

第6回「ヘルスケアcafeオーブンブレスト」
「遺伝子検査でどこまで分かるか？」



弊社紹介



市場
遺伝子情報ビジネスに関する世界の兆候



今までの取組



これからの取組
NextCODEとはじめる一歩



弊社紹介

自己紹介



- MR
- 開発
- ネイチャーメイド
- 特定保健用食品

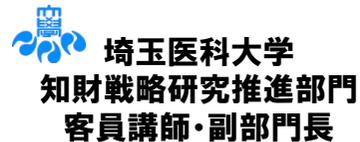


- 部門の設立・運営
- ラボノートの書き方執筆



東京女子医科大学
バイオメディカル
カリキュラム(33期)

大阪商工会議所
バイオビジネススクール(1期)



文部科学省科学技術振興調整費
「ライフサイエンス分野知財評価員養成制度」
人材養成プログラム(3期)



- (CEO)
- 投資事業組合
- 知財コンサルティング
- 人材派遣



- (CEO)
- 知的財産管理運用
- 個人向け遺伝子検査サービス BIV-deCODEme



(非常勤講師)
東邦大学
(知的財産推進マネージャー)



首都大学東京

医療器具メーカー数社

(顧問)

平成26年2月現在

2014年4月14日時点でAmazonベストセラー第一位 (基礎医学部門)

The screenshot shows the Amazon.co.jp homepage with search results for '基礎医学' (Basic Medicine). The search results are filtered by '発売日' (Release Date) and 'フォーマット' (Format). The top result is 'ぜんぶわかる人体解剖図—系統別・部位別にわかりやすくビジュアル解説' by 坂井 建雄 and 橋本 尚詞, which is the Best Seller in the category.

Amazon.co.jp | マイストア | Amazonポイント | ギフト券 | タイムセール | 出品サービス | ヘルプ

日産 デイズ ルークス
抽選で Amazonギフト券が当たる 広げて見る

こんにちは。サインイン アカウントサービス | 今すぐ登録 プライム | カート | ほしい物リスト

本 | 詳細検索 | ジャンル一覧 | 新刊・予約 | Amazonランキング | コミック・ラノベ | 雑誌 | 文庫・新書 | Amazon Student | 本のお買い得情報

発売日
 3日以内 90日以内
 7日以内 過去30日
 30日以内 過去90日

フォーマット
単行本 | 文庫 | 新書 | 単行本 (ソフトカバー) | 続きを見る

ぜんぶわかる人体解剖図—系統別・部位別にわかりやすくビジュアル解説 坂井 建雄、橋本 尚詞 (2010/3/9)
¥ 2,052 大型本 **プライム**
19時間以内にご注文いただくと、2014/4/15 火曜日までにお届けします。
通常配送無料
こちらからもご購入いただけます - 大型本
¥ 2,052 新品 (2 出品)
¥ 1,543 中古品 (16 出品)
★★★★☆ (43)
ベストセラー1位 - カテゴリ 解剖学

ラボノートの書き方 [改訂版] 岡崎 康司、隅藏 康一 (2011/12/5)
¥ 3,240 単行本 **プライム**
19時間以内にご注文いただくと、2014/4/15 火曜日までにお届けします。
通常配送無料
こちらからもご購入いただけます - 単行本
¥ 5,685 中古品 (4 出品)
★★★★☆ (1)
ベストセラー1位 - カテゴリ 基礎医学

Essential細胞生物学 (DVD付) 原書第3版 B. et al. Alberts、中村 桂子/松原 謙一 (2011/2/25)
¥ 8,640 単行本 **プライム**
14時間以内にご注文いただくと、2014/4/15 火曜日までにお届けします。
通常配送無料
こちらからもご購入いただけます - 単行本
¥ 4,400 中古品 (7 出品)
★★★★☆ (16)

基礎医学
解剖学 (1,689)
組織学・発生学 (592)
生理学 (527)
生化学・医化学 (1,167)
薬理学 (2,005)
病理学 (1,190)
微生物学 (651)
医動物学 (58)
免疫学・血清学 (623)
生命科学 (523)
神経科学 (141)
医用工学 (245)
遺伝学・遺伝子工学 (999)

著者
 坂井 建雄 (51)
 橋本 尚詞 (3)



安河内 正文 様へ おすすめ商品 『理系なら知っておきたいラボノートの書き方 改訂版—論文作成、データ捏造防止、特許に役立つ書き方+管理法がよくわかる!』
Amazon.co.jp

送信日時: 2014年4月24日 木曜日 16:10

宛先: yasu-m@rainbow.plala.or.jp

安河内 正文 様 あなたへのおすすめ商品があります

amazon.co.jp

Eメールで、またはプリントアウトしてすぐお手元に > Amazon ギフト券

マイストア タイムセール すべてのカテゴリーを見る

Amazon.co.jpで何かお探しですか? 次のような商品はいかがでしょう。(万が一お手持ちの商品がございましたらあらかじめお詫び申し上げます。)



理系なら知っておきたいラボノートの書き方 改訂版—論文作成、データ捏造防止、特許に役立つ書き方+管理法がよくわかる!
岡崎康司, 岡蔵康一

価格: ¥ 3,240

ノート・筆記具の選び方から、記入・保管・廃棄のしかたまで、これ一冊で重要ポイントが丸わかり! 改訂により、大学におけるノート管理の記述を強化&米国特許法の先願主義移行にも対応、山中伸弥博士推薦の一冊! ... [続きを読む](#)

詳しく見る

ほしい物リストに追加する



女のいない男たち
村上 春樹

価格: ¥ 1,700

「色彩を持たない多崎つくると、彼の巡礼の年」から1年、村上春樹、9年ぶりの短編小説集。表題作は書下ろし作品。... [続きを読む](#)

詳しく見る

ほしい物リストに追加する

natureのおまけになりました

購読

Step1 ジャーナルの選択 ▶ Step2 購読期間の選択 ▶ Step3 個人情報の入力 ▶ Step4 注文内容の確認

Nature新規定期購読お申込みで、
理系なら知っておきたい「ラボノートの書き方」(羊土社発行)をプレゼント!



Nature価格表

個人1年	¥53,500
個人2年	¥88,200
個人3年	¥125,690
個人5年	¥198,450
学生1年	¥36,000
学生2年	¥59,540

ラボノートの書き方が、実例とポイントで一目瞭然!
ラボノートの現状から、書き方、管理方法までご紹介。

※当キャンペーンは、一括でのお支払いのみとさせていただきます。口座引落によるお申込みはできません。

※在庫がなくなり次第、このキャンペーンを終了させていただきます。

※特典は購読料受領後、3週間程で発送されます。

※新規お申込みのみを対象とさせていただきます。

Nature、Nature姉妹誌は、英文によるジャーナル誌です。

Nature Digestは全ページ日本語編集の月刊誌です。

個人/学生購読は、納品書、請求書等の発行はいたしかねます。予めご了承ください。

Natureには、Nature Digestが特典として含まれています。

講演等の実績

■「ラボノートの書き方」に関する講演

- 東北大学医学部（2009年12月）
- 東京女子医科大学（2010年6月）
- 和歌山県立医科大学（2011、12、13年）
- 東北大学医学部（2012年9月）



■ポストドク等のキャリア支援に関する講演

- 理化学研究所（和光+神戸の2回）：
 - －和光（2010年2月）：タイトル「博士号取得者のための戦略的キャリアパス」
 - －神戸（2010年10月）：タイトル「博士号取得者のための戦略的キャリアパス」
- 政策研究大学院大学（2009年11月）：タイトル「知財人材へのキャリアチェンジ」

■その他

- 札幌市立大学 デザイン学部（2008年4月より）
 - －知的財産権論「なぜデザイン学部に知的財産が必要なのか」
- 日本知財学会第8回年次大会 パネリスト 「知財の利回り」（2010年6月）
- 埼玉県工業イノベーションスクール（2010年10月）（2011年11月）
 - －タイトル「ライフサイエンス領域における知財の利回り」
- 東邦大学 医学部
 - －医療・医学における知的財産（2011年9月～11月、2012年も開催）
-

10. 特許権実施等収入（外国分を含む）
（単位：千円）

No.	機関名	収入額	区分
1	京都大学	224,291	
2	東京大学	138,549	
3	大阪大学	76,244	
4	日本大学	41,399	☆
5	北海道大学	41,117	
6	東京工業大学	34,301	
7	東北大学	33,646	
8	九州大学	33,430	
9	慶應義塾大学	31,694	☆
10	高知大学	22,994	
11	奈良先端科学技術大学院大学	21,820	
12	近畿大学	16,066	☆
13	筑波大学	15,863	
14	山口大学	15,189	
15	金沢大学	14,314	
16	広島大学	13,442	
17	豊橋技術科学大学	12,772	
18	鹿児島大学	12,339	
19	九州工業大学	11,394	
20	埼玉医科大学	11,020	☆

バイオインフォビジョン株式会社

予防医療の推進

[お問い合わせ](#)

ニュース

2014.01.30 第45回ヒューマンサイエンス バイオインターフェイスで当社代表取締役(安河内 正文)が講演を行います。

2013.10.24 埼玉医科大学がNextcodeHealthとパ

ネクストコードヘルスの遺伝子検査

NEXTCODE

遺伝子検査について



<http://www.bioiv.jp/>

沿革

2006年：安河内正文 他3名により

バイオインフォマティクス人材育成事業を目指し創業

2007年：「遺伝子解析・検査事業の現状と市場性」（海外調査【インド】）

2008年：伊藤穰一氏を通じ23andmeとのパートナー契約交渉（不成立）

deCODE社とのパートナー契約交渉

2009年：deCODE社と契約達成（交渉期間 約半年）

サービス開始に向け開発チーム編成

2011年：2月3日 個人向け遺伝子検査「BIV-deCODEme」販売開始

- ・ネット経由

- ・病院経由（東京大学医科学研究所 他都内2病院）

- ・人間ドック（SBIメディカルスパ倶楽部）など

2012年：12月 アムジェンがdeCODEを買収。サービス一旦終了

2013年：水面下で旧deCODE経営陣と情報交換を続ける

2014年：NextCODEと戦略的パートナーシップ締結



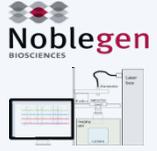
市場 遺伝子情報ビジネスに関する世界の兆候

アメリカの動き

Gene diagnostic business



Beyond cost: what matters in sequencing?

 <p>MiSeq (2013 chemistry)</p>	 <p>Ion Proton (2013 PII chip)</p>	 <p>PacBio RS (2012 SMRT cell 8Pac)</p>	 <p>GridION (2014 8,000 well chip)</p>	 <p>Optipore (2015 160k pore chip)</p>
--	---	---	--	--

Sample prep	2-step with interim QC (and repeat if failure)			Direct, variable	1-step, robust ✓
Through-put	0.1 WGS/ day	4 WGS/ day	0.1 WGS/ day	4 WGS/ day	60 WGS/ day ✓
Sample size	µg range				ng range ✓
Single Molecule	No		Yes, but need large sample		Yes ✓ 16


[Home](#)
[Technology](#)
[About us](#)
[News](#)





MinION is a portable device for molecular analyses that is driven by nanopore technology. It is adaptable for the analysis of DNA, RNA, proteins or small molecules. MinION's simple workflow is designed to allow the user to perform a range of end-to-end experiments in their own environment.

[read more >](#)



Ion PGM™ Sequencer



Ion Proton™ Sequencer

illumina®

[Log in to get personalized account information.](#)
[Quick Order](#)
[View Cart](#)

[Contact Us](#)
[MyIllumina](#)
[Tools](#)

[APPLICATIONS](#)
[SYSTEMS](#)
[CLINICAL](#)
[SERVICES](#)
[SCIENCE](#)
[SUPPORT](#)
[COMPANY](#)

Systems / **HiSeq X Ten**

[Subscribe](#) |
 [Follow us: !\[\]\(262068887e9a753ab6fbea2bf5de5fe2_img.jpg\) !\[\]\(1791997c3dd20e684a71586c857b602e_img.jpg\)](#) |
 [Select Language](#)

[Overview](#)
[System](#)
[GET A QUOTE](#)

Population power. Extreme throughput. \$1,000 human genome.

