

「ライフサイエンス統合データベース開発運用」  
(統合データベース開発:多型知識表現技術開発)

# GWASデータ検証性促進と GWAS情報基盤の強化

九州大学生体防御医学研究所  
林 健志

# 背景

- 疾患のゲノムワイド関連解析(GWAS)では、 $10^3$ 超のcase(患者)群とcontrol(対照)群について $\sim 10^6$ 個のSNPに関するジェノタイプを決定し、疾患要因となる遺伝的変異のゲノム上の位置を特定する。
- これは試料収集、ジェノタイピング操作、データ処理の全てのステップで技術的にチャレンジングな研究である。
- 従って得られたデータに対して種々のクオリティチェック(QC)を行い、多角的且つ定量的なデータの検討とデータフィルタリング等を行うことが必要。
- GWASのデータベースはデータレポジトリとして多数の研究グループのデータを扱うので、データベースの質をどう維持し、信頼度を主張するか？
- 先行研究(米国GAIN Project)ではデータ生産者とデータベース管理者を分離し、生データがデータ生産者からデータベースに提供される。
- データベース管理者はこれをもとに種々のデータQCを公開された方法で行い、その結果を開示している。
- この独立した生データからのデータQCによってGWAS研究の客観性、透明性を確保し、信頼性の維持に努めている。

我国には統合データベース下のGWAS Databaseがあるが、このデータベースの運用機関と主たるデータ生産者が重複。

データQC機能を第三者に経由させる機構を統合データベースに組み込んでおくことが信頼度を主張するために必要。

QC作業過程及び結果は透明な形でデータベースとして研究者コミュニティーに開示する。

作業はQCに限定し、提供された元データの再配布は行わない。

QC作業の内容を既定のQCパイプラインとする。作業の過程と結果を開示対象とし、透明性を確保する。

結果をデータ提供元と協議。開示には同意を得る。

# JAGQC パイプライン

## 一次QC:

受け入れたジェノタイプデータ<sup>2)</sup>に対してGAINQCプログラムを用いてsample QC、SNP QC、及びkinship QCを行う。またsample call rate、SNP call rateをもとにデータフィルタリングを行う。

## 二次QC:

一次QC／フィルタリングの後のデータセットに対してPLINKプログラムを用いて、ジェノタイプ失敗率の偏りの検定 (Test of missingness by case/control status)、集団の均一性の検討 (multidimensional scaling)、及び同プログラムのデフォルト設定での暫定的関連解析 (association)を行う。

## JAGQCとは

本データベース (JAGQCdb) は、GWASにおける大規模ジェノタイピングデータの基本的なQCを一貫した方法 (JAGQC Pipeline) で行い<sup>1)</sup>、そのプロセスと結果を加工せずに提示する。これによって疾患のゲノムワイド関連解析の検証性向上に役立てることを目的としている。なお、JAGQCで行われる作業は以下のQCに限定されており、受け入れたデータは本サイトから再配布されることはなく、また作業終了とともに当サイトから抹消される。

JAGQC Pipelineでは以下の2段階のQCを行い、それらの解析過程 (log file) 及び結果をダウンロード可能な形態で提示する。

**一次QC**：受け入れたジェノタイプデータ<sup>2)</sup>に対してGAINQCプログラム<sup>3)</sup>を用いてsample QC、SNP QC、及びkinship QCを行う。またsample call rate、SNP call rateをもとにデータフィルタリングを行う。

**二次QC**：一次QC/フィルタリングの後のデータセットに対してPLINKプログラム<sup>4)</sup>を用いて、ジェノタイプ失敗率の偏りの検定 (Test of missingness by case/control status)、集団の均一性の検討 (multidimensional scaling)、及び同プログラムのデフォルト設定での暫定的関連解析 (association) を行う。

