〈特集:教育講演(第31・32回合同年次学術集会より)〉



# 変革を遂げる遺伝子関連検査を学ぶ

中山智祥

# Learning from evolving gene-based tests

Tomohiro Nakayama

Summary In this lecture, I would like to introduce the basics and practice of gene-based tests for medical professionals and various industries. Gene-based tests consist of pathogen genetic testing (nucleic acid testing), human somatic genetic testing, and human germline genetic testing. Although more than a decade has passed since the classification of gene-based testing was proposed, it has yet to be widely accepted among medical professionals. However, with the spread of cancer genomic medicine and the recognition of the importance of nucleic acid testing as a result of the coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic, gene-based tests in clinical laboratories have recently come under the spotlight. Gene-based testing is undergoing rapid change, such as revisions to medical laws, which includes improvements to the accuracy and quality control of laboratory testing, cancer genomic medicine, and the response to COVID-19. The situation surrounding gene-based tests highlights the importance of responding appropriately to real-world conditions, for example, in clinical testing and at research sites.

**Key words:** Gene-based tests, Genetic testing, Precision management, COVID-19, Cancer genomic medicine

## I. はじめに

遺伝子関連検査は病原体核酸検査、体細胞遺伝子検査、遺伝学的検査から成り、この分類が提唱されて10年が経つが、未だ持って医療者の間においても十分に浸透しているとは言い難い。しかし、がんゲノム医療の拡がりや、新型コロナウイルス感染症における核酸検査の重要性が認識され、この2-3年ほど臨床検査における遺伝子関連検査が社会でクローズアップされた時期はかつてない。本講演では医療者はもと

より様々な業種にとって必要な知識として遺伝 子関連検査の基本から実践までを紹介したいと 考える。

## Ⅱ. 検体検査の中の遺伝子関連検査

臨床検査の分類と精度確保については、長らく法的に整備されていなかったという背景があった。そこで2018年第8次医療法改定で、検体検査の品質精度管理の整備が盛り込まれた(Table 1) <sup>1)</sup>。結果として検体検査は7個の一次

日本大学医学部病態病理学系臨床検査医学分野 〒173-8610 東京都板橋区大谷口上町30-1

Tel: +81 3-3972-8111 (Ext. 8205)

Fax: +81 3-5375-8076

Division of Laboratory Medicine, Department of Pathology and Microbiology, Nihon University School of Medicine

30-1 Ooyaguchi-kamimachi, Itabashi-ku, Tokyo 173-8610, Japan

Table 1 医療法改正の歴史

| 医療法改正の歴史 |       |       |   |
|----------|-------|-------|---|
| 制定       | 昭和23年 | 1948年 | それまでの国民医療法の廃止に伴って制定された。                                       |
| 第1次改正    | 昭和61年 | 1986年 | 医療計画の導入   |
| 第2次改正    | 平成5年  | 1993年 | 特定機能病院及び療養型病床群の制度化  |
| 第3次改正    | 平成10年 | 1998年 | 療養型病床群の設置、地域医療支援病院の制度化、インフォームド・<br>コンセント法制化(努力義務)、総合病院の廃止     |
| 第4次改正    | 平成13年 | 2001年 | 療養病床と一般病床の区分化、医療計画制度の見直し、医師の臨床研<br>修必修化                       |
| 第5次改正    | 平成19年 | 2007年 | 新規法人設立を持分なし医療法人にみに限定、社会医療法人創設、広告規制緩和                          |
| 第6次改正    | 平成26年 | 2014年 | 病床機能報告制度と地域医療構想の策定、認定医療法人制度創設、医療事後調査制度創設                      |
| 第7次改正    | 平成27年 | 2015年 | 地域医療連携推進法人制度創設、医療法人制度の見直し                                     |
| 第8次改正    | 平成30年 | 2018年 | 医療に関する広告規制の強化、持分なし医療法人移行計画認定制度の<br>要件緩和、監督規定整備と検体検査の品質精度管理の整備 |

https://yakujihou-marketing.net/archives/2393 https://www.drp.ne.jp/pickup\_article/第%EF%BC%98次医療法改正/

