



(21) 申請案號：105137928

(22) 申請日：中華民國 105 (2016) 年 11 月 18 日

(51) Int. Cl. :

G06Q50/22 (2012.01)

G06F19/00 (2011.01)

(71) 申請人：財團法人資訊工業策進會 (中華民國) INSTITUTE FOR INFORMATION INDUSTRY (TW)

臺北市和平東路 2 段 106 號 11 樓

(72) 發明人：劉韋驛 LIU, WEI (TW)；邱育賢 CHIU, YUSHIAN (TW)；徐仁徽 SYU, JOEY JENHUI (TW)；謝嘉珊 HSIEH, CHIASHAN (TW)；蔡孟勳 TSAI, MONGHSUN (TW)；盧子彬 LU, TZUPIN (TW)；賴亮全 LAI, LIANGCHUAN (TW)；莊曜宇 CHUANG, ERICY (TW)；蕭暉議 HSIAO, HUI (TW)

(74) 代理人：李世章；秦建譜

申請實體審查：有 申請專利範圍項數：16 項 圖式數：8 共 28 頁

(54) 名稱

藥物組合預測系統及藥物組合預測方法

DRUG COMBINATION PREDICTION SYSTEM AND DRUG COMBINATION PREDICTION METHOD

(57) 摘要

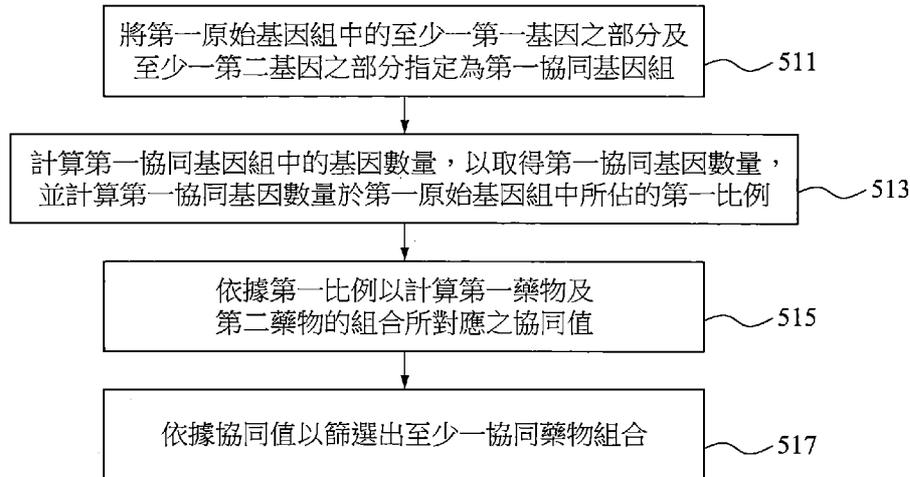
一種藥物組合預測系統，包含一儲存裝置及一處理器。儲存裝置用以儲存一資料庫，資料庫用以儲存複數個原始基因組、一第一藥品所影響的至少一第一基因及一第二藥品所影響的至少一第二基因。處理器用以將第一原始基因組中的至少一第一基因之部分及至少一第二基因之部分指定為一第一協同基因組，計算第一協同基因組中的基因數量，以取得一第一協同基因數量，依據第一協同基因數量於第一原始基因組中所佔的一第一比例，以計算第一藥物及第二藥物的組合所對應之一協同值，並依據協同值以篩選出至少一協同藥物組合。

A drug combination prediction system is provided. The drug combination effect prediction system comprises a storage device and a database. The database stores a plurality original gene set, at least one first gene impacted by a first drug and at least one second gene impacted by a second drug. The processor assigns a part of the at least one first gene and a part of the at least one second gene of a first original gene set to a first interaction gene set. The processor calculates the gene amount of the first interaction gene set to obtain a number of the first interaction gene. The processor calculates a first percentage according to the number of the first interaction gene of the first original gene set, so as to calculate an interaction value. The processor selected at least one interactive drug combination according to the interaction value.

指定代表圖：

符號簡單說明：

510 511~517 . . . 步驟  
510 . . . 篩選機制



第 6 圖

## 【發明說明書】

【中文發明名稱】藥物組合預測系統及藥物組合預測方法

【英文發明名稱】DRUG COMBINATION PREDICTION  
SYSTEM AND DRUG COMBINATION PREDICTION  
METHOD

### 【技術領域】

【0001】 本發明是有關於一種藥物組合預測系統及藥物組合預測方法，且特別是有關於一種應用藥物協同作用的藥物組合預測系統及藥物組合預測方法。

### 【先前技術】

【0002】 一般而言，將不同的藥物進行組合時，可能會產生藥物協同作用，協同作用是指當同時給予兩種或兩種以上的藥物時，作用在靶器官或靶細胞上的效應等於或大於各藥物效應的總和，此效應可以是治療效應或不良反應。此外，協同作用是確定腫瘤或選用治療方案的基礎，可用以增加效應，也可降低方案中某種藥物的劑量，以避免因大劑量用藥引起的毒性反應。

【0003】 因此，將不同的藥物進行組合時，藥物組合療效的預測變得十分重要，藉由藥物組合療效的預測，可得知將組合後的藥物是否具有較佳的療效。然而，藥物組合療效預測的運算過程複雜，當藥物總數過多時，這些藥物可以組合的方式眾多，其運算的時間會更長，往往需要數天甚至數個月，才能完成運算。

**【0004】** 因此，如何有效地於篩選藥物組合方式，以減少進行藥物組合療效預測的運算量，已成為本領域相關人員所需解決的問題。

### **【發明內容】**

**【0005】** 為解決上述的問題，本發明之一態樣提供一種一種藥物組合預測系統，包含一儲存裝置及一處理器。儲存裝置用以儲存一資料庫，資料庫用以儲存複數個原始基因組、一第一藥品所影響的至少一第一基因及一第二藥品所影響的至少一第二基因。其中，原始基因組包含一第一原始基因組，第一原始基因組包含至少一第一基因之部分及至少一第二基因之部分。處理器用以將第一原始基因組中的至少一第一基因之部分及至少一第二基因之部分指定為一第一協同基因組，計算第一協同基因組中的基因數量，以取得一第一協同基因數量，依據第一協同基因數量於第一原始基因組中所佔的一第一比例，以計算第一藥物及第二藥物的組合所對應之一協同值，並依據協同值以篩選出至少一協同藥物組合。

