

機械学習による低品質バリエーション領域を推定 する指標(UNMETスコア)の導出とその評価

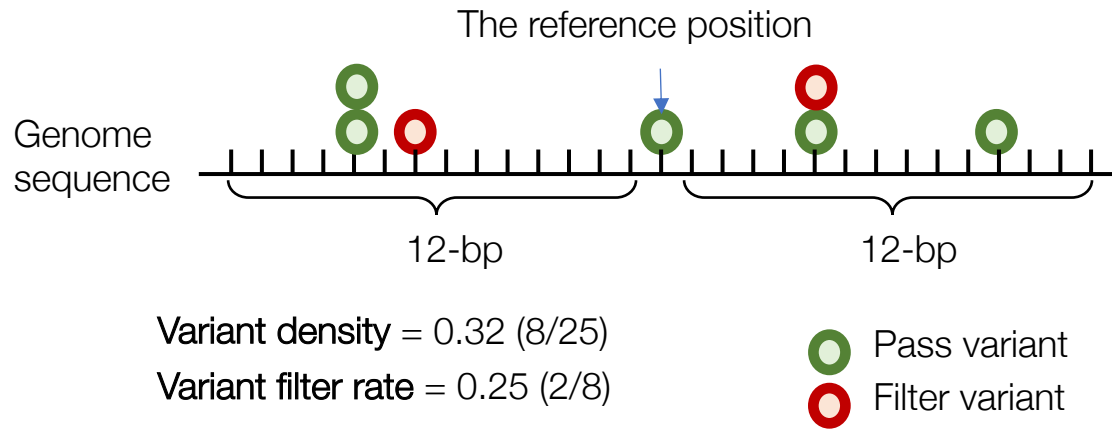
長浜バイオ大学
土方敦司

NGSでバリエーション解析が困難なゲノム領域はどこか？

- 高品質のバリエーションが検出できない領域
- ショートリードNGSで解析が難しいとされる領域
 - = マッピングエラー・シーケンスエラーの起きやすい領域
 - ゲノム重複
 - リピート配列（単調リピート、タンデムリピート）
 - 低複雑度配列（Low complexity region）
 - コピー数多型（CNV）
 - 構造多型（Structural variation）
- gnomADのバリエーションデータから特定できるか？

