

BEDファイル形式データの取扱い

Webinarの構成

- インTROD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

BEDファイル

- 染色体の切断点の情報に加えて何らかの情報を持つことができるファイル形式です。
- 慶應義塾大学臨床遺伝学センターが提供する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）にて、使用することができます。
- BEDファイルの作成方法についてご紹介します。

データファイル（BEDファイル）の形式

- メモ帳アプリ等にBEDファイル形式でデータを入力し、保存します。

列と列の間は“tab”で区切ってください。

1列目 染色体番号

2列目 始点の座標（桁区切りの , は入力しないでください）

3列目 終点の座標（桁区切りの , は入力しないでください）

4列目 'Loss'もしくは'Gain'（クォーテーションは不要）

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



報告書からBEDファイルの作成について

- 臨床検査センターの報告書に結果が二次元バーコードで出力されます。
- 二次元バーコードをバーコードリーダーで読み取ることで、BED形式の文字情報を取得できます。

報告書のバーコードの例



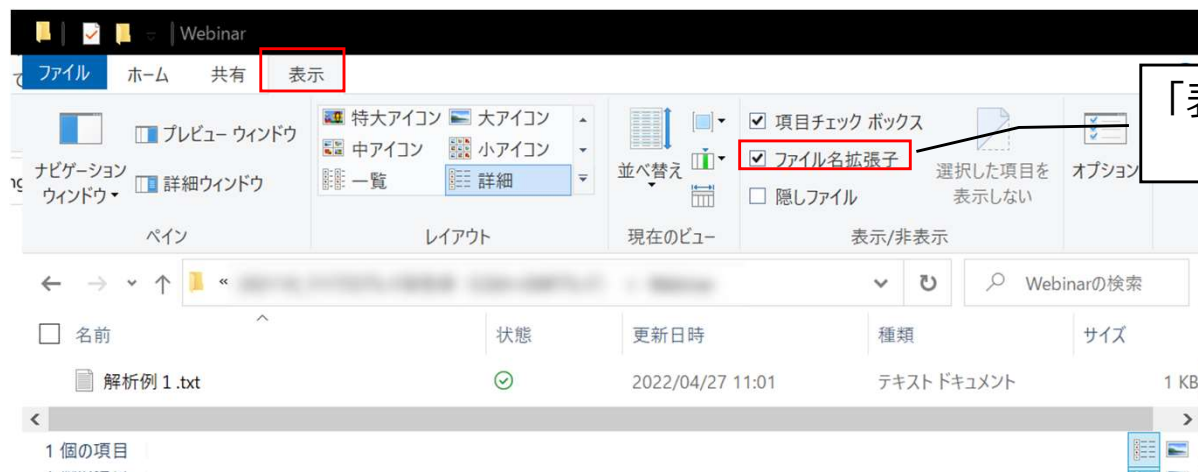
取得できる文字情報



1 746608 6244552 Loss -1.000

BEDファイルの作成方法

- 拡張子がエクスプローラー上で表示されていることを確認します。



- 拡張子をbedに変更してください。