**【0006】** 本發明之另一態樣提供一種藥物組合預測方法，包含：儲存複數個原始基因組、一第一藥品所影響的至少一第一基因及一第二藥品所影響的至少一第二基因；其中，原始基因組包含一第一原始基因組，第一原始基因組包含至少一第一基因之部分及至少一第二基因之部分；將第一原始基因組中的至少一第一基因之部分及至少一第二基因之部分指定為一第一協同基因組；計算第一協同基因組中的

基因數量，以取得一第一協同基因數量，並計算第一協同基因數量於第一原始基因組中所佔的一第一比例；依據第一比例以計算第一藥物及第二藥物的組合所對應之一協同值；以及依據協同值以篩選出至少一協同藥物組合。

**【0007】** 綜上所述，本發明所示之藥物組合預測系統及藥物組合預測方法係藉由計算各種藥物組合的協同值，以預測各種藥物組合對於基因表現量所產生的影響，此外，本發明可篩選出協同值相對較高的藥物組合，將此些藥物組合進行後續藥物療效分析。藉此，大幅減少了藥物組合預測所需的運算量。

#### **【圖式簡單說明】**

**【0008】** 為讓本發明之上述和其他目的、特徵、優點與實施例能更明顯易懂，所附圖式之說明如下：

第 1 圖根據本發明之一實施例繪示一種藥物組合預測方法之流程圖；

第 2 圖根據本發明之一實施例繪示一種藥物組合預測系統之方塊圖；

第 3A~3B 圖根據本發明之一實施例繪示一種藥物組合預測之示意圖；

第 4 圖根據本發明之一實施例繪示一種統計結果之示意圖；

第 5 圖根據本發明之一實施例繪示一種藥物組合預測方法之流程圖；

第 6 圖根據本發明之一實施例繪示一種篩選機制之流程圖；

第 7 圖根據本發明之一實施例繪示一種藥物組合分析之示意圖；以及

第 8A~8B 圖根據本發明之一實施例繪示一種篩選藥物組合之示意圖。

### 【實施方式】

**【0009】** 下文係舉實施例配合所附圖式作詳細說明，但所提供之實施例並非用以限制本發明所涵蓋的範圍，而結構操作之描述非用以限制其執行之順序，任何由元件重新組合之結構，所產生具有均等功效的裝置，皆為本發明所涵蓋的範圍。此外，圖式僅以說明為目的，並未依照原尺寸作圖。為使便於理解，下述說明中相同元件將以相同之符號標示來說明。

**【0010】** 關於本文中所使用之『第一』、『第二』、...等，並非特別指稱次序或順位的意思，亦非用以限定本發明，其僅僅是為了區別以相同技術用語描述的元件或操作而已。請參照第1~2圖，第1圖根據本發明之一實施例繪示一種藥物組合預測方法100之流程圖。第2圖根據本發明之一實施例繪示一種藥物組合預測系統200之方塊圖。於一實施例中，藥物組合預測系統200包含一處理器210及一儲存裝置230。處理器210耦接於儲存裝置230。

**【0011】** 於一實施例中，儲存裝置230包含一資料庫231。

【0012】 於一實施例中，處理器210用以執行各種運算，且亦可以被實施為微控制單元(microcontroller)、微處理器(microprocessor)、數位訊號處理器(digital signal processor)、特殊應用積體電路(application specific integrated circuit, ASIC)或一邏輯電路。

【0013】 於一實施例中，儲存裝置230可以被實作為唯讀記憶體、快閃記憶體、軟碟、硬碟、光碟、隨身碟、磁帶、可由網路存取之資料庫或熟悉此技藝者可輕易思及具有相同功能之儲存媒體。

【0014】 於一實施例中，藥物組合預測系統200更包含傳輸裝置220及一DNA微陣列(DNA microarray) 250。於一實施例中，傳輸裝置220可以是一路由晶片、一數據處理元件、一網路卡以實現之。於一實施例中，傳輸裝置220用以接收來自一DNA微陣列250所量測的一基因表現量(gene expression value)。

【0015】 接著，請一併參閱第1、3A~3B圖，第3A~3B圖根據本發明之一實施例繪示一種藥物組合預測之示意圖。

【0016】 於步驟110中，處理器210透過傳輸裝置220以取得DNA微陣列250所量測的一基因表現量。

【0017】 於一實施例中，當藥物滴到DNA微陣列250以對細胞進行治療後，藥物可能會使基因產生不同的基因表現量(例如，藥物促使某一基因產生較多的酵素)，因此，可以由基因表現量得知藥物的治療效果。

【0018】 此外，於步驟110之後，亦可同時或先後執行

步驟120及/或步驟140。

【0019】 於步驟120中，處理器210依據每種藥物組合方式所影響的基因表現量，以選擇基因進行統計運算。

【0020】 如第3A圖所示，藥物A會影響基因31~35的基因表現量，藥物B會影響基因31~33、36~37的基因表現量，當藥物A及藥物B組合時，由於藥物A及藥物B皆會影響基因31~33的基因表現量，因此，處理器210選擇基因31~33進行統計運算。

【0021】 於步驟130中，當每種藥物組合施加於每個被選擇的基因時，處理器210計算每個被選擇的基因所表現的藥物療效預測分數。如第3A圖所示，處理器210計算每個被選擇的基因31~33之藥物療效預測分數。

【0022】 於一實施例中，處理器210依據現有的一第一演算法(例如Co-gene score calculation)，以針對基因31~33計算藥物療效預測分數。由於此第一演算法可以由已知技術實現之，故此處不再贅述之。

【0023】 於步驟140中，處理器210對基因組(gene set)進行富集分析(enrichment analysis)。

【0024】 於一實施例中，處理器210將每個功能相似的基因，劃分為同一個基因組。於一實施例中，資料庫231用以儲存此些基因組。

【0025】 於一實施例中，富集分析是指將藥物滴到DNA微陣列250以後，DNA微陣列250偵測藥物對於每個基因產生的數值，針對此數值進行統計運算後，例如：標準差、正規化及/或分散運算(normal distribution)運算。每個基