The HiSeq X Ten is a set of ten ultra-high-throughput sequencers, purpose-built for large-scale human whole-genome sequencing.





Amazon Glacier

■ Amazon Glacier の概要

[よくある質問](#)[料金表](#)

開発者用リソース

[入門ガイド](#)[AWS マネジメントコンソール](#)[ドキュメント](#)[リリースノート](#)[サンプルコード & ライブラリ](#)[開発者用ツール](#)[記事 & チュートリアル](#)

Amazon Glacier

Amazon Glacier は、きわめて低コストのストレージサービスです。ストレージのセキュリティと耐久性を特徴としており、データのアーカイブやバックアップに適しています。コストを低く抑えるために、Amazon Glacier は、アクセス頻度の低いデータや、取り出しに数時間かかっても問題ないデータに合わせて最適化されています。Amazon Glacier ならば、データの量にかかわらず、1 か月あたり 0.01 USD/GB という低額で安心してデータを保管できるので、オンプレミスのソリューションに比べて大幅にコストを削減できます。

企業がデータアーカイブのために支払う費用は過剰になりがちです。まず、アーカイブソリューションの導入時に高額の支出を強いられ、これとは別に運用に伴う継続的費用、例えば電力、設備、人員、保守のコストが必要になります。また、必要な容量を推測するしかないため、データ冗長化と予期しない増大に備えて十分な容量を確保するには、多めにプロビジョニングすることになります。用意した容量全体が使用されるわけではないため、資金が無駄になっています。Amazon Glacier ならば、お支払いいただくのは実際に使用した分だけです。

Amazon Glacier は、データアーカイブとバックアップのあり方を大きく変えます。事前支払いは一切不要で、ストレージの料金は非常に低く抑えられており、使用量の増減も自由です。その一方で、データを適切に保管するための運用作業はすべて、AWS 側に任せることができます。AWS マネジメントコンソールで数回クリックするだけで、Amazon Glacier のセットアップは完了し、任意の量のデータをアップロードできるようになります。

ancestry.com
Home Family Trees Search DNA Collaborate Learning

Navigenics®
Policies For Physicians FAQs

GENE GENE
Home Clinical Genetics Research & Consumer Genetics Company

Our acquisition by Life Technologies

We are (

mygene

HOME OUR SERVICES HOW IT WORKS HOW TO ORDER CONTACT US

Nutrigenetic tests
Identify your genetic predisposition to how you pro from what you

PATHWAY GENOMICS®
Are you a medical professional? Get More Info | Enroll Practice | Order
Already have a kit? Activate Kit | Log In | Physician Portal

Home

Enter keyword(s)

FamilyTreeDNA
HISTORY. EMPOWERMENT. FAMILY.

Home Products Projects Testimonials FAQ About Feedback

Search Your Last Name

mapmygenome™
The Indian Genomics Company

Genetic Tests | Mapmybrain | Connect | About Us | Contact Us | Enquire | Customer Access

Sales Executives, We Are Hiring!

Search..

sequenom.

ABOUT US

TEAM LABORATORIES BIOSCIENCE

MYRIAD.

Home Treating Diseases Patients Physicians Products Responsibility Investor Relations Careers About

International Search

On-line community

patientslikeme®

Username or Email

Password

Sign in

Remember me

[I forgot](#)

conditions, symptoms, treatments...



Live better, together!™

Making healthcare better for everyone through sharing, support, and research

Join now

(it's free!)



The Future of the Personal Genome

"If you want to understand health, you have to understand what it means to be sick, at phenomic and molecular levels, so you can correct it in a holistic and effective way."

- Jamie Heywood

About PatientsLikeMe

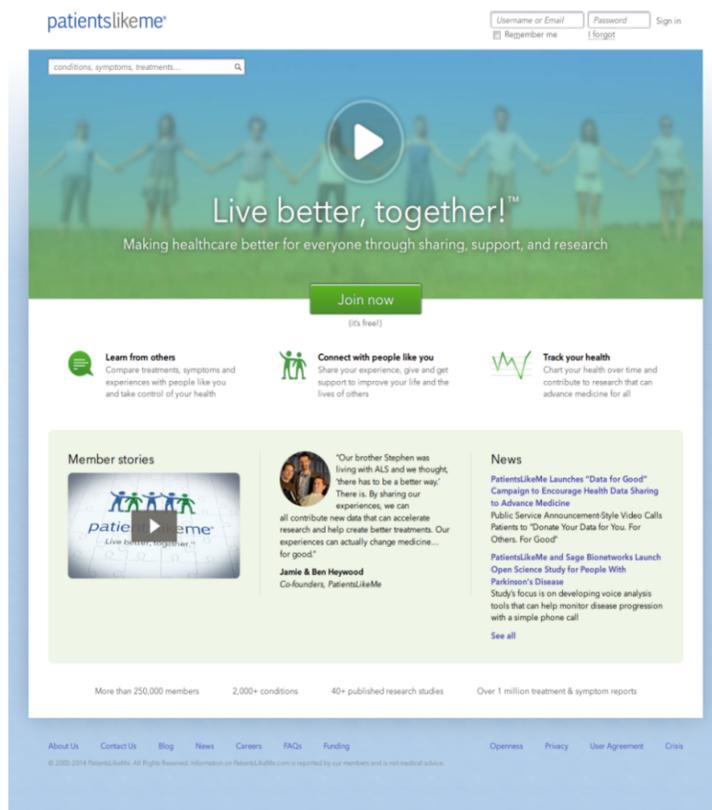
PatientsLikeMe is the first and only online data-sharing platform for patients with any condition. Our products and services offer industry partners unprecedented access to real-world data, custom research capabilities, and patient participation in clinical research. Our team has deep expertise in utilizing patient-reported data to solve industry problems and achieve research and commercial objectives. (More)

Products and Services

Custom Research

- Custom Surveys
- Epidemiological Research
- Health Outcomes Research
- Keyword Monitoring
- Patient Registry

PatientsLikeMe



■ どういった問題を解決しようとしてるのか

従来、難病患者は、今後の症状の進行が読みにくい不安や、治療法が確立されていないことによる効果的な治療方法が分からない不安などを抱えていた。そのため自分と同じ症状を持つ他の患者はどのような治療を行っているのか、またその治療の効果はどのようなものなのか、について知りたいというニーズがあった。患者それぞれが持っている知識や経験を同じ症状の他の患者へ与えることで、疑問に対する答えを患者から得ることができ、またそのような患者間で情報交換を行える環境を構築することで、難病患者が持つ不安を解消させる場をPatientsLikeMeは提供する。

■ どういったサービスなのか

PatientsLikeMeは難病(ALS、多発性硬化症、パーキンソン病、HIV/AIDS、稀少疾患など)の患者同士の情報交換を目的としたオンラインコミュニティであり、患者同士の病態情報を交換するサービスである。患者は自分のデータ(症状、対策、周辺症状)を時系列的に記録し、オープンにすることで同じ症状の他の患者がそれを参照することで、自身の症状の変化予測や治療成果の参考としている。また、医者や介護者も登録することができ、患者からの質問に答えたりアドバイスをすることができる。

収益は、登録している患者のデータを分析し匿名化した上で製薬企業や研究機関、医療メーカーなどのパートナーに有償で提供することで上げている。

■ 創業チームについて

2004年に3人のエンジニアによって設立され、現在2700万ドルの投資を受けている。

■ 現在の状況

25万人以上の登録者数があり、2000以上の疾患、100万以上の治療例・症状例が提供されている。また、40以上の研究論文が発表されている。

■ 今後の展開

設立より10周年を迎えた2014年は難病に対する研究をより発展させるために“Data for Good”というキャンペーンを開始し、患者の登録数を増やす動きに出ている。

On-line monitoring service

[LOGIN](#) [REGISTER](#) 2,630,000 Members [Why Register?](#) [About Us](#) | [FAQ](#)  [United States](#) ▼ [How we use Cookies](#)

MediGuard^{org} [MEDICATIONS](#) | [HEALTH CONDITIONS](#) | [SAFETY ALERTS & RECALLS](#)

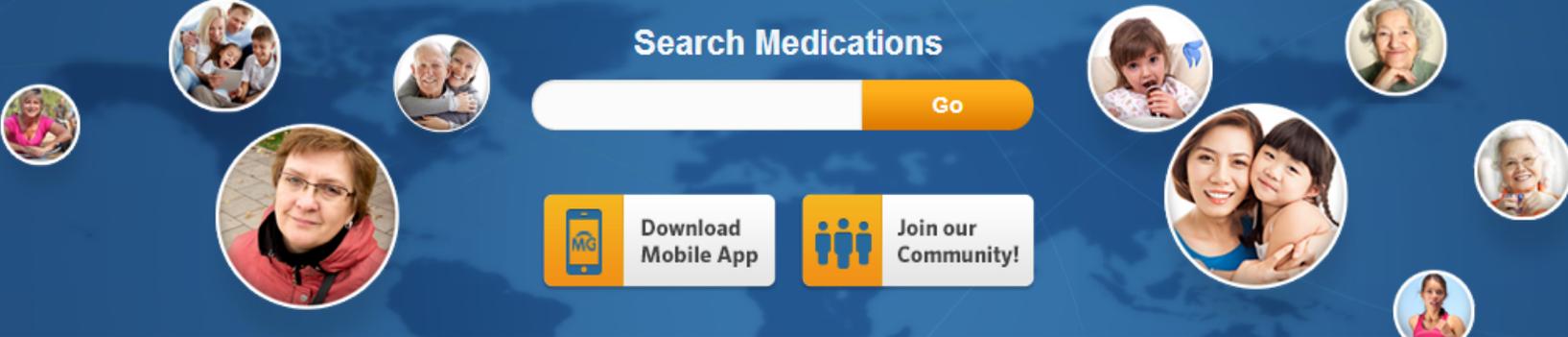
Medication Monitoring Made Simple

MediGuard provides you with easy to understand health information, safety alerts & recalls and drug interactions.

Search Medications

[Go](#)

 [Download Mobile App](#)  [Join our Community!](#)



Genome service

The largest DNA ancestry service in the world

sign in

register kit



welcome

ancestry

health

how it works

buy

search

help



23andMe provides ancestry-related genetic reports and raw genetic data. At this time we do not offer health-related genetic reports. If you are a current customer please go to the [health page](#) for more information. [Close alert](#)



Find out what your DNA says about you and your family.

Trace your lineage back 10,000 years and discover your history from over 750 maternal lineages and over 500 paternal lineages.

order now

\$99

23andMe

The largest DNA ancestry service in the world [sign in](#) [register](#) [help](#)

23andMe [welcome](#) [ancestry](#) [how it works](#) [buy](#) [stories](#) [help](#)

23andMe provides ancestry-related genetic reports and raw genetic data. At this time we do not offer health-related genetic reports. If you are a current customer please go to the [health page](#) for more information. [Close alert](#)

welcome to you

Find out what your DNA says about you and your family.

Trace your lineage back 10,000 years and discover your history from over 750 maternal lineages and over 500 paternal lineages.

[order now](#) \$99

Watch Greta and Stacy's Story.

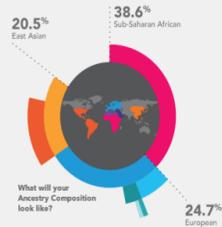
Find out how these two women discovered their connection as sisters.



23 pairs of chromosomes. One unique you.

Bring your ancestry to life.

Find out what percent of your DNA comes from populations around the world, ranging from East Asia, Sub-Saharan Africa, Europe, and more. Break European ancestry down into distinct regions such as the British Isles, Scandinavia, Italy and Ashkenazi Jewish. People with mixed ancestry African Americans, Latinos, and Native Americans will also get a detailed breakdown.



