

検査案内書

掌蹠角化症（鑑別診断を含む包括的検査）遺伝子検査 【非保険検査】

運用開始日 2025 年 4 月 1 日

かずさ遺伝子検査室

改訂履歴一覧表

No.	改訂内容	Ver.	運用開始日	作成者	承認者
1	新規作成	1	2024/11/25	細川淳一	糸賀栄
2	表紙の変更	2	2025/4/1	森千恵	糸賀栄
3					
4					
5					
6					
7					
8					
9					
10					

検査項目：「掌蹠角化症（鑑別診断を含む包括的検査）」

掌蹠角化症は、先天性の遺伝学的要因により、掌蹠（もしくは手掌・足蹠のいずれか）に過角化を伴う疾患である。びまん性や線状、点状、または荷重部位に局所的に、など様々な分布を示す病型が存在し、難聴や易感染性を伴う症候群も存在する。そのため関連する遺伝子も多様である。掌蹠角化症（鑑別診断を含む包括的検査）では、随伴症状（難聴など）を伴う掌蹠角化症を含めて、掌蹠に過角化をきたす先天性の掌蹠角化症の原因となる病的バリエントを広範に検索する。本検査により病的バリエントを同定できる遺伝子は下記の通りである。掌蹠角化症の病因遺伝子は数多く同定されており、本検査結果は治療方針を決定する重要な根拠となる。掌蹠角化症では、たとえ先天性のものであっても、後天的な要因（真菌感染、擦過刺激など）により著明に症状が悪化する場合もあり、診断と加療については、症状・病歴・検査所見等から総合的に判断する必要がある。そのため、掌蹠角化症の診療に携わる専門医による検査対象遺伝子の判断が望ましい。

本検査では *AAGAB, AP1B1, AQP5, CAST, COL14A1, CTSC, DSC2, DSG1, DSP, ENPP1, GJB2, GJB6, JUP, KANK2, KRT1, KRT14, KRT16, KRT17, KRT6A, KRT6B, KRT6C, KRT9, LORICRIN, LSS, MBTPS2, PKP1, POMP, PTEN, RHBDF2, SERPINA12, SERPINB7, SLURP1, SMARCA1, TRPV3, TUFT1, WNT10A* 遺伝子の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、およびミトコンドリア DNA の mt.7445 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 0.1% 以下の稀な一塩基置換と短い挿入・欠失について報告する。短鎖リード型次世代シーケンサーのデータの補完が必要な場合は、サンガー法によるキャピラリーシーケンサーでの解析を行う。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。体細胞モザイクについてはバリエントコーラーで検出できたものに関しては報告するが、バリエント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。なお上記領域以外の下記領域についても低頻度バリエントがあった場合には報告する。

遺伝子名	position(hg38)	HGVS. c
<i>PTEN</i>	chr10:87863231	c. -1239A>G(NM_000314.8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863274-87863285	c. -1196_- 1185delAAGCCGAGCAA(NM_000314.8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863292	c. -1178C>T(NM_000314.8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863299	c. -1171C>T(NM_000314.8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863359	c. -1111A>G(NM_000314.8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863469	c. -1001T>C(NM_000314.8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863495	c. -975G>A(NM_000314.8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863539	c. -931G>A(NM_000314.8)

<i>PTEN</i>	chr10:87863549	c. -921G>T (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863574	c. -896T>C (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863608	c. -862G>T (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863616	c. -854C>G (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863635	c. -835C>T (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863671	c. -799G>C (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863705	c. -765G>A (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87863741	c. -729C>T (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87864163	c. -307delC (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87864447	c. -23delT (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87932992	c. 254-21G>C (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87960843-87960878	c. 802-51_802-16del136 (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87965537	c. *65T>A (NM_000314. 8)
<i>PTEN</i>	chr10:87965547-87965564	c. *75_*92delTAATGGCAATAGGACATTinsC TATGGCAATAGGACATTG (NM_000314. 8)
<i>CTSC</i>	chr11:88337727	c. -55C>A (NM_001814. 6)
<i>GJB2</i>	chr13:20189582	c. -1G>A (NM_004004. 6)
<i>GJB2</i>	chr13:20189605	c. -22-2A>C (NM_004004. 6)
<i>GJB2</i>	chr13:20192751	c. -23+32G>A (NM_004004. 6)
<i>GJB2</i>	chr13:20192781	c. -23+2T>A (NM_004004. 6)
<i>GJB2</i>	chr13:20192782	c. -23+1G>A (NM_004004. 6)
<i>GJB2</i>	chr13:20192783	c. -23G>T (NM_004004. 6)
<i>GJB2</i>	chr13:20193019	c. -259C>T (NM_004004. 6)
<i>GJB2</i>	chr13:20193022	c. -262C>G (NM_004004. 6)
<i>POMP</i>	chr13:28659090	c. -95delC (NM_015932. 6)
<i>DSC2</i>	chr18:31068312-31068313	c. 2509-101dupA (NM_024422. 6)
<i>DSC2</i>	chr18:31068344	c. 2509-132G>T (NM_024422. 6)
<i>DSC2</i>	chr18:31068346	c. 2509-134A>T (NM_024422. 6)
<i>DSC2</i>	chr18:31101515	c. 69+388C>G (NM_024422. 6)
<i>DSC2</i>	chr18:31103416	c. -1445G>C (NM_024422. 6)
<i>DSG1</i>	chr18:31343420	c. 1688-30A>T (NM_001942. 4)
<i>LSS</i>	chr21:46222588	c. 428+42T>A (NM_001001438. 3)
<i>DSP</i>	chr6:7541235	c. -681T>C (NM_004415. 4)
<i>DSP</i>	chr6:7541543	c. -373G>A (NM_004415. 4)
<i>DSP</i>	chr6:7541614	c. -302C>G (NM_004415. 4)

<i>DSP</i>	chr6:7585887	c. *9T>A (NM_004415. 4)
<i>MBTPS2</i>	chrX:21857499	c. 670+3996A>T (NM_015884. 4)

(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。*KRT6A*, *KRT6B*, *KRT6C* に関しては相同配列が存在するため、一度ゲノムからそれぞれに特異的な primer で long PCR を行ってから次世代シーケンサーの系に移行する。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。ミトコンドリア変異の m. 7445A>G は 200 リード以上の深さの読み取りで 20%以上の変異頻度が検出された場合に報告書に記載する。

(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。

(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

測定の実行は委託先で行います。

(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

弊所発行の匿名化 ID 記載ラベルが貼付された採血管 1 本
（真空密封型採血管 EDTA-2K（または Na）顆粒）

(8) 検体の採取量

血液 1mL 以上を採血する。

(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、箱に入れて室温にて本所に発送する
（必要に応じて、保冷剤の同梱も可）。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。

- ・匿名化 ID
- ・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
- ・ガイドライン遵守の確認
- ・請求書送付先情報

**(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

なし

(14) 検査のお申し込み、お問い合わせ

公益財団法人かずさ DNA 研究所 遺伝子検査室（かずさ遺伝子検査室）

〒292-0818 千葉県木更津市かずさ鎌足 2 丁目 5-23

<https://www.kazusa.or.jp/genetest/index.html>

E-mail : onjk@kazusa.or.jp