因組可得到一個基因組影響值，用以代表此藥物對各個基因組的影響度。

【0026】 於一實施例中，每個基因組中的基因也可藉由統計運算以得到基因影響值，用以代表此藥物對各個基因的影響度。

【0027】 於步驟150中，處理器210由資料庫231中取得一P值(p-value)，並依據此P值以選擇進行藥物組合療效預測的基因組。其中，P值可視為統計上所定義的一個門檻值，例如，處理器210設置P值為5%時，處理器210選取基因組樣本之中之5%的基因組(例如總共有1000個基因組樣本，則選出50個基因組)，以進行藥物組合療效預測。

【0028】 於一實施例中，如第4圖所示，第4圖根據本發明之一實施例繪示一種統計結果之示意圖。當待測藥物(例如為藥物A及藥物B的組合)施加於各種基因組時，處理器210可用以統計各種基因組對於待測藥物的影響程度，以取得多筆基因影響值。

【0029】 舉例而言，基因組影響值的統計結果呈現一常態分佈，基因組影響值可用以代表此藥物對各種基因組(或其中的基因)是否產生影響。於基因組影響值的統計結果中，信賴區間Ra占95%(代表藥物對這些基因的影響不大)，而信賴區間Ra以外的部分佔5%(代表這些基因的行為跟其他基因不同，故特定待測藥物對這些基因的影響大)。

【0030】 因此，處理器210選用這些信賴區間Ra之外的基因組，以進行後續的運算。

【0031】 於步驟160中，處理器210由資料庫231中取得

每種藥物組合方式。例如，資料庫231中記錄藥物A與藥物B可進行組合、藥物A與藥物C可進行組合。

【0032】 於一實施例中，處理器210執行完步驟160後，可先後或同時執行步驟170及步驟180。

【0033】 於步驟170中，處理器210計算每種藥物組合施加於基因組時，各個基因組所表現的藥物療效預測分數。例如，於第3B圖中，處理器210依據資料庫231紀錄的資料可得知藥物A會影響基因組S1、S3、S4，藥物B會影響基因組S2、S3、S4，其中，基因組S3、S4會同時受到藥物A及藥物B的影響，故藥物A及藥物B的組合可能會對基因組S3、S4產生藥物協同作用。因此，處理器210計算藥物A與藥物B之組合對於基因組S3、S4的藥物療效預測分數。

【0034】 於一實施例中，處理器210依據現有的一第二演算法(例如Co-GS score calculation)，以針對基因組S3、S4計算一藥物療效預測分數。由於此第二演算法可以由已知技術實現之，故此處不再贅述之。

【0035】 於步驟180中，處理器210依據每種藥物組合方式，以選擇基因組中的各個基因進行統計運算。於一實施例中，如第3B圖所示，處理器210選擇基因組S3、S4中的基因41~44進行統計運算。

【0036】 於步驟190中，處理器210計算每種藥物組合施加於基因組時，各個基因組中的基因所表現的藥物療效預測分數。例如，於第3B圖中，處理器210依據現有的一第三演算法(例如Co-gene/GS score calculation)，以針對基因組S3、S4中的每一個基因41~44計算一藥物療效預測

分數。由於此第三演算法可以由已知技術實現之，故此處不再贅述之。

**【0037】** 於步驟195中，處理器210依據第一演算法、第二演算法及第三演算法所計算出的藥物療效預測分數，以排序藥物組合，藉此可預測各種藥物組合所產生的療效排名。

**【0038】** 然而，上述步驟110~190所處理的資料量較大，處理器210需要較多時間進行運算。因此，本發明進一步於步驟110後，依據藥物組合的協同作用之資訊，以篩選出至少一協同藥物組合，使得步驟120~195僅需考量此至少一協同藥物組合中的基因組及/或基因，藉以減少步驟120~195的運算量。

**【0039】** 請參閱第5圖，第5圖根據本發明之一實施例繪示一種藥物組合預測方法500之流程圖。第5圖與第1圖的不同之處在於，第5圖更包含步驟510。

**【0040】** 於步驟510中，處理器210執行一篩選機制，以選出至少一協同藥物組合。

**【0041】** 接著，請參閱第2、6~7圖，第6圖根據本發明之一實施例繪示一種篩選機制510之流程圖。第7圖根據本發明之一實施例繪示一種藥物組合分析之示意圖。

**【0042】** 於一實施例中，處理器210分析基因表現量以得知藥品A所影響的至少一第一基因(如基因a、b、p)及藥品B所影響的至少一第二基因(如基因b、c、h、k、p)。

**【0043】** 於一實施例中，儲存裝置230用以儲存一資料庫231，資料庫231用以儲存多原始基因組，如第7圖所示，

原始基因組包含一第一原始基因組、一第二原始基因組及/或一第三原始基因組。此外，資料庫231用以儲存藥品A所影響的至少一第一基因及藥品B所影響的至少一第二基因。其中，第一原始基因組包含至少一第一基因之部分及至少一第二基因之部分。

**【0044】** 於步驟511中，請參閱第7圖之第一原始基因組的欄位，以此欄位為例，當處理器210由資料庫231得知藥品A會影響基因a、b、p(稱為第一基因)且藥品B會影響基因b、c、h、k、p(稱為第二基因)時，處理器210將第一原始基因組(包含基因a、b、c、d、e)中的至少一第一基因之部分(此例為基因a、b)及至少一第二基因之部分(此例為基因b、c)指定為一第一協同基因組(即包含基因a、b、c)。

**【0045】** 此外，於第二原始基因組中，當第二原始基因組包中含至少一第二基因之部分(包含基因h、k)且不包含第一基因時，處理器210判斷藥物A及藥物B的組合對於第二原始基因組不發生協同作用，因此第二原始基因組並未對應到任何協同基因組。

**【0046】** 於第三原始基因組中，當處理器210由資料庫231得知藥品A會影響基因p，且藥品B會影響基因p時，處理器210將第三原始基因組(包含基因l、m、n、o、p)中的至少一第一基因之部分(此處為基因p)及至少一第二基因之部分(此處為基因p)指定為一第二協同基因組(即包含基因p)。