分類である微生物学的検査、免疫学的検査、血 液学的検査、病理学的検査、生化学的検査、尿· 糞便等一般検査、遺伝子関連・染色体検査になっ た。つまり、今までは微生物学的検査の中の病 原体遺伝子検査、血液学的検査の中の染色体検 査、生殖細胞系列遺伝子検査と血液細胞を用い た体細胞遺伝子検査、病理学学的検査の中の血 液細胞によらない体細胞遺伝子検査が一括りに なったのである。そして遺伝子関連検査として の品質精度管理としては責任者を配置するこ と、必要な標準作業書、台帳、作業日誌一覧を 揃えることとされた。第三者認定の取得につい ては、勧奨とされた。精度保証されていない研 究室での解析については、「この結果は検体検 査の精度管理された登録衛生検査所・病院臨床 検査部で実施したものではありません。」など を報告書に記載すべきとした立。ただし、遺伝 学的検査については、衛生検査所や研究室に関 わらず外部精度管理調査に難渋している現状が あり今後の課題である3)。

遡って2011年に日本医学会から発行された 「医療における遺伝学的検査・診断に関するガイドライン」により遺伝子関連検査の分類と定義について記載されており、特定非営利活動法 人日本臨床検査標準協議会(Japanese Committee for Clinical Laboratory Standards: JCCLS) に設置された「遺伝子関連検査標準化 専門委員会」の提言によるとされていた(Fig. 1) が、法的にもすっきりした分類になったのであ る。日本医学会は2022年に創立120年を迎える 歴史ある組織で、2011 (平成23) 年は第28回日 本医学会総会が東京で開催されたが、この年は 東日本大震災のため、規模の縮小を余儀なくさ れた。その年に前述のガイドラインが発表され、 それから11年たった2022年に新しいガイドライ ンが発表された4)。今回日本医学会「遺伝子・ 健康・社会」検討委員会が中心となって改定作 業が進められたが、遺伝情報を診療記録として 共有することが主要な改定ポイントで、診療記 録は電子カルテと紙カルテを切り離して保管す る必要がないこと、カルテを閲覧するすべての 医療者が情報を共有することがスムースな医療 を提供することにつながるとされた。

#### Ⅲ. がんゲノム医療における遺伝子関連検査

がんゲノムプロファイリング検査は2019年6 月1日に保険適用となり、がんゲノム医療中核 拠点病院、がんゲノム医療拠点病院又はがんゲ ノム医療連携病院で実施可能である (Fig. 2)。

# 1. 病原体遺伝子検査(病原体核酸検査)

ヒトに感染症を引き起こす外来性の病原体(ウイルス, 細菌等微生物)の核酸(DNA あるいはRNA)を検出・解析する検査。

### 2. ヒト体細胞遺伝子検査(体細胞(somatic cell)遺伝子検査)

癌細胞特有の遺伝子の構造異常等を検出する遺伝子検査および遺伝子発現解析等,疾患病変部・組織に限局し,病状とともに変化し得る一時的な遺伝子情報を明らかにする検査。

#### 3. ヒト遺伝学的検査(遺伝学的検査)

単一遺伝子疾患,多因子疾患,薬物等の効果・副作用・代謝,個人識別に関わる遺伝学的検査等,ゲノムおよびミトコンドリア内の原則的に生涯変化しない,その個体が生来的に保有する遺伝学的情報(生殖細胞系列(germline)の遺伝子解析より明らかにされる情報)を明らかにする検査。37兆個といわれる一個人の全細胞は原則として同じDNA配列を持つ。

Fig. 1 遺伝子関連検査の分類

特定非営利活動法人日本臨床検査標準協議会 (JCCLS) の遺伝子関連検査標準化専門委員会「遺伝子関連検査検体品質管理マニュアル」 (2009年2月) 日本医学会「医療における遺伝学的検査・診断に関するガイドライン」 (2011年2月)