gnomAD v3.1バリエーションデータにおける低品質バリエーションサイトの特定

Variant densityとVariant filter rateの定義

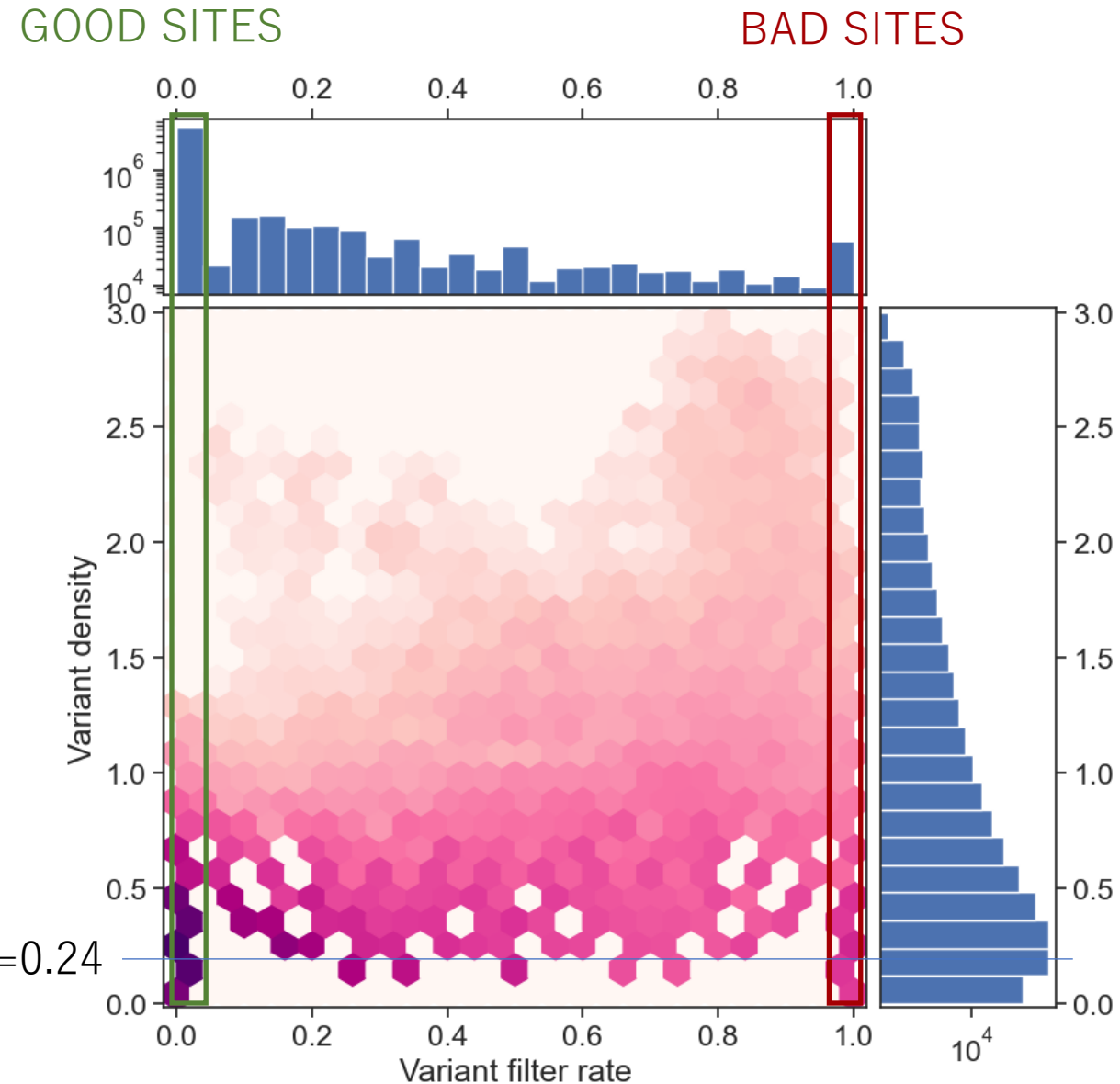


