



## 약력



### 1. 인적사항



성명	라 선영
소속기관	연세의대 암전이연구센터
직위	조교수
전자메일	rha7655@yumc.yonsei.ac.kr



### 2. 학력/경력

연도	학교 / 기관	전공 / 직위	학위 / 비고
1990	연세대학교 의과대학	의학과	학사
1994	연세대학교 의과대학	의학과	석사
1997	연세대학교 의과대학	의학과	박사
1995	연세대학교 의과대학, 신촌세브란스병원	내과	전문의
1997	연세대학교 의과대학, 신촌세브란스병원, 암센터	혈액종양내과	분과전문의
1998 - 2000	텍사스주립대학 암센터 (The Univ. Texas Health Science Center at San Antonio, Cancer Therapy and Research Center)	종양학과 전임의 /박사후 연구원	
2001 - 현재	연세의대 암전이연구센터	종양생물학/조교수	



### 3. 주요연구실적(개조식, 간단하게)

- 유방암, 위암, 대장암
- 신약개발/임상연구
- Genomics/DNA chip
- Pharmacogenomics/Pharmacogenetics
- Angiogenesis
- Biomarker development
- Carcinogenesis and chemoprevention

# Pharmacogenomics in Cancer Research

연세의대 암전이연구센터 라 선 영

현대의학의 발전으로 많은 질병들의 치료율이 개선되고 있으나, 암은 여전히 낮은 치료율과 약제 내성 및 부작용으로 많은 환자들이 의학적 고통 뿐 아니라 정신적, 경제적 문제점들을 호소하고 있다. 이와같은 문제점은 동일한 병리학적 특성을 가지는 종양이라도 사람마다 그 생물학적 특성이 다르며, 동일한 환자안에서도 종양의 시기에 따라 다양한 특성의 세포들이 공존하며 다양한 문제를 발생하는 tumor heterogeneity에서 기인하게된다.

다행히 최근의 분자생물학의 발전과 인간유전체연구들의 활성화로 이와같은 다양한 암의 특성과 환자들의 특성을 이해하는 연구 방법들의 개발로 환자의 특성에 맞는 항암제를 효율적으로 투여하는 맞춤치료를 향한 노력을 지속하고 있다. 이와같은 맞춤치료의 일환으로 약제의 환자에서의 반응과 부작용을 예측하고자 최신의 high-throughput 기법을 도입한 것이 Pharmacogenomics이다.

즉, 지금까지의 항암치료는 암의 종류에 따라 임상연구 결과에 근거한 항암제를 선택하고 있다. 그러나 앞서 설명한 것처럼 암의 특성과 환자 반응의 다양화로 실제 항암효과는 기대에 미치지 못하여 많은 수의 환자들이 치료에 내성을 보일 뿐 아니라 치명적인 부작용으로 새로운 문제에 대면하게 되었다. 따라서 각 항암제에 최대의 효과를 보이며 최소의 부작용을 나타내는 최선의 치료책을 선정하는 것이 중요한 과제이다. 이를 위해서 암환자의 치료 단계에서 정확한 진단 및 병기 설정, 생물학적 특성 이해 뿐 아니라, 치료 반응을 예측할 수 있는 생물학적 표지자를 찾고자 하는 노력의 결과로 현재 임상에 사용되는 몇 가지 종양표지자를 포함하여 다양한 유전자 칩들이 연구 단계에 있다. 특히 다양한 생물학적 현상이 많은 유전자들의 변화에 의한다는 근거하여 약제의 효과와 부작용을 예측할 수 있는 표지자 발굴도 DNA chip 등의 high-throughput technology를 사용하여 그 특이도와 민감도가 향상된 표지자 발굴이 시도되고 있다.

아직은 시작단계이고 많은 검증이 필요하나 여러 가지 가능성의 증거들로 멀지않은 시기에 맞춤치료가 가능하리라 기대하며, 암 연구에 있어서 pharmacogenomics의 현황을 소개하고자 한다.