<sup>1)</sup> 疾患のゲノムワイド関連解析では、多数 (数百人～数千人) のcase (患者) 群とcontrol (対照) 群について膨大な数の多型マーカー (～百万カ所のSNP) に関するジェノタイプを決定し、両群間でアレル頻度に有意な差 (基本的に帰無仮説に基づくカイ2乗検定で判定) があるSNPを検索する。そしてこのようなSNPの近傍に疾患要因となる遺伝的変異が存在すると結論される。この手法が単純に適用できるのは、両群が疾患要因以外は遺伝的に同質な集団からサンプリングされていること、試料は互いに血縁関係がないこと、ジェノタイピングが正確であり、且つタイピングの成功率 (sample call rate 及びSNP call rate) が十分高いこと、タイピングの失敗率 (missingness) に何らかのシステマティックな偏り (例えば両群間での) がないこと、等の条件をみたしている場合に限られる。しかしこれらの前提は実際のGWASでは必ずしも実現されていない。そこで現実のGWAS研究では、得られたデータに対して種々のクオリティチェック (QC) を行い、データセットの理想からの逸脱の程度を多角的且つ定量的に検討して、これに基づくデータフィルタリング等を経て、関連解析を行うことになる。また個々のGWAS研究は、広く受け入れられた手法によるデータQCの結果とその実行プロセスを明示して、関連解析の妥当性を主張する必要がある。

<sup>2)</sup> Affymetrix社DNA Arrayによる解析に関しては出力生データ (.cel files) を入力データとし、本パイプライン内に組み込まれたAffymetrix Power Tool (APT)のBirdseed v2プログラムによってジェノタイピングが自動的に行われる。

<sup>3)</sup> Abecasis et al.,

URL: <http://www.sph.umich.edu/csg/abecasis/GainQC/index.html>

<sup>4)</sup> Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MAR, Bender D, Maller J, Sklar P, de Bakker PIW, Daly MJ & Sham PC (2007) PLINK: a toolset for whole-genome association and population-based linkage analysis. American Journal of Human Genetics, 81, 559-575.

URL: <http://pngu.mgh.harvard.edu/~purcell/plink/>

プロジェクトID: JNTM

データソースの課題名: 関連解析モデル1

研究代表:

プラットフォーム: Affymetrix SNP Array 6.0

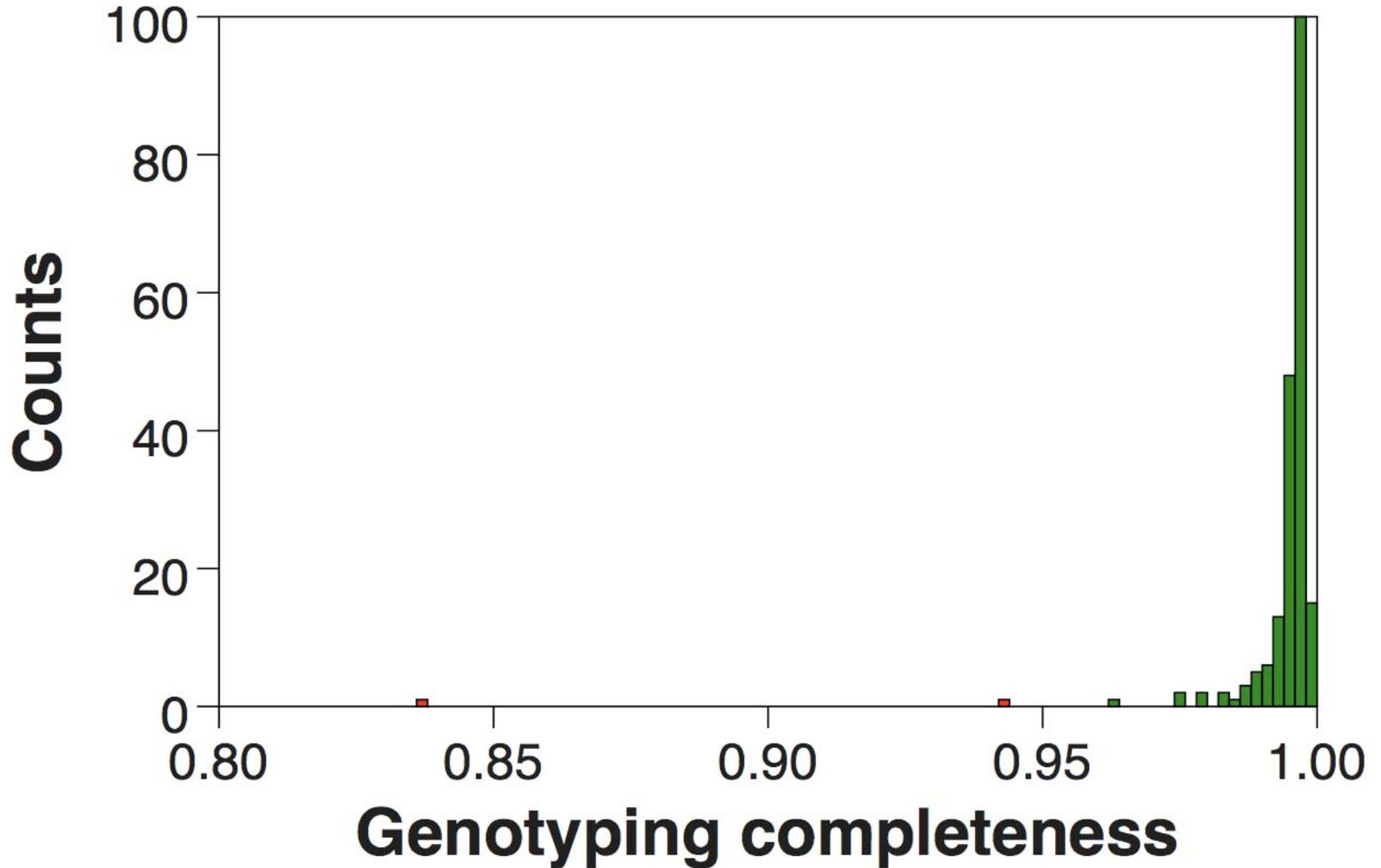
受け入れファイル: JNTM\*\*\*\*.cel

URL: http://

## GAINQC RESULTS

Description	File name	File size	Last Modified	Button
Summary	JNTM_GAINQC_SUMMARY.TXT	2kb	6-Jan-2009	<a href="#">↓ View</a>
Sample Q.C	JNTM_GAINQC_SAMPLE.PDF	10kb	6-Jan-2009	<a href="#">↓ View</a>
Snp Q.C.	JNTM_GAIN_QC_SNP.PDF	38kb	6-Jan-2009	<a href="#">↓ View</a>
Relation Q.C.	JNTM_GAINQC_RELATION.PDF	3kb	6-Jan-2009	<a href="#">↓ View</a>
Sample Table	---	---	20-Jan-2009	<a href="#">↓ View</a> <a href="#">↓ Download</a>
Snp Table	---	---	20-Jan-2009	Chr: <input type="text" value="6"/> rs number: <input type="text"/> <a href="#">↓ View</a> <a href="#">↓ Download</a>
Relation Table	---	---	20-Jan-2009	<a href="#">↓ View</a> <a href="#">↓ Download</a>