GOOD vs. BAD をゲノム配列の特徴から区別できるか？



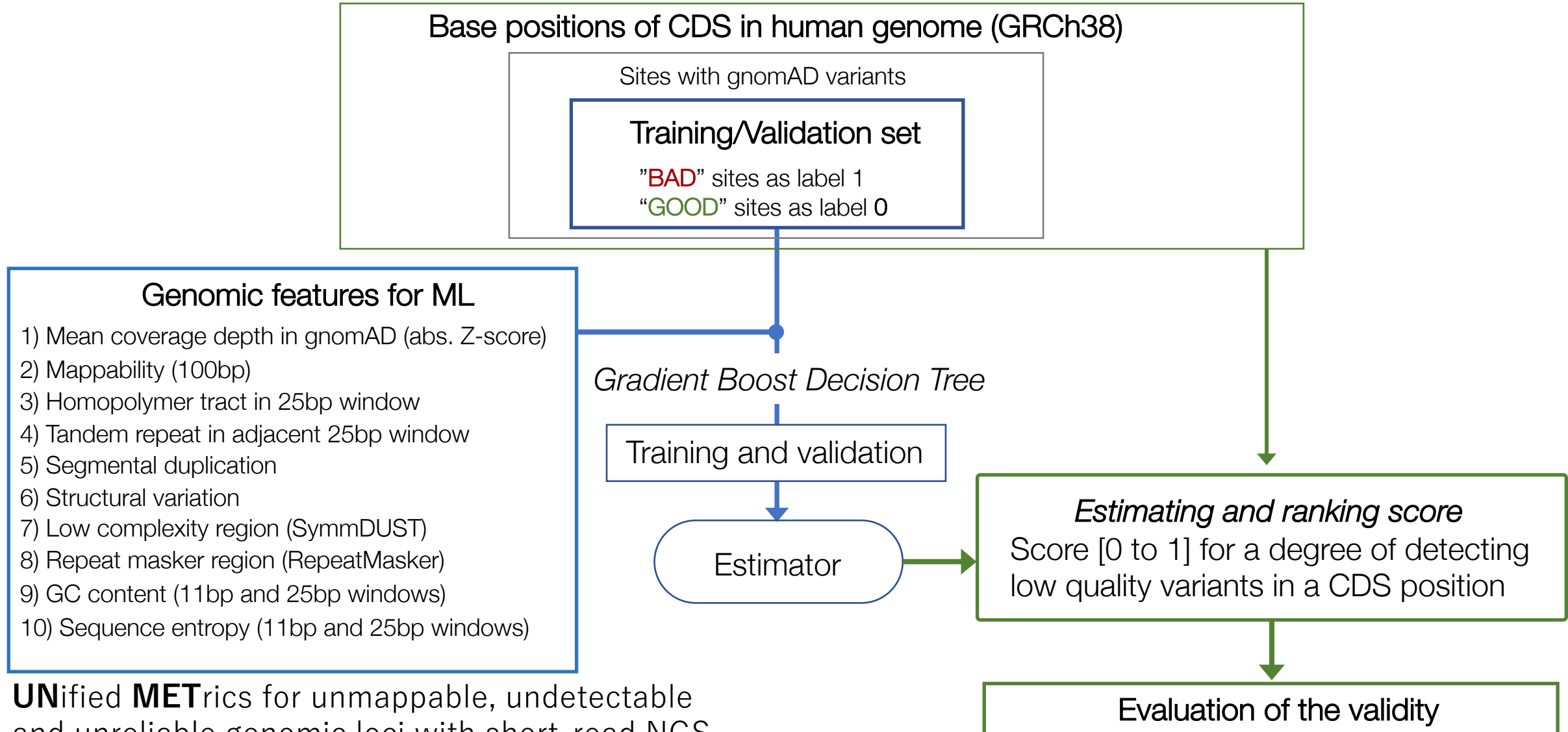
機械学習による低品質バリエーションサイトの指標の作成

Median=0.24



機械学習によるUNMETスコアの算出

