

Tsukuba Genetics & Genome Dock

TGDレポート解析結果



筑波大学附属病院 つくば予防医学研究センター

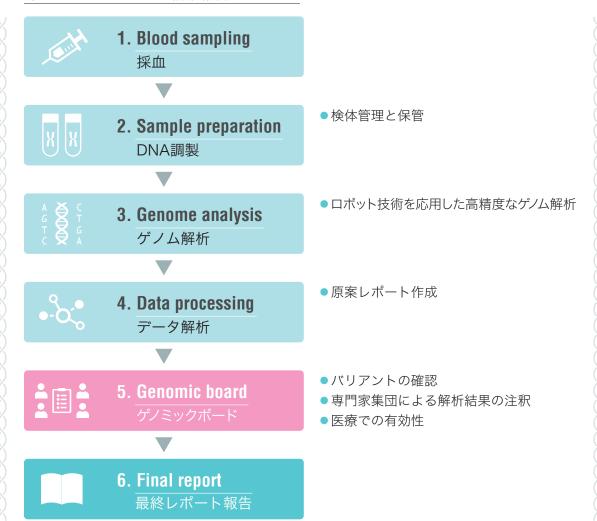
検査の概要

本研究は個人の血液サンプルから全ゲノム解析を行い、未来の医療に役立つデータネットワークを構築するとともに、その解析結果から個人の健康状態に役立つ情報を報告書として返却します。大学病院ならではの高度な機器と専門家による信頼性の高い結果が得られることを目指しています。

病的な意義が不明なものは報告の対象外としております。解析時点にご自身の健康管理に結び付かない保因者の情報、疾病との関係が不確かな情報は記載しておりません。また我が国の法律に基づき、本解析の結果は研究としての結果となるため、結果を診断や治療(特に保険診療)につなげる場合には別の解析方法であるサンガー法による DNA 配列解析あるいは染色体核型分析などによる追加の検査が必要です。

意義のあるバリアント報告書作出工程

採血から2~3か月で結果報告となります。



ゲノム健診総合レポート(全ゲノム解析)

患者 I D TGD_0001

医療機関 筑波大学附属病院

検体提出日 0000年00月00日

性 別 男性

検 査 所 iLAC衛生検査所

レポートID TGD 0001.1

年 齢 -1

(茨城県第67号)

レポート日付 0000年00月00日

担当医

特記事項 なし

あなたのゲノムプロファイル

報告されるバリアントとして下記が検出されました。

そのほか、現時点であなたの健康について病的意義のあるバリアントは検出されていません。

▶ Variant

バリアント1 *IFIH1;, c.2807+1G>*/

ここには、判定及びコメントの文章が入ります。この文章はダミーです。ここには、判定及びコメントの文章が入ります。この文章はダミーです。

バリアント2 | IFIH1;, c.2807+1G>A

ここには、判定及びコメントの文章が入ります。この文章はダミーです。ここには、判定及びコメントの文章 が入ります。この文章はダミーです。

ここには、判定及びコメントの文章が入ります。この文章はダミーです。ここには、判定及びコメントの文章が入ります。この文章はダミーです。

バリアント4 | IFIH1;, c.2807+1G>A

ここには、判定及びコメントの文章が入ります。この文章はダミーです。ここには、判定及びコメントの文章が入ります。この文章はダミーです。

▶ Copy Number Variant (CNV)

CNV1 RHD;RSRP1;CN:0 遺伝子内位置:txStart-txEnd

ここには、判定及びコメントの文章が入ります。この文章はダミーです。ここには、判定及びコメントの文章が入ります。この文章はダミーです。

CNV2 RHD;RSRP1;CN:0 遺伝子内位置:txStart-txEnd

ここには、判定及びコメントの文章が入ります。この文章はダミーです。ここには、判定及びコメントの文章 が入ります。この文章はダミーです。

CNV3 RHD;RSRP1;CN:0 遺伝子内位置:txStart-txEnd

ここには、判定及びコメントの文章が入ります。この文章はダミーです。ここには、判定及びコメントの文章 が入ります。この文章はダミーです。

推奨される対応

バリアント1

● 病的な可能性のある遺伝子変異を KCNQ4 遺伝子に検出しました。

コメント -

KCNQ4 は優性遺伝形式で難聴と関連が指摘されている遺伝子です。

今回検出された遺伝子変化は難聴との関係の報告はあるものの、一般集団にも検出された報告もあります。ドッグでの聴力検査の周波数以外に難聴が確認される可能性があります。ご希望があれば、遺伝カウンセリングをご紹介いたします。また、耳鼻咽喉科の診察をご紹介可能です。