# Sample genotyping completeness

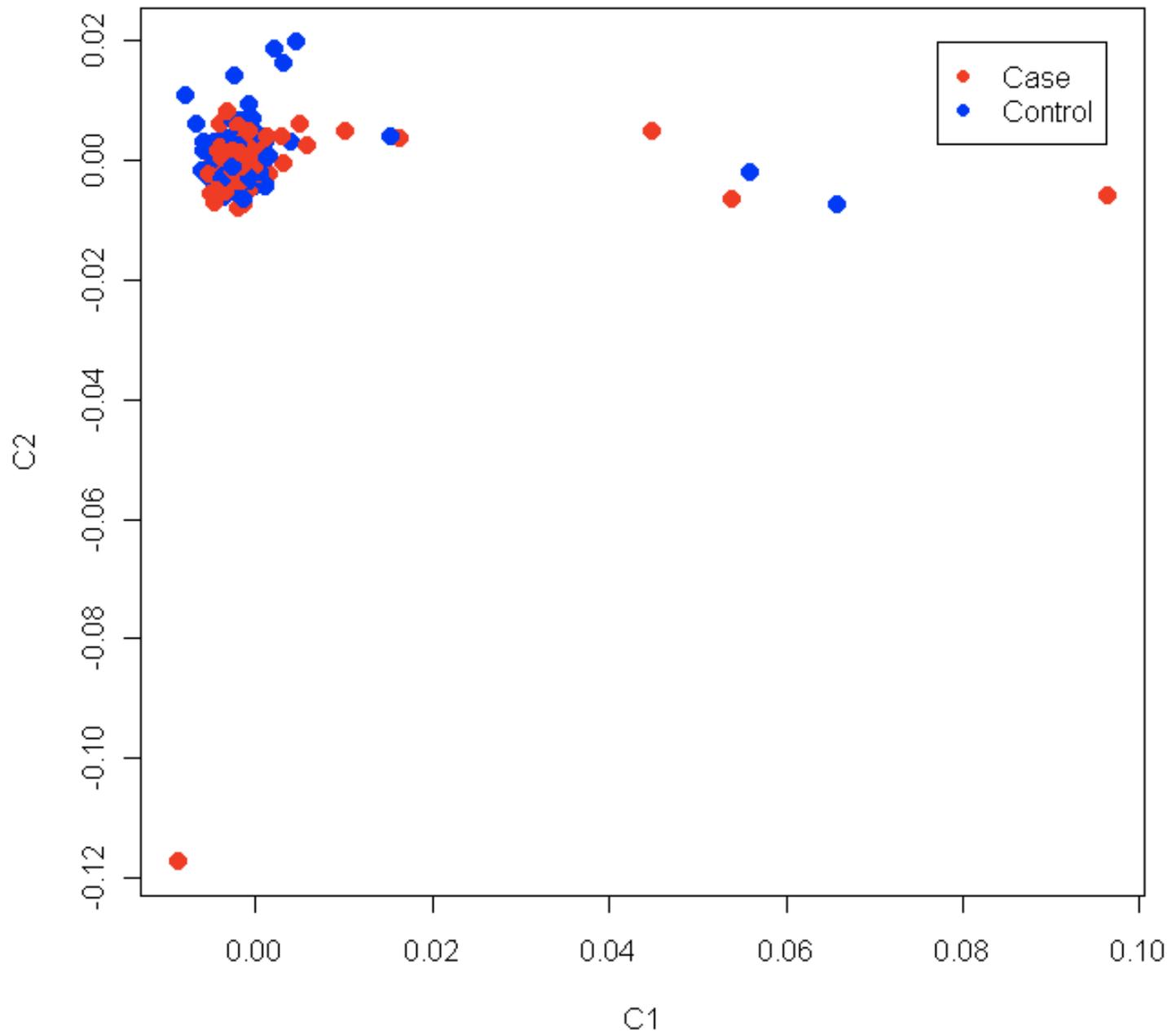


# Sample information

id ▲	SampleId	Completeness	Heterozygosity	MendelErrors	SexOdds	LogL	AvgQuality
1	JNT001	0.9962	0.2321	0	nan	nan	4819.4114
2	JNT002	0.9964	0.237	0	nan	nan	4809.1957
3	JNT003	0.9943	0.2384	0	nan	nan	4738.0436
4	JNT004	0.9958	0.2379	0	nan	nan	4867.1951
5	JNT005	0.9921	0.2398	0	nan	nan	4628.545
6	JNT006	0.9942	0.2385	0	nan	nan	4790.2413
7	JNT007	0.9956	0.2038	0	nan	nan	4866.8524
8	JNT008	0.9946	0.2377	0	nan	nan	4813.0004
9	JNT009	0.9932	0.2483	0	nan	nan	4698.0681
10	JNT010	0.994	0.2355	0	nan	nan	4654.2846
11	JNT011	0.9962	0.2364	0	nan	nan	4623.2137
12	JNT012	0.9957	0.2371	0	nan	nan	4866.2162
13	JNT013	0.9951	0.2381	0	nan	nan	4639.8328
14	JNT014	0.9939	0.2358	0	nan	nan	4530.2665
15	JNT015	0.9969	0.2355	0	nan	nan	4923.4594
16	JNT016	0.9946	0.2385	0	nan	nan	4775.3082
17	JNT017	0.9951	0.2444	0	nan	nan	4858.1078
18	JNT018	0.9957	0.2456	0	nan	nan	4950.5229
19	JNT019	0.9933	0.2381	0	nan	nan	4724.0062
20	JNT020	0.9967	0.2356	0	nan	nan	5007.4931
21	JNT021	0.9955	0.2345	0	nan	nan	4892.5782
22	JNT022	0.9927	0.237	0	nan	nan	4687.1483
23	JNT023	0.9928	0.2368	0	nan	nan	4747.2189
24	JNT024	0.9917	0.2412	0	nan	nan	4653.8112
25	JNT025	0.9941	0.2359	0	nan	nan	4703.4639
26	JNT026	0.9936	0.2368	0	nan	nan	4669.8623
27	JNT027	0.9936	0.2363	0	nan	nan	4560.0206