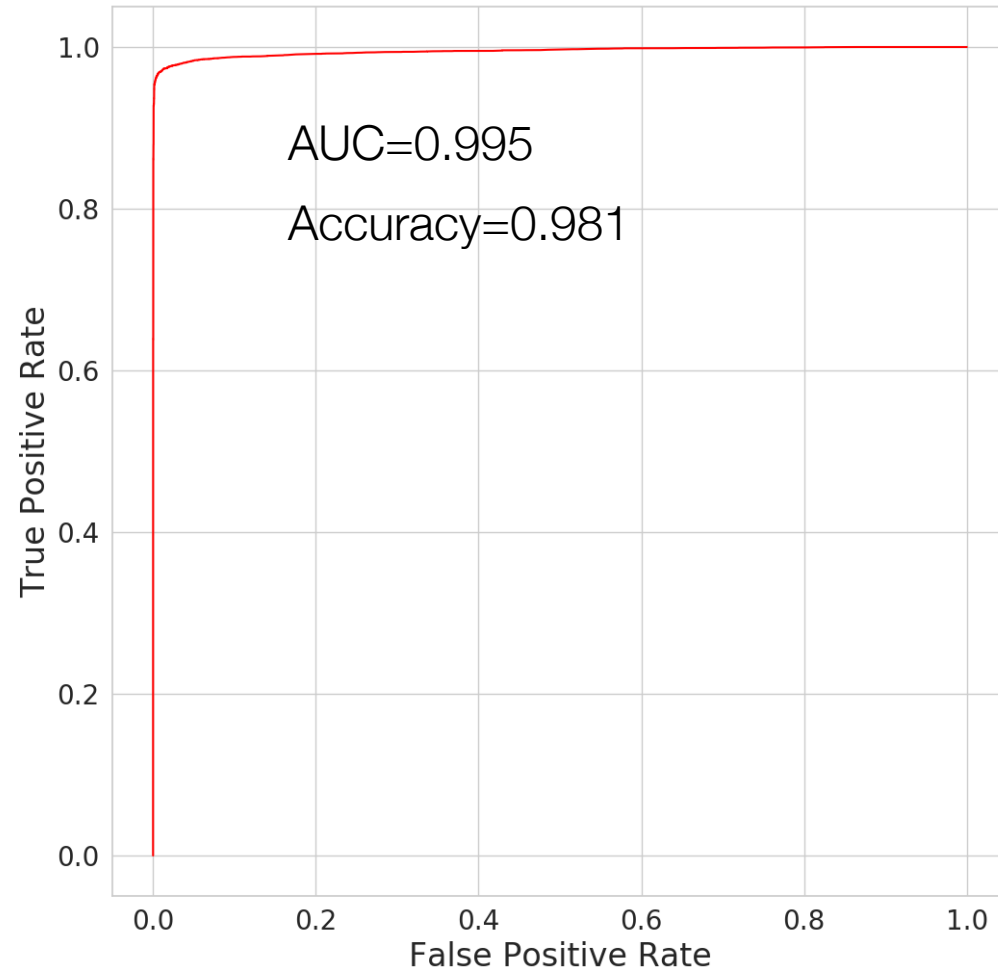
- 1) 機械学習により、BADとGOODを区別する学習モデルの作成
- 2) 学習モデルから、各塩基のUNMETスコア("BAD"らしさの指標)を算出