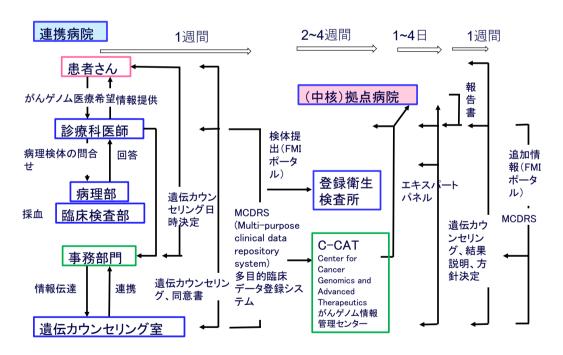


Fig. 2 がんゲノム医療の流れ (例)

「FoundationOne CDx がんゲノムプロファイル」、「OncoGuideTM NCC オンコパネルシステム」の2種類で開始され、前者はがん組織・細胞を検体とする解析である。一方、後者はがん組織・細胞および血液で解析するため子孫に遺伝するような生殖細胞系列変化も検出できる

(Table 2)

2021年8月1日、組織・細胞を使わずに血液中にあるがん細胞由来の遺伝子を用いる「FoundationOne Liquid CDx がんゲノムプロファイル」が保険適用となり、組織・細胞が採取できない患者さんに朗報となった(Fig. 3)。これ

は細胞の中にあるわけではない血液中に浮遊しているDNA断片であるCell free DNA(cfDNA)を検出する。cfDNAは、腫瘍のほか、圧挫症候

群・火傷、敗血症、心筋梗塞、移植片拒絶反応、 組織の挫滅、妊娠などで検出されることがある。 このうちcirculating tumor DNA(ctDNA)を次

Table 2 がんゲノムプロファイリング検査比較

|                      | ファウンデーションワン(F1)          | NCCオンコパネル             |
|----------------------|--------------------------|-----------------------|
| 開発者                  | ファウンデーション・メディシ<br>ン社(米国) | 国立がん研究センター(日本)        |
| 検体                   | 腫瘍組織(FFPE)*              | 腫瘍組織(FFPE)と末梢血 **     |
| 検査遺伝子・バリアント          | <b>324個</b> 124個         |                       |
| 生殖細胞系列遺伝子バリアント解析     | なし                       | あり                    |
| TMB(腫瘍遺伝子変異量)解析      | あり                       | あり                    |
| MSI(マイクロサテライト不安定性)解析 | あり                       | あり                    |
| 判定基準                 |                          |                       |
| SNV(一塩基バリアント)        | 変異アレル頻度(VAF)5%以上         | 変異アレル頻度(VAF)5%以上      |
| InDel(挿入・欠失)         | 変異アレル頻度(VAF)5%以上         | 変異アレル頻度(VAF)5%以上      |
| 増幅                   | コピー数6以上                  | コピー数8以上               |
| 融合                   | リードペア5以上(既知は3以上)         | 変異アレル頻度(VAF)3%以上      |
| TMB                  | SNV, InDel数/Mb           | SNV, InDel数/Mb        |
| MSI                  | 95個のマイクロサテライトで判定         | なし                    |
| 検体の条件                |                          |                       |
| 未染色スライド枚数            | 10枚                      | 5枚                    |
| スライドの厚さ              | 4~5 μm                   | 10 μm                 |
| 組織切片表面の面積            | 25 mm²以上                 | 16 mm <sup>2</sup> 程度 |
| 全血                   | 実施しない                    | 2 mL以上                |
| 全血の採血管               |                          | EDTA-2K入り             |

2019年6月1日から保険収載された。

<sup>\*</sup>T-only: 組織のDNAを解析する。\*\*T/Nペア: 組織と正常組織のDNAを解析する。



Fig. 3 ファウンデーションワンリキッド (F1L)

2021年8月1日から保険収載された。血液中のがん細胞由来のDNA断片を検出する。F1と同じく造血器腫瘍は対象としない。T-only(組織のDNAを解析する)に相当する。Germlineの結果は確定ではない。写真はセルフリー DNA抽出用採血管(Roche製)を示す。血中のCell free DNA(cf DNA)のうちcirculating tumor DNA(ctDNA)を検出する。

https://sequencing.roche.com/ja-jp/products-solutions/by-category/sample-collection/cell-free-dna-collection-tube.html