**【0047】** 於一實施例中，處理器210將第一協同基因組(即包含基因a、b、c)及第二協同基因組(即包含基因p)進行

聯集，以產生一總協同基因組(即包含基因a、b、c、p)。

**【0048】** 由於部分藥物的組合對於基因的療效，可能會具有藥物傳導的特性，因此當藥物A、B皆影響到同一基因組(例如第一原始基因組、第三原始基因組)中的部分基因時，則將此部分基因指定為協同基因組，代表藥物A、B可能對這些部分基因產生協同作用。

**【0049】** 於步驟513中，處理器210計算第一協同基因組中(包含基因a、b、c)的基因數量，以取得一第一協同基因數量(即為3)，並計算第一協同基因數量於第一原始基因組中(第一原始基因組包含基因a、b、c、d、e，其基因數量為5)所佔的一第一比例( $3/5$ ，即0.6)。

**【0050】** 於第三原始基因組中，處理器210計算第二協同基因組中(包含基因p)的基因數量，以取得一第二協同基因數量(即為1)，並計算第二協同基因數量於第三原始基因組中(第三原始基因組包含基因l、m、n、o、p，其基因數量為5)所佔的一第二比例( $1/5$ ，即0.2)。

**【0051】** 由於藥物A及藥物B的組合對於第二原始基因組不發生協同作用，故處理器210不針對第二原始基因組進行運算，並直接將第二原始基因組對應的比例指定為零。

**【0052】** 於步驟515中，依據第一比例(0.6)以計算第一藥物(如藥物A)及第二藥物(如藥物B)的組合所對應之一協同值。須注意的是，當處理器210已計算出多組比例(如第一比例及第二比例)時，處理器210會加總所有比例值，並將加總後的比例值除以原始基因組之組數。

**【0053】** 於一實施例中，處理器210依據第一比例(0.6)

及第二比例(0.2)，以計算藥物A及藥物B的組合所對應之協同值。例如，處理器210累加第一比例(0.6)及第二比例(0.2)以取得一影響參數(0.8)，並將影響參數除以原始基因組之組數(例如樣本為20組原始基因組)，以取得藥物A及藥物B的組合所對應之協同值(即 $0.8/20=0.04$ )。

**【0054】** 另一方面，當第二原始基因組包含至少一第二基因之部分(包含基因h、k)且不包含第一基因時，處理器210判斷藥物A及藥物B的組合所對應之協同值為零。

**【0055】** 於步驟517中，處理器210依據協同值以篩選出至少一協同藥物組合。

**【0056】** 於一實施例中，處理器210更用以判斷協同值是否為零，若協同值為零，則排除藥物A及藥物B的組合。

**【0057】** 請參閱第8A~8B圖，第8A~8B圖根據本發明之一實施例繪示一種篩選藥物組合之示意圖。於第8A圖中，處理器210可依據上述步驟以計算各種藥物組合的協同值，例如為藥物A及藥物B的協同值、藥物A及藥物C的協同值、藥物B及藥物C的協同值...等等。接著，處理器210判斷於列R4、R6中，協同值欄位為0，故將列R4、R6中的資料刪除，僅保留列R1~R3、R5中的資料(如第8B圖所示)。

**【0058】** 於一實施例中，處理器210可應用上述的步驟，以計算藥物A及藥物C之組合所對應之協同值(例如為0.01)，並計算協同值(即藥物A及藥物B的協同值0.04)與另一協同值(即藥物A及藥物C的協同值0.01)的一平均值。

**【0059】** 當藥物A及藥物B的協同值高於平均值時，則將藥物A及藥物B的組合指定為至少一協同藥物組合之其中

之一者。

**【0060】** 於一實施例中，如第8B圖所示，處理器210計算列R1~R3、R5中協同值的平均值為0.0425，並將大於或等於此平均值的資料保留(即列R3中的資料)，小於平均值的資料即刪除(即列R1、R2、R5中的資料)。此時，處理器210將列R3中所記載的藥物A及藥物D的組合指定為協同藥物組合之其中之一者。

**【0061】** 由於協同值可代表某兩種藥物組合所產生協同作用的程度，因此，處理器210可以將協同值低於平均值的資料刪除，僅保留會產生協同作用較高的藥物組合，以進行後續藥物療效分析(即步驟120~195)。藉此，大幅減少了後續預測藥物組合的運算量。

**【0062】** 於一實施例中，處理器210更用以依據至少一協同藥物組合，以預測藥物療效之一排名。例如，第一種協同藥物組合的協同值為0.1，第二種協同藥物組合的協同值為0.2，則第二種協同藥物組合的排名會高於第一種協同藥物組合的排名。

**【0063】** 藉此，處理器210可排序出排名較高的協同藥物組合，其中，名次較高的協同藥物組合代表被預測為具有較佳療效的藥物組合。

**【0064】** 綜上所述，本發明所示之藥物組合預測系統及藥物組合預測方法係藉由計算各種藥物組合的協同值，以預測各種藥物組合對於基因表現量所產生的影響，此外，本發明可篩選出協同值相對較高的藥物組合，將這些藥物組合進行後續藥物療效分析。藉此，大幅減少了藥物組合

預測所需的運算量。

【0065】 雖然本發明已以實施方式揭露如上，然其並非用以限定本發明，任何熟習此技藝者，在不脫離本發明之精神和範圍內，當可作各種之更動與潤飾，因此本發明之保護範圍當視後附之申請專利範圍所界定者為準。

### 【符號說明】

#### 【0066】

100、500：藥物組合預測方法

110~195、510~517：步驟

210：處理器

220：傳輸裝置

230：儲存裝置

231：資料庫

A、B：藥物

31~37、41~48：基因

S1~S4：基因組

Ra：信賴區間

250：DNA 微陣列

R1~R6：列

【中文發明名稱】藥物組合預測系統及藥物組合預測方法

【英文發明名稱】DRUG COMBINATION PREDICTION  
SYSTEM AND DRUG COMBINATION PREDICTION  
METHOD

【中文】

一種藥物組合預測系統，包含一儲存裝置及一處理器。儲存裝置用以儲存一資料庫，資料庫用以儲存複數個原始基因組、一第一藥品所影響的至少一第一基因及一第二藥品所影響的至少一第二基因。處理器用以將第一原始基因組中的至少一第一基因之部分及至少一第二基因之部分指定為一第一協同基因組，計算第一協同基因組中的基因數量，以取得一第一協同基因數量，依據第一協同基因數量於第一原始基因組中所佔的一第一比例，以計算第一藥物及第二藥物的組合所對應之一協同值，並依據協同值以篩選出至少一協同藥物組合。

【英文】

A drug combination prediction system is provided. The drug combination effect prediction system comprises a storage device and a database. The database stores a plurality original gene set, at least one first gene impacted by a first drug and at least one second gene impacted by a second drug. The

processor assigns a part of the at least one first gene and a part of the at least one second gene of a first original gene set to a first interaction gene set. The processor calculates the gene amount of the first interaction gene set to obtain a number of the first interaction gene. The processor calculates a first percentage according to the number of the first interaction gene of the first original gene set, so as to calculate an interaction value. The processor selected at least one interactive drug combination according to the interaction value.

