



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE CAMPINAS

Faculdade de Ciências Médicas

NAILÚ ANGÉLICA SINICATO MARTIN

Variações no número de cópias do DNA e recorrência  
familiar em pacientes com lúpus eritematoso sistêmico  
juvenil

CAMPINAS

2017

NAILÚ ANGÉLICA SINICATO MARTIN

Variações no número de cópias do DNA e recorrência familiar em pacientes com lúpus eritematoso sistêmico juvenil

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Médicas da Universidade Estadual de Campinas como parte dos requisitos exigidos para a obtenção do título de Doutora em Ciências, na área de concentração em Saúde da Criança e do Adolescente.

Orientação: Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Simone Appenzeller  
Coorientadora: Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Vera Lúcia Gil da Silva Lopes

**ESSE EXEMPLAR CORRESPONDE À VERSÃO FINAL DA TESE  
DEFENDIDA PELA ALUNA NAILÚ ANGÉLICA SINICATO MARTIN  
E ORIENTADA PELA PROF<sup>a</sup> DR<sup>a</sup> SIMONE APPENZELLER**

Campinas  
2017

Agência(s) de fomento e nº(s) de processo(s): CAPES

Ficha catalográfica  
Universidade Estadual de Campinas  
Biblioteca da Faculdade de Ciências Médicas  
Ana Paula de Moraes e Oliveira - CRB 8/8985

M363v Martin, Nailú Angélica Sinicato, 1989-  
Variações no número de cópias do DNA e recorrência familiar em pacientes com lúpus eritematoso sistêmico juvenil / Nailú Angélica Sinicato Martin. – Campinas, SP : [s.n.], 2017.

Orientador: Simone Appenzeller.  
Coorientador: Vera Lúcia Gil da Silva Lopes.  
Tese (doutorado) – Universidade Estadual de Campinas, Faculdade de Ciências Médicas.

1. Lúpus eritematoso sistêmico. 2. Hereditariedade. 3. Variações do número de cópias de DNA. I. Appenzeller, Simone, 1974-. II. Lopes, Vera Lúcia Gil da Silva. III. Universidade Estadual de Campinas. Faculdade de Ciências Médicas. IV. Título.

Informações para Biblioteca Digital

Título em outro idioma: DNA copy number variations and familiar recurrence in patients with childhood onset systemic lupus erythematosus

Palavras-chave em inglês:

Lupus erythematosus, Systemic

Heredity

DNA copy number variations

Área de concentração: Saúde da Criança e do Adolescente

Titulação: Doutora em Ciências

Banca examinadora:

Simone Appenzeller [Orientador]

Alexandre Wagner Silva de Souza

Eduardo Ferreira Borba Neto

Tarsis Antonio Paiva Vieira

Tiago Nardi Amaral

Data de defesa: 20-02-2017

Programa de Pós-Graduação: Saúde da Criança e do Adolescente

---

## **BANCA EXAMINADORA DA DEFESA DE DOUTORADO**

**NAILÚ ANGÉLICA SINICATO MARTIN**

---

**Orientador (a) PROF(A) DR(A) SIMONE APPENZELLER**

**Coorientador (a) PROF(A). DR(A) VERA LÚCIA GIL DA SILVA LOPES**

---

---

### **MEMBROS:**

---

**1. PROF(A). DR(A). SIMONE APPENZELLER**

**2. PROF(A). DR(A). ALEXANDRE WAGNER SILVA DE SOUZA**

**3. PROF(A). DR(A). EDUARDO FERREIRA BORBA NETO**

**4. PROF(A).DR(A). TARSIS ANTONIO PAIVA VIEIRA**

**5. PROF(A).DR(A). TIAGO NARDI AMARAL**

---

Programa de Pós-Graduação em Saúde da Criança e do Adolescente da Faculdade de Ciências Médicas da Universidade Estadual de Campinas

A ata de defesa com as respectivas assinaturas dos membros da banca examinadora encontra-se no processo de vida acadêmica do aluno.

---

**Data: 20 de fevereiro de 2017**

---

## **DEDICATÓRIA**

Aos meus familiares que vivem em meu coração Ana Matilde (*in memorian*), Anna (*in memorian*) e Gildo (*in memorian*). E áqueles que vivem ao meu lado Estela, Edison e Julio.

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus que iluminou meu caminho e tornou tudo possível.

Aos meus pais, Edison e Estela, que são minha base e que me inspiram força e honestidade. A eles eu agradeço pelo apoio, pelo incentivo, e por estarem sempre presentes acreditando em meu potencial.

Ao meu marido Julio, eu sou grata por ter você em minha vida. Obrigada por enfrentar todos os momentos ao meu lado e muito obrigada pela alegria que a sua presença me traz.

A Dra Simone Appenzeller, por todos esses anos de convivio, agradeço pela paciênciam em me ensinar e incentivar o meu crescimento profissional.

A Dra Vera Lopes, por me auxiliar na compreensão da genética e disponibilizar seu tempo durante esse projeto.

A equipe do laboratório de Reumatologia, alunos e funcionários que estiveram ao meu lado durante todos esses anos. Agradeço a convivência e o apredizado. Agradeço em especial a minha irmã de coração Aline Lapa, a Mariana Postal e Karina Peliçari com quem pude compartilhar não somente o aprendizado, mas também a vida.

A Luciana Oliveira pela parceria na realização dos experimentos.