# PLINKQC RESULTS

Description	Last Modified	Button
Sample(.imiss) table	10-Jan-2009	<a href="#">↓ View</a> <a href="#">↓ Download</a> <a href="#">↓ Log</a>
Test of missingness by case/control status(.missing) table	10-Jan-2009	<a href="#">↓ View</a> <a href="#">↓ Download</a> <a href="#">↓ Log</a>
Sample clustering	10-Jan-2009	<a href="#">↓ View</a> <a href="#">↓ Download</a> <a href="#">↓ Log</a>
Assoc table	10-Jan-2009	<a href="#">↓ View</a> .assoc <a href="#">↓ Download</a> .assoc.adjusted <a href="#">↓ Download</a> <a href="#">↓ Log</a>



# Association test

id ▲	SNP	CHR	BP	A1	F_A	F_U	A2	CHISQ	P
1	SNP_A-8536815	4	35606525	G	0.08163	0.2222	A	15.08	0.000103
2	SNP_A-2057512	15	49203752	C	0.4495	0.2626	T	15.08	0.0001032
3	SNP_A-2236427	15	49157032	A	0.4545	0.2677	T	14.98	0.0001084
4	SNP_A-8375307	15	49166828	T	0.4545	0.2677	C	14.98	0.0001084
5	SNP_A-1791749	14	64131441	T	0.1263	0.2828	C	14.91	0.0001125
6	SNP_A-1803907	14	64153095	G	0.1263	0.2828	A	14.91	0.0001125
7	SNP_A-8461146	7	93388383	G	0.2828	0.1263	A	14.91	0.0001125
8	SNP_A-8342046	21	42705024	T	0.005051	0.08586	C	14.9	0.0001134
9	SNP_A-8342048	21	42716148	A	0.005051	0.08586	G	14.9	0.0001134
10	SNP_A-4194759	4	143999063	T	0.2194	0.08081	C	14.86	0.000116
11	SNP_A-8543335	4	35687788	T	0.1768	0.3469	G	14.77	0.0001213
12	SNP_A-8667660	7	13297268	C	0.101	0.2475	G	14.76	0.0001221
13	SNP_A-2237749	7	95242508	A	0.2908	0.1327	G	14.69	0.0001268
14	SNP_A-8420429	4	143985223	T	0.2677	0.1162	C	14.65	0.0001291
15	SNP_A-8593736	4	143995034	A	0.2677	0.1162	G	14.65	0.0001291
16	SNP_A-1845403	7	95242972	T	0.2879	0.1313	C	14.65	0.0001295
17	SNP_A-1856635	7	95242854	T	0.2879	0.1313	A	14.65	0.0001295
18	SNP_A-2215313	8	125285510	C	0.5758	0.3838	A	14.61	0.0001322
19	SNP_A-8333211	11	5031197	G	0.1443	0.3061	A	14.61	0.0001324
20	SNP_A-8670685	7	93383267	T	0.2857	0.1289	A	14.58	0.0001346
21	SNP_A-2035833	4	144118135	C	0.2316	0.08854	T	14.56	0.0001357
22	SNP_A-2158267	9	4084068	A	0.1061	0.2525	G	14.43	0.0001453
23	SNP_A-8569164	16	80070322	G	0.1364	0.2929	A	14.4	0.0001481
24	SNP_A-2158092	12	72069387	C	0.04545	0.1616	T	14.39	0.0001484
25	SNP_A-8479303	15	61006143	A	0.04545	0.1616	G	14.39	0.0001484
26	SNP_A-4207994	2	35713252	G	0.1061	0.01515	A	14.37	0.0001501
27	SNP_A-8717213	10	71087400	G	0.2755	0.4596	A	14.35	0.0001517
28	SNP_A-1845096	5	121013969	A	0.0202	0.1162	T	14.35	0.0001519
29	SNP_A-1904705	12	3439663	A	0.3182	0.1566	G	14.28	0.0001572
30	SNP_A-8698069	20	50670380	T	0.2857	0.1313	C	14.25	0.0001602
31	SNP_A-8578796	21	37061502	C	0.3737	0.202	A	14.24	0.0001609

