



SPOT  
LIGHT

遺伝子環境要因

相互作用を志向した

がん分子疫学研究



## 松尾 恵太郎 先生

Keitaro Matsuo, M.D., Ph.D.

愛知県がんセンター研究所  
がん予防研究分野 分野長

### 先生のご研究について教えてください。

私は愛知県がんセンター病院疫学研究（通称HERPACC）や日本多施設共同コホート研究（通称J-MICC研究）の二つの分子疫学研究の研究代表を務めており、疫学的な手法を用いて、がんをはじめとする生活習慣病の予防に繋がるエビデンスの構築に取り組んでいます。特に遺伝子環境要因相互作用という現象に注目して取り組んでいます。これは特定の環境要因のがんリスクへの寄与の大きさが、遺伝的背景によって大きく異なる、という現象です。代表的な例として、飲酒関連遺伝子ALDH2の遺伝子多型の遺伝子型によって飲酒による発がんリスクが大きく異なるという現象が挙げられます。最近、遺伝子多型のみならず、頻度の低い遺伝子変異に関する研究の検討範囲を拡げており、胃がんリスクに関してピロリ菌感染と相同組み換え修復遺伝子変異の遺伝子環境要因相互作用を発見しました。

マイクロフリーデックス技術製品をどのような目的で使われていますか？

私はEP1™ System\*並びにJuno™ System\*を用いて、大規模な分子疫学研究の対象集団に対し、多数の遺伝子多型の測定をしています。また並行してJuno SystemのターゲットDNAシーケンスのライブラリー調製機能を用いて比較的頻度の低い遺伝子変異の検索に用いています。

マイクロフリーデックス技術製品を選択された理由をお聞かせください。  
どんなところに利点、魅力がありますか？

EP1 System / Juno Systemは、疫学研究のような大規模集団を対象とした狙った遺伝子の遺伝子多型や低頻度の遺伝子変異を、リーズナブルなコストで検討出来るプラットフォームです。遺伝子多型測定に関してSNP type™ Assayという非常に安価なプローブが利用できる点も大量な検体を検討する上で役に立っています。狙ったものを、小廻りを利かせて検討出来るという点が、遺伝子多型アレイや全ゲノム・全エクソーム解析とは異なる点です。EP1 System / Juno System、現在のX9™ High-Throughput Genomics Systemで用いられているマイクロフリーデックスに基づくシステムは、非常に少ないサンプル量で遺伝子の測定が可能な事も魅力です。量的に制限がある疫学研究の試料で力を発揮しています。また、D3™ Assay Designというアッセイデザインのウェブプラットフォームも使いやすく、研究のスピードアップに役立っています。

\*2023年8月現在、EP1 SystemやJuno Systemの機能はX9 High-Throughput Genomics Systemへ統合されています。

## 今後の研究ビジョンを教えてください。

大規模な疫学研究でも網羅解析が盛んになって来ていますが、仮説ベースのアイデアを網羅解析に組み合わせる事で、新しい切り口の研究を展開したいと思っています。

## 同分野の研究者へのアドバイスをお願いします。

代入込みの網羅データの中に埋もれているリアルを見つけ出すのはとても楽しい事です。実際の測定を躊躇わない、という事が自由な研究を担保します。

### お問い合わせ

#### スタンダード・バイオツールズ株式会社

〒103-0001 東京都中央区日本橋小伝馬町15-19 ルミナス4F

TEL | 03 3662 2150

FAX | 03 3662 2154

Email | [info-japan@standardbio.com](mailto:info-japan@standardbio.com)

URL | <https://standardbiotools-japan.com/>

### For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures.

Information in this publication is subject to change without notice. **Patent and License Information:** [www.standardbio.com/legal/notices](http://www.standardbio.com/legal/notices).

**Trademarks:** Standard BioTools, the Standard BioTools logo, Fluidigm, the Fluidigm logo, Advanta, D3, EP1, Juno, Dynamic Array and X9 are trademarks and/or registered trademarks of Standard BioTools Inc. (f.k.a. Fluidigm Corporation) or its affiliates in the United States and/or other countries. All other trademarks are the sole property of their respective owners. ©2023 Standard BioTools Inc. All rights reserved. 08/2023

SBIO\_MF\_0001 Rev 01

## Read the publication:

Usui, Y., et al., Helicobacter pylori, Homologous-Recombination Genes, and Gastric Cancer. N Engl J Med, 2023. 388(13): p. 1181-1190.

Koyanagi, Y.N., et al., Across-Site Differences in the Mechanism of Alcohol-Induced Digestive Tract Carcinogenesis: An Evaluation by Mediation Analysis. Cancer Res, 2020. 80(7): p. 1601-1610.

Lin, Y., et al., Genome-wide association meta-analysis identifies GP2 gene risk variants for pancreatic cancer. Nat Commun, 2020. 11(1): p. 3175.

Learn more at [standardbio.com/x9](https://standardbio.com/x9)

## Explore more applications using Microfluidics:

<https://www.standardbio.com/products/technologies/microfluidics>



Unleashing tools to accelerate breakthroughs in human health™