

T-solureseptori- ja immunoglobuliinigeenin klonaliteettitutkimusten muutokset 22.3.2021 alkaen

Muuttuvat tutkimukset			
	3904	B -TCR-D	T-solureseptorigeenin uudelleenjärjestymätutkimus, verestä
	3905	Bm-TCR-D	T-solureseptorigeenin uudelleenjärjestymätutkimus, luuytimeistä
	3906	Ts-TCR-D	T-solureseptorigeenin uudelleenjärjestymätutkimus, kudoksenäytteestä
	3837	B -IG-D	Immunoglobuliinigeenin uudelleenjärjestymätutkimus, verestä
	3838	Bm-IG-D	Immunoglobuliinigeenin uudelleenjärjestymätutkimus, luuytimeistä
	3839	Ts-IG-D	Immunoglobuliinigeenin uudelleenjärjestymätutkimus, kudoksenäytteestä
	11834	B -IgSHM-D	Immunoglobuliinigeenin somaattiset hypermutaatiot, verestä
	11835	Bm-IgSHM-D	Immunoglobuliinigeenin somaattiset hypermutaatiot, luuytimeistä

Asia TCR- ja IG-tutkimuksiin käytettävä menetelmä muuttuu ja IgSHM-tutkimus siirtyy alihankintalaboratoriosta tehtäväksi HUSLABissa.

Johdanto HUSLABin tutkimusvalikoimassa olevien T-solureseptorigeenin (TCR) ja immunoglobuliinigeenin (IG) uudelleenjärjestymätutkimuksiin käytettävä menetelmä muuttuu fragmentti-analyysistä NGS-pohjaiseen menetelmään. Samalla kotiutetaan aiemmin alihankintatutkimuksena teetetty immunoglobuliinigeenin somaattiset hypermutaatiot -tutkimus (B /Bm-IgSHM-D). Tutkimusten lyhenne, pitkä nimi ja numero säilyvät ennallaan. Tutkimusten hinta ei myöskään muutu.

Menetelmä NGS (next generation sequencing, massiivinen rinnakkaissekvensointi).

Yleistä

Menetelmämuutoksessa TCR-tutkimuksen kohdealue (*TRG*-geenilokus) säilyy ennallaan, mutta *IG*-tutkimuksen kohdealueeseen tulee muutoksia. *IG*-tutkimus sisältää jatkossakin merkittävimmät alueet eli *IGH*-geenin *V*-geenisegmentin konservoituneet alueet *FR1*, *FR2* ja *FR3* sekä *J*-geenisegmentin, mutta ei enää harvinaisempaa *D*-geenisegmenttiä. NGS-pohjaisen menetelmän myötä klonaalisten uudelleenjärjestymien tunnistaminen helpottuu ja seurantanäytteiden analyysi tarkentuu, koska kloonit tunnistetaan koon sijasta sekvenssin perusteella. Käytetyllä menetelmällä voidaan lisäksi selvittää *IGH*-geenin *V*-geenisegmentin alueella tapahtuneet somaattiset hypermutaatiot (*SHM*), joilla on ennusteellista merkitystä kroonisessa lymfaattisessa leukemiassa.

Muuta

Lisätietoja löytyy HUSLAB-ohjekirjasta (www.huslab.fi/ohjekirja)

Allekirjoitukset

Reetta Vainionpää
Sairaalageneetikko

HUSLAB
Genetiikan laboratorio
puh. 050 427 1237

Soili Kytölä
Sairaalageneetikko,
prosessivastaava

HUSLAB
Genetiikan laboratorio
puh. 050 427 9125

Anna-Kaisa Anttonen
Ylilääkäri, vastuualuejohtaja

HUSLAB
Genetiikan laboratorio
puh. 050 427 0523