

Comment

Analysis of key genes and signaling pathways involved in *Helicobacter pylori*-associated gastric cancer based on The Cancer Genome Atlas database and RNA sequencing data

Helicobacter 23: e12530.

本研究で RNA シークエンス解析に用いた 18 例は *H.pylori* のステータスを免疫組織染色により陽性もしくは陰性に判別している。免疫組織診断のみでは感度に問題があり、本研究の陰性例には偽陰性や既往感染例が含まれていることが想定される。*H.pylori* のステータス判定をより正確に感染、非感染、既往感染に分けて解析することは今後の課題であると思われる。グループ 1 で TCGA-D で 29 遺伝子、RNAseq-D で 371 遺伝子が *H.pylori* 陽性で発現増加し、3 遺伝子が共通、グループ 2 で TCGA-D で 152 遺伝子、RNAseq-D で 600 遺伝子が *H.pylori* 陽性で発現低下し、12 遺伝子が共通していたという結果に関しては fold-change の記載がなく、共通していた遺伝子に関して発現が変動していると言えるほどのものなのかが不明であるうえに、ほとんどの結果が共通していない点が気になる。また本研究では有意水準を 0.05 と設定しているが、遺伝子発現の差の検定は 7904 遺伝子に関する TCGA-D の検定と RNAseq-D の各 2 検定（合計 15,808 検定）も行っており、本来多重性の調整のために有意水準は 0.05 より相当に低く設定される必要があると思われる。本探索的研究の結果に関しては検証が必要である。

（横浜市立大学消化器内科学教室 須江 聡一郎、前田 慎）