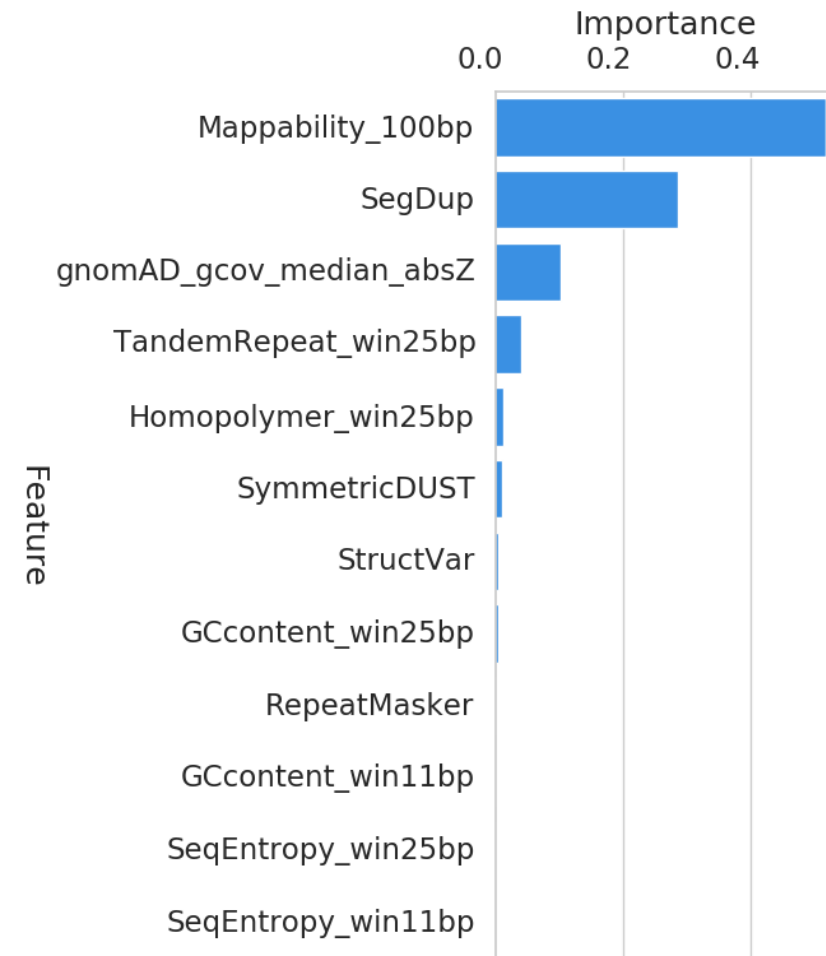
機械学習によるGOOD vs. BADの分類性能評価

- テストデータにおける精度は98.1% (誤分類率は約1.9%)
- 重要度の最も高い特徴量はMappability

GBDTモデルによる分類性能評価

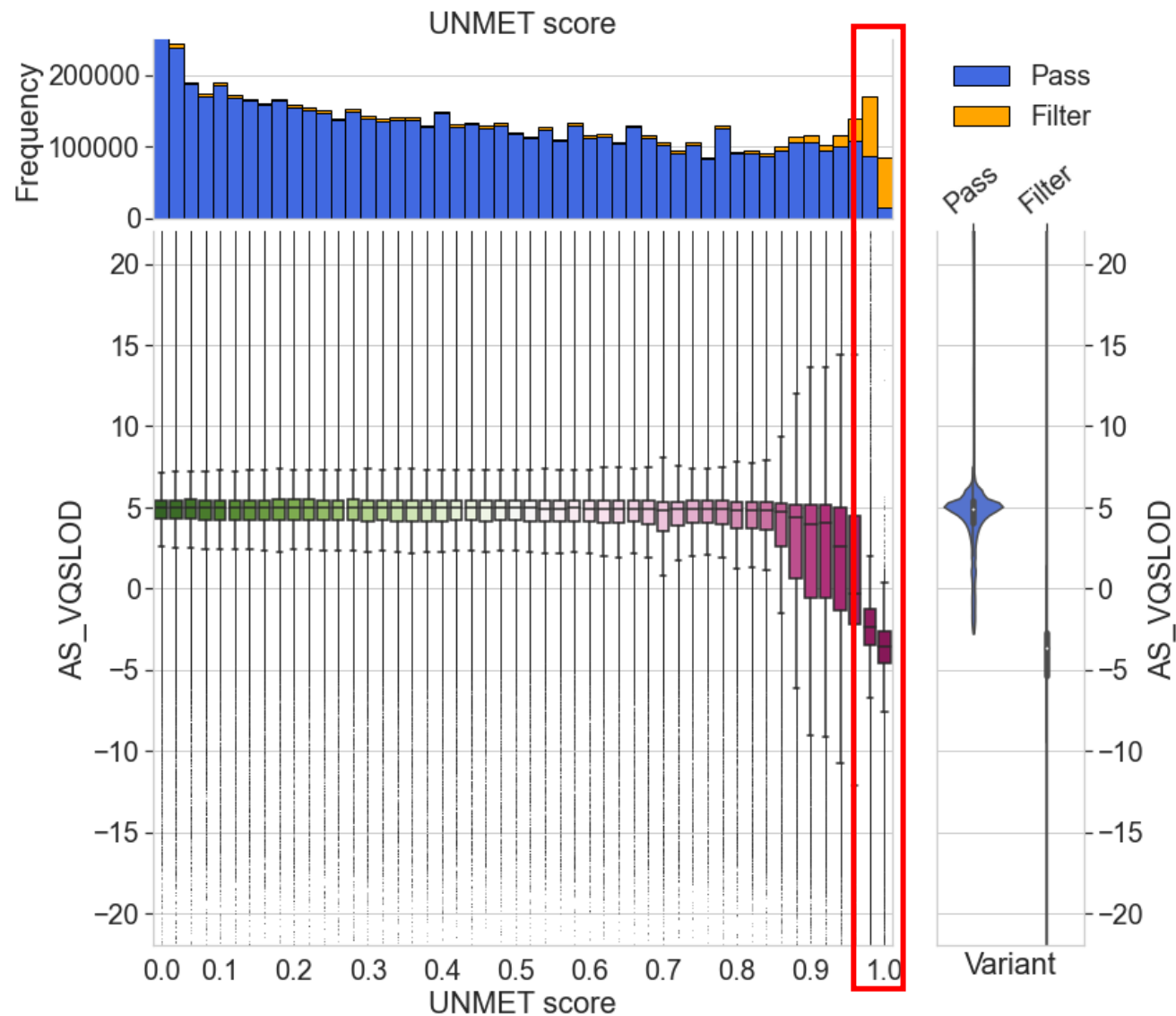