# ドライバー変異

がんの発生・進展において直接的に重要な役割を果たす遺伝子変異。がん遺伝子・がん抑制遺伝子などに起こる。 暴走する運転手のイメージ。

# パッセンジャー変異(バリアント)

がんの発生に無関係な遺伝子にランダムに起こるバリアント。がんの発生過程ではゲノム不安定性となるため。

乗客のように便乗しているイメージ。

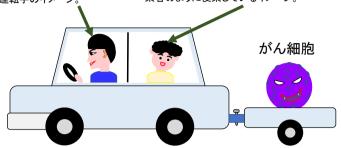


Fig. 4 ドライバーバリアントとパッセンジャーバリアント

がんゲノムプロファイリング検査では、数百の遺伝子を同時に測定することによっていくつものドライバー遺伝子候補、パッセンジャー遺伝子候補が見つかって くる。

世代シークエンサーにて検出するのである。た だしctDNAの検出率は様々な条件によって異な る。体細胞変化の検出率が低いのは多形性膠芽 細胞腫(脳)、肉腫、膵癌、ヒトパピローマウ イルス陽性のもの5)、Variant allele frequency (VAF) が低いのは多形性膠芽細胞腫(脳)、肉 腫、鼻咽頭癌、ヒトパピローマウイルス陽性の もの5)である。VAFの中央値は2.4%であり5)、 標的病変の直径(腫瘍量)が大きいほどctDNA 検出は高く、ctDNA量はがんの種類によって異 なる。低いのは中枢神経原発腫瘍、中皮腫、腎 癌、甲状腺癌である。化学療法の効果によって 検出率が低くなるとされるので、保険適用は1 回しか適用されないのでタイミングを見計らう 必要がある。固形がんを対象とすること、解析 遺伝子名・数、がんゲノム情報管理センター (C-CAT) への情報登録システムは 「FoundationOne CDx がんゲノムプロファイル」 と同じである。血液検体を使用するがバリアン トの生殖細胞系列と体細胞との区別はできな

がんゲノム医療では、数百の遺伝子を同時に解析することで、様々なバリアントが検出される。まずがんの発生・進展において直接的に重要な役割を果たす遺伝子変異。がん遺伝子・がん抑制遺伝子などに起こるドライバーバリアント(変異)、がんの発生に無関係な遺伝子にランダムに起こるバリアントとしてパッセン

ジャー変異 (バリアント) などである (Fig. 4)。 重要なのはドライバーバリアントを見出して治 療に結び付く分子標的治療薬や免疫チェックポ イント阻害薬などを見出すことである。保険診 療では疾患ごとに薬剤の適用が決定されている が、遺伝子バリアントごとに有効な薬剤を決め ることで、医学的に理にかなった有効な薬剤が 投与できることになる。しかし保険収載された がんゲノムプロファイリング検査は全例に実施 できるわけではない。①標準治療がない固形が んで、白血病など造血器腫瘍は含まない。②局 所進行もしくは転移があり、標準治療が終了し た(終了見込みを含む) 固形がんの方で、次の 新たな薬物療法を希望する場合に対象となる。 実際治療に結び付く確率は10%程度といわれ、 最終レポートが到着するまで2か月程度かかる ため、患者さんの状態を考慮することが必要と なる (Fig. 5)。エキスパートパネルは中核拠点 病院、拠点病院、連携病院の担当者が見いださ れたバリアント、使用可能な薬剤、生殖細胞系 列バリアントの有無の可能性などを検討する ミーティングであり、それを経て最終報告書が 発行される。バリアントの解釈は時に困難であ り、生殖細胞系列の可能性があるバリアントが 検出された場合は、遺伝カウンセリングにて患 者さんとそのご家族を含めて面談し方針を決め る。がんゲノムプロファイリング検査は臨床検 査部や遺伝相談室の関与が非常に重要である。