HGVD, ToMMo には検出なし 1000 Genomes Project 0.00559 The Genome Aggregation Database (gnomAD) 0.00484 Exome Aggregation Consortium (ExAC) 0.00138 NHLBI Exome Sequencing Project (ESP) Exome Variant Server 0.00592 The Genome Aggregation Database (gnomAD), exomes 0.00113 Trans-Omics for Precision Medicine (TOPMed) 0.00554

NM_000371.4(TTR): c.424G>A(p.val1421le)

Interpretation: Pathogenic/Likely pathogenic

Review status: ★★☆☆ criteria provided, multiple submitters, no conflicts

Submissions: 23 (Most recent: Feb 21, 2021)

Last evaluated: Jul 30,2020 Accession: VCV000013426.14

Variation ID: 13426

Description: single nucleotide variant

See interpretations for this variant in combination with other variants

注記 本解析は研究として行われたものです。診療の用に供される臨床検査として実施された結果ではありません。本レポートは、レポート作成時点の最新情報に基づき作成されています。その後に得られた知見については確認が必要になります。したがって、将来に同様の検査、あるいは再解析を行うと、異なる解釈、結果が得られる可能性があります。

▶ Variant

ENST00000263642.2_.2, chr2:g.163124596C> T

VAF=0.75(12/16) ClinVar: Benign

ClinVar Allele ID: 516567

dbSNP:

がん関連 DB

COSMIC occurence:

CiViC Highest Evidence:

JAX CKB:

日本人 SNP

HGVD: 3.8%

ToMMo 2kJP: 4.3%

ExAC EastAsia: 0.3%

関連疾患 自己炎症性性疾患およびクリオピリン関連周期熱症候,遺伝様式:AD,

関連科 リウマチ内科

バリアント2

IFIH1;, c.2807+1G>A

ENST00000263642.2_.2, chr2:g.163124596C> T

VAF = 0.75(12/16)ClinVar: Benign

ClinVar Allele ID: 516567

dbSNP:

がん関連 DB

COSMIC occurence:

CiViC Highest Evidence:

JAX CKB:

日本人 SNP

HGVD: 3.8%

ToMMo 2kJP: 4.3%

ExAC EastAsia: 0.3%

(関連疾患) 自己炎症性性疾患およびクリオピリン関連周期熱症候、遺伝様式:AD、

関連科 リウマチ内科

バリアント3 IFIH1;, c.2807+1G>A

ENST00000263642.2_.2, chr2:g.163124596C> T

VAF=0.75(12/16)ClinVar: Benign

ClinVar Allele ID: 516567

dbSNP:

がん関連 DB

COSMIC occurence:

CiViC Highest Evidence:

JAX CKB:

日本人 SNP

HGVD: 3.8%

ToMMo 2kJP: 4.3% ExAC EastAsia: 0.3%

関連疾患 自己炎症性性疾患およびクリオピリン関連周期熱症候,遺伝様式:AD,

関連科 リウマチ内科

バリアント4

IFIH1;, c.2807+1G>A

ENST00000263642.2_.2, chr2:g.163124596C> T

VAF=0.75(12/16) ClinVar: Benign

ClinVar Allele ID: 516567

dbSNP:

がん関連 DB

COSMIC occurence:

CiViC Highest Evidence:

JAX CKB:

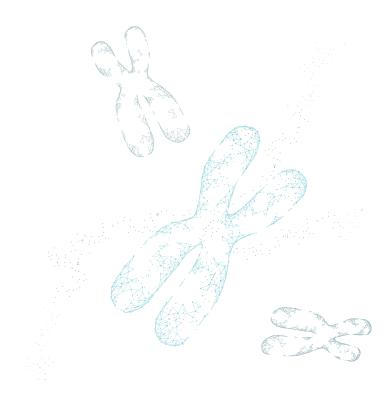
日本人 SNP

HGVD: 3.8%

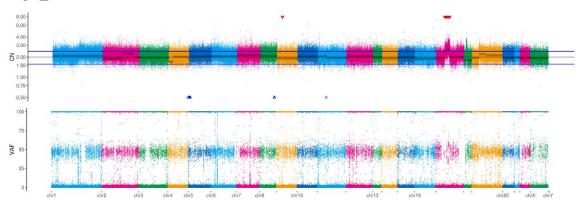
ToMMo 2kJP: 4.3% ExAC EastAsia: 0.3%

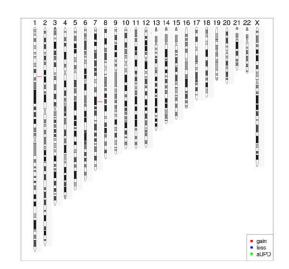
関連疾患 自己炎症性性疾患およびクリオピリン関連周期熱症候,遺伝様式:AD,

関連科 リウマチ内科



► Copy Number Variant (CNV)