各特徴量の重要度



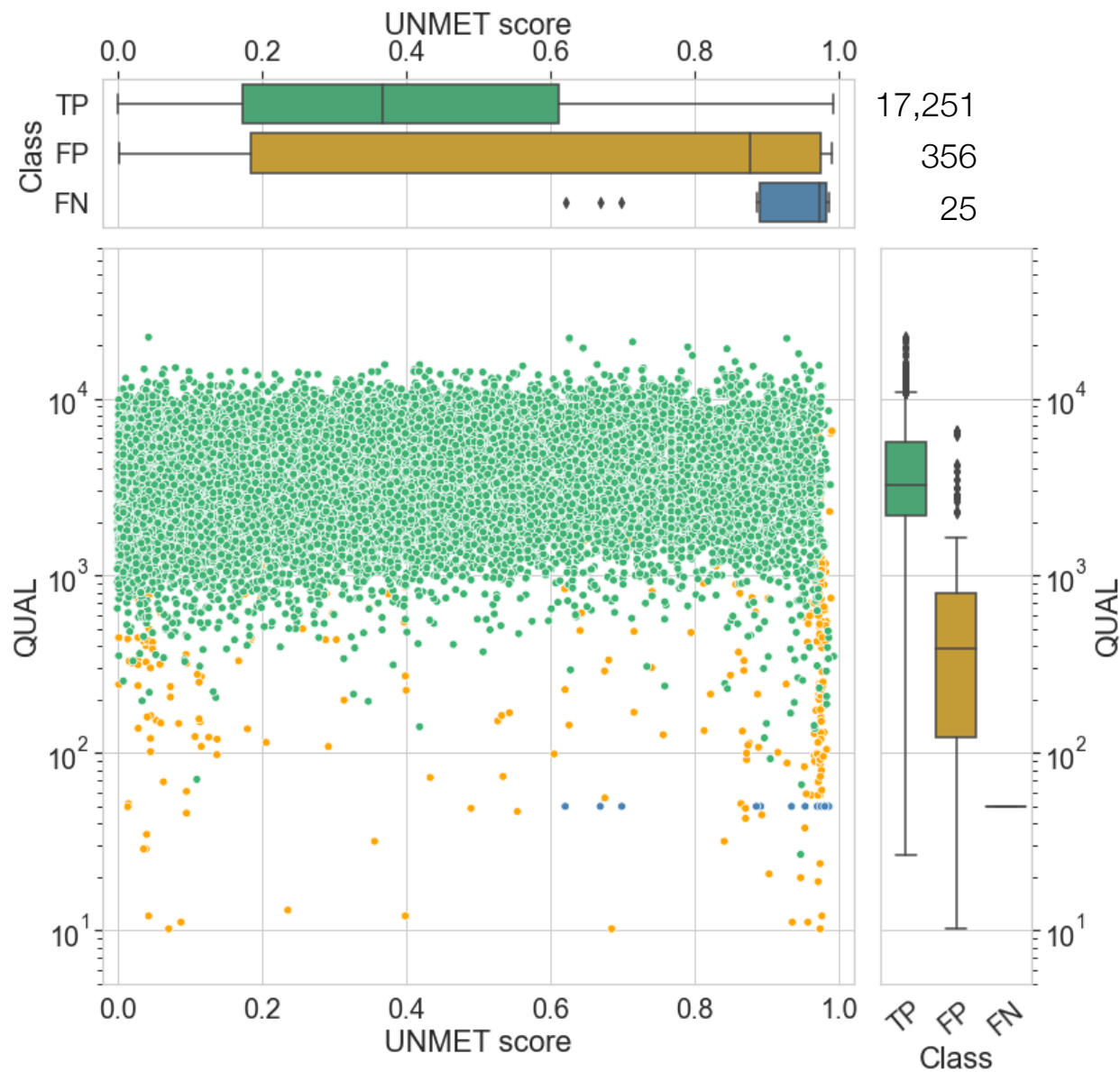
UNMETスコアの評価（１）AS_VQSLODスコアとの比較

- gnomADのバリエーション評価スコア（AS_VQSLOD）とランクスコアは負の相関（Spearman: -0.223）
- 特にランクスコアが0.96を超えると急激にAS_VQSLODの値は低下する



