

解析例1

CASを使用して疾患関連性を調べたロスの例

Webinarの構成

イントロダクション

- マイクロアレイ染色体検査(CMA)検査 超入門
- BEDファイル形式データの取扱い
- マイクロアレイ染色体検査の結果解釈の補助ソフトウェアツール(CAS)の使用方法
- マイクロアレイ (CMA) 検査の結果解釈に必要なデータベースの使用方法

• 実践編

- 解析例1:CASを使用して疾患関連性を調べたLossの例
- 解析例 2: CASと各種データベースを使用して疾患関連性を調べたLossの例
- 解析例 3 : CASと各種データベースを使用して疾患関連性を調べたGainの例
- 解析例4:疾患関連性領域近傍にあるBenignのLossの例
- Advanced編
 - データベース「UCSC」使用方法
 - 解析例 5: UCSCを用いて、Uncertain Significance と推定される例
 - インプリンティング疾患の解釈について

免責事項

- 実際の診断に際しては、個々の臨床所見と検査報告書並びにデータベース・ソフトウェアの検索結果を相互的に検討し判断を行ってください。
- 本セミナーで紹介するデータベース・ソフトウェアの使用法の正確性、妥当性について、演者、演者所属組織、本コンソーシアム関係者は一切の責任を負いません。
- 本セミナーで紹介する各例はあくまでもデータベースの使用例を提示するために 疑似的に作成された例であり、実際の臨床情報並びに検査結果に基づいた例 ではありません。
- 各データベース・ソフトウェアの使用について、そのデータの正確性、臨床的妥当 性は保証されておらず、各データベース・ソフトウェアの作成者・管理者・研究班 は提示される結果について一切の法的責任を負っておりません。

研究用補助ソフトウェアツール(CAS)

日本小児遺伝学会のHPに下記のご紹介があります。

■ マイクロアレイ染色体検査の結果解釈の補助ソフトウェアツール

(2021年9月24日)

マイクロアレイ染色体検査が「保険項目:染色体ゲノムDNAのコピー数変化及びヘテロ接合性の喪失」として保 険収載されることが発表されました。この検査については得られた結果の解釈が重要となります。 この度、当学会前理事長小崎健次郎先生より「マイクロアレイ染色体検査の結果解釈の補助ソフトウェアツー ル」の開発公表をいただきましたので、ご案内申し上げます。

• マイクロアレイ染色体検査の結果解釈の補助ソフトウェアツール ご

https://cmg.med.keio.ac.jp/arraryclassified/

 開発提供:厚生労働科学研究費補助金難治性疾患政策研究事業「先天異常症候群のライフステージ全体の 自然歴と合併症の把握:Reverse phenotypingを包含したアプローチ」(研究代表者:小崎健次郎)

CASのダウンロード方法

https://cmg.med.keio.ac.jp/arraryclassified/から、 無償でダウンロードが可能です。

● ダウンロード

ダウンロードをご希望の方は、下記フォームからご登録をお願いいたします。 関連情報やバージョンアップなどについてご連絡をさせていただく場合があります。 記載していただいた個人情報は、厳重な管理を行い、本ソフトウェアの利用者の把握と関連情報の提 供以外には使用しません。

ご所属機関	大学、病院、会社、その他研究機関名
お名前	
メールアドレス	
同意事項:	
ご利用いただくに	あたり、下記全てにご同意下さい。
□ 本ソフトウェ	- アは研究田に作られており、診断田ではかいことを了解しています。
□解析結果の妥	妥当性については、解析者ご自身の責任で判断の上、使用します。
 	そ当性については、解析者ご自身の責任で判断の上、使用します。 こアの使用に基づいて発生したいかなる損害についても、ソフトウェア
 解析結果の妥 本ソフトウェ 成者や研究班は 	そ当性については、解析者ご自身の責任で判断の上、使用します。 こアの使用に基づいて発生したいかなる損害についても、ソフトウェア は一切の責任を負わないことを了解しています。
 □ 解析結果の妥 □ 本ソフトウェ 成者や研究班は 	そ当性については、解析者ご自身の責任で判断の上、使用します。 こアの使用に基づいて発生したいかなる損害についても、ソフトウェア は一切の責任を負わないことを了解しています。
 □ 解析結果の妥 □ 本ソフトウェ 成者や研究班は 通信欄 (任意) 	経当性については、解析者ご自身の責任で判断の上、使用します。 アの使用に基づいて発生したいかなる損害についても、ソフトウェア 一切の責任を負わないことを了解しています。
 □ 解析結果の妥 □ 本ソフトウェ 成者や研究班は 通信欄 (任意) 	経当性については、解析者ご自身の責任で判断の上、使用します。 アの使用に基づいて発生したいかなる損害についても、ソフトウェア 一切の責任を負わないことを了解しています。
 □ 解析結果の妥 □ 本ソフトウェ 成者や研究班は 通信欄 (任意) 	経当性については、解析者ご自身の責任で判断の上、使用します。 アの使用に基づいて発生したいかなる損害についても、ソフトウェア に一切の責任を負わないことを了解しています。
 □ 解析結果の妥 □ 本ソフトウェ 成者や研究班は 通信欄 (任意) 	経当性については、解析者ご自身の責任で判断の上、使用します。 アの使用に基づいて発生したいかなる損害についても、ソフトウェア に一切の責任を負わないことを了解しています。