【指定代表圖】第6圖

【代表圖之符號簡單說明】

511~517：步驟

510：篩選機制

【特徵化學式】

無

## 【發明申請專利範圍】

【第1項】 一種藥物組合預測系統，包含：

一儲存裝置，用以儲存一資料庫，該資料庫用以儲存複數個原始基因組、一第一藥品所影響的至少一第一基因及一第二藥品所影響的至少一第二基因；其中，該些原始基因組包含一第一原始基因組，該第一原始基因組包含該至少一第一基因之部分及該至少一第二基因之部分；以及

一處理器，耦接於該儲存裝置，用以將該第一原始基因組中的該至少一第一基因之部分及該至少一第二基因之部分指定為一第一協同基因組，計算該第一協同基因組中的基因數量，以取得一第一協同基因數量，依據該第一協同基因數量於該第一原始基因組中所佔的一第一比例，以計算該第一藥物及該第二藥物的組合所對應之一協同值，並依據該協同值以篩選出至少一協同藥物組合。

【第2項】如請求項1所述之藥物組合預測系統，更包含：

一傳輸裝置，用以接收來自一 DNA 微陣列（DNA microarray）裝置所量測的一基因表現量（gene expression value），該處理器分析該基因表現量以得知該第一藥品所影響的該至少一第一基因及該第二藥品所影響的該至少一第二基因。

【第3項】如請求項1所述之藥物組合預測系統，其中，該些原始基因組包含一第二原始基因組；其中，當該第二原始基因組包含該至少一第二基因之部分且不包含該至少一第一

基因時，該處理器判斷該第一藥物及該第二藥物的組合所對應之該協同值為零。

【第 4 項】如請求項 1 所述之藥物組合預測系統，其中該些原始基因組包含一第三原始基因組，該第三原始基因組包含該至少一第一基因之部分及該至少一第二基因之部分，該處理器更用以將該第三原始基因組中的該至少一第一基因之部分及該至少一第二基因之部分指定為一第二協同基因組，並依據該第二協同基因組以取得一第二協同基因數量，計算該第二協同基因數量於該第三原始基因組中所佔的一第二比例，並依據該第二比例及該第一比例，以計算該第一藥物及該第二藥物的組合所對應之該協同值。

【第 5 項】如請求項 4 所述之藥物組合預測系統，其中該處理器累加該第二比例及該第一比例以取得一影響參數，並將該影響參數除以該些原始基因組之組數，以取得該第一藥物及該第二藥物的組合所對應之該協同值。

【第 6 項】如請求項 5 所述之藥物組合預測系統，其中該處理器更用以判斷該協同值是否為零，若該協同值為零，則排除該第一藥物及該第二藥物的組合。

【第 7 項】如請求項 5 所述之藥物組合預測系統，其中該處理器更用以計算該第一藥物及一第三藥物的組合所對應之另一協同值，並計算該協同值與該另一協同值的一平均值，當

該協同值高於該平均值時，則將該第一藥物及該第二藥物的組合指定為該至少一協同藥物組合之其中之一者。

【第 8 項】如請求項 1 所述之藥物組合預測系統，其中該處理器更用以依據該至少一協同藥物組合，以預測藥物療效之一排名。

【第 9 項】一種藥物組合預測方法，包含：

儲存複數個原始基因組、一第一藥品所影響的至少一第一基因及一第二藥品所影響的至少一第二基因；其中，該些原始基因組包含一第一原始基因組，該第一原始基因組包含該至少一第一基因之部分及該至少一第二基因之部分；

將該第一原始基因組中的該至少一第一基因之部分及該至少一第二基因之部分指定為一第一協同基因組；

計算該第一協同基因組中的基因數量，以取得一第一協同基因數量，並計算該第一協同基因數量於該第一原始基因組中所佔的一第一比例；

依據該第一比例以計算該第一藥物及該第二藥物的組合所對應之一協同值；以及

依據該協同值以篩選出至少一協同藥物組合。

【第 10 項】如請求項 9 所述之藥物組合預測方法，更包含：

接收來自一 DNA 微陣列 (DNA microarray) 裝置所量測的一基因表現量 (gene expression value)；以及

分析該基因表現量以得知該第一藥品所影響的該至少一第一基因及該第二藥品所影響的該至少一第二基因。

【第 11 項】如請求項 10 所述之藥物組合預測方法，其中，該些原始基因組包含一第二原始基因組，該藥物組合預測方法更包含：

當該第二原始基因組包含該至少一第二基因之部分且不包含該至少一第一基因時，判斷該第一藥物及該第二藥物的組合所對應之該協同值為零。

【第 12 項】如請求項 9 所述之藥物組合預測方法，其中該些原始基因組包含一第三原始基因組，該第三原始基因組包含該至少一第一基因之部分及該至少一第二基因之部分，其中該藥物組合預測方法更包含：