# 

がん遺伝子パネル検査は誰でも受けられるわけではありません。一般的には、①標準治療がない固形がん(造血器腫瘍は含みません)、②局所進行もしくは転移があり、標準治療が終了した(終了見込みを含む)固形がんの方で、次の新たな薬物療法を希望する場合に検討します。 はます。

- ・ 標準治療が終了している(見込み含む)か、ないもの
- ・ 白血病など造血器腫瘍は含まない。

# 「 留意点について 〕

- 検査の結果、治療に結び付く遺伝子の変化が見つからない場合もあります。がんの種類にもよりますが、治療選択に役立つ可能性がある遺伝子の変化は、約半数の患者さんで見つかります。遺伝子の変化があっても、使用できる薬がない場合もあり、がん遺伝子パネル検査の結果を受けて、自分に合う薬の使用(臨床試験を含む)に結び付く人は全体の10%程度といわれています。
- 結果が出るまで2か月程度かかります。
- 子孫に遺伝する可能性のあるDNA塩基配列変化が見つかる可能性があります。そのため適宜遺伝カウンセリングを行うことが必要です。
  - 有効な薬に結び付く確率は13%前後である。
  - 約2か月かかる。
  - 遺伝性腫瘍が見つかる場合がある。

Fig. 5 がん遺伝子パネル検査の対象者・留意点について

日本大学医学部附属板橋病院のホームページからhttps://www.itabashi.med.nihon-u.ac.jp/cancer/genome

#### Ⅳ. 新型コロナウイルス核酸検査

2020年になって日本はおろか世界全体の社会 状況を大きく変えた新型コロナウイルス感染症 では、社会的規模による病原体核酸検査が初め てスクリーニングや確定診断に応用された。特 に中心的な手法として世の中に認知されたPCR 法は誰しもが記憶するようになった。

PCR法は1983年にキャリー・バンクス・マリ スによって発明された。彼についての逸話に少 し触れることにしよう。彼の手記によると1983 年4月のある金曜日の夜、セコイアの茂る北カ リフォルニアに向かう月明かりの曲がりくねっ た山道を愛車でドライブしていた際にひらめい たとされる(Fig. 6) <sup>6)</sup>。その業績によって1993 年にノーベル化学賞を受賞した。受賞の知らせ を聞いた際に趣味のサーフィンをしていたと か、HIV感染症の原因はHIVではないと発言す るとか、ユニークな言動には枚挙にいとまがな い。彼はPCR法を病原体核酸検査に使うことに ついて否定的な意見を持っていたようだが、新 型コロナウイルス感染症の発生を見ることなく 2019年8月肺炎で亡くなったことは、著者自身 驚きを持って聞いた。

さて、2年以上に渡って日々刻刻と変化する新型コロナウイルス感染症の流行に即して日本では多くの医療施設がPCRなどの核酸検査を開始・拡充し対応してきた。PCR法はDNA増幅法なので、RNAウイルスである新型コロナウイルスのRNAを増幅するためにはまず逆転写酵素によって相補的DNA(complementary DNA:cDNA)を合成してからPCRをかけなければいけない。PCR法ではspike glycoprotein(S蛋白)やnucleocapsid phosphoprotein(N蛋白)をターゲットにすることが多い(Fig. 7)。ちなみにファイザー社製やモデルナ社製のワクチン接種後ではS蛋白に対する抗体が上昇し、一方新型コロナウイルス感染症罹患後はN蛋白に対する抗体が上昇する。

臨床検査現場でのPCR法では逆転酵素を用いた反応(reverse transcription: RT)後(Fig. 8)、TaqMan PCRを行い(Fig. 9)、蛍光色素の蓄積をとらえる(Fig. 10)。TaqMan PCRを用いた定量PCRの増幅曲線をFig. 11に示す。サイクル数が少ないと検出されない時間帯、それから急激な曲線で増幅する時間帯、指数関数的増幅期いわゆる直線的にしめされる時間帯、徐々に増幅がゆるやかに曲線的に減じる時間帯、増幅が止まり水平になるプラトーな時間帯というS字型