慶應義塾大学医学部 臨床遺伝学センター マイクロアレイ染色体検査の結果解釈の補助ソフトウェアツール ウェブサイト画面より

CASの使用について

留意事項

- 本ソフトウェアは研究の支援を目的とするもので、無償でご利用できます。
- ただし解析結果の妥当性については、解析者ご自身の責任で判断の上、 ご使用ください。
- 本ソフトウェアの使用に基づいて発生したいかなる損害についても、 ソフトウェア作成者や研究班は一切の責任を負いません。

使用環境

- Microsoft Windows7以上で作動します。
- MacOSには対応しておりません。また対応の予定もありません。

解析例 #1

chr1:746608-6244552 (ロス)

ゲイン/ロス領域表 Gain/Loss Intervals Table

染色体 Chr	最小始点-終点(bp) 最大始点-終点(bp) Min Start-Stop(bp) Max Start-Stop(bp)	最小サイズ(kb) 最大サイズ(kb) Min Size(kb) Max Size(kb)	最小サイトバンド 最大サイトバンド Min Cytoband Max Cytoband	ゲイン/ロス Gain/Loss
chr1	746608-6244552 746608-6291925	5,497.944 5,545.317	p36.33-p36.31 p36.33-p36.31	-1.000

解析フロー

1. CASによる解析



最大領域・最小領域のとらえ方

Gain・Loss領域およびLOH領域として、

検査結果報告書には、最大および最小の始点ー終点が記載されています。







CASによる解析

■「先天性異常症候群の診断補助システム」フォルダの中にある CongenitalAnomalySyndromeDAS.exeを起動します。





CASによる解析(読み込み①)

■ 報告書に印字される二次元バーコードをスキャンします。

- ■ 先天性異常症候群診断補助システム	
ファイル (F) QRコード読込 (I) ヘルプ (H)	
BED ファイル (1ファイル) をドラッグ&ドロップ	
もしくは BED 形式のデータをユーマハ ノリン ※ Gain/Lossの記載のないものはLossとして扱い	
注別 指定なし 入力ノバイル	
 Image: Control of the second second	X L
	✓ クリック
	■ パソコンのカメラから報告書の二次元バーコードを
	読み込みます。
	解析例 1



CASによる解析 (読み込み2)

■ BEDファイルをウィンドウ内にドラッグ&ドロップし、検索を開始します。



CASによる解析(読み込み③)

■ BED形式のデータをコピー&ペーストすることでも検索ができます。

ファイル(E) 編集(E) 書式(O) 表示(V) ヘルプ(H) 1 746608 6244552 Loss
1 746608 6244552 Loss
Ctrl C

■ 先天性異常症候群診断補助システム	
ファイル (F) QRコード読込 (I) ヘルプ (H)	
BED ファイル (1ファイル) をドラッグ&ドロップ、 もしくは BED 形式のデータをコピー&ペーストすると検索を開始します! ※ Gain/Lossの記載のないものはLossとして扱います。	
性別 指定なし × 入力ファイル	
	Ctrl V