	OR	L95	U95	GC	BONF	HOLM	SIDAK_SS	SIDAK_SD	FDR_BH	FDR_BY
	0.3111	0.1688	0.5733	0.0002042	1	1	1	1	0.9139	1
	2.293	1.502	3.498	0.0002045	1	1	1	1	0.9139	1
	2.28	1.497	3.473	0.0002141	1	1	1	1	0.9139	1
	2.28	1.497	3.473	0.0002141	1	1	1	1	0.9139	1
	0.3664	0.2176	0.617	0.0002214	1	1	1	1	0.9139	1
	0.3664	0.2176	0.617	0.0002214	1	1	1	1	0.9139	1
	2.729	1.621	4.595	0.0002214	1	1	1	1	0.9139	1
	0.05405	0.007121	0.4102	0.0002231	1	1	1	1	0.9139	1
	0.05405	0.007121	0.4102	0.0002231	1	1	1	1	0.9139	1
	3.197	1.732	5.901	0.0002278	1	1	1	1	0.9139	1
	0.4042	0.2529	0.646	0.0002373	1	1	1	1	0.9139	1
	0.3417	0.1944	0.6004	0.0002388	1	1	1	1	0.9139	1
	2.681	1.602	4.488	0.0002473	1	1	1	1	0.9139	1
	2.781	1.626	4.756	0.0002514	1	1	1	1	0.9139	1
	2.781	1.626	4.756	0.0002514	1	1	1	1	0.9139	1
	2.674	1.599	4.474	0.0002521	1	1	1	1	0.9139	1
	2.674	1.599	4.474	0.0002521	1	1	1	1	0.9139	1
	2.179	1.458	3.256	0.0002569	1	1	1	1	0.9139	1
	0.3823	0.2313	0.632	0.0002573	1	1	1	1	0.9139	1
	2.704	1.604	4.557	0.0002612	1	1	1	1	0.9139	1
	3.102	1.7	5.66	0.0002632	1	1	1	1	0.9139	1
	0.3512	0.2017	0.6114	0.0002801	1	1	1	1	0.9139	1
	0.3811	0.2292	0.6336	0.0002852	1	1	1	1	0.9139	1
	0.247	0.1146	0.5326	0.0002856	1	1	1	1	0.9139	1
	0.247	0.1146	0.5326	0.0002856	1	1	1	1	0.9139	1
	7.712	2.262	26.3	0.0002887	1	1	1	1	0.9139	1
	0.4471	0.2938	0.6805	0.0002915	1	1	1	1	0.9139	1

```

@-----@
          PLINK!          |          v1.05          |          11/Dec/2008
-----
(C) 2008 Shaun Purcell, GNU General Public License, v2
-----
For documentation, citation & bug-report instructions:
  http://pngu.mgh.harvard.edu/purcell/plink/
@-----@

```

```

Web-based version check ( --noweb to skip )
Recent cached web-check found... OK, v1.05 is current

```

```

Writing this text to log file [ ut_bin.log ]
Analysis started: Tue Jan 6 21:39:14 2009

```

```

Options in effect:

```

```

  --bfile ut_bin
  --allow-no-sex
  --assoc
  --adjust
  --ci 0.95
  --out ut_bin

```

```

Reading map (extended format) from [ ut_bin.bim ]
868162 markers to be included from [ ut_bin.bim ]
Reading pedigree information from [ ut_bin.fam ]
198 individuals read from [ ut_bin.fam ]
198 individuals with nonmissing phenotypes
Assuming a disease phenotype (1=unaff, 2=aff, 0=miss)
Missing phenotype value is also -9
99 cases, 99 controls and 0 missing
0 males, 0 females, and 198 of unspecified sex
Warning, found 198 individuals with ambiguous sex codes
Writing list of these individuals to [ ut_bin.nosex ]
Reading genotype bitfile from [ ut_bin.bed ]
Detected that binary PED file is v1.00 SNP-major mode
Before frequency and genotyping pruning, there are 868162 SNPs
198 founders and 0 non-founders found
Total genotyping rate in remaining individuals is nan
0 SNPs failed missingness test ( GENO > 1 )
0 SNPs failed frequency test ( MAF < 0 )
After frequency and genotyping pruning, there are 868162 SNPs
After filtering, 99 cases, 99 controls and 0 missing
After filtering, 0 males, 0 females, and 198 of unspecified sex
Writing main association results to [ ut_bin.assoc ]
Computing corrected significance values (FDR, Sidak, etc)
Genomic inflation factor (based on median chi-squared) is 1.09348
Mean chi-squared statistic is 1.01327
Correcting for 699040 tests
Writing multiple-test corrected significance values to [ ut_bin.assoc.adjusted ]

```

```

Analysis finished: Tue Jan 6 21:40:24 2009

```

## 今年度の方針その1（Data QC 関連）

1. QC機能を強化する（PLINKQC, PC Analysis 他）。
2. 実際のGWASデータを受け入れる。
3. Batch effects対策（permutation test他）
4. Birdsuite/PLINKへの対応

## 今後の方針その2（高精度日本人ハプロタイプ情報の導入の検討）

### <背景>

関連解析はハプロタイプ情報に依存している。

HapMapのハプロタイプ情報：European、Africanは高精度、アジア人は低精度（数%のphaseの誤り）

D-Haploのハプロタイプ情報：日本人胞状奇胎（ハプロイド細胞）由来DNA を用いており、高精度（日本人確定ハプロタイプ情報）

Resequencingによって得られるハプロタイプ情報：急速に拡大が期待されるが、低精度（数%のphaseの誤り）。D-Haploの情報によって精度向上が可能。

### <そこで本研究では>

D-Haploの情報、標準日本人数百人のディプロイドジェノタイプ情報、Resequencing情報を統合して、低頻度多型情報までを含む高精度ハプロタイプマップを構築して、新たなデータベースとして公開するための方法を検討する。

