

検査案内書

(クリオピリン関連周期熱症候群遺伝子検査)

作成日 2019年 12月 19日

管 理 者 糸賀 栄 印

精度管理責任者 細川 淳一 印

改訂履歴一覧表

No.	改訂内容	Ver.	改訂日	作成者	承認者
1	新規作成	1	2017/05/31	小原 収	森 千恵
2	連絡先アドレスの訂正 検査依頼書見本(添付②)の差し替え	2	2017/7/25	小原 収	森 千恵
3	検査依頼書見本(添付②)の差し替え	3	2017/9/11	小原 収	森 千恵
4	検査依頼書見本(添付②)の削除と対応する項目(11)の追記	4	2018/4/2	細川淳一	森 千恵
5	鑑別診断遺伝子の追加	5	2018/8/13	細川淳一	森 千恵
6	概略の修正(報告対象の明文化)	6	2019/4/1	細川淳一	糸賀 栄
7	NLRP12 追加	7	2019/12/19	細川淳一	糸賀 栄

検査項目：「 クリオピリン関連周期熱症候群 」

検査名：【 クリオピリン関連周期熱症候群遺伝子検査 】

概略

クリオピリン関連周期熱症候群は *NLRP3* 遺伝子の機能獲得型変異により発症する常染色体優性遺伝病である。軽症型の家族性寒冷蕁麻疹、中等症のマックルーウェルズ症候群、重症型の CINCA 症候群/NOMID の 3 症候群を含む。いずれにおいても乳児期から発熱、蕁麻疹様発疹を認める。軽症型では寒冷刺激による発熱、蕁麻疹発疹が誘発され、1 日程度で軽快する。中等症では発熱、蕁麻疹様発疹に加えて、感音難聴、関節炎、無菌性髄膜炎、まれにアミロイドーシスなどを合併しうる。重症型では全身炎症が持続し、中等症の症状に加えて、長管骨骨幹端過形成、鞍鼻、うっ血乳頭と視神経系萎縮、発達遅滞、てんかん、アミロイドーシスなどを合併しうる。診断確定には遺伝子診断が必要である。一部患者ではモザイクで発症するため、結果の解釈には注意が必要である。本検査はタンパク質コード領域エクソンとその両端のスプライス部位領域を、次世代シーケンサーで解析し、主に検出されたアレル頻度 1%以下の稀なバリエーションについて報告する。更に鑑別診断として *NLR4*, *PLCG2*, *NLRP12* も遺伝子検査を行うが、これらの遺伝子に関しては報告書とは別に低頻度バリエーションを抽出した表を付加する。なお大規模欠失・挿入等のコピー数変化や大規模なゲノム構造変化に関しては高精度での検出が短鎖リード型の次世代シーケンサーでは困難なため、報告対象としない。*NLRP3* の体細胞モザイクについては frequency0.05 以上のものは目視で確認するが検出できない可能性もある。その他の遺伝子の体細胞モザイクについてはバリエーションコーラーで検出できたものに関しては報告するが、バリエーションコーラーで検出できなかったものに関しては報告しない。

(1) 検査方法

血液から回収したゲノム DNA から、該当する検査対象遺伝子のたんぱく質コード領域エクソンとそのイントロン境界部分をハイブリダイゼーションあるいは酵素的増量法 (polymerase chain reaction 法、PCR 法と略) により濃縮し、次世代シーケンサーあるいはキャピラリーシーケンサーによる遺伝子配列決定を行い、検査対象遺伝子のたんぱく質コード領域における低出現頻度の塩基配列変化の有無を検出する。原則血液のみの受け入れとするが、やむを得ない場合は調整された DNA も受け入れる。この場合は個々の事例により判断するものとする。

(2) 基準値及び判定基準

国際的に用いられているヒトゲノムリファレンス配列との比較から、低出現頻度変異

の有無を判定する。

【解析結果レポートの一例】

本案内書の末尾に一例を添付する（添付①）。

【参考データベース】

The Human Gene Mutation Database (<http://www.hgmd.cf.ac.uk/ac/index.php>)

dbSNP (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/SNP/>)

ExAc (<http://exac.broadinstitute.org/about>)

IJGVD (<https://ijgvd.megabank.tohoku.ac.jp/>)