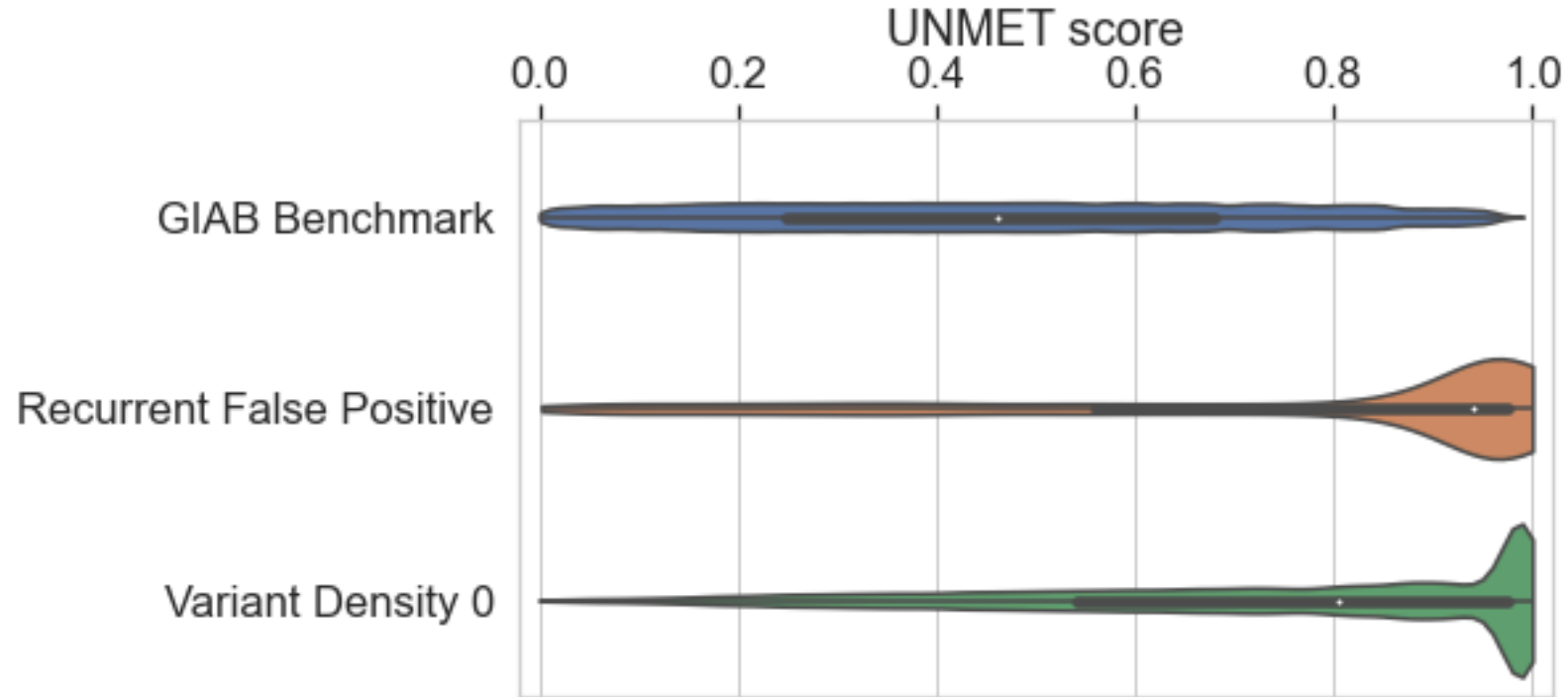
UNMETスコアの評価（2）Platinumゲノムサンプルのエクソームデータ

- エクソームデータ（HG0005、かずさでシーケンス）のQUAL値との比較
- UNMETスコアの分布はFPはTPに比べ高値に分布。FNはさらに高値に分布



UNMETスコアの評価（3）他のデータセットとの比較

- 1) Benchmark領域（バリエントコールの精度評価に用いられる領域）の中央値は0.5付近
- 2) 誤検出されやすい領域(Recurrent false positive)、バリエントが検出できない領域は高いUNMETスコア



GIAB Benchmark: Intersection of the benchmark regions in 7 individual samples (HG0001-HG0007)

Recurrent False Positive: Field *et al.* (2019) BMC Genomics, **20**:546

Variant Density 0: The region of which the variant density is 0.