

CROWN BIOSCIENCE

Together with **MBL**

HuPrime[®]

がん治療評価のためのPDXモデル

Crown Bioscienceの大規模なPDXコレクションであるHuPrimeを使用すると、がん治療をより適切に評価できます。

前臨床創薬は依然として多くの課題に直面しており、臨床試験の結果に直結するような洞察を提供するモデルが重要です。患者由来異種移植モデル(PDX)は、臨床予測的な前臨床モデルであることが分かっています。PDXはヒト検体の不均一性を適切に示すことで、臨床的に関連性があることが証明されています。

Crown Bioscienceには十分に性質が解析された最大の*in vivo* PDX腫瘍モデルコレクションがあり、それらは前臨床薬物評価に使用できます。

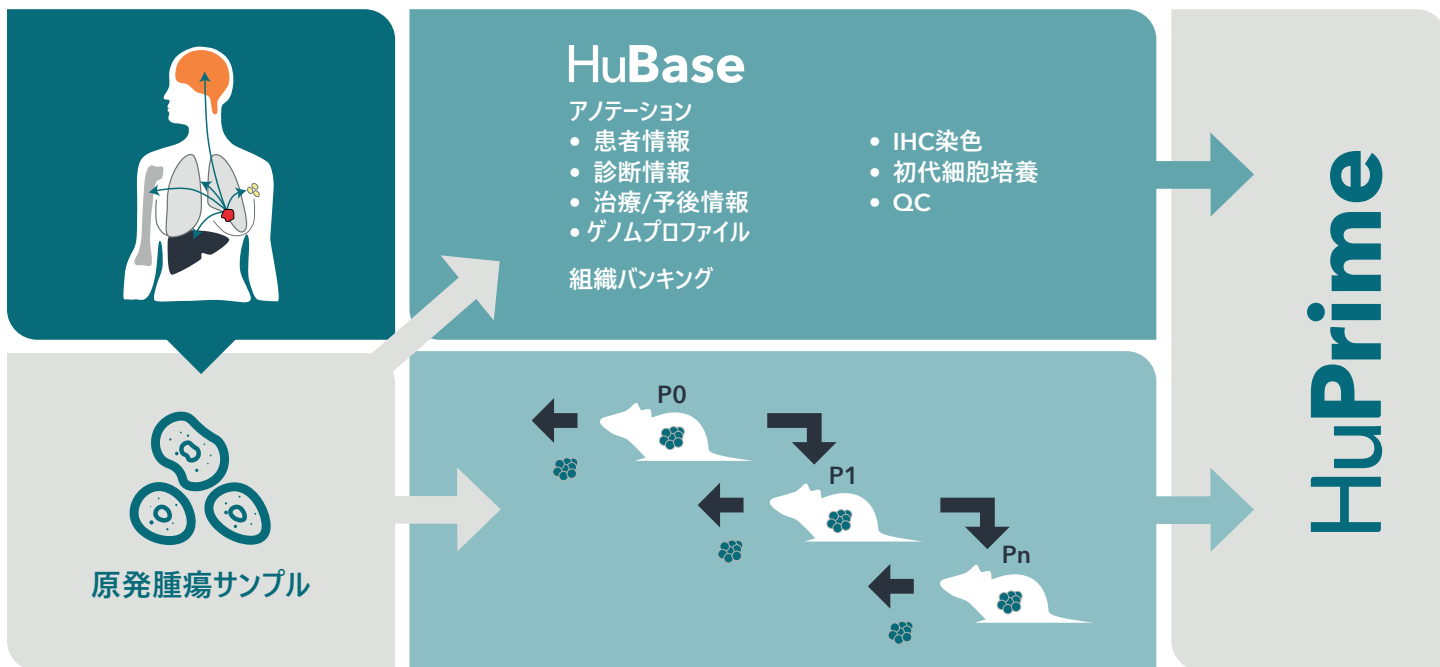
このコレクションを探索することで分かること:

- 30を超えるがん種の2,800超の十分に性質が解析されたPDXモデルを提供し、多様なモデル選択を可能にします。
- 患者をレスポンド、パーシャルレスポンド、およびノンレスポンドに区別し、ゲノムデータを参照することで、薬剤に対する応答を考察できます。
- 標準的な薬理評価のアッセイでモデルを評価し、PDXモデルをマウス前臨床試験に組み込むことで追加の臨床的な洞察を得ることができます。

HuPrimeの主なサービス特性

HuPrimeモデルは病理学、腫瘍の成長、および標準治療薬(SoC)に対する応答などの性質が分かっており、NGS解析を通じて遺伝子発現、コピー数、変異、融合遺伝子などの遺伝的/ゲノム科学的なアノテーションが付加されます。また、microRNAのデータも利用可能です。

- アジア、米国、ヨーロッパに由来する大規模で多様なコレクションであり、30を超えるがん種をカバー
- 未治療の患者と治療を受けた患者から得られたモデルがあり
- コレクションには、転移性病変からのPDXモデルあり
- 先天的および後天的な薬剤耐性を含むPDXモデルあり
- 試験を迅速に実施するための多数の主要な疾患を含むPDXモデルの大規模なコホートあり
- RET、ALK、EGFR、MET、IDH、RSPO、HER2などのターゲット療法のための特定の疾患経路を有するユニークなモデルあり
- GISTや前立腺がんなどの過小評価されているユニークなコレクション
- キュレーション済みのオンラインで利用可能なデータベース(HuBase™)には、表現型と遺伝子型のデータ、患者情報、成長曲線、およびSoC治療データが含まれる



トランスレーショナルリサーチに関連する前臨床モデル

HuPrimeは薬理試験に適し、品質管理が検証されたPDXモデルのコレクションです。これらのモデルは安定で一貫した成長特性を示します。複数の継続的な試験を実行するために、継代用に十分な材料を確保しており、極低温保存から完全に回復可能です。

検索可能なPDXデータベース(HuBase)には、モデルコレクションに関する豊富なデータがあります。具体的には1,500を超えるモデルのRNAシーケンスデータ、680を超えるモデルの全エクソームシーケンスデータ、組織学、生育曲線および標準治療薬(SoC)および試験に用いる薬剤の治療成績に関するデータがあります。

HuBaseには次のようなデータが含まれる場合があります：

- RNA-seq
- 全ゲノムシーケンス(WGS)
- U219遺伝子チップアレイ解析(mRNA)
- SNP6.0アレイ解析
- miRNAプロファイル
- 全エクソームシーケンシング(WES)
- トランスクリプトームシーケンシング
- Short Tandem Repeat (STR) ジェノタイピング
- HLA検査結果を含む表現型
- 主な血液検査の結果
- 一次骨髄の形態
- 患者とモデルの治療および後治療情報
- 融合遺伝子と変異
- 生育曲線
- SoCに対する応答曲線

