

当案内及び過去に発行した案内は弊社ウェブサイト(<https://www.medience.co.jp/>)よりPDF形式にてダウンロードできます。

新規受託項目のお知らせ

拝啓 時下益々ご清栄のこととお慶び申し上げます。

平素は格別のお引き立てをいただき、厚くお礼申し上げます。

さてこのたび、下記項目の検査受託を開始することとなりましたのでご案内いたします。

弊社では皆様のご要望にお応えすべく、今後とも検査の新規拡大に努めてまいります。

敬具

記

新規受託項目

- [12975] HTLV-1感染細胞のクロナリティ解析 (RAISING法)

受託開始日

- 2023年3月1日(水)



HTLV-1感染細胞のクロナリティ解析 (RAISING法)

HTLV-1 (Human T-cell Leukemia Virus type 1 : ヒトT細胞白血病ウイルス1型) はT細胞に感染するレトロウイルスです。平成20年の厚生労働省の調査による推定キャリア数は約108万人とされ、西南日本に感染者が偏在していました。しかしながら近年移住などにより関東を含む大都市圏でキャリアが高頻度に認められるようになりました。

HTLV-1は血液や母乳等を介して感染します。感染力は弱いものの、一旦感染するとT細胞内にプロウイルスとして存在し、終生感染が持続します。ほとんどが生涯にわたり無症候で経過しますが、その数%において成人T細胞白血病 (ATL) などのHTLV-1関連疾患が発症します。ATLは発症すると高度の免疫不全を引き起こすきわめて予後の悪い疾患です。

ATLが発症する際には、HTLV-1感染細胞のモノクローナルな増殖が認められ感染細胞の割合が4%以上に増加するとされます。現在、ATLの診断には主にサザンブロット法などが用いられていますが、比較的感度が低く (検体中に5%程度以上感染細胞が必要) 早期の診断にあまり向いていません。

今回受託を開始するRAISING法によるHTLV-1クロナリティ解析は、次世代シーケンサーを利用した解析で、感染細胞の割合が0.032%以上あれば、これを検出可能で、ATLの診断においても感度100%、特異度94.8%と報告されています。また、本法はヒトゲノム内におけるHTLV-1の組み込み位置を特定できます。そのため、特定の感染細胞の増減割合を検出可能で、治療効果の評価などにも利用できます。

検査要項

項目コード	12975
検査項目名	HTLV-1感染細胞のクロナリティ解析 (RAISING法) *1, 2, 3
検体量	EDTA加血液 2mL *4, 5 [容器番号 : 13番]
保存方法	冷蔵
検査方法	次世代シーケンス法
基準値	検出せず
報告形態	別紙報告書
所要日数	5~25日
検査実施料	未収載
備考	*1 : 受付曜日 : 月~金曜日 (休日とその前日は受付不可) *2 : ご依頼の際は、『遺伝子検査依頼書』をご利用ください。 *3 : 本検査は川崎ラボラトリーで行います。 *4 : 他の項目とは別に、単独検体にてご提出ください。 *5 : コンタミネーション防止などのため、検体採取後は容器を開栓しないでください。

参考文献

Wada Y, et al. : Communications Biology 5 (1) : 535, 2022.

HTLV-1感染細胞のクロナリティ解析 (RAISING法)

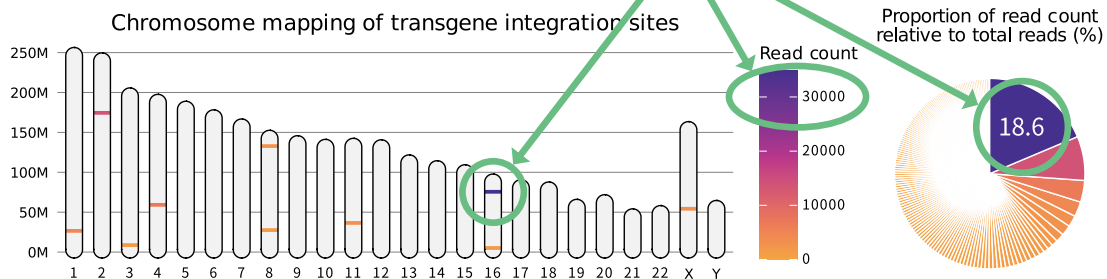
報告書見本

Random Integration Analysis "RAISING"

【HAM251-1】の結果

本被検者の染色体中には複数のHTLV-1遺伝子の挿入が認められるが、染色体16番に挿入されたHTLV-1がリード数30,000を超え最も高頻度に検出されました。

染色体上の挿入位置とリード数



挿入位置のアノテーション情報

Chromosome	Position	Placement	Read count	Proportion	Variant type	Gene ID
16	75,561,516	1	34,768	18.6%	intron_variant	AC025287.1
2	174,504,333	1	13,970	7.5%	intergenic_region	AC010894.1-AC010894.5
4	59,209,912	1	6,850	3.7%	intergenic_region	AC108517.2-AC096588.1
1	26,574,987	1	4,731	2.5%	3_prime_UTR_variant	RPS6KA1
X	54,286,663	1	3,578	1.9%	intron_variant	WNK3
11	36,518,420	1	3,302	1.8%	intron_variant	RAG1
8	132,842,827	1	2,700	1.4%	frameshift_variant	PHF20L1
3	8,760,885	1	1,953	1.0%	intron_variant	OXTR
16	5,092,956	1	1,726	0.9%	intron_variant	EEF2KMT
8	27,556,072	1	1,571	0.8%	intergenic_region	EPHX2-GULOP

表の解説：

Chromosome	HTLV-1が挿入された染色体番号
Position	HTLV-1が挿入された染色体上の位置
Placement	挿入位置の候補数 (挿入箇所が2か所で位置が非常に近い場合、2と表記しリード数は合算値を報告)
Read count	該当するHTLV-1のリード数
Proportion	該当するHTLV-1のリード数が全体に占める割合
Variant type	変異の分類情報
Gene ID	挿入位置に最も近接する遺伝子名