■ どういった問題を解決しようとしているのか

個人が簡単に遺伝子を調べられるサービスを目指しており、遺伝子検査をすることで、「子供の病気リスクの早期発見」「発症前からの健康管理」「自分の遺伝子にあった治療法の発見」などを目的としている。また、遺伝学が人間の生活にどのような影響を与えるのかということの理解を向上させ、個人が研究に参加しているという意識を与えることで遺伝学に関する情報の普及をを目指している。

■ どういったサービスなのか

99ドルで遺伝子検査キットを購入し、口腔粘膜を採取し検査キットへ入れて返送すると、およそ10週間で遺伝子検査をオンラインで確認することができる。この検査を利用した個人向けサービスとして、「祖先診断」と「遺伝的な健康リスク診断」を提供している。祖先診断サービスでは、診断結果をもとにユーザー同士でSNSでコンタクトをとることができたり、自分のルーツをたどることができる。また、健康リスク診断サービスでは、子供に影響を及ぼす可能性のある遺伝性疾患の有無を調べたり、薬に対する反応性を診断してくれる。

収益は、個人向けサービスである遺伝子情報による診断結果の販売と、企業向けサービスの遺伝子情報の蓄積データの販売からあげている。

■ 創業チームについて

2006年4月設立。Googleなどから現在1.6億ドルもの投資を受けている。

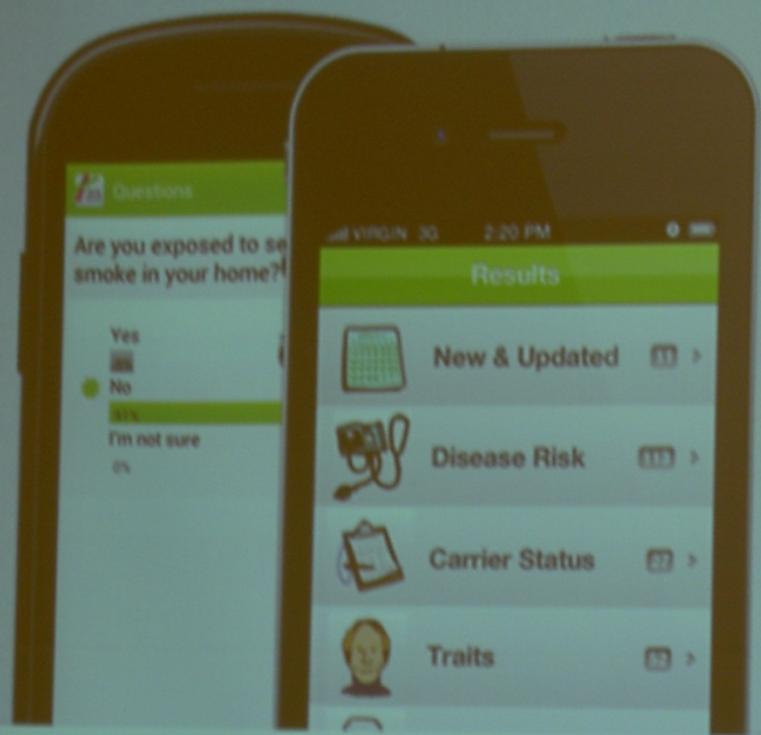
■ 現在の状況

2014年までに65万人がこのサービスでの遺伝子検査を行い、230以上の研究を行っている。米食品医薬品局と遺伝子検査キットの販売について協議中。

■ 今後の展開

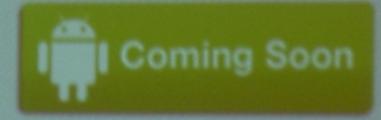
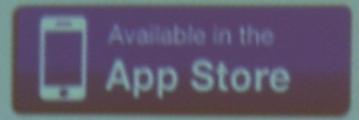
顧客から集めた遺伝子情報を公開することによってサードパーティなどにAPIを通じた無料提供を開始している。遺伝子情報が増えれば増えるほど分析精度の向上が見込めるため、遺伝子情報を活用した新サービス開発を促し、サードパーティが開発したサービスの利用者の中から、新たな23andMeの顧客を生み出し、遺伝子情報データベースをさらに充実させていくことを目指している。

Novel Tools for mobile data collection



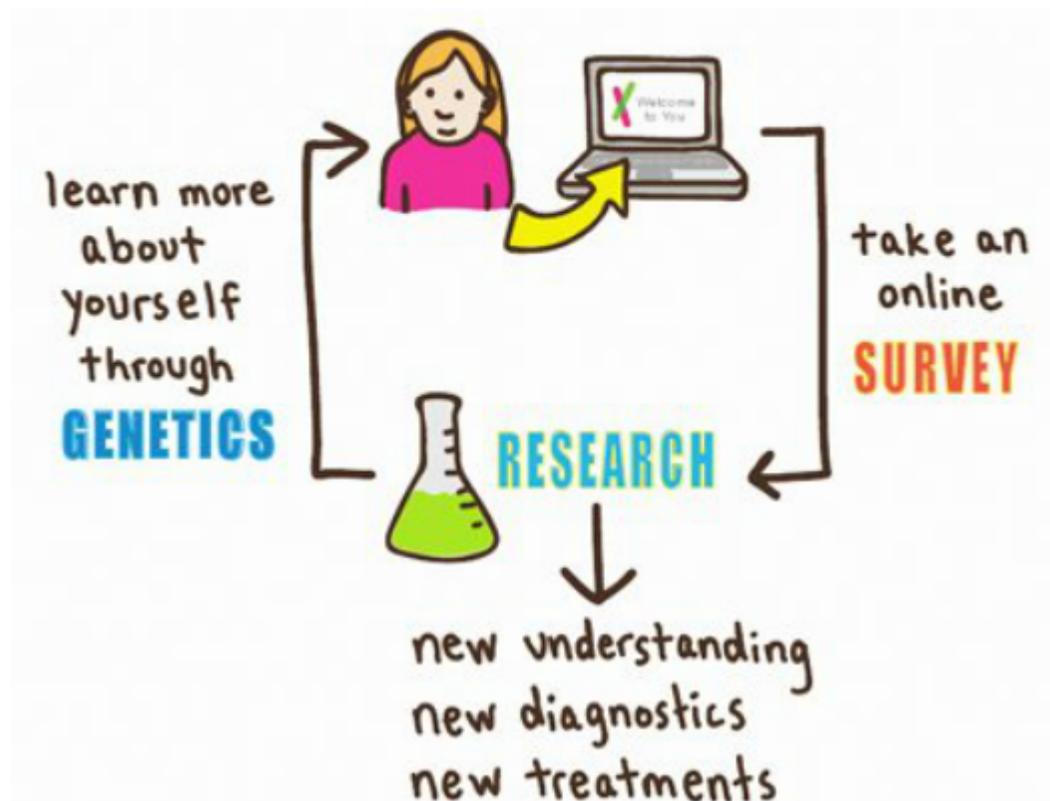
Genetics on the go! 23andMe is now mobile.

Download our free app



*Currently only available in the United States

Research 2.0



米Cleveland Clinic、23andMe社のパーキンソン病のゲノム研究プロジェクトに参加

米Cleveland Clinicは2012年2月14日、ゲノムとパーキンソン病との間の関係を明らかにする研究の一環として、米23andMe社が現在進行中のパーキンソン病の研究プロジェクトに参加すると発表した。

このプロジェクトでは、パーキンソン病患者が、研究データベースのために自らのDNAサンプルを提供し、自身の健康状態についてオンライン調査に答えるものである。

2012年2月15日

Maternal Haplogroup: B4a1c1

Share

Map

History

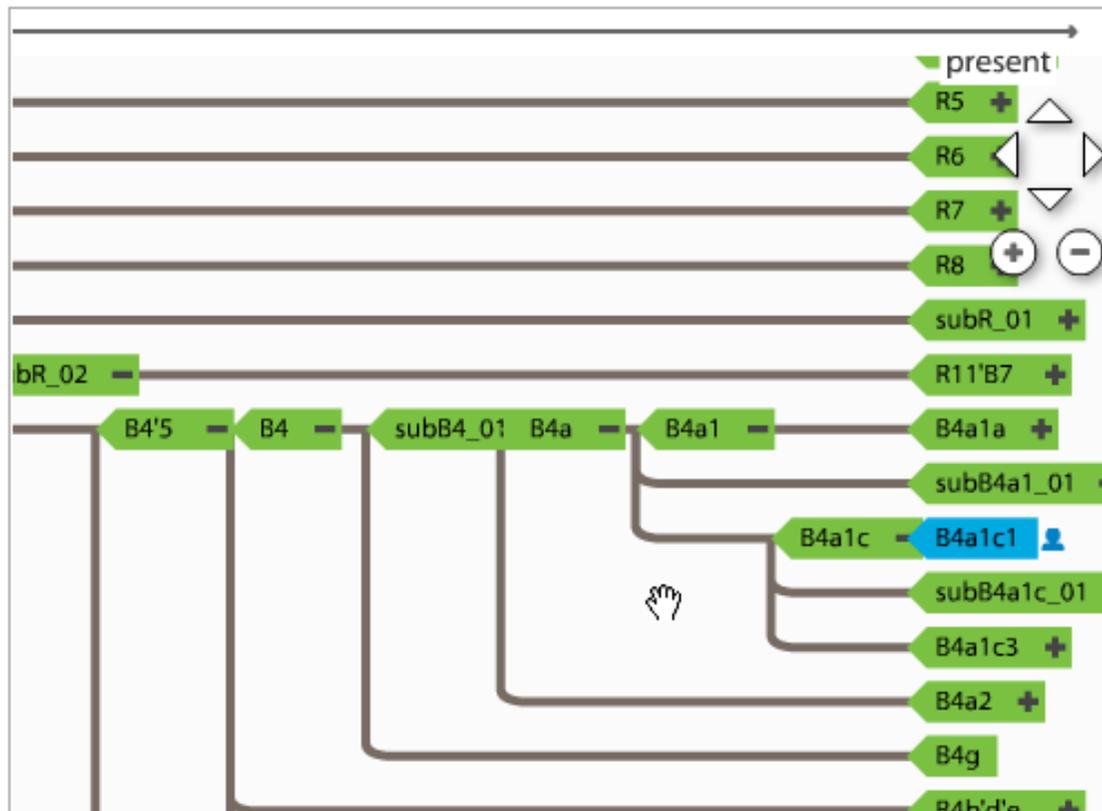
Haplogroup Tree

Community

Maternal Haplogroup: B4a1c1

B4a1c1 is a subgroup of B4'5, which is described below.

Click on a region below to highlight the haplogroups common in that region: [Sub-Saharan Africa](#), [Northern Africa](#), [Near East](#), [Europe](#), [Central Asia](#), [South Asia](#), [Eastern Asia](#), [Oceania](#), or [Americas](#).



Haplogroup: B4'5, a subgroup of [R](#)

Age: 50-60,000 years

Region: Americas, Asia, Polynesia

Populations: Native Americans, Han Chinese, Polynesians

Highlight: Haplogroup B4'5 reaches levels of 100% in some Native American groups of the U.S. Southwest.