CASの解析結果①

1p36 microdeletion syndromeが検出されました。

1p36 microdeletion syndromeの欠失領域とサンプルの欠失範囲が 42.9%オーバーラップしていることを示します。

アイル(E	E) データ(D) 表示(V)					_							
No.	染色体	開始	終了	Decipher browser	検索結果	症候群	染色体	開始	終了	遺伝子名	OMIM	染色体	開始	終了
1	1	746,608	6,244,552	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	UBE2J2	OMIM: 619756 (UBIQUITIN- CONJUGATING ENZYME E2 J2; UBE2J2)	1	1,189,289	1,209,265
2	1	746,608	6,244,552	ブラウザへのリンク	Match	1p36 microdeletion syndrome	à	10,001	12,840,259	GNB1	OMIM: 139380 (GUANINE NUCLEOTIDE-BINDING PROTEIN, BETA-1; GNB1)	1	1,716,729	1,822,495
3	1	746,608	6,244,552	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	GABRD	OMIM: 137163 (GAMMA- AMINOBUTYRIC ACID RECEPTOR, DELTA; GABRD)	1	1,950,780	1,962,192
4	1	746,608	6,244,552	ブラウザへのリンク	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	SKI	OMIM: 164780 (SKI PROTOONCOGENE; SKI)	1	2,160,134	2,241,558
5	1	746,608	6,244,552	ブラウザへのリンク	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	PANK4	OMIM: 606162 (PANTOTHENATE KINASE 4: PANK4)	ì	2,439,972	2,458,039
6	1	746,608	6,244,552	ブラウザへのリンク	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	PRDM16	OMIM: 605557 (PR DOMAIN- CONTAINING PROTEIN 16: PRDM16)	1	2,985,732	3,355,185
7	1	746,608	6,244,552	ブラウザへのリンク	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	TP73	OMIM: 601990 (TUMOR PROTEIN p73; TP73)	1	3,569,084	3,652,765
8	1	746,608	6,244,552	ブラウザへのリンク	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	AJAP1	OMIM: 610972 (ADHERENS JUNCTION-ASSOCIATED PROTEIN 1; AJAP1)	1	4,714,792	4,852,594
9	1	746,608	6,244,552	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	CHD5	OMIM: 610771 (CHROMODOMAIN HELICASE DNA-BINDING PROTEIN 5; CHDS)	1	6,161,853	6,240,183



定候 群	染色体	開始	終了	重複範囲	遺伝子型	クラス	グレード
1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	42.9 %	Heterozygous	Deletion	1



CASの解析結果②

検出された領域のうち、pLIが0.9より大きい遺伝子が表示されます。

о.	染色体	開始	終了	Decipher browser	検索結果	症候群	染色体	開始	終了	遺伝子名	OMIM	染色体	開始	終了
1	1	746,608	6,244,552	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	UBE2J2	OMIM: 619756 (UBIQUITIN- CONJUGATING ENZYME E2 J2; UBE2J2)	1	1,189,289	1,209,26
2	1	746 <mark>,608</mark>	6,244,552	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	GNB1	OMIM: 139380 (GUANINE NUCLEOTIDE-BINDING PROTEIN, BETA-1; GNB1)	1	1,716,729	1,822,49
3	1	746,608	6,244,552	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	GABRD	OMIM: 137163 (GAMMA- AMINOBUTYRIC ACID RECEPTOR, DELTA: GABRD)	1	<mark>1,9</mark> 50,780	1,962,19
4	1	746,608	6,244,552	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	SKI	OMIM: 164780 (SKI PROTOONCOGENE; SKI)	1	2,160,134	2,241,55
5	1	746,608	6,244,552	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	PANK4	OMIM: 606162 (PANTOTHENATE KINASE 4; PANK4)	1	2,439,972	2,458,03
6	1	746,608	6,244,552	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	PRDM16	OMIM: 605557 (PR DOMAIN- CONTAINING PROTEIN 16; PRDM16)	1	2,985,732	3,355,18
7	1	746,608	6,244,552	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	TP73	OMIM: 601990 (TUMOR PROTEIN p73; TP73)	1	3,569,084	3,652,76
8	1	746,608	6,244,552	ブラウザへのリンク	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	AJAP1	OMIM: 610972 (ADHERENS JUNCTION-ASSOCIATED PROTEIN 1: AJAP1)	1	4,714,792	4,852,59
9	1	746,608	6,2 <mark>44</mark> ,552	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	1p36 microdeletion syndrome	1	10,001	12,840,259	CHD5	OMIM: 610771 (CHROMODOMAIN HELICASE DNA-BINDING PROTEIN 5; CHD5)	1	<mark>6,161,85</mark> 3	6,240,18

