第7回日本産科婦人科遺伝診療学会

0 - 54

大阪, 2021.12.17-18

遺伝性疾患に対する着床前検査 (PGT-M) の遺伝子解析における判定困難胚の検討

中岡義晴¹¹¹,中野達也¹¹¹, 庵前美智子¹¹¹, 矢嶋秀彬¹¹¹, 森本真晴¹¹¹, 太田志代¹¹¹, 北山利江¹¹, 山内博子¹¹, 勝佳奈子¹¹, 門上大祐¹¹, 森本義晴²¹

IVF なんばクリニック¹), HORAC グランフロント大阪クリニック²)

【目的】

当院では2016 年より遺伝性疾患に対する着床前検査 (PGT-M) を、日本産科婦人科学会 (日産婦)の承認のもとで実施している。胚盤胞からから採取した複数細胞による遺伝子解析を外部委託している。今回初回の遺伝子解析で確定診断にいたらなかった胚を検討した。

【対象と方法】

2016 年から2021 年に当院でPGT-M を実施した19 例(43 周期)から得られた胚盤胞138 個を対象とした。顕微授精法により受精させた後、5 日ないし6 日培養の胚盤胞から約10 細胞を採取した。外部委託施設では、変異アレルの有無を解析する直接法とShort tandem repeat を用いたハプロタイプ解析の間接法により遺伝子解析が行われた。

【結果】

胚盤胞138 個のうち20 個 (14.5%) に初回遺伝子解析で十分な解析結果を得ることが出来なかった。その内訳は、11 個 (8.0%) が全ゲノム増幅 (WGA) 不良胚、9 個 (6.5%) が直接法と間接法の結果に違いのある相違胚であった。

再解析を実施したWGA 不良胚8 個のうち,3 個は融解後の生検が不可能となったが、5 個は解析可能であった。また、再解析を行った相違胚8 個のうち、1 個は生検不可能、1 個は生検後のWGA 不良であり、6 個が解析可能であった。相違の原因は7 個(5.1%)がアレルドロップアウト(ADO)、2 個(1.4%)が染色体組み換えによると考えられた。また、初回の直接法で非罹患と診断された胚の1 個は、再解析で罹患と診断された。最終的に診断に至らなかった胚は5 個(3.6%)であった。

【結論】

PGT-M の解析には、少数細胞を用いることから生じるWGA 不良やADO による誤診を減らすために、直接法に間接法の併用が重要であることが示された。それらの原因は生検細胞の数と質が関与していると考えられるが明確でなく、結果に相違が認められれば再生検・再解析することが重要であると考えられた。