Your Family and Friends

B4a1c1	Masafumi Yasukochi
D4e2	Japanese Person
D5a2a'c	Chinese Person
L3e2b2	Nigerian Person

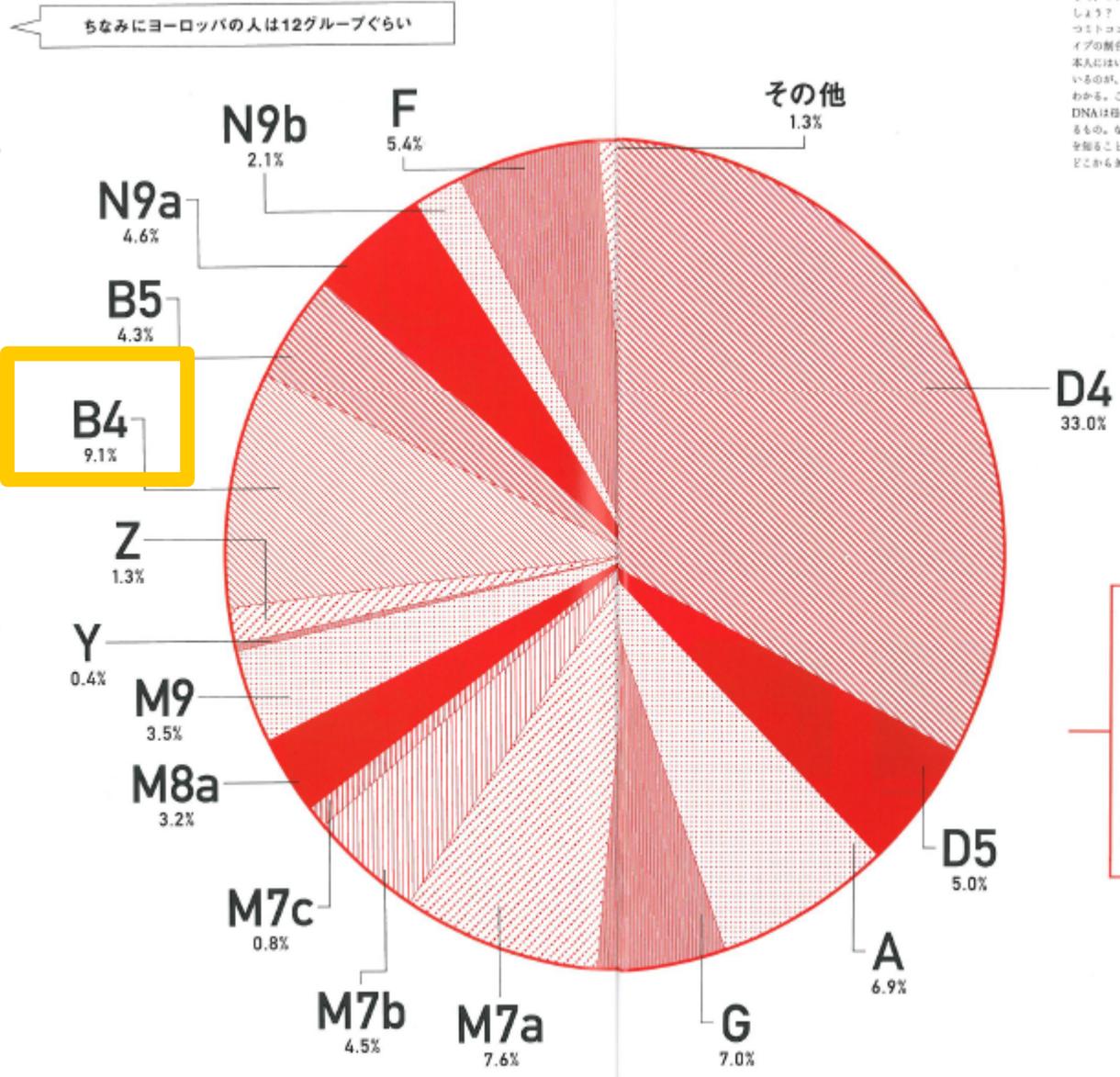
Famous People

A2	Eva Longoria
C	Yo-Yo Ma
H	Luke the Evangelist, Marie

最近、遺伝子レベルでも、日本人には

さて、これは何の円グラフでしょう？ これは日本人が持つミトコンドリアDNAのタイプ割合を表したもので、日本人にはいろいろなタイプがあるが、このグラフからもわかる。このミトコンドリアDNAは母から子に伝えられるもの。なんと、このタイプを知ることで、自分の祖先がどこから来たかわかるのだ！

日本人がもつミトコンドリアDNAハブグループの割合



ちなみにヨーロッパの人は12グループぐらい

20以上のグループがあることがわかりました！

遺伝子解析 + I T 産業の兆し

The Consumer



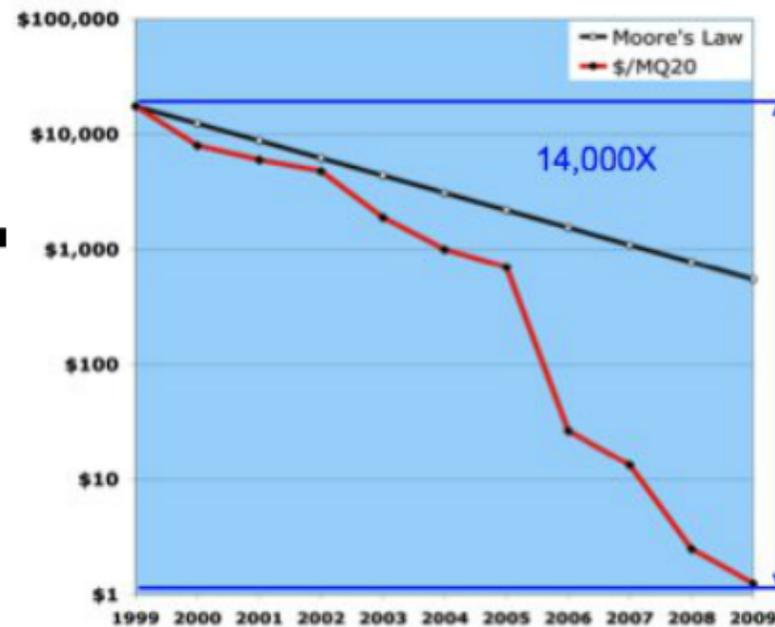
Susan G. Komen
FOR THE cure



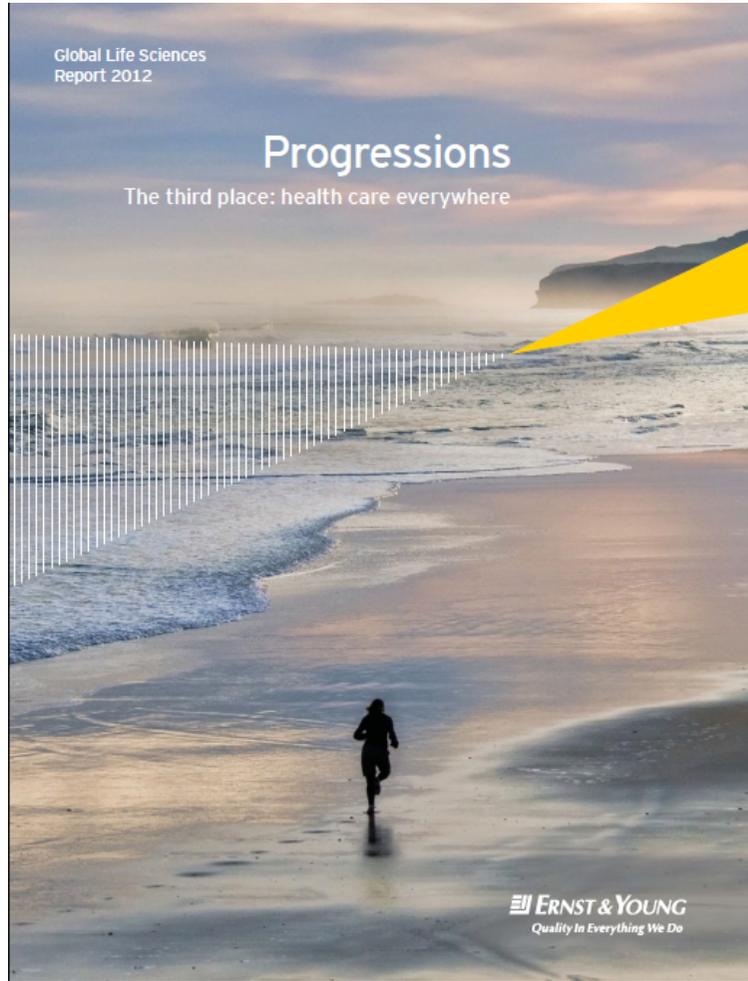
YouTube
Broadcast Yourself

\$100 Genomes!

Cost per Q20 Megabase (\$)



+



Empowered patients

日本の動き

特集 己を 知れば 百戦危うからず

科学的「自分情報」

調べられる

3000円から

進歩する科学

さまざまな検査が普及している

週刊新潮 2011年6月28日号

商品概要

商品名：GeneLife（ジーンライフ）のリスク対策遺伝子検査キット

価格：各 5,800 円（税込）

肥満遺伝子検査キット	<p>DIET 肥満遺伝子 主な購入者層 女性70%/男性30% 20～40才</p> <p>瘦</p> <p>こんな方にオススメ ●自分に合ったダイエット方法を知りたい ●努力しているのに痩せない ●食事よくダイエットをしたい ●太る体質なのかを知りたい</p> <p>日本人の肥満は、4タイプに分けられます。</p> <p>りんご型 (リンゴ型) 梨なし型 (梨なし型) バナナ型 (バナナ型) アダムハープ型 (アダムハープ型)</p>
肌老化遺伝子検査キット	<p>SKIN 肌老化関連遺伝子 主な購入者層 女性95%/男性5% 20～40才</p> <p>肌</p> <p>こんな方にオススメ ●いつも化粧品選びに迷う ●シワ・シミが気になる ●いつまでも若々しい肌でいたい</p> <p>日本人の肌老化のリスクタイプは、合わせて3つに分かれます。</p> <p>シワ (シワ) シミ (シミ) 肌老化力 (肌老化力)</p>
メタボ遺伝子検査キット	<p>METABO 脂質異常症・高血圧関連遺伝子 主な購入者層 男性70%/女性30% 30～50才</p> <p>脂</p> <p>こんな方にオススメ ●「メタボ」になりやすい体質がどうか知りたい ●生活習慣を反省したい ●健康診断でひっかかる</p> <p>日本人のリスクタイプは、それぞれ2タイプに分けられます。</p> <p>脂質異常症 (脂質異常症) 高血圧症 (高血圧症)</p>
骨粗しょう症遺伝子検査キット	<p>BONE 骨粗しょう症関連遺伝子 主な購入者層 女性90%/男性10% 50～70才</p> <p>骨</p> <p>こんな方にオススメ ●骨粗しょう症が気になる ●骨が丈夫な体質を知りたい</p> <p>日本人のリスクタイプは、それぞれ2タイプに分けられます。</p> <p>カルシウムの吸収力 (カルシウムの吸収力) 骨の密度 (骨の密度)</p>

場所：関東圏のファミリーマート（約 20 店舗）

展開イメージは以下の通りです。】



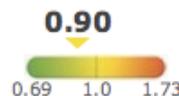


今までの取組

検査結果はWebで表示される

WEBのマイ
ページにて
結果を閲覧

平均に対する
リスク倍率・
生涯発症リスク
を表示

疾患	あなたの結果	説明
ABO血液型 > すべての結果を見る	 あなた > A型 (遺伝型AO)	あなたの血液型は、どの種類の糖タンパク質 (抗原) が血球の表面に現れているかにより決まります。これらの抗原は遺伝的に決定されるため、あなたのABO血液型も遺伝的に決まります。
腹部大動脈瘤 > すべての結果を見る	0.90  あなた 15.3% 平均 17.0%	腹部大動脈の弱い部分が拡張したり腫れたりする状態を腹部大動脈瘤と言います。
加齢性黄斑変性症 > すべての結果を見る	0.58  あなた 4.6% 平均 8.0%	加齢黄斑変性症(AMD)は、眼の病気で、60歳以上の人々の視力障害の主要な原因となっています。AMDの発症には遺伝要因が大きく関わっています。
アルコール紅潮反応 (お酒の強さ) > すべての結果を見る	 あなた > アルコール紅潮反応はありません。	ほんのわずかな量のアルコールを摂取しただけで、具合が悪くなる人がいます。顔が紅潮し、眠気や心拍数の増加、めまい、そして血圧低下の症状があらわれることがあります。
アルツハイマー病 > すべての結果を見る	0.65  あなた 3.9% 平均 6.0%	アルツハイマー病は、認知症の約三分の二を占める最も一般的な認知症です。

deCODE Genetics社について

- アイスランドのレイキャビク (Reykjavik) に本拠地を置く
バイオテクノロジー企業
- ヒト遺伝子から発見された情報を、薬品の開発・心筋梗塞 (MI) のような病気に対する診断テストに応用
- 遺伝子研究にフォーカス
 - 現在おこなわれている科学的リーダーシップからさらに上へ
- 下記に基づいたビジネスを
 - 科学的サービス
 - 遺伝薬理学パートナーシップ
 - 診断テスト
 - 知財とノウハウのライセンス供与



deCODE Genetics 社の歴史

1996
deCODE 創立

1999
一つの国全体における
家系図データベースを初めて開発

2000
世界最大の
遺伝子型同定施設を設立

2002
高解像度
の遺伝マップを発表

2006
2型糖尿病に対する
最初の主要な遺伝子を発表
(TCF7L2)