# PCR発明物語 春の夜の奇跡

素晴らしいアイデアをふとしたはずみで思いついた経験は誰にでもあるだろう。1983年4月のある金曜日の夜、セコイアの茂る北カリフォルニアに向かう月明かりの曲がりくねった山道を愛車でドライブしていた私にもそんな瞬間が訪れた。

私は化学者であるガールフレンドとカリフォルニア州メンドチノ郡へと車を走らせていた。彼女は助手席で眠りこけていた。私は夜にドライブするのが中きだった。毎週末、私は州の北部にある小さな別荘に向けて走ることで頭の中をからっぽにすることができた。しかしその夜は、私が提案したDNAの塩基配列を解析する実験について考えをめぐらせていた。私は塩基配列の解析をよりを解析する実験について考えをめぐらせていた。私は塩基配列の解析をよりを解析する実験について考えをめぐらせていた。私は塩基配列の解析をよりではないが、オリゴヌクレオチドを1つだけではなくもう1つ使うこで改善さればサンプルのDNAはそれらと結合するはずだ。そこで必ずオキシヌクレオシド三リン酸とDNAポリメラーゼを加えてやれば...「ちょっと待った!これはトラブルなんかじゃないぞ!」。私は突然ひらめいた。サンプルのDNAとオリゴヌクレオチドの伸長した部分は同じ塩基配列をもで寝るいたが、もでいるが高になったのだ! 横たら遅ばいながら「こんなところで車を停めてPCRの絵はいたのでいるに、シェニファーのはでは、最が関連されているに、私は真び車を停めていてくなるじゃないの」と文句を言ったが、私が興奮していま素晴らしいア以上でを活ったがいるとと、また目をましているは、私は2の20乗が100万以のをといるとは、とれているに、発見がでは記されているに、記さいまでは、これでは記さいている。ことができないでもないでは、またいでは

月曜日に出社するとすぐに、私は、図書室司書のマグレーガー(George McGregor)に、DNAポリメラーゼの項目で論文検索を頼んだ。しかし人工的DNA 複製を扱った論文は見あたらなかった。その次の何週間かのあいだ、私はいろいろな人に私のアイデアを説明した。「そんなことができるとは聞いたことがないが、うまくいかないという理由も別に見あたらない」という答えがみんなから返ってきたが、私の話を聞いて素晴らしいと感激してくれる人も特にいなかった。私はシータス社の特許代理人のハルイン(Albert Halluin)に、たった今、ある発見をしたのだと告げ、PCR法について説明した。それが何か意味のあることだと認めてくれたのはハルインが初めてだった。

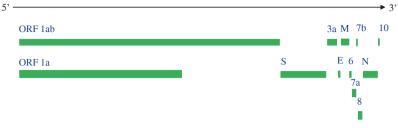
1984年の春、まだ特許申請の準備を続けていた頃、年に一度のシータス社の学術研究集会が開かれた。私のポスターには誰も興味を示してくれなかった。私はロックフェラー大学の学長であるレーダーバーグ(Joshua Lederberg、遺伝子組換えと形質導入の発見で1958年ノーベル生理学・医学賞受賞)に私の成果を見てもらえないかと頼んだ。彼はノーベル賞をもらったその偉大な頭をぐるぐると回した。私のポスターを見返しているレーダーバーグの顔には、「なぜ私はこれを思いつかなかったのだろう?」と書いてあった。「なぜ私は…」という問いの答えは誰ももち合わせていない。発見者の私ですらその例外ではない。それはある春の夜の奇跡だったのだから。

(日経サイエンス1990年6月号より)

