解析例4

疾患関連性領域近傍にあるBenignのLoss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 #4

chr15: 20416244-22698581 (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
chr15	20416244-22698581 20190608-22765627	2,282.337 2,575.019	q11.1-q11.2 q11.1-q11.2	-1.000

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

解析例4



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による検索結果

この領域は、CASによる検索では該当する遺伝子名や疾患名がありません。

データ> Whitelistと選択すると、Whitelistに含まれているのがわかります。

■ 先天性異常	定候群検索結 果	ŧ.	
ファイル (F)	データ (D)	表示 (V)	
✓ Match	n	始	終
Vnma	atch	20,416,244	2
Vhite	elist		

先天性異常	症候群検索約	吉果									- 0	×
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	
1	15	<mark>20,416,244</mark>	22,698,581		Whitelist							
												E



ClinGen Dosage Sensitivityを用いた検索

さらにClinGenのDosage Sensitivityで確認をします。 https://www.clinicalgenome.org/

\leftarrow \rightarrow C \bigcirc	https://www.clinicalgenome	±.org	Ap	to 🕨 🔳	Y (3	€ @	⊾ 🌍 …
			Data Sharing Resourc	es GenomeCon	nect Events (Contact Das	hboard
ClinGen Clincel Genome Resource	Get Started- Abo	out Us- Curation Activities-	Working Groups -	Expert Panels -	Documents	- Tools	Q

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.



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。
- ・chr15:20416244-22698581の形式で半角で入力します。







③67遺伝子、4領域の計71か所が検索されました。

Q GRCh37 Se Location: chr15:204	arch Results		Genes: On Regions: On				6 To Ge	7 tal nes	4 Tota Regio	al ons
Advanced Filters: None					Click on	ill belo	w to vie	w hido	len col	umns
Search in table	盦	i GRCh37 ▼	Enter cytoband or genomic coordinates	Go!	55	 -			۹	<u>×</u> •
Showing 1 to 25 of 71 rows	25 - rows per page						¢	1 2	3	>





④Regionsをoffにし、67遺伝子を確認すると、HI Score
(Haploinsufficiency Score)が-1 (Pseudogene)またはNot Yet
Evaluatedで、明確な疾患関連遺伝子は登録されていないことがわかります。





⑤Genesをoffにし4つの領域のみを確認すると、0 (No Evidence) またはHI Scoreが40 (Dosage Sensitivity Unlikely)で疾患と関連する領域ではない ことがわかります。

	GRCh37 Search Resul	ts		Genes: Of	ff Regions: O	n				6 To Ge	i7 Ital	4 Total Regions
A	dvanced Filters: None							Clic	k on 🏢 be	elow to vie	ew hic	lden column
Se	arch in table		i GRC	h37 - Enter cyte	oband or genomi	ic coordinates	Go!		X III-			Q 💆 -
Sh	owing 1 to 4 of 4 rows											
	✿ Gene/Region	▲ GI	RCh37	€ ≑HI Score	€ ‡TS Score	фомім	€ Gorbid	ि \$%HI	€ ¢pLI	€ ¢LOEUI	₹ \$	Report
0	15q11.2 population region (DGV_Gold_Standard_June_2021_gssvG12224)	15	20388741 22207639	0 (No Evidence)	40 (Dosage Sensitivity Unlikely)			-	æ	ē	(Complete
R	15q11.2 population region (gnomAD- SV_v2.1_DEL_15_145826)	15	20729174 20745525	40 (Dosage Sensitivity Unlikely)	0 (No Evidence)			a,	÷	5		Complete
C	15q11.2 population region (gnomAD- SV_v2.1_DEL_15_145837)	15	21042049 21056300	40 (Dosage Sensitivity Unlikely)	0 (No Evidence)			-	-	÷		Complete
C C	15q11.2 population region (DGV_Gold_Standard_June_2021_gssvG12359)	15	21145101 21164300	0 (No Evidence)	40 (Dosage Sensitivity Unlikely)			19			G	



⑥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。

	GRCh37 Search Resu	ts			Genes: 0	ff Regions: (Dn					ć	67 Total Senes	Re	4 otal gions
	Advanced Filters: None									Clic	k on 🛄 b	elow to	view	hidden o	olumns
S	iearch in table		i GRC	Ch37	Enter cyte	oband or genom	ic coordinates	Go			23 III	•		Q	<u>-</u>
S	howing 1 to 4 of 4 rows														
	≑ Gene/Region	▲ GR	Ch37	÷	1 Score	€ TS Score	фомім	€ ¢ Morbid	¢%) SHI	€ ¢pLl	€ ¢LOE	UF	🗢 Repo	ort
8	15q11.2 population region (DGV_Gold_Standard_June_2021_gssvG12224)	15	20388741 22207639	C	(No Evidence)	40 (Dosage Sensitivity Unlikely)			-		-	÷		Co	mplete
C	15q11.2 population region (gnomAD- SV_v2.1_DEL_15_145826)	15	20729174 20745525	2 <u>9</u> 1) (Dosage ensitivity nlikely)	0 (No Evidence)			SP.		~	ē		Co	mplete
	15q11.2 population region (gnomAD- SV_v2.1_DEL_15_145837)	15	21042049 21056300	2) (Dosage ensitivity nlikely)	0 (No Evidence)			÷		-	-		Co	mplete
C	15q11.2 population region (DGV_Gold_Standard_June_2021_gssvG12359)	15	21145101 21164300	C	(No Evidence)	40 (Dosage Sensitivity Unlikely)			12		÷	-			

解析例4



⑦Completeボタンから、HI Scoreが40または0とされている根拠など詳細を

										G	ienes	кед	ions
dvanced Filters: None			te est					C	ick on 🎹 🛛	below to v	iew hie	dden co	olumns
arch in table	â		GRCI	h37 ▼ Enter cy	toband or genomi	c coordinates	Go!		23 11	- 2		Q	▲ •
owing 1 to 4 of 4 rows													
🖨 Gene/Region		▲ GI	RCh37	€ ♦ HI Score	€ Score	⇔омім	€ ♦ Morbid	€ \$%H	€ ¢pLl	€ ¢LOEU	JF 🖨	; Repoi	t
15q11.2 population region (DGV_Gold_Standard_June_202	1_gssvG12224)	15	20388741 22207639	0 (No Evidence)	40 (Dosage Sensitivity Unlikely)			ク.	Jック			Con Con	plete
15q11.2 population region (gn	omAD-	15	20729174	40 (Dosage Sensitivity	0 (No			-		-		Com	plete
SV_V2.1_DEL_15_1458			cion	cv (HI) S	core De	tails							
SV_V2.1_DEL_15_1458	aploinsu	uffi	cienc	-) (, -									

疾患との関連は確立されていない(O No Evidence)、または一般に高頻度で 見られるCNV(40 Dosage Sensitivity Unlikely)なので、 解析例4 benignと考えられます。