CNV1 RHD;RSRP1; CN: 0

遺伝子内位置:

CNV イベントポジション: chr1 25595000-25657000

長さ: 62000

Pathogenic DB エントリ: dbVar:nssv15128607

CNV2 RHD;RSRP1; CN: 0

遺伝子内位置:

CNV イベントポジション: chr1 25595000-25657000

長さ: 62000

Pathogenic DB エントリ: dbVar:nssv15128607

CNV3 RHD;RSRP1; CN: 0

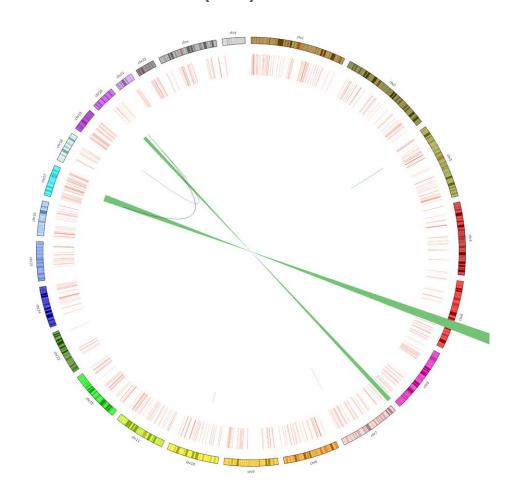
遺伝子内位置:

CNV イベントポジション: chr1 25595000-25657000

長さ: 62000

Pathogenic DB エントリ: dbVar:nssv15128607

▶Structural Variant (SV)



CHR1	POS1	CHR2	POS2	GENE
chr3	33,055,547	chr3	32,483,331	GLB1-CMTM7
chr10	51,387,762	chr10	51,732,773	TIMM23B-LINCOO843
chr17	35,479,452	chr17	37,374,425	ACACA-STAC2
chr17	37,595,417	chr17	48,548,388	MED1-ACSF2
chr17	37,607,291	chr17	53,218,671	MED1-STXBP4
chr17	37,793,484	chr20	53,259,996	STARD3-DOK5
chr17	38,243,107	chr17	46,371,709	THRA-AC090627.1
chr17	48,943,419	chr17	35,880,751	TOB1-SYNRG
chr17	57,232,492	chr17	34,863,763	SKA2-MY019
chr17	57,970,686	chr17	47,021,336	RPS6KB1-SNF8
chr20	45,852,970	chr20	34,078,463	ZMYND8-CEP250
chr20	56,886,179	chr19	17,256,207	RAB22A-MY09B
chr20	56,964,574	chr17	37,934,020	VAPB-IKZF3
chr20	57,227,144	chr20	55,929,088	STX16-RAE1

Quality Information

シークエンスデータ品質

Coverage: x22.71

QC 後リード残存率: 636,336,362(81.26%)

マップリード数: 528.3M



参照データベース

- dbNSFP 3.2c (https://sites.google.com/site/jpopgen/dbNSFP)
- COSMIC 81 (http://cancer.sanger.ac.uk/cosmic)
- ExAC 1 (http://exac.broadinstitute.org/)
- ClinVar 2019-09 (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/)
- JAX CKB Variants 20200110 (https://ckbhome.jax.org/)
- HGVD 2.3 (http://www.hgvd.genome.med.kyoto-u.ac.jp/)
- ToMMo 2kJPN (https://ijgvd.megabank.tohoku.ac.jp/download 2kjpn/)
- CIViC (https://civic.genome.wustl.edu/)
- GENCODE 31 (https://www.gencodegenes.org/releases/25lift37.html)
- DisGeNET 2021.4.30 (https://www.disgenet.org/home/)

免責事項 本レポートは、本レポート作成日時点の最新情報に基づき作成されています。その後の情報についてはご確認ください。本情報は医療機関が自己の責任で判断した上で、ご活用ください。





つくば予防医学研究センター

〒305-8576 茨城県つくば市天久保2丁目1番地1 筑波大学附属病院F棟 E-MAIL yobouigaku@un.tsukuba.ac.jp