Fig. 6 PCR発明物語 春の夜の奇跡

曲線となる。指数関数的増幅を示す直線部分の ところであればThreshold Line(しきい値ライン)をX軸に平行に引くことが出来る。

Threshold Cycle (Ct) 値は、反応の蛍光シグナルがThreshold Lineと交差する時点のサイクル数であり、これを元にDNAの初期コピー数の



| 登録ナン |  |  |
|------|--|--|
|      |  |  |
|      |  |  |

| 部位·遺伝子<br>名 | 最初と最後の塩基の<br>位置         | 塩基の長さ  | 性質      | タンパク質種類                     |
|-------------|-------------------------|--------|---------|-----------------------------|
| 5'UTR       | 1265                    | 265    |         |                             |
| ORF1ab      | 26613468,13468215<br>55 | 21,290 |         |                             |
| ORF1a       | 26613483                | 13,218 |         |                             |
| S           | 2156325384              | 3,822  | 構造タンパク質 | spike glycoprotein          |
| ORF3a       | 2539326220              | 828    |         |                             |
| E           | 2624526472              | 228    | 構造タンパク質 | envelope protein            |
| M           | 2652327191              | 669    | 構造タンパク質 | membrane glycoprotein       |
| ORF6        | 2720227387              | 186    |         |                             |
| ORF7a       | 2739427759              | 366    |         |                             |
| ORF7b       | 2775627887              | 132    |         |                             |
| ORF8        | 2789428259              | 366    |         |                             |
| N           | 2827429533              | 1,260  | 構造タンパク質 | nucleocapsid phosphoproteir |
| ORF10       | 2955829674              | 117    |         |                             |
| 3'UTR       | 2967529903              | 229    |         |                             |

Fig.7 新型コロナウイルスゲノム構造

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/search/all/?term=Severe%20acute%20respiratory%20syndrome%20 coronavirus%202%20(SARS-CoV-2)%20reference%20genome

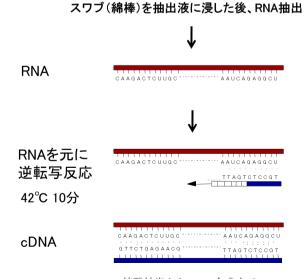


Fig. 8 核酸抽出からcDNA合成まで

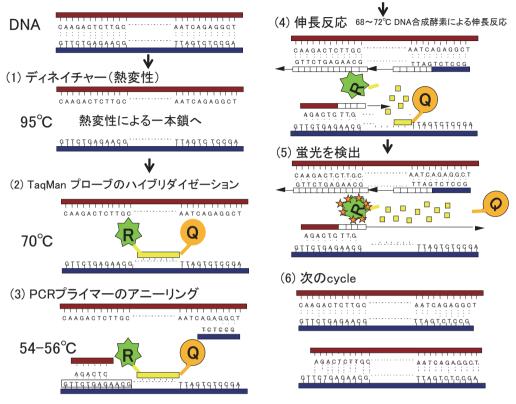


Fig. 9 TaqMan PCR 法の原理

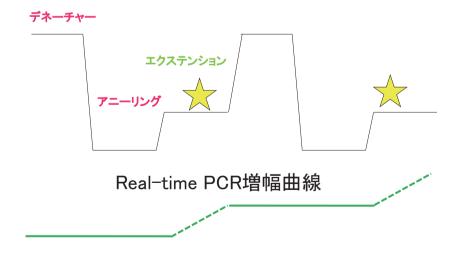


Fig.10 Real-time PCR增幅曲線

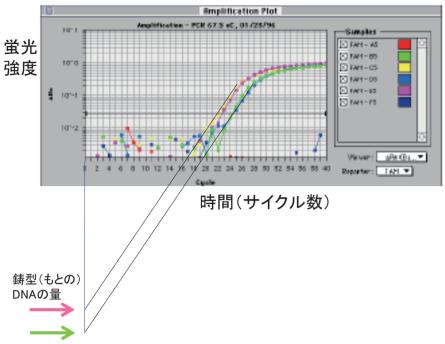


Fig. 11 定量PCRの増幅曲線

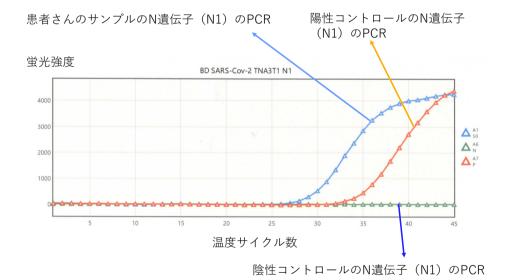


Fig. 12 新型コロナウイルス核酸のPCR増幅

算出に使用できる。立ち上がりが少ないサイクル数の産物の方(ピンクの曲線)が、立ち上がりが多いサイクル数の産物の方(緑の曲線)より、増幅前つまりサイクル数0の時のDNAのコピー数が多い(ピンクの矢印)ことがわかる。実際の臨床検査現場で行っている新型コロナウ