將該第三原始基因組中的該至少一第一基因之部分及該至少一第二基因之部分指定為一第二協同基因組；

依據該第二協同基因組以取得一第二協同基因數量，計算該第二協同基因數量於該第三原始基因組中所佔的一第二比例；以及

依據該第二比例及該第一比例，以計算該第一藥物及該第二藥物的組合所對應之該協同值。

【第 13 項】如請求項 12 所述之藥物組合預測方法，更包含：

累加該第二比例及該第一比例以取得一影響參數；以及

將該影響參數除以該些原始基因組之數量，以取得該第一藥物及該第二藥物的組合所對應之該協同值。

【第 14 項】如請求項 13 所述之藥物組合預測方法，其中依據該協同值以篩選出該至少一協同藥物組合之步驟更包含：

判斷該協同值是否為零，若該協同值為零，則排除該第一藥物及該第二藥物的組合。

【第 15 項】如請求項 13 所述之藥物組合預測方法，更包含：

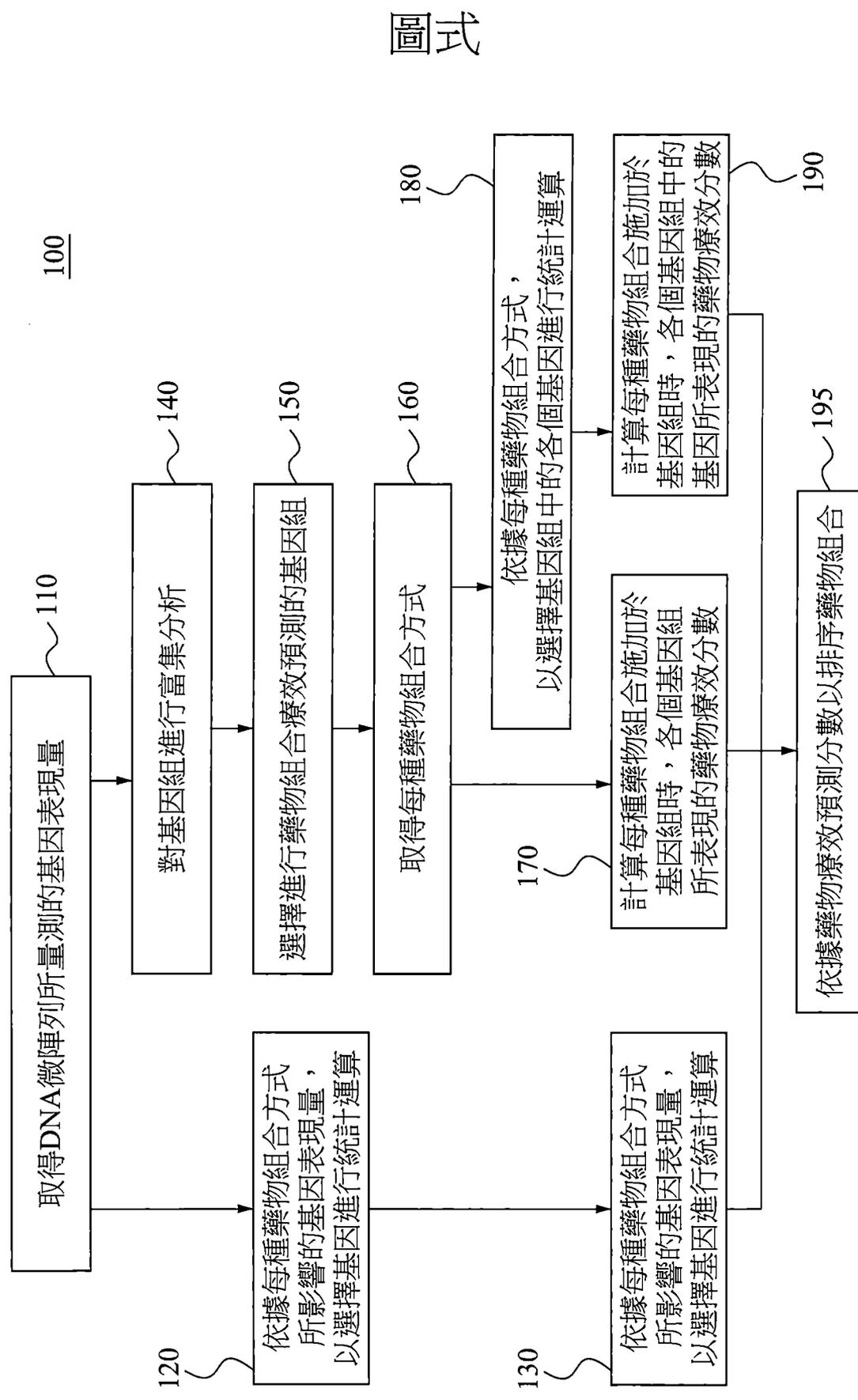
計算該第一藥物及一第三藥物的組合所對應之另一協同值；

計算該協同值與該另一協同值的一平均值；以及

當該協同值高於該平均值時，則將該第一藥物及該第二藥物的組合指定為該至少一協同藥物組合之其中之一者。

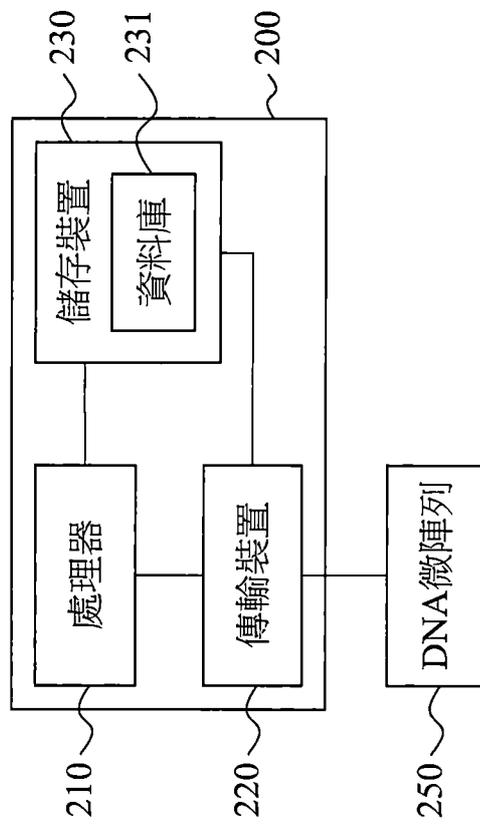
【第 16 項】如請求項 9 所述之藥物組合預測方法，更包含：

依據該至少一協同藥物組合，以預測藥物療效之一排名。

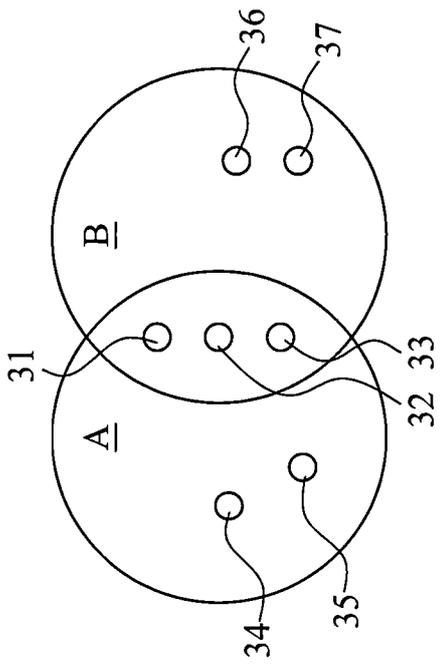


圖式

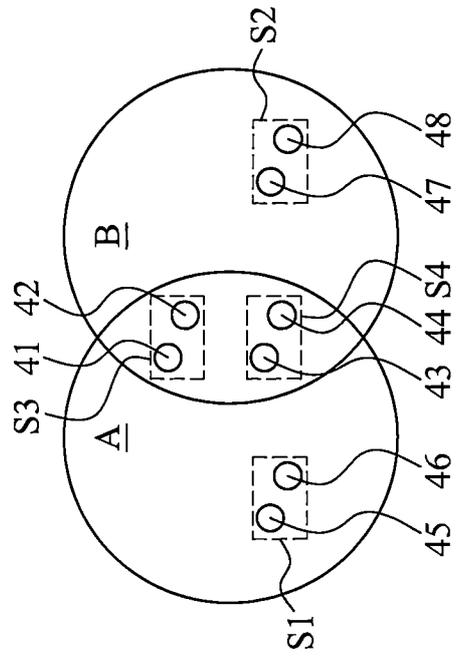
第 1 圖



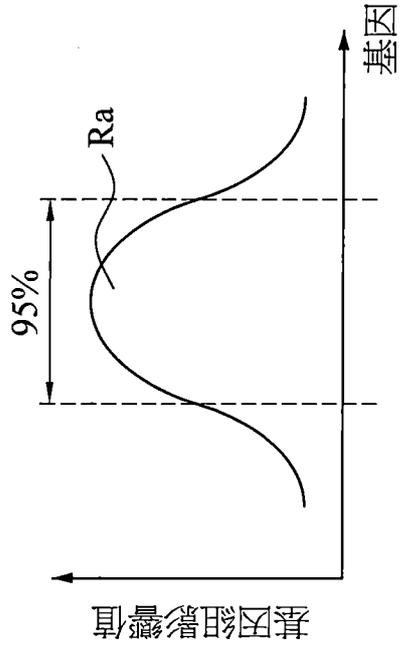
第 2 圖



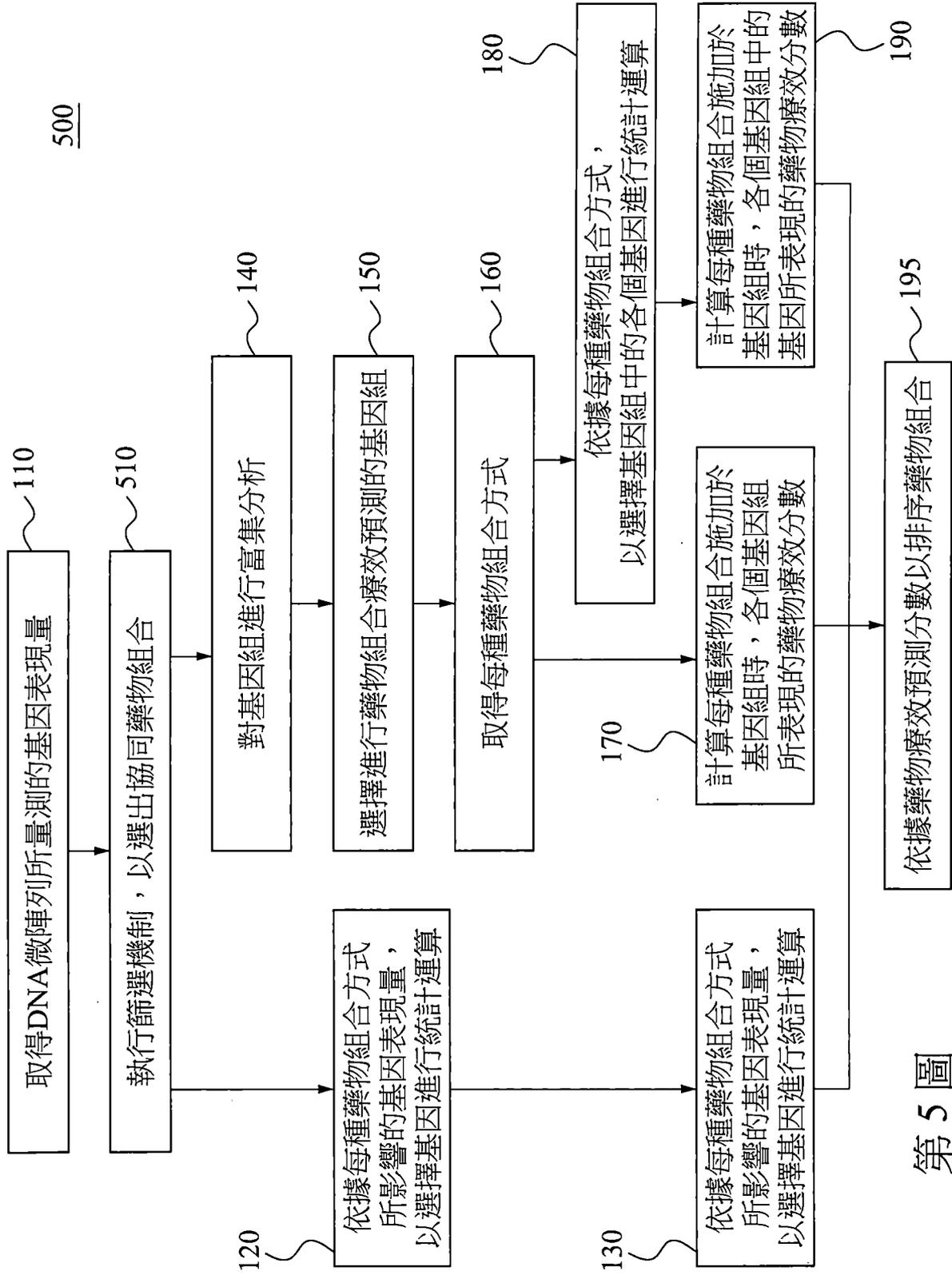