2007
イルミナのDNAチップを
使用した最初の主要ラボである

2007
前立腺癌
の最初の重要な
遺伝子を発表(8q24)

2007
一般的な
心筋梗塞における
最初の重要な
遺伝子を発表(9p21)

2007
心房細動と
発作に関する最初の主要
遺伝子を発表

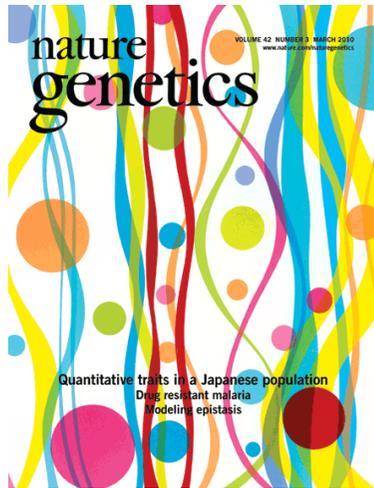
2007
個別化
された医学サービスと
診断テストに着手

2008
1500人の患者
における遺伝子発現の
遺伝学的データベースを開発

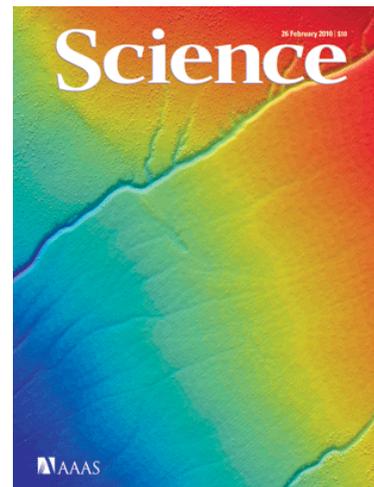
2008
遠距離染色体の位相
合わせと配分の方法を発表

2010
世界最大の
シーケンスプロジェクトを開始 -
500の疾患をカバーした30万人の
患者のフルシーケンスを引き出す

deCODE genetics社の実績



150以上の刊行物
「Science」「Nature」「NEJM」
「Nature Genetics」
など、トップジャーナルの大部分で紹介



deCODE genetics社の商品



Drug Candidates

MI: DG-051
 Anti-platelet: DG-041
 MI: DG-031



Multiple Sclerosis	0.64 0.10 1.0 4.16	you 0.1% Average 0.2%
Nicotine Dependence		you > Less likely to become nicotine dependent (15% less chance) and more likely to remain a light smoker
Obesity	0.87 0.21 1.0 1.99	you 34.5% Average 39.5%
Ovarian Cancer	Not applicable Results for this condition can not be calculated using your gender and ethnicity settings. > your settings	
Pancreatic Cancer	0.83 0.41 1.0 1.85	you 1.1% Average 1.4%
Peripheral Arterial Disease	0.88 0.88 1.0 1.25	you 12.8% Average 14.5%
Prostate Cancer	0.77 0.03 1.0 4.41	you 12.3% Average 16.0%
Psoriasis	1.22 0.02 1.0 9.76	you 2.4% Average 2.0%

疾患診断テストと deCODEme

● 疾患診断テスト

- テストは医者と患者をターゲットにしている
- 一つのテストで一つの病気を診断する
- テスト結果には、臨床的な有効性のデータと医者向けの遺伝子カウンセリング資料が含まれる

deCODEme FULLScan

- -アメリカでは直接消費者に
- イルミナの百万SNPチップ、もしくはより低コストのカスタムチップ（2010年9月から使用可）を用いる
- 50以上の病気を含む
- アジア人（日本人、中国人、韓国人）には、10以上の病気が実証されている

deCODEのテストが調べるもの

- T2（2型糖尿病）
 - 高リスク前糖尿病患者を識別、そして薬物治療
- AF（心房細動）
 - AF特有の鼓動に苦しむかもしれない患者を識別、そしてワルファリン（薬）によって恩恵を与える
- MI（心筋梗塞）
 - 患者が低中リスクから高リスクに移行するかもしれない、心筋梗塞リスクを測定
- 乳ガン（deCODEme Cancer 500ドルに含まれる）
 - 高リスクで乳ガンになる人を識別、予防としてマンモグラフィやMRI。タモキシフェンを用いる
- 大腸ガン（deCODEme Cancerに含まれる）
 - 大腸がんのリスクを測定

deCODE 検査のプロセス

deCODE
から顧客へ



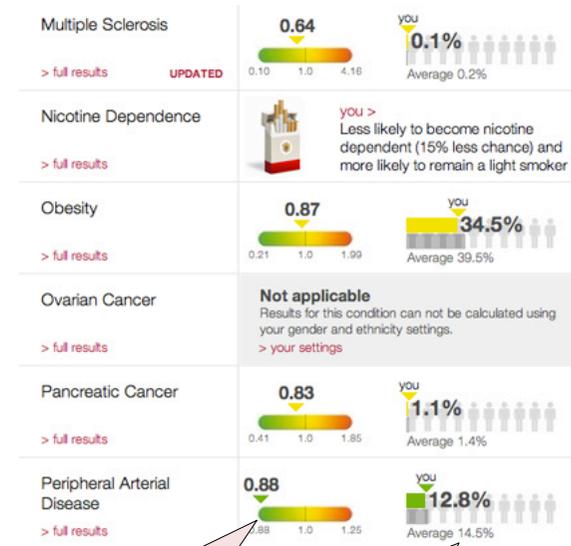
粘膜を採取し
deCODEへ



deCODEが
研究所にて解析



検査項目



相対的罹患
リスク

絶対的罹患
リスク

フルスキャン検査項目



全50項目
に対応

アジア人
データは
21項目
(11年10
月現在)

がん

- 肺がん
- 乳がん**
- 皮膚がん（基底細胞がん）
- 脳腫瘍（神経膠腫）
- 甲状腺がん
- 慢性リンパ性白血病
- 大腸がん**
- 卵巣がん
- すい臓がん
- 前立腺がん**
- 膀胱がん
- 精巣がん

血液

- ABO血液型
- 慢性リンパ性白血病
- 全身性エリテマトーデス
- 静脈血栓塞栓症
- ヘモクロマトーシス
- ワーファリン代謝

骨・関節・筋肉

- 痛風
- 関節リウマチ**
- スタチン誘発性ミオパチー**

脳・神経

- アルツハイマー病**
- 脳腫瘍（神経膠腫）
- レストレスレッグ症候群
- 本態性振戦

腎臓・泌尿器系

- 慢性腎疾患
- 腎臓結石

膠原病

- 関節リウマチ**
- 全身性エリテマトーデス
- 多発性硬化症

心臓・循環器

- 高血圧症
- 心房細動**
- 心筋梗塞**
- 脳動脈瘤**
- 腹部大動脈瘤
- 末梢動脈疾患
- 静脈血栓塞栓症

目・視力

- 虹彩色（眼の色）**
- 加齢黄斑変性症**
- 落屑緑内障

消化・代謝系

- アルコール紅潮反応（お酒の強さ）**
- 苦味認識**
- 1型糖尿病
- 2型糖尿病**
- 大腸がん**
- すい臓がん
- 潰瘍性大腸炎
- 胆石
- 乳糖不耐症**
- 肥満症
- セリアック病
- クローン病

肺・呼吸器系

- 喘息**
- ニコチン依存症**
- 慢性閉塞性肺疾患（肺気腫）
- 肺がん

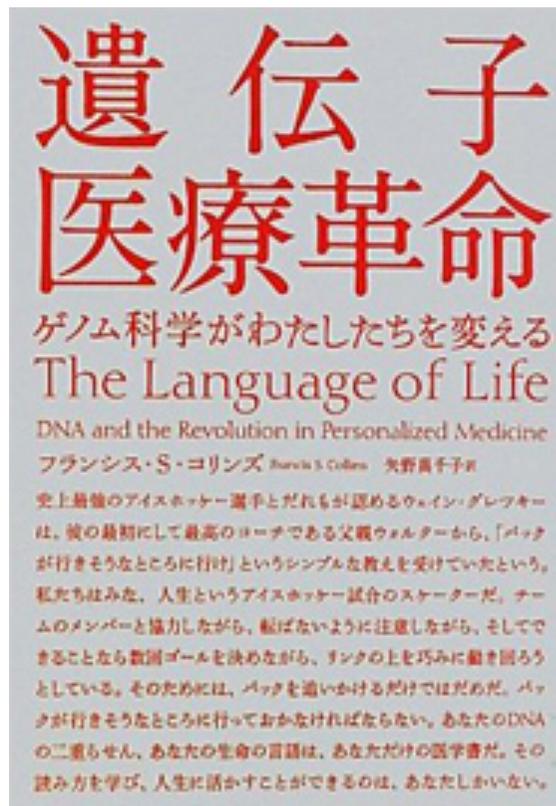
肌・髪・爪

- 皮膚がん（基底細胞がん）
- 男性型脱毛症**
- 乾癬**
- 多発性硬化症

- 太字はアジア人をベースとした研究で再現性が確認されているものです。
- 分類は便宜的なもので、それぞれに重複があります。

「遺伝子医療革命 (原題 : The Language of Life) 」

ヒトゲノム・プロジェクトのリーダーである世界的遺伝学者
Francis S. Collins 【**米国立衛生研究所 (NIH) 所長**】が
一般の人にわかりやすく遺伝子医療の現在と未来を描いた



未来への鍵は、あなたの遺伝子が握っている—

癌、心臓疾患、アルツハイマーなど、わたしたちを脅かすリスクについて事前に知ることができるとしたら……？

個人個人の遺伝子を解析し、それぞれに適した治療や薬を処方する「パーソナルゲノム医療」時代はすぐ手の届くところまで来ている。

世界を代表する科学者が、遺伝子医療の未来をユーモアたっぷりに解き明かす、希望にあふれたサイエンス書。

(NHK出版のHPより)

刊行：原書2010年1月 日本語版2011年1月



Predictive value

Based on PSA guided biopsy results from 1,310 men with PSA levels between 3 and 10 ng/ml the positive predictive value of the decision to make a biopsy is on average 23% for men with PSA values between 3 and 4 ng/ml and 30% for men with PSA values between 4 and 10 ng/ml.

By stratifying these same men into five quintiles according to their genetic risk estimates, using 23 of the 27 deCODE ProstateCancer™ markers, the positive predictive value of the biopsy among the 20% of men with the greatest risk rises to 36% for men with PSA between 3 and 4 ng/ml and to 45% for men with PSA values between 4 and 10 ng/ml.

This shows that the deCODE ProstateCancer™ risk results are an independent addition to the risk associated with PSA and conventional screening methods and have the potential of improving on both the sensitivity and specificity of prostate cancer screening.

Prediction of biopsy outcome with deCODE ProstateCancer among men screened for prostate cancer by PSA, with values between 3 and 4 ng/ml and between 4 and 10 ng/ml.

