転 写発現データを集積したデータベース。
- ✓ 共通する遺伝子変化の一時的な特徴を通して、薬物と疾患の機能的関連性を見出すことが出来る。

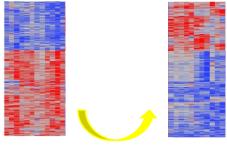


CMAPを使った解析

- TUGを健常人の状態へ導く可能性のある創薬標的の探索 -

TUGと相関を示す上位10化合物





健常人の状態へ戻す

TUGsと負の相関を 示す化合物の探索

CMAP

Rank	Compound	Classification
1	Example C25	Raf/VEGFR inhibitor
2	Example 114	EGFR inhibitor
3	Compound 2cb	HER2/EGFR inhibitor
4	Compound 5	Raf/VEGFR inhibitor
5	PD0325901	MEK inhibitor
6	Urapidil	α1-adrenoceptor antagonist
7	Gemcitabine60	Ribonucleotide reductase inhibitor
8	Example 27	MEK inhibitor
9	PD0325901	MEK inhibitor
10	Example 74	EGFR inhibitor

Raf/MEK pathwayに着目

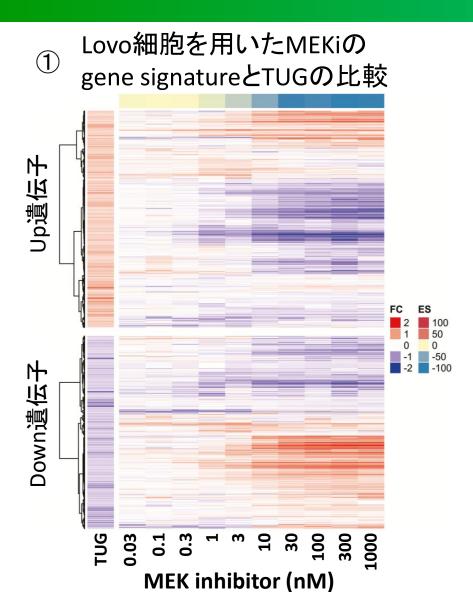
Inflamm Bowel Dis. 2018;24(6): 1251-65



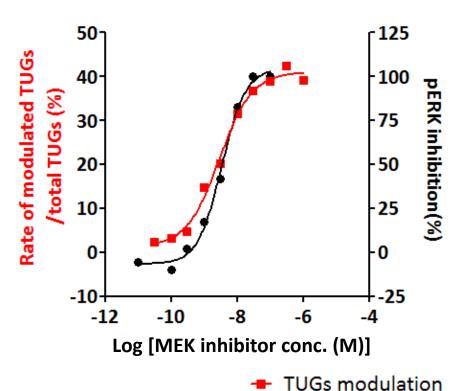
- 1. 臨床の網羅的遺伝子発現データから創薬コンセプト(仮説)の探索
- 2. Gene Signatureを用いた創薬標的の探索
- 3. In vitro/in vivoにおける仮説の検証



仮説の検証(MEK阻害剤とTUGとの関係)



② TUG modulationと pERK阻害作用の関係



pERK inhibition

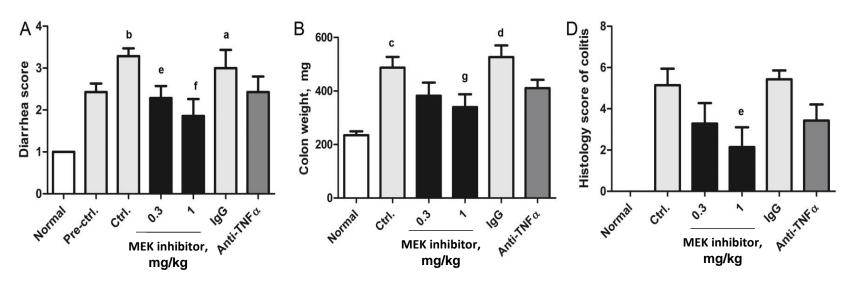
Inflamm Bowel Dis. 2018;24(6): 1251-65



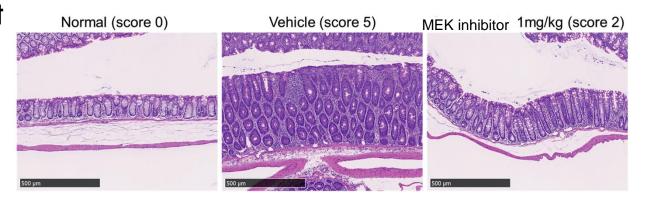
仮説の検証(病態モデルを用いた検証)

Inflamm Bowel Dis. 2018;24(6): 1251-65

マウスT細胞移入腸炎モデルにおけるMEK阻害剤の効果



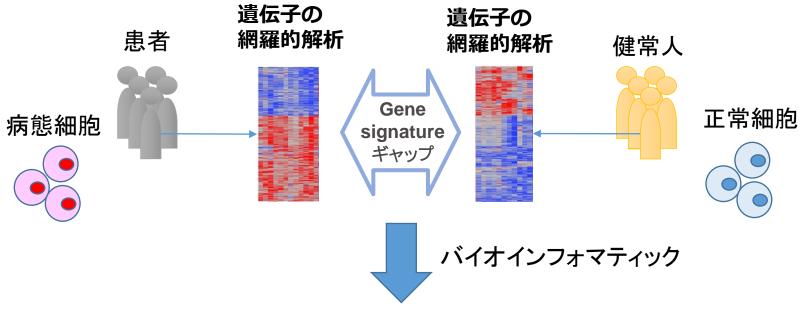
組織学的検討





Summary

公共データなどの患者の網羅的遺伝子発現データとGene signatureを用いて、 バイオインフォマティックの手法を駆使することにより、新たな創薬コンセプトや 創薬標的の候補を見出すことが可能である。



- ◆ 新たな創薬コンセプト
- ◆ 新たな創薬標的の候補