第3A圖



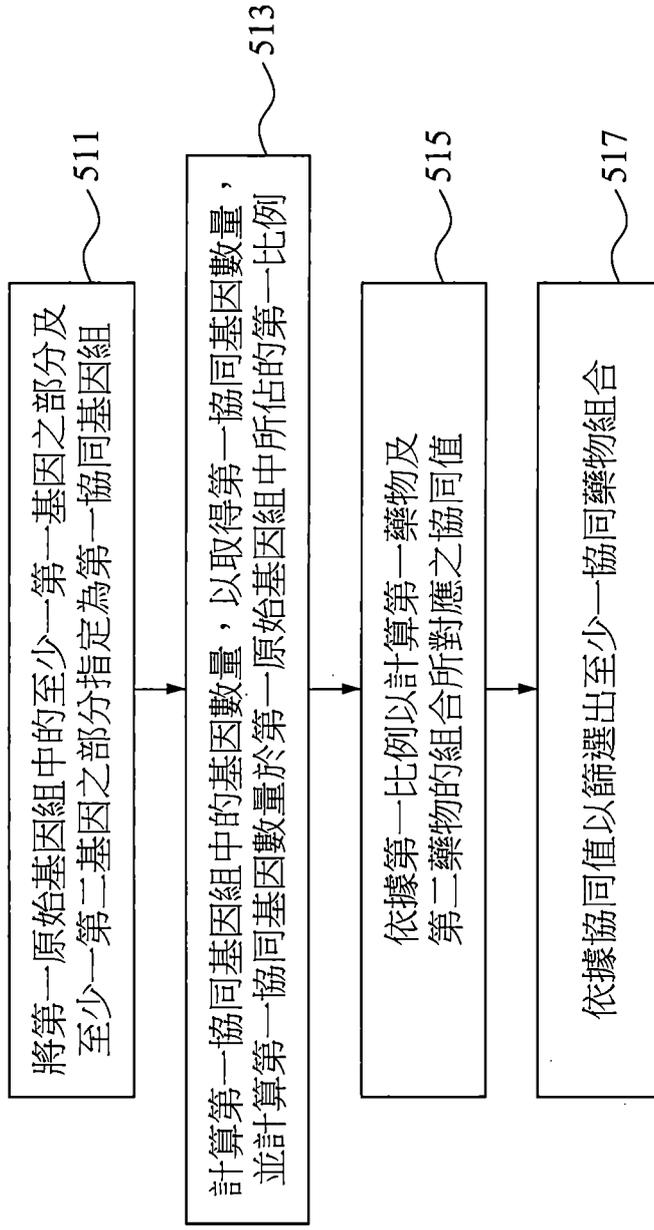
第3B圖



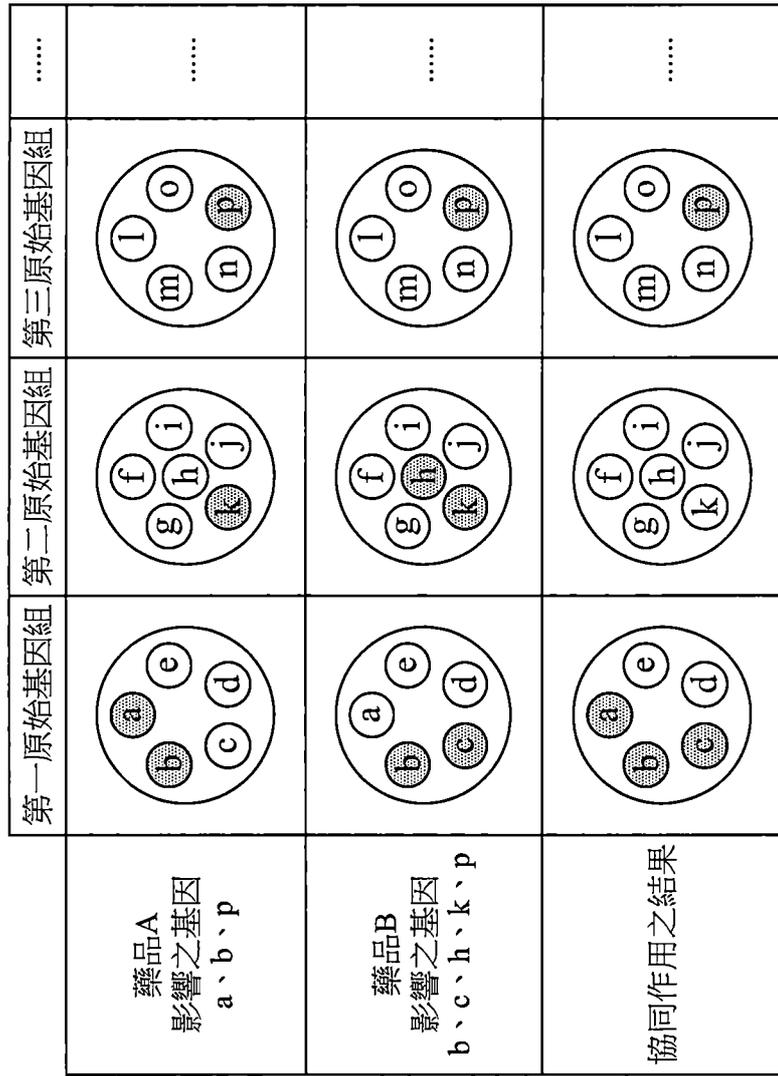
第4圖



第 5 圖



第 6 圖



第7圖

成分	協同值	操作
藥物A、藥物B	0.04	刪除
藥物A、藥物C	0.01	刪除
藥物A、藥物D	0.1	保留
藥物B、藥物D	0.02	刪除
平均	0.0425	—

R1 ~  
R2 ~  
R3 ~  
R5 ~

成分	協同值	操作
藥物A、藥物B	0.04	—
藥物A、藥物C	0.01	—
藥物A、藥物D	0.1	—
藥物B、藥物C	0	刪除
藥物B、藥物D	0.02	—
藥物C、藥物D	0	刪除

R1 ~  
R2 ~  
R3 ~  
R4 ~  
R5 ~  
R6 ~

第8B圖

第8A圖