イルス感染症のPCR増幅を示す (Fig. 12)。現在の臨床検査現場ではこの図のように、立ち上がり始めたサイクル数をCt値と呼ぶことがあり困惑することがある。立ち上がりを示したサイクル数が少ないとコピー数 (ウイルス量) が多いという表現をするが、Ct値自体、さまざまな

# サーモフィッシャーサイエンティフィック ライフテクノロジーズジャパン QuantStudio $^{TM}$ 3 / 5 リアルタイムPCRシステム

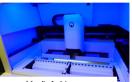












日本ベクトン・ディッキンソン株式会社 BD マックス™ 全自動核酸抽出増幅検査システム

Fig. 13 新型コロナウイルス核酸核酸検査の機器

条件によって変化するため病原体核酸検査での Ct値は現時点ではあくまでも参考程度とすべき であろう $^{n}$ 。私の施設にあるPCR法用の機器を示す (Fig. 13)。全自動核酸抽出増幅検査では、逆転写反応後にPCRを掛けるという操作を人間 ではなく機器が行うため便利である。

すでに2年を越えて新型コロナウイルス感染症に対する対応では臨床検査部の大変な労力がクローズアップされ、脚光をあびた。良くも悪くも、臨床検査部では病原体核酸検査体制を準備・実施せざるを得なかったことが人類のために尽力できていることは感慨深い。

#### V. 結語

検体検査の品質精度管理の整備が盛り込まれた医療法改正、がんゲノム医療、新型コロナウイルス感染症への対応などまさに急激に変革を遂げる遺伝子関連検査は発展を遂げている。臨床検査現場、研究現場も含めて時代に沿って適切に対応していくことが肝要である。

### 利益相反(COI)の開示

利益相反は以下のとおり:中山智祥(指導医: 株式会社保健科学研究所、寄附講座:日本電子 株式会社)

#### 文献

- 1) 中山智祥:第67回学術集会 委員会企画5「医療 法改正後の情勢とこれからの臨床検査に必要なこ と」.日本臨床検査医学会誌,69(12):954-958, 2021.
- 2) 中山智祥:遺伝子診療よくわかるガイドマップ初診から検査そして結果報告まで、メディカル・サイエンス・インターナショナル、東京(2018).2018.
- Nakayama T and Masui T: Precision management of gene-based tests not covered by the National Health Insurance system in Japan: a questionnaire-based study. Journal of Human Genetics, 67 (6): 311-321, 2022.
- 4) 日本医学会: 医療における遺伝学的検査・診断 に関するガイドライン. 2011年2月, https://jams. med.or.jp/guideline/genetics-diagnosis.pdf
- 5) Zhang Q, Luo J, Wu S, Si H, Gao C, Xu W, Abdullah SE, Higgs BW, Dennis PA, van der Heijden MS, Segal NH, Chaft JE, Hembrough T, Barrett JC and Hellmann MD: Prognostic and Predictive Impact of Circulating Tumor DNA in Patients with Advanced Cancers Treated with Immune Checkpoint Blockade. Cancer Discov, 10: 1842-1853, 2020.
- 6) K.B.ミュリス:遺伝子を自動的に複製するPCR 法の発見. 日経サイエンス, 20(6):16-25, 1990.
- 7) 宮地勇人、松下一之他:はじめて新型コロナウイルス検査を行う方のために.日本遺伝子診療学会 新型コロナウイルス感染症検査委員会編,2021年11月1日改訂,http://www.gene-dt.jp/pdf2017/gene\_COVID19test.pdf