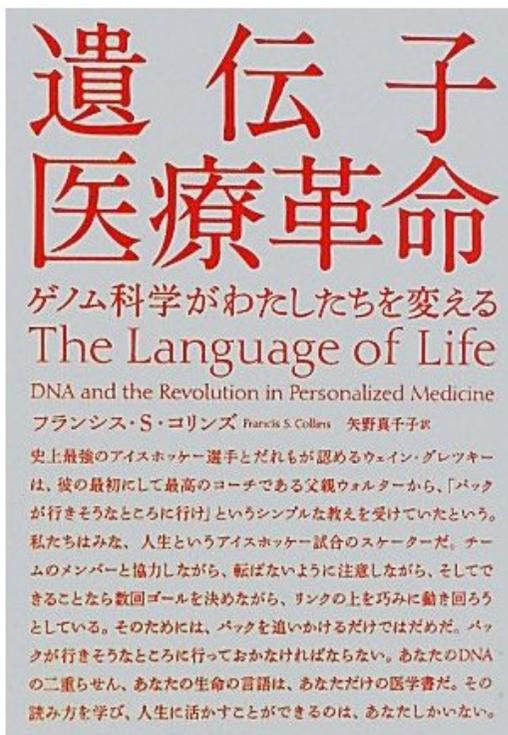
PCA Genetic risk quintile [#]	PPV* for men with PSA between 3 and 4 ng/ml	PPV* for men with PSA between 4 and 10 ng/ml
1	17%	15%
2	20%	26%
3	24%	27%
4	23%	36%
5	36%	45%
Average	23% (n=703)	30% (n=607)

* Positive predictive value

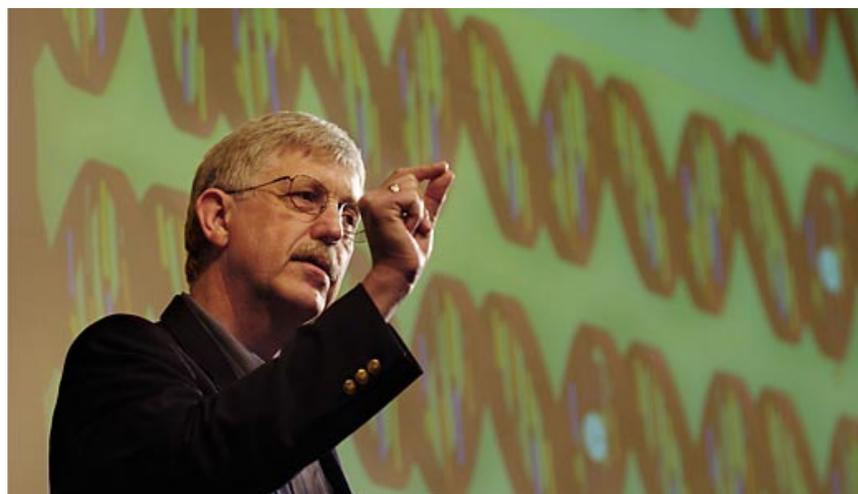
Genetic risk distribution quintiles of a 23 marker deCODE ProstateCancer

だれもが保険証を持っているように自分のDNA情報をもって医療を受ける時代がやがて来る。

DNA情報に基づいた個別化医療



Francis S. Collins著
(米国 NIH 所長)



(邦訳 NHK出版)

リスク評価だけでなく トータルフォローが必須

R.B.I = Risk, Burden, Intervention

リスクを理解するだけでなく、予防する力を与える
エンパワーメント

Risk

- 「危険」
遺伝的疾患リスク
の把握

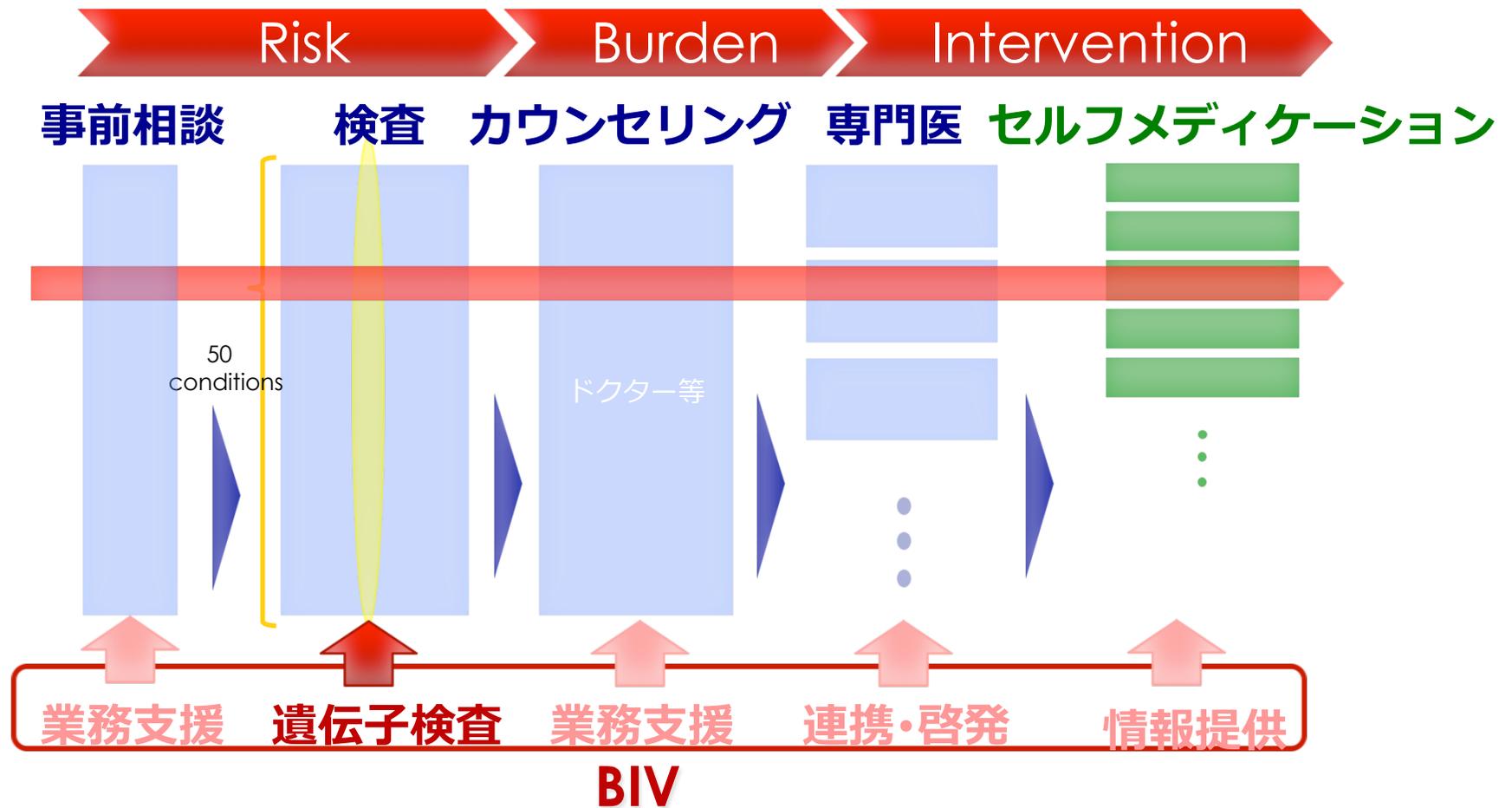
Burden

- 「負荷」
疾患にかかった場
合の負担など、疾
患に関する正確な
知識

Intervention

- 「介入」
各疾患の専門医に
よる診療と
セルフメディケー
ションの達成

BIV-deCODEmeの遺伝子検査 バリューチェーン



Bioinfovision

BIV-deCODEme



これからの取組
NextCODEとはじめる一歩

DISCOVER YAHOO! WITH
YOUR FRIENDS



Learn more

Amgen buys Icelandic gene hunter Decode for \$415 million

By Ben Hirschler | Reuters – Mon, Dec 10, 2012

2012-12-10T15:59:05Z



38



NEWS FOR YOU »

- Gunman's mother kept trials of home life hidden
- Relative: Adam Lanza's Mom Pulled Him Out of School
- Gunman Opens Fire in Alabama Hospital
- Morgan Freeman denies making statement about school shooting
- Mother of US school gunman shared friendships, but kept home life a hidden card
- Father says his severely disabled 18-year-old son's high grades are a sham
- Snapshots of children slain in Connecticut school



遺伝子解析の日常化

NEXTCODE
HEALTH



NEXTCODE
HEALTH

Management

- Hannes Smarason – CEO
- Jeff Gulcher – President and CSO
–Original deCODE co-founder, CSO
- Daniel Siu – VP, Worldwide Sales and Marketing

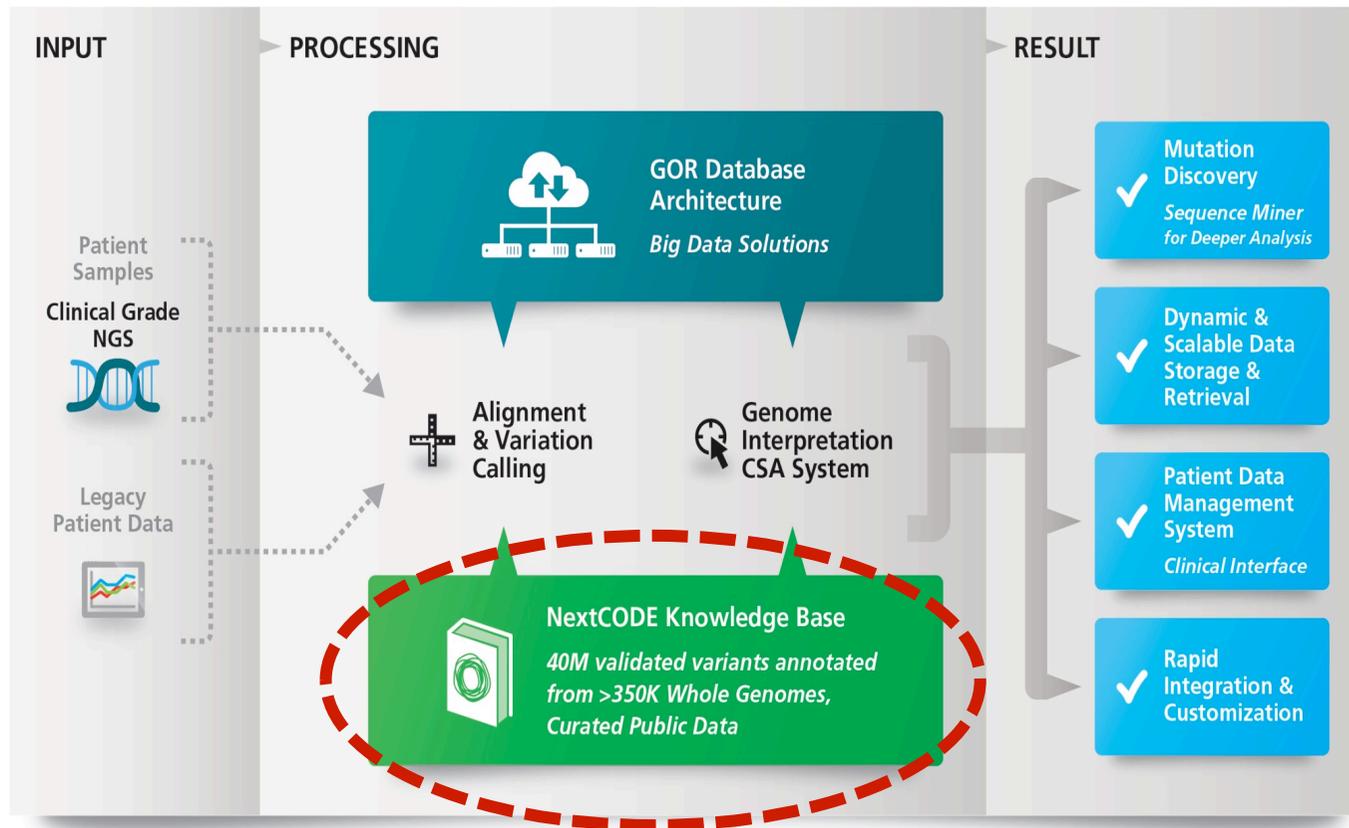


(邦訳 NHK出版)