## **Pharmacogenomics in cancer research**



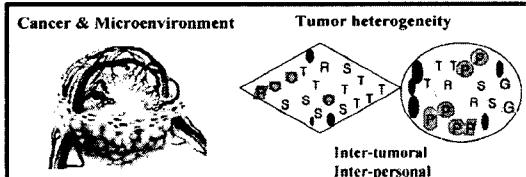
**Sun Young Rha, M.D., Ph.D.**  
Cancer Metastasis Research Center  
National Biochip Research Center  
Yonsei University College of Medicine

### **Various efficacy and toxicity**

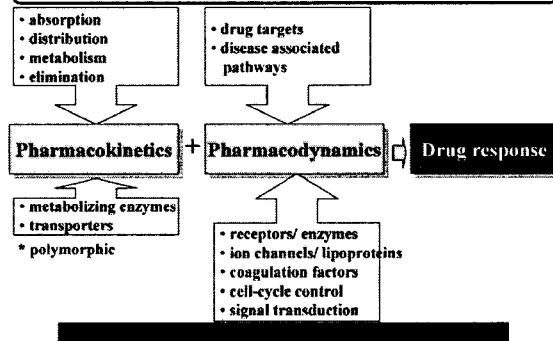
	<b>Chemotherapy</b>	<b>Targeted biological therapy</b>
<b>Response</b>	Low (20-30%)	Moderate (30-50%)
<b>Toxicity</b>	High (~ 100%)	Moderate (40-50%)

