

個別化薬物動態解析に向けて  
-Cluster Newton Method による外れ値の逆問題解析-

教授 小長谷 明彦

東京工業大学大学院総合理工学研究科  
知能システム科学専攻

日時: 2012年1月24日(火) 14:00 - 16:00

場所: 東京大学本郷キャンパス

薬学系研究科総合研究棟 10階 E10セミナー室



ゲノム科学の進展により、薬物応答遺伝子の突然変異と薬物応答の関連解析が注目を集めている。しかしながら、薬物応答は遺伝的要因だけでなく、多剤併用、生理学的背景ならびに病理的背景によっても変化するため、遺伝的要因と薬物応答との関連は必ずしも明確ではない。本講演では、薬物動態モデルおよび薬物およびその派生物の肝腎排泄量が与えられたときに、そのような肝腎排泄量を再現する薬物動態パラメタならびに生理学的パラメタの組み合わせの分布を逆問題の立場から求める方法論を提案する。具体例として、イリノテカンの薬物代謝に着目し、肝腎排泄量からの薬物血中濃度曲線の再現、イリノテカンとケトコナゾールの薬物相互作用解析、UGT1A1\*28/\*28 変異の薬物血中濃度曲線への影響予測、特異的な肝腎排泄量を示す胆肝ガン患者の要因解析について、本手法の有用性を示す。本手法のために開発した cluster newton method は決定的な未知パラメタ探索を行うため極めて高速であり、様々な現象の解析に適用可能である。

主催: 東京大学グローバル COE 「学融合に基づく医療システムイノベーション」

東京大学大学院薬学系研究科 教授 杉山 雄一

協賛: 東京大学ナノバイオ・インテグレーション研究拠点

担当者: 聖子 ヤーネス

電話: 03-5841-1509 / Fax: 03-5841-1510

E-mail: [jarnes@cnbi.t.u-tokyo.ac.jp](mailto:jarnes@cnbi.t.u-tokyo.ac.jp)お申込み: <http://park.itc.u-tokyo.ac.jp/CMSI/>