

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

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。

解析例 #3

chr17: 16782546-20219464(ゲイン)

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
chr17	16782546-20219464 16720931-20293978	3,436.918 3,573.047	p11.2 p11.2	0.585

解析フロー:下記サイトを使用して検索します。

1. CASによる解析

2. ClinGen Dosage Sensitivity



解析に有用なURL

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

ClinGen

https://www.clinicalgenome.org/

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。

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) をドラックスドロッ	- ?		
もしくは BED 形式のデータをユビーシャ ※ Gain/Lossの記載のないものけLoss	クリック 化ます!		
11日前 11日になし × 人力 ノア1 ル			
E QRJ-ドムカ	- • ×		
לאל <u>ס</u>	Z+pù		
	עע עיע עיע איז		
	■ 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	t.	
			解析例3
			6 8 -56
			112000 CE

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。

一個相	斤例3.txt-	- メモ帳	-					8	3
ファイル	r(E) 編集	(<u>E</u>) 書 5	t(<u>O</u>)	表示(⊻)	ヘルプ(<u>H</u>)				
17	16782	546 2	2021	9464	Gain	•			^
					\sim	C C	trl (С	~

■ 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

Potocki-Lupski syndrome が候補として表示されます。

■ 先天性	異常症	定候群検索	結果									— ī
ファイノ	(F)	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
	1	17	16,782,546	20,219,464	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	Potocki-Lupski syndrome (17p11.2 duplication syndrome)	17	16,773,072	20,222,149		

BEDファイルにGainと入れていない場合は、ロスとして扱われてSmith-Magenis Syndromeが表示されます。

■ 先天性異常症候群検索結果

– 0 X

ファイル (F) 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	17	16,782,546	20,219,464	ブラウザへのリンク	Match	Smith-Magenis Syndrome	17	16,773,072	20,222,149	MPRIP	OMIM: 612935 (MYOSIN PHOSPHATASE RHO-INTERACTING PROTEIN; MPRIP)	17	16,945,859	17,120
2	17	16,782,546	20,219,464	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	Smith-Magenis Syndrome	17	16,773,072	20,222,149	COPS3	OMIM: 604665 (COP9 SIGNALOSOME, SUBUNIT 3; COPS3)	17	17,150,141	17,184
3	17	16,782,546	20,219,464	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	Smith-Magenis Syndrome	17	16,773,072	20,222,149	RAI1	OMIM: 607642 (RETINOIC ACID- INDUCED GENE 1; RAI1)	17	17,584,787	17,714
4	17	16,782,546	20,219,464	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	Smith-Magenis Syndrome	17	16,773,072	20,222,149	GID4	OMIM: 617699 (GID COMPLEX, SUBUNIT 4; GID4)	17	17,942,606	17,971
5	17	16,782,546	20,219,464	<u>ブラウザへのリンク</u>	Match	Smith-Magenis Syndrome	17	16,773,072	20,222,149	ALKBH5	OMIM: 613303 (AlkB HOMOLOG 5, RNA DEMETHYLASE: ALKBH5)	17	18,086,392	18, <mark>11</mark> 3

所 析 例 3



①ClinGenのDosage Sensitivityをクリックします。



New features were added April 3, 2022 - Click <u>here</u> for more information!

Explore the clinical relevance of genes & variants

ClinGen is a National Institutes of Health (NIH)-funded resource dedicated to building a central resource that defines the clinical relevance of genes and variants for use in precision medicine and research.

Q Gene - Enter a gene symbol or HGNC ID (Exa	mples: ADNP, HGNC:15766)	Search
All Curated Genes Gene-Disease Validity -	Dosage Sensitivity - Clinical Actionability - Curated Variar	its - Statistics
More - 😮 -		
	\vee	

②表示されたDosage Sensitivityの画面に、報告された領域を入力し Goをクリックします。

- ・アッセイ報告書に合わせ、GRCh37を選択します。
- ・chr17:16782546-20219464の形式で半角で入力します。







ClinGen (https://www.clinicalgenome.org/) ウェブサイト画面より

2 3 4 5 >

③115から絞り込みを行います。フィルター機能を使うため、画面右にある虫めがねのアイコン ^Qをクリックすると、フィルターが表示されます。

GRCh37 Sea	Genes: On	Regions: On					I G	015 Otal enes	To Reg	7 ital ions			
Advanced Filters: None								Click	on 🋄 belo	ow to v	iew hid	den co	olumns
Search in table	đ		i) GRCh37 🗸	Enter cytob	and or genomic coo	rdinates	Go!	\$	\$ III -			Q	▲ •
Showing 1 to 25 of 122 rows (25 ▼ rows p	er page							< 1	2	3 4	5	,
Gene/Region	▲ GRCh37	i tHI Score	e 🗘	i TS Score	≎омім	€ ¢ Morbid	€ \$%HI	i ¢ pLi	i ¢ LOE	UF 🗧	Repor	t	
~	1		~		~	~	~	~	~	Ý			



④今回はゲインのCNVなので、TS Score (Triplosensitivity Score) から3 (Sufficient Evidence)を選択します。



検索領域と結果領域がどのように重複しているか確認します。





Completeボタンまたは領域名をクリックすると、詳細が表示されます。





サマリーからも、Curationされた情報であることがわかります。

今回はゲインなのでTriplosensitivityの詳細を確認します。

17p11.2 recurrent (includes RAI1) Region Facts	(SMS/PLS) region	3 3 Haplo Triplo Score Score
Dosage Sensitivity Summary	(Region)	
Dosage ID:	ISCA-37418 View legacy report	17q25
Curation Status:	Complete	
Issue Type:	Dosage Curation - Region	
Description:	This review refers to the 17p11.2 recurrent (SMS/PLS) region (includes RAI1).	
	Note that genes used as landmarks are not necessarily causative of the phenotype(s) ass region.	ociated with the
Haploinsufficiency:	Sufficient Evidence for Haploinsufficiency (3) Read full report	
Triplosensitivity:	Sufficient Evidence for Triplosensitivity (3) Read full report	
Related Links:	RAI1	



この領域の重複は、Potocki-Lupski syndromeの疑いがあることがわかります。

Triplosensitivity (TS) Score Details

TS Score:	3
TS Evidence Strength:	Sufficient Evidence for Triplosensitivity (Disclaimer)
TS Disease:	Potocki-Lupski syndrome Monarch 🕜
TS Published Evidence:	PUBMED: 17357070
	Potocki et al, (2007) report 22 patients with a 17p11.2 duplication (reciprocal to the SMS deletion) who have similar clinical findings. They also report 13 patients with duplications of variable size. They named this condition Potocki-Lupski syndrome.
	PUBMED: 20188345
	Zhang et al. (2010) report 35 new patients with 17p11.2 duplications. The smallest region of overlap between 74 cases included the RAI1 gene.
TS Evidence Comments:	Duplications of this region cause Potocki-Lupski syndrome and are mediated by segmental duplications.

個々の臨床所見と合わせて判断してください。