アジア人の疾患関連解析の精度を高める情報基盤とする。

## **FURTHER INFORMATION**

**Liming Liang's homepage:**

<http://www.sph.umich.edu/csg/liang>

**Abecasis laboratory homepage (contains programs for genome-scale data analysis):**

<http://www.sph.umich.edu/csg/abecasis>

**Catalog of Published Genome-Wide Association Studies:**

<http://www.genome.gov/gwastudies>

**Database of Genomic Variants:**

<http://projects.tcag.ca/variation>

**dbSNP:** <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/SNP>

**D-HaploDB:** <http://orca.gen.kyushu-u.ac.jp>

**Genotype-Tissue Expression (GTEx):**

<http://nihroadmap.nih.gov/GTEx>

**H-InvDB:** <http://www.h-InvDB.jp>

**mRNA by SNP Browser v 1.0.1:**

<http://www.sph.umich.edu/csg/liang/asthma>

**UniGene:** <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/unigene>

**VarySysDB:**

<http://www.h-InvDB.jp/varygene/home.htm>

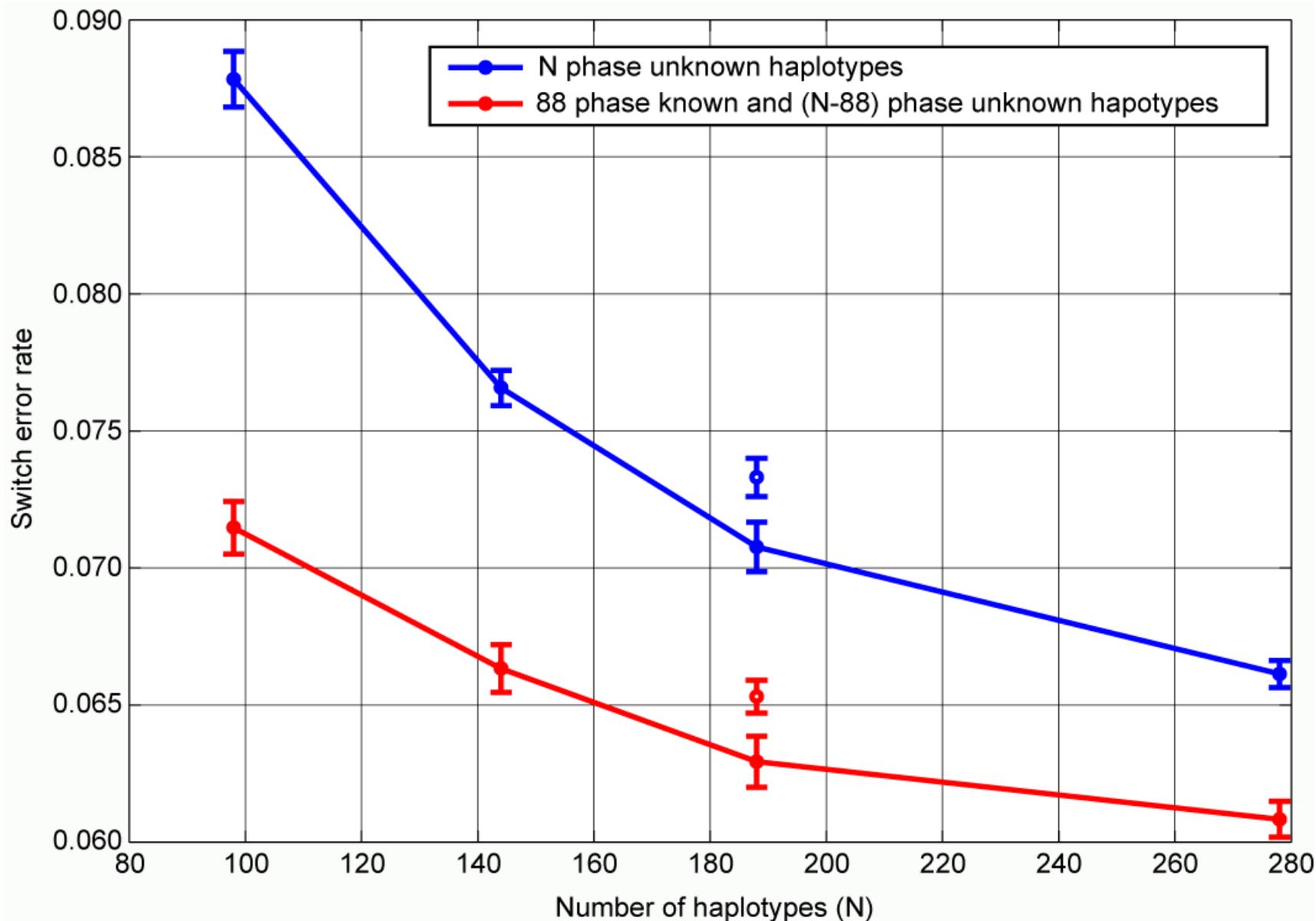
**WaferGen:** <http://www.wafergen.com>

*Nature Reviews Genetics 10, 194, March 2009*

**Mapping complex disease traits with global gene expression**

*By Cookson, Liang, Abecasis, Moffatt and Lathrop*

# D-Haplo情報によるディプロイドハプロタイプ推定精度の向上



(Higasa et. al., PlosGenet. 2009)