**“One dose fits all ?”**

### **Sources of individual variability**



### **Factors of individual variability in drug response**



### **Development of novel biomarkers based on complex genetic information of integrated drug pathways**



### **Requirement of high-throughput technologies**



### **Pharmacogenomics**

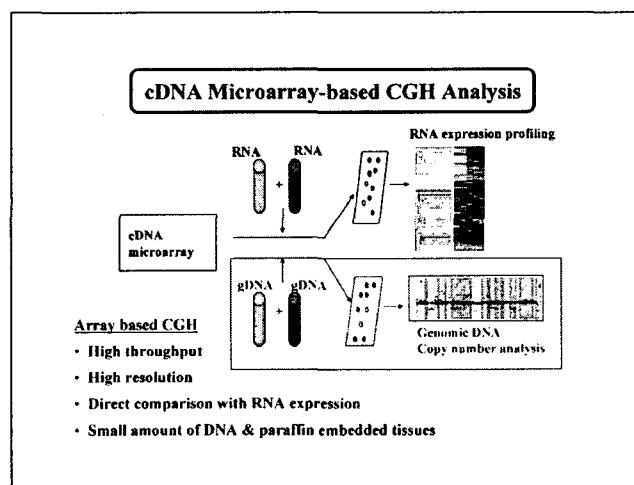
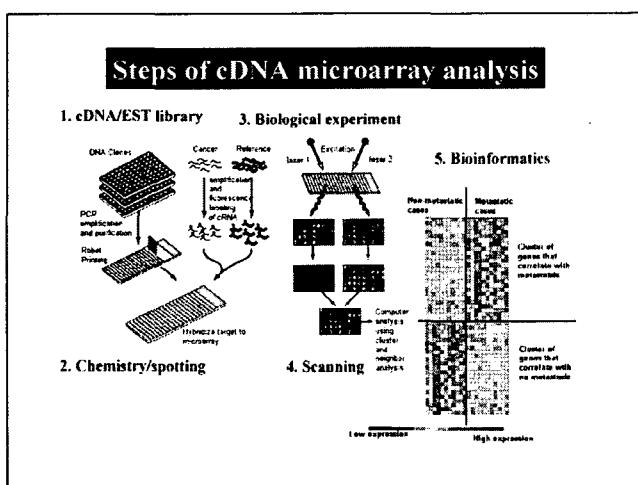
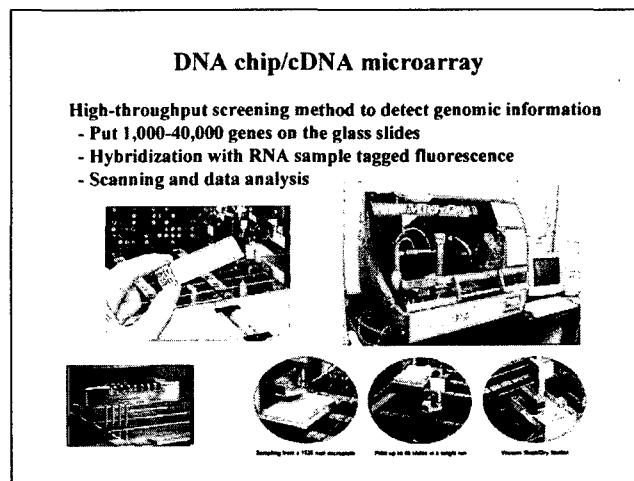
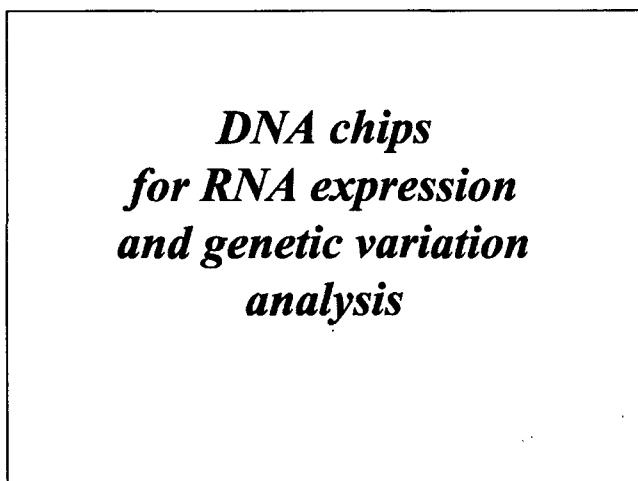
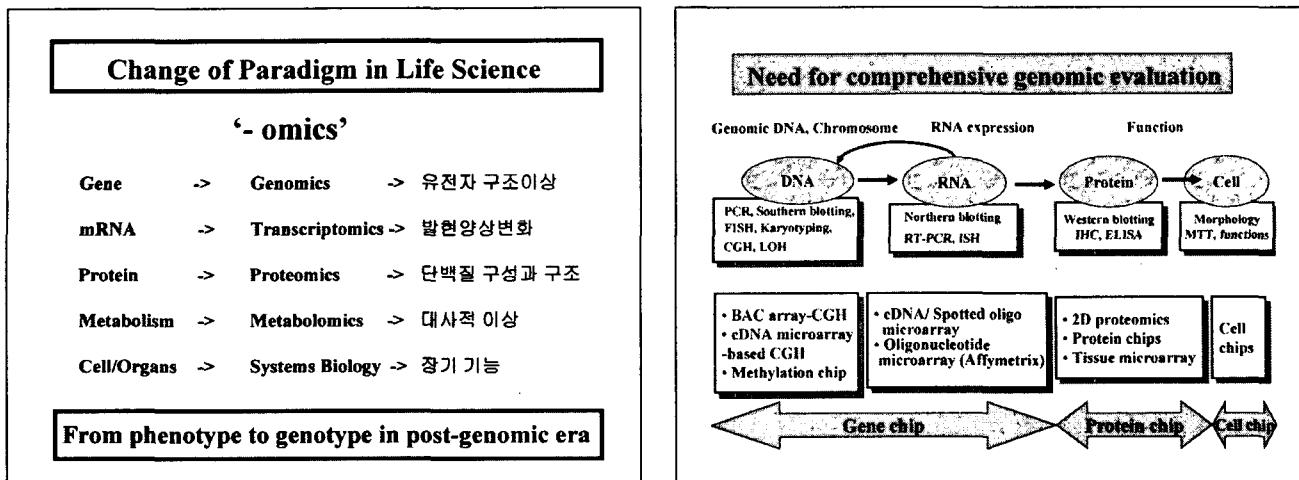
### **Evaluation of inter-individual variations influencing drug action**