HuPrimeコレクションには、臨床状況を反映する、予備的治療を受けた

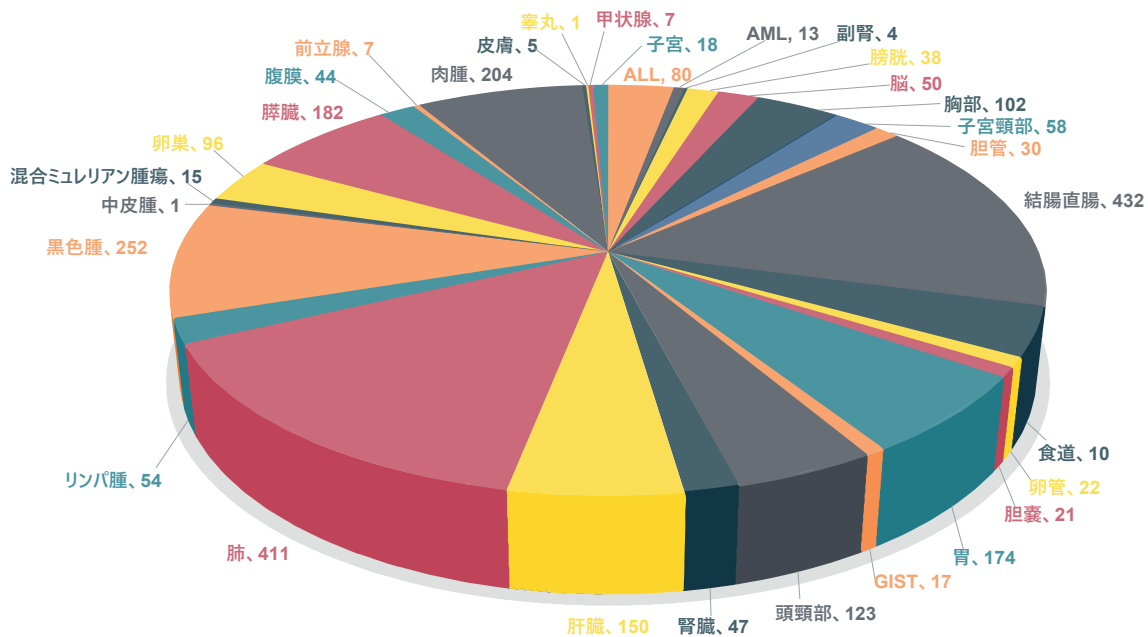
患者と治療を受けたことのない患者のモデルが含まれています。腫瘍の生検部位(原発巣と転移巣)に関する情報も明記されています。また、前立腺がん、SCLC、リンパ腫、GISTなどのユニークなPDXコレクションも含まれています。

これらのモデルは、Crown Bioscienceのトランスレーショナルな腫瘍学プラットフォームとシームレスに統合されており、トランスレーショナルリサーチツールの総合サービス(HuTrial™、HuSignature™、HuMark™)も提供可能です

HuPrime:最大のがんのタイプに関するコレクション

PDXコレクションでは、研究者が関心を持つようなさまざまなモデルの特徴が手に入ります。HuPrimeには、さらに詳細なサブセットのデータを取得できるようなページがあります。

特定の遺伝子変異、増幅、融合遺伝子などの臨床的関連性のあるモデルを試験に含めることは、新薬開発の評価に有効です。その他、PDXモデルには、転移性モデル、薬剤耐性モデル、同所性(HCC、CRC、神経膠腫、乳房、肺など)モデル、腫瘍微小環境を再現するモデルや悪液質モデルも含まれています。これらのモデルも用いることで特定の研究トピックにおいて幅広い分野をサポートできます。



HuPrimeコレクション内のサブセット例

がん種	特性							
	PIK3CA E545K 変異	BRAF V600E 変異	MYC 増幅	EGFR 増幅	FGFR 増幅	HER2 増幅	MET 増幅	その他の特性
膀胱	•	•		•				
脳		•		•				
胸部	•		•		•			エストロゲン関連、ER +、HER2 +、TNBC
子宮頸								AKT1 E17K変異
胆管がん	•		•					FGFR2-BICC1融合遺伝子、IDH1R132C変異
結腸直腸		•	•		•	•		CCDC6-RET融合遺伝子、PTPRK-RSPO3変異、IDH1、2変異を含むRET融合遺伝子
食道				•	•	•	•	
胆嚢	•		•					
胃			•	•	•	•	•	
頭頸部			•	•				AKT1変異
肝臓			•					
肺			•	•	•		•	EGFR変異、KRAS変異、AKT1変異、LKB1変異、PTEN欠失/null、FGFR2-MCU融合遺伝子
黒色腫		•						
卵巣			•					
膵臓						•		KRAS変異
肉腫		•						

コレクション内では、さらに多くの関心のあるサブセットを利用できます。

