

## 質疑応答

演題：血中 cfDNA を用いた化学物質曝露影響を全身的に予測するスクリーニング法の開発と胎児期曝露影響予測への応用

講演者：宮崎 航（弘前大学大学院 保健学研究科 教授）

### 質問

「マーカーとして非メチル化率が高いところを選ぶ」という理由がわかりませんでした。  
傷害によってメチル化が上がる場所もあると思いますが、今回の方法ではメチル化が下がってアポトーシとなって血中に出てくる DNA 断片を選ぶという考え方なのでしょうか。  
臓器ごとにアポトーシスでメチル化が低下しやすい遺伝子を選んであるということでしょうか。

### 回答

本研究では、臓器（細胞）ごとにゲノムのメチル化状態が異なることに着目し、アポトーシスなどが無い定常の状態でのメチル化の差異（非メチル化）を判定の目印としています。  
細胞死が起きると、ゲノムが、メチル化が維持されたまま、断片化され、cfDNA として血中に出てくることから、cfDNA のメチル化を解析することで細胞死の起きている臓器（細胞）を予測します。  
ただし、先生がおっしゃるとおり、傷害によってメチル化が変動する部位もあると思いますので、今後検討いたします。

### 質問

今回の血中 cfDNA の結果は、実際の臓器の傷害状態とどのように、またはどの程度対応するのでしょうか。

### 回答

現在、定量性については解析が十分でなく、傷害の有無についてのみ検出できる状態です。  
今後、各モデルで使用した化学物質の用量を変え解析するなど、更に定量性について検証を進めていく予定です。  
また、傷害時に血中 cfDNA 量の増加を認めますが、傷害のない場合は cfDNA 量は増加しません。  
そのため、血中 cfDNA 量も定量性を見る上でひとつのパラメーターになる可能性があると考えています。