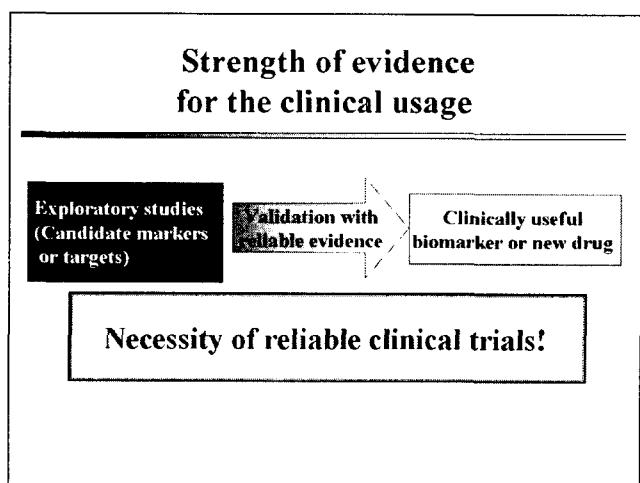
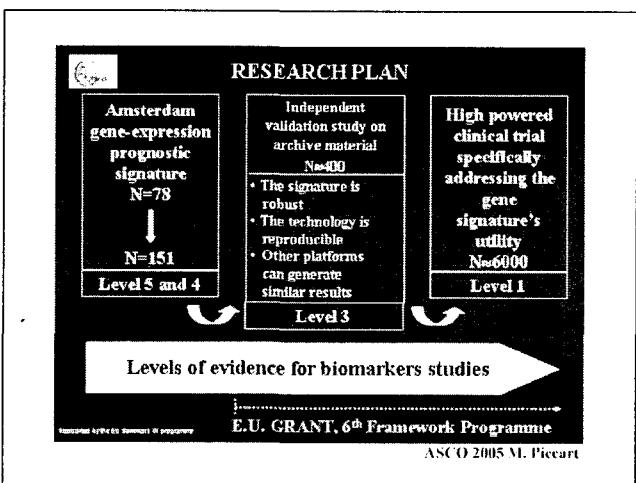
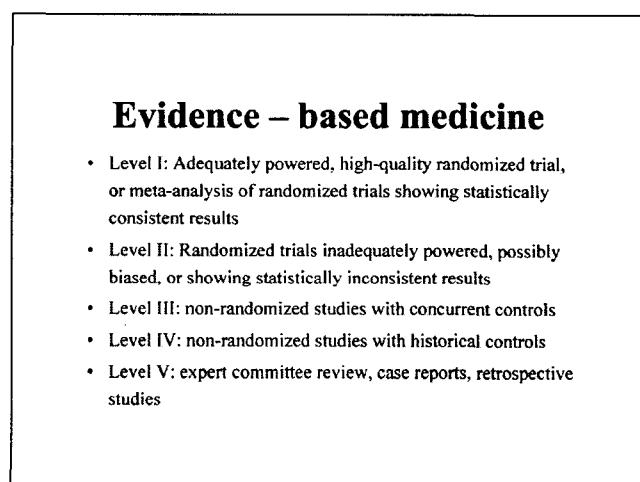
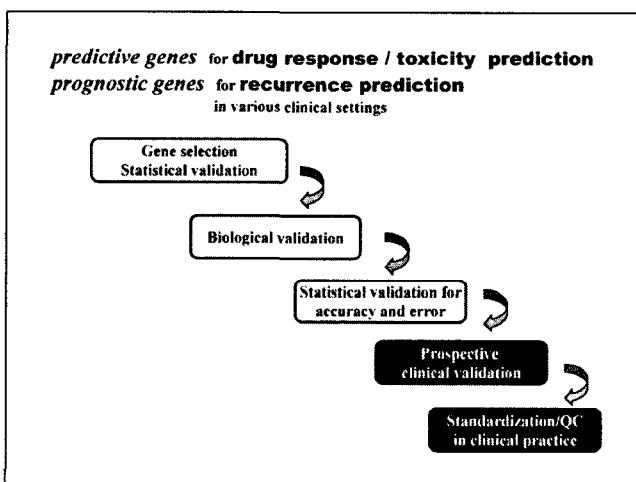
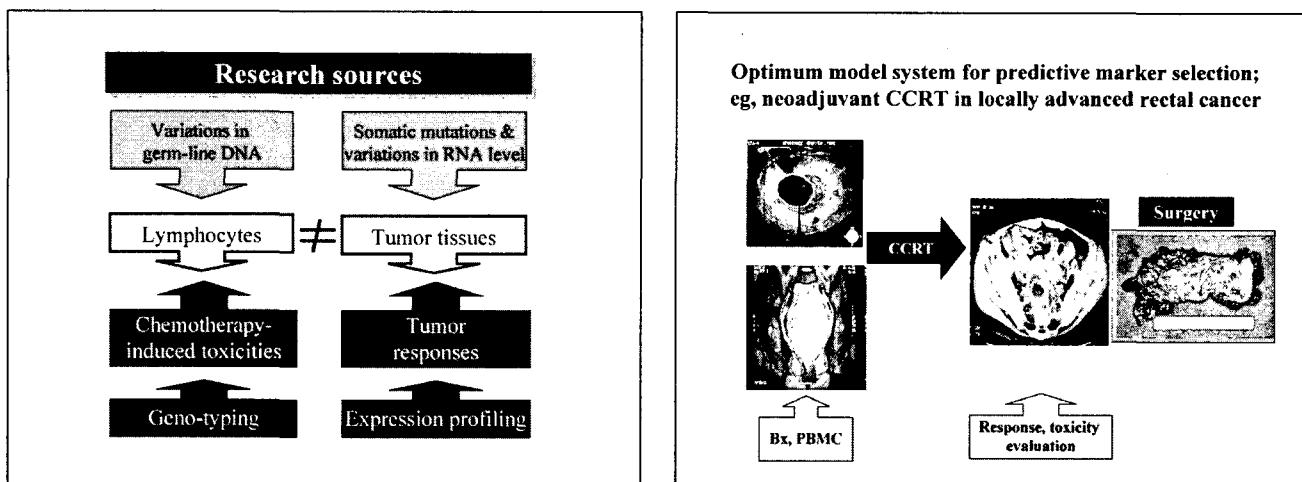
#### **Pharmacogenetics**

In a single gene sequence or a limited set of multiple genes sequences

#### **Pharmacogenomics**

Introduction of genome wide technology





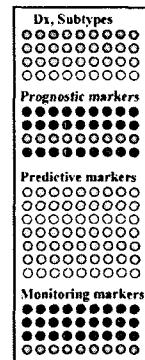
### Issues in translational research

- **Cost**
  - Difficult to evaluate
  - Funding source
  - Expensive
- **Analysis technology and sample handling**
  - Choice of referral lab
  - Proper handling of biological specimen
  - Tissue access and regulatory limitations
  - Informed consent
- **Clinical trial design**
- **Case by case approach**
- **Multidisciplinary efforts**

### Future

#### "Molecular kit for individualization"

-> selection of proper patients  
for drug treatment  
: Tailored therapy  
-> improvement of  
not only survival rate  
but also the quality of life



Drug metabolism  
Host response  
Tumor genotype

### Conclusions

- Potential of genomics using microarray
- Need adequate validation:  
Technical, statistical, biological and finally clinical validation!
- Integration between the techniques with integrative analytical tools
- Integration of genomics data with clinical information
- Adequate study design based on the clinical settings  
with clear purposes
- Collaborative works with proper communication