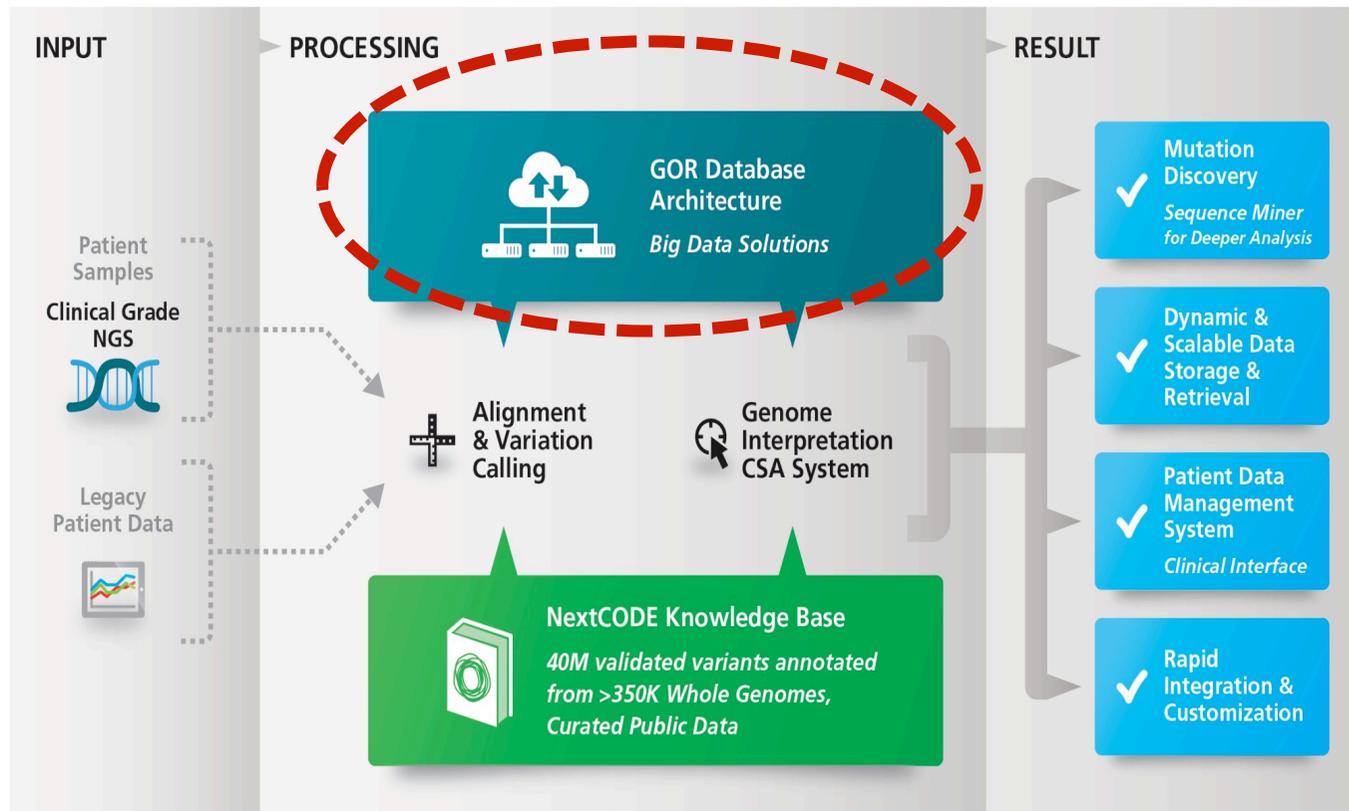
NextCODE Health

- NextCODE system addresses the entire NGS domain



NextCODE Health

- NextCODE system addresses the entire NGS domain



What is GORdb?

GORdb is a data management system designed to **perform tertiary analysis and ad-hoc queries on large scale genomic data.**

GORdb provides for genomic data the **data abstraction and query functionality** which RDBMS provides for business data.



GORdb

- The only database designed to manage large-scale DNA sequence data
 - Relational data management solution for online ad-hoc and tertiary analysis
 - Proven to handle 350 000 VCF files, and all associated variants and genes
- Extremely efficient – FAST!
 - Genomic ordered architecture make queries evaluation very efficient
- Enable massive data mining
 - The system provides horizontal scalability for large data sets and high number of users
- Supports "cloud" file systems (S3)



Clinical Sequence Analyzer demo

- Study Settings
- Report Settings
- Candidate Genes
- Known Variants
- All Variants
- Summary Report

BreastCancer_Sisters

Study name*

BreastCancer_Sisters

Description

The index case in this family has a family history of pre-menopausal breast cancer in a sister. The whole exomes of both sisters were sequenced.

Signs, Symptoms and Candidate Genes

Update study settings

CSA interface includes clinical information and the patients who have a targeted or whole exome sequencing test. This high risk module includes high risk cancer and cardiovascular genes.

Participants

- Add participants
- Add phenotypes to affected

individual	sample	gender	relationship	affected	workflow status
BRCA2_INDEX	DCSA000011856	Female	Index case	<input checked="" type="checkbox"/>	✓
BRCA2_SISTER	DCSA000011857	Female	Sibling	<input checked="" type="checkbox"/>	✓

Update participants

Study Settings Report Settings Candidate Genes Known Variants All Variants Summary Report

All by Genes All by Variants **Dominant** Autosomal Recessive/Hom and CHZ X-Linked Recessive De Novo Candidates Compound Heterozygous Homozygous/Autosomal Recessive
Missing

Candidate Genes/Dominant for BreastCancer_Sisters (total 1)

This report shows dominant sequence variants in the candidate genes which passes the criterias in the report settings.

🔍 ⚙️ ☰ 🔄 🗑️

Open query in Sequence Miner

sequence variant	omim descriptions	gene cov
   chr13:32905140, BRCA2 c.(761-765,767-771)_ACAAAT>A p.(254-255,256-257)_, Cat1, het_del, frameshift_variant	BREAST CANCER, BREAST-OVA...	

Diagnosis of a deleterious mutation in the high risk breast cancer gene, BRCA2, is made in one step.

The patient and her sister both have a protein truncating BRCA2 germline mutation – 5 base deletion (ACMG Category 1 means variant annotated in disease variant database).

Sequence Miner - [Clinical Examples]

BreastCancer_Sisters x

chr13:32,905,064-32,905,222

32,905,080 32,905,100 32,905,120 32,905,140 32,905,160 32,905,180 32,905,200 32,905,220

BRCA2_INDEX.bam

BRCA2_SISTER.bam

Only 20 levels of reads are displayed on this track. Double click to expand to 38

Only 20 levels of reads are displayed on this track. Double click to expand to 28

Known Clinical Vars

Scale 50 bases hg19

chr13: 32,905,090|32,905,100|32,905,110|32,905,120|32,905,130|32,905,140|32,905,150|32,905,160|32,905,170|32,905,180|32,905,190|32,905,200|32,905,210|32,905,220

UCSC Genes (RefSeq, GenBank, CCDS, Rfam, tRNAs & Comparative Genomics)

BRCA2 DE S L K K I N D R P I R S V T D S E N T N Q R E A R S H

BRCA2 DE S L K K I N D R P I R S V T D S E N T N Q R E A R S H

RefSeq Genes

Name	Type	Active
index-BRCA2_INDEX	BAM	<input checked="" type="checkbox"/>
index-BRCA2_INDEX	Variation	<input type="checkbox"/>
index-BRCA2_INDEX	Coverage	<input type="checkbox"/>
sibling-BRCA2_SISTER	BAM	<input checked="" type="checkbox"/>
sibling-BRCA2_SISTER	Variation	<input type="checkbox"/>
sibling-BRCA2_SISTER	Coverage	<input type="checkbox"/>

Clicking on mutation link in CSA immediately opens the Genome Browser with the aligned sequence reads.

Name	Type	Active
Sequence	Assembly	<input checked="" type="checkbox"/>
TruSeqTargets	Regions	<input type="checkbox"/>
SimpleRepeats	Regions	<input type="checkbox"/>
Gene overview	Genes	<input type="checkbox"/>
Genes (Ensembl.org)	Genes	<input type="checkbox"/>
Genes details (Ensembl...)	Genes	<input type="checkbox"/>
Known ClinVars	Vars	<input checked="" type="checkbox"/>
dbSNP	Vars	<input type="checkbox"/>
VEP	Vars	<input type="checkbox"/>

Summary report

BreastCancer_Sisters

Study: BreastCancer_Sisters
 Description: The index case in this family has a family history of pre-menopausal breast cancer in a sister. The whole exomes of both sisters were sequenced.
 Participants: BRCA2_INDEX - index - affected
 BRCA2_SISTER - sibling - affected
 Requesting physician: N/A
 Signs & symptoms:

Summary Report automatically defines the precise definition of patient's cancer mutation and can be tied to GeneTest clinical actions. That is, what should the physician and patient do based on this mutation in the high risk cancer gene, BRAC2?

Conclusion

Results: Positive

Selected findings

chr13:32905140, BRCA2 c.(761-765,767-771)_ACAAAT>A p.(254-255,256-257)_, Cat1, het_del, frameshift_variant
 Vep impact: HIGH - Vep consequence: frameshift_variant,feature_truncation
 Hgvs: ENST00000530893.1:c.761_765delCAAAT - Hgvsp: ENSP00000435699.1:p.Asn255LysfsX17 - Vep biotype: protein_coding_KNOWN
 Clinical significance: pathogenic - Mode of inheritance: dominant

Comment: This patient with family history of pre-menupausal breast cancer in a sister is positive for a truncating mutation in BRCA2 as is her sister. The mutation is an exonic 5 base deletion. Inspection of the raw BAM files shows excellent depth, alignment and variant calls in both sisters.

Starred and commented variants

clinical_significance	mode_of_inheritance	variants	starred	genes
pathogenic	dominant	1		1

Additional findings

About Us

Legacy

Leadership

Investors

Partners

Partners

NextCODE Health announced their first collaborations and new initiatives with leading medical centers across the globe. The new partnerships, which focus on clinical diagnostics in oncology and pediatrics, include:

Boston Children's Hospital, USA

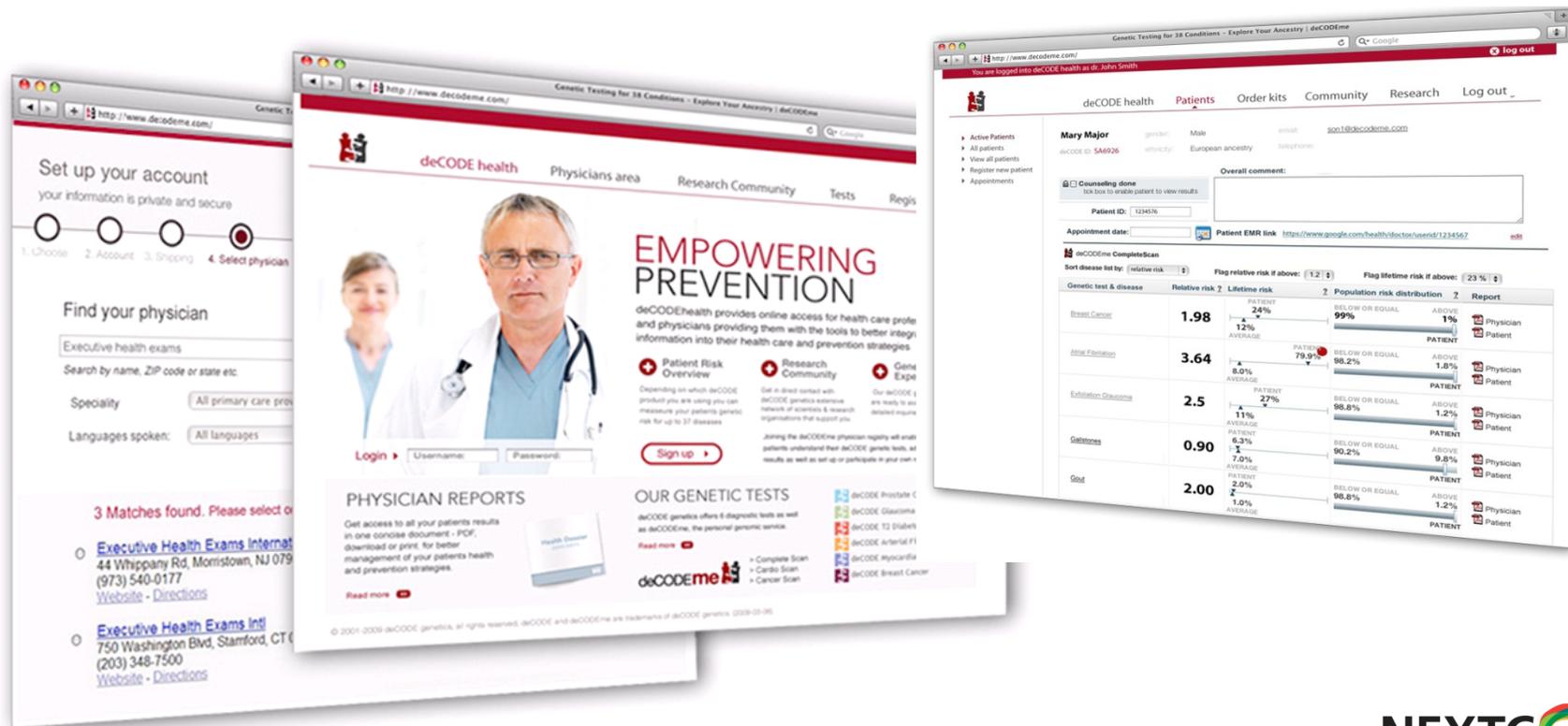
NextCODE is collaborating with the Molecular Core Facility at Boston Children's Hospital to offer advanced data analysis, genome interpretation, and clinical data management to affiliated principal investigators and physician investigators. With the support of the molecular core, over sixty principal investigators and physician investigators from the Boston Children's Hospital, Harvard Medical School, the