(3) 医療機関に緊急報告を行うこととする検査値の範囲

特になし。本検査は緊急性を要するものではありません。

(4) 検査に要する日数

検体が本所に届いた日から 60 営業日以内。

(5) 測定を委託する場合にあっては、実際に測定を行う衛生検査所の名称

測定の実行は委託していません。

(6) 検体の採取条件

医療機関にて検査の目的や限界について十分に説明し、本検査の申し込みの意思を確認する。

(7) 検体の採取容器

匿名化 ID 記載ラベルが貼付された採血管 2 本
（真空密封型採血管 EDTA-2K（または Na）顆粒）

(8) 検体の採取量

採血管 2 本にそれぞれ 1ml 以上ずつの血液を採血する。

(9) 検体の保存条件

採血後は、速やかに冷蔵または凍結保管する。

(10) 検体の提出条件

上記（7）、（8）、（9）を満たす検体について、保冷剤入りの発泡スチロール箱に入れて室温にて本所に発送する。発送日の翌日に到着することを原則とする。

(11) 検査依頼書及び検体のラベルの記載項目

検体貼付ラベルには匿名化 ID ならびに検体管理用 ID を記載する。

検査依頼書は、当検査室指定の様式を使用する。主な記載項目を以下に示す。

- ・ 希望する検査項目（疾患名、検査コード番号、検体数）
- ・ 医療機関情報
- ・ 遺伝カウンセリングを担当する臨床遺伝専門医
- ・ 請求書送付先情報
- ・ 匿名化 ID

(12) 検体を医療機関から衛生検査所(他の衛生検査所に測定を依頼する場合にあたっては、当該衛生検査所等)まで搬送するのに要する時間

発送日の翌日到着を原則とする。

土日祝日は受付け不可なので、医療機関には十分な注意を促す。

(13) 免責事項

(14) 検査のお申し込み、お問い合わせ

問い合わせ先：公益財団法人かずさ DNA 研究所 遺伝子検査室

〒292-0818 千葉県木更津市かずさ鎌足 2 丁目 5-23

Tel : 0438-52-3335

E-mail : onjk@kazusa.or.jp

添付①

【解析結果レポートの一例】



遺伝学的検査結果報告書

医療機関名： ○○病院
 担当医氏名： ○○様
 検体ID： TEST0001
 検体種別： 血液
 検体受領日： 2018年3月28日
 結果報告日： 2018年4月1日
 検査名： ○○遺伝子検査
 遺伝学的検査コード番号： TEST_TEST_v1

検査方法： 下記遺伝子のたんばく質コード領域エクソンならびにそのイントロンとの境界領域（イントロン内部、10塩基まで）について、ハイブリキャプチャー法によるターゲット次世代シーケンス解析法を用いてゲノム遺伝子配列を解析し、得られた塩基配列を公開されているヒトゲノムリファレンス配列（GRCh38/hg38）と比較し、低出現頻度の塩基置換、短い塩基配列の欠失・挿入の有無をコンピュータによる解析しました。データベースに記載のないバリエーションおよび出現頻度が1%以下のバリエーションが検出された場合は、キャピラリーDNAシーケンサーでの確認作業を行います。

解析遺伝子名： gene1, gene2, gene3

その結果、次のバリエーションが検出されました。

バリエーションNo.	Gene_Name	Feature_ID	Genotype	Annotation	HGVS.c	HGVS.p	Position
1	gene1	NM_000000.0	heterozygous	miss_sense	c.XXXC>T	p.ArgYYY.Trp	chrZ:1234567

検査結果： バリエーションNo.1について
 ClinVarのデータベースでは「Pathogenic」とされています（rs0000000）。
 ExACのデータベースには登録がありません。
 HGMDには記載ありません。

コメント：

参考： 用いたバリエーション頻度情報データベース：ExAc, Exac03 release 1, Nature 536, 285-291 (18 August 2016). <http://exac.broadinstitute.org/>; CLINSIG, Clinvar_20180225の疾患情報; HGMD, The Human Gene Mutation Database (Professional), <http://www.hgmd.cf.ac.uk/ac/index.php>.

<実施施設>

遺伝子解析：（公財）かずさDNA研究所遺伝子検査室

報告書作成支援：