Saitama Medical University, Japan

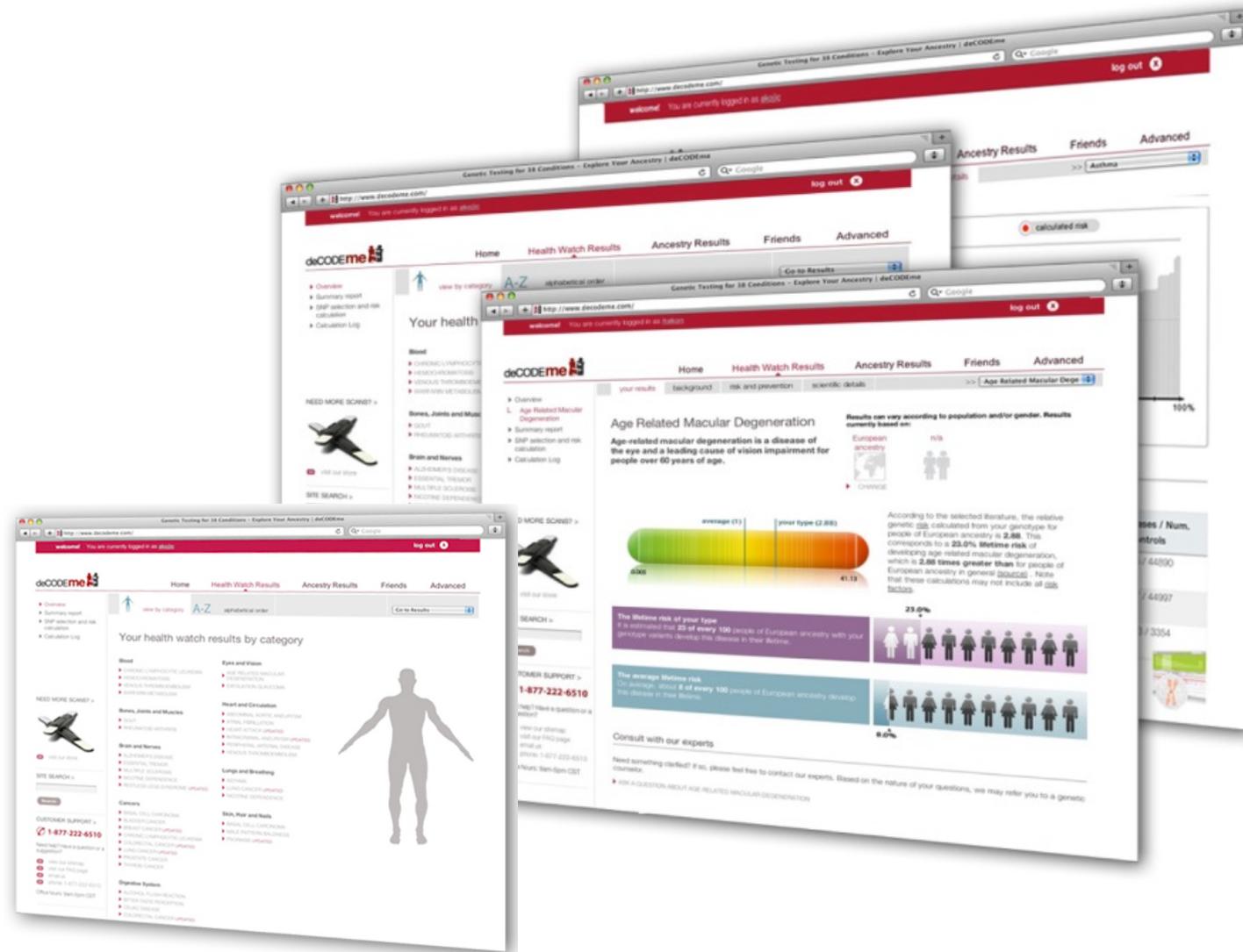
NextCODE Health is supporting clinical diagnostic initiatives in Asian and other non-Caucasian pediatric and oncology patient populations. Our extensive set of reference data has corroborated preliminary findings obtained by bioinformatics teams at Saitama, and has been useful in identifying high-impact mutations that may potentially be usefully in diagnosing and treating patient populations in Japan.

NextCODE Health has exclusive rights to deCODEhealth

This comprehensive genetic test defines a patient's genetic risk based on common genetic risk variants for about 40 most important common diseases.



Condition	Your results sort by your genetic risk ▾	Description
Type 2 Diabetes > full results	<p>3.78</p> <p>0.09 1.0 2.53</p> <p>you 80.0%</p> <p>Average 25.0%</p>	Type 2 diabetes (T2D) (also called non-insulin dependent diabetes mellitus or adult-onset diabetes) is the most common form of diabetes.
Age Related Macular Degeneration > full results	<p>2.89</p> <p>0.01 1.0 18.87</p> <p>you 23.1%</p> <p>Average 8.0%</p>	Age-related macular degeneration is a disease of the eye and a leading cause of vision impairment for people over 60 years of age. Genetic factors ...
Restless Legs Syndrome > full results	<p>1.92</p> <p>0.17 1.0 5.56</p> <p>you 13.4%</p> <p>Average 7.0%</p>	Restless legs syndrome (RLS) is a common neurological disorder. It is characterized by unpleasant sensations in the legs and an uncontrollable urge...
Gallstones > full results	<p>1.89</p> <p>0.90 1.0 1.89</p> <p>you 13.3%</p> <p>Average 7.0%</p>	Gallstones form when crystallized deposits from bile accumulate in the gallbladder. They are quite common and often undetected, but can be very pai...
Prostate Cancer > full results	<p>1.75</p> <p>0.03 1.0 4.41</p> <p>you 28.0%</p> <p>Average 16.0%</p>	Prostate cancer is the most common non-skin cancer among men
Colorectal Cancer > full results	<p>1.28</p> <p>0.41 1.0 2.03</p> <p>you 7.7%</p> <p>Average 6.0%</p>	Colon cancer (also called bowel cancer) is cancer of the large intestine, or colon. Cancer of the last 6 inches of the colon is referred to as rect...
Crohn's Disease > full results	<p>1.07</p> <p>0.01 1.0 2.03</p> <p>you 10.0%</p> <p>Average 10.0%</p>	Crohn's disease (CD) is a chronic



User-friendly schematic interface helps patient's physician to communicate results to the patient.



Sequence-based test to define adult disease risk

- NextCODE Health Clinical report:
 - Based on whole exome sequence and DNA chip genotypes.
 - Or whole genome sequence.
 - For each patient, the report would report on:
 - 1) High risk sequence variants in any of the 58 recommended ACMG high risk gene list
 - High risk cancer genes, high risk cardiomyopathy genes, hypercholesterolemia, long QT syndrome.
 - 2) Genetic risk profiles for about 40 common diseases
 - Based on Asian validated and worldwide validated common genetic markers
- Sequence and DNA-chip data stored in NextCODE GOR database optimized for Japanese company.
 - Allows later updating of patient profiles as additional genes and variants are discovered
 - Physicians can receive alerts if there is a new actionable finding.
 - Allows for population-based disease gene discovery by Japanese company
 - GORdb can handle hundreds of thousands or millions of patients- could be the largest Japanese clinical-genetics database

Sequence-based test for newborns and children

- NextCODE Developmental Disease Profile:
 - Define genetic disease diagnosis and risk based on the most important 2500 genes causing childhood diseases
 - Based on whole exome sequence or whole genome sequence.
- Sequence stored in NextCODE GOR database optimized for Japanese company.
 - Allows later updating of patient profiles as additional genes and variants are discovered
 - Physicians can receive alerts if there is a new actionable finding.
 - Allows for population-based disease gene discovery by Japanese company
 - GORdb can handle hundreds of thousands or millions of patients- could be the largest Japanese clinical-genetics database



Sequence-based test to define best treatment for cancer patients

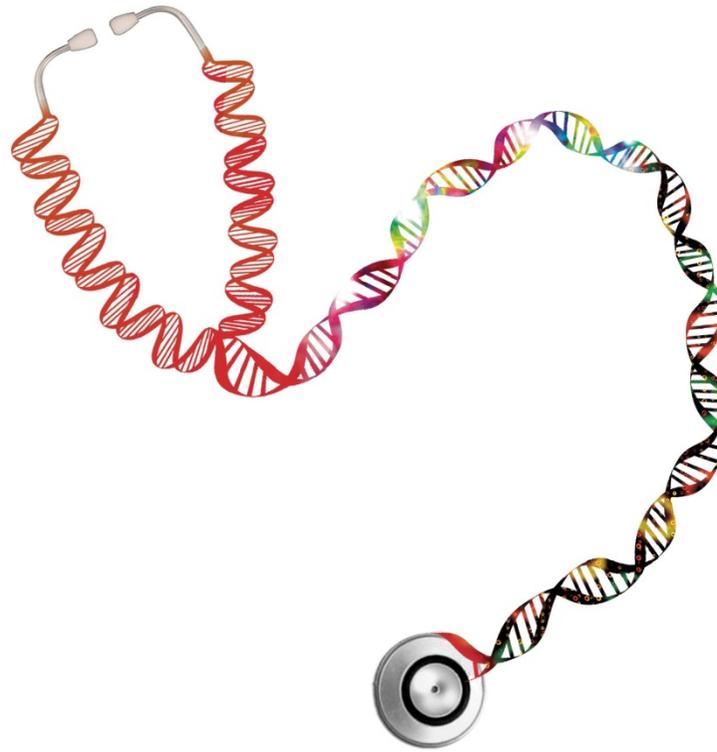
- NextCODE Tumor Mutation Analyzer
 - Compares the whole exome or whole genomes from patients tumor with that of germline (from blood or normal tissue) using multiple algorithms
 - Ties into the largest tumor mutation databases from US and UK
 - Based on any actionable mutations in the tumor, the report summarizes the approved drugs or drugs in development that are predicted to best help this cancer patients.
- Sequence stored in NextCODE GOR database optimized for Japanese company.
 - Allows later updating of patient profiles as additional tumor genes and variants are discovered
 - Allows for population-based disease gene discovery by Japanese company
 - GORdb can handle hundreds of thousands or millions of patients- could be the largest Japanese tumor mutation database



Summary

- NextCODE Health can provide the full solution to define test results based on sequencing and DNA chip tests.
- NextCODE can use CSA to define test results based on 3 different types of patients:
 - Adult patients to define high risk cancer and cardiovascular genes in addition to genetic risk profiles for common diseases
 - Pediatric patients with developmental disorders who need a genetic diagnosis
 - Cancer patients with newly diagnosed tumor or recurrent tumor to define best treatment options.
- GOR database architecture can store and combine sequence data for hundreds of thousands of patients or more to allow for unique population-based disease gene and variant discovery.
- Any company can ultimately leverage NextCODE's tools and experience to dominant the Japanese sequence-based testing market.





Credit: Jane Ades, NHGRI
Rights: Public