Ao pessoal do laboratório de Citogenetica e Genetica Médica, que me ajudou na realização desse trabalho. Agradeço especialmente a Ana Paula, Mirian, Matheus, Fabio e Milena. Meu profundo agradecimento pela paciênciam e ajuda de vocês.

Aos pacientes do ambulatório de Reumatologia e Reumatologia pediátrica, o meu sincero obrigado por se doarem, inclusive em momentos de dor e de luta. Desejo que a esperança de vocês nunca se esvai.

Aos controles, muito obrigada por entenderem a importância de se doarem nessa jornada.

À CAPES e FAPESP, pelo apoio financeiro possibilitando a execução desse projeto.

*“Palavras, na minha não tão humilde opinião, são nossa inesgotável fonte de magia.”*

*Joanne Rowling*

*“Poucas pessoas se ocupam de coisas que não sejam si mesmas.”*

*Antoine de Saint-Exupéry*

## RESUMO

O lúpus eritematoso sistêmico (LES) é uma doença autoimune que se apresenta com um amplo espectro de sinais e sintomas. A predisposição genética no LES engloba múltiplos genes que podem desencadear ou aumentar os riscos para o desenvolvimento da doença. Especialmente nas doenças autoimunes, o entendimento das variações no número de cópias (CNVs) na gênese de doenças é, ainda, pouco compreendido. Nossa objetivo principal é investigar a recorrência familiar de LES e o perfil de CNVs nos pacientes com LESj.

Foram selecionados pacientes consecutivos com LESj acompanhados na Unidade de Reumatologia Pediátrica da UNICAMP entre 2013/2016. As CNV's foram avaliadas através do CytoScan HD Affymetrix®. A recorrência foi realizada por meio de heredogramas convencionais de três gerações familiares e analisada de forma visual.

Avaliamos 112 pacientes com LESj, sendo 96 (85,7%) do sexo feminino, com média de idade de 21 anos ( $DP \pm 4,8$  anos) e média de duração da doença de 7,8 anos ( $DP \pm 6,5$ ). Quarenta pacientes com LESj possuem familiares com doença autoimune (exceto LES) sendo as mais comuns: hipotireoidismo 21 (52,5%), hipertireoidismo 9 (22,5%) e artrite reumatoide 3 (7,5%). Em relação à recorrência familiar de LES, nós observamos 10 familiares de primeiro grau (taxa de recorrência: 2,5), 10 familiares de segundo grau (taxa de recorrência: 8,3) e 3 familiares de terceiro grau (taxa de recorrência: 1,3) com LES. Nós não observamos diferença estatística entre LES familiar e esporádico em relação aos dados demográficos, clínicos, laboratoriais e de tratamento. Na análise das CNV's, nós observamos 107 pacientes e observamos CNV's em genes relevantes para o LES [genes: *MECP2* (duplicações), *BANK1* (deleções), *DNASE1* e *TRAP1* (deleções), *IKBKG* (deleções) e *CFHR4* (4 deleções e 2 duplicações)]. Não observamos associação entre a presença de CNV e a recorrência familiar de LES ou ao perfil clínico, laboratorial e de tratamento.

Nós concluímos que há maior recorrência de LES nos familiares de primeiro grau e observamos a presença de CNVs em 10 genes previamente relacionados ao LES. Não observamos associação entre CNV's e recorrência familiar. O interesse pelo estudo genético no LES trás consigo novos desafios a fim de compreender a sua função no desenvolvimento e progressão do LES.

**Palavras chaves:** Lúpus Eritematoso Sistêmico; Hereditariedade; Variação no número de cópias do DNA.

## ABSTRACT

Systemic lupus erythematosus (SLE) is an autoimmune disease with a great spectrum of signs and symptoms that may arise according to the affected organ. The genetic predisposition in SLE encompasses multiple genes that may trigger or increase risks for the development of the disease. Especially in autoimmune diseases, the understanding of the copy number variations (CNVs) in the development of diseases is still little understood. Our main objective is to investigate the familial recurrence of SLE and the profile of CNVs in patients with cSLE.

We included consecutive patients with cSLE followed up at the Pediatric Rheumatology Unit of UNICAMP between 2013/2016. CNVs were evaluated through the CytoScan HD Affymetrix®. Recurrence analysis was performed using conventional heredograms of three family generations and analyzed visually.

We evaluated 112 patients with cSLE, 96 (85.7%) female, with a mean age of 21 years ( $SD \pm 4.8$  years) and had mean disease duration of 7.8 years ( $SD \pm 6.5$ ). Forty patients with cSLE have family members with autoimmune diseases (except SLE), the most common were hypothyroidism 21 (52.5%), hyperthyroidism 9 (22.5%) and rheumatoid arthritis 3 (7.5%). In relation to the SLE family recurrence, we observed 10 first-degree relatives (recurrence rate: 25.3), 10 second-degree relatives (recurrence rate: 8.3), and 3 third-degree relatives (recurrence rate: 1.3) with SLE. We did not observe statistical difference between familial and sporadic SLE in relation to demographic, clinical, laboratorial and treatment data. In the CNVs analysis, we analyzed 107 patients and observed CNV in relevant genes [genes: MECP2 (duplications), BANK1 (deletions), DNASE1 and TRAP1 (deletions), IKBKG (deletions) and CFHR4 (4deletions and 2 duplications)]. We do not observe association between the presence of CNV and family recurrence of SLE or the clinical, laboratory and treatment profile.

We conclude that there is a greater recurrence of SLE in first-degree relatives and we observed the presence of CNVs in 10 genes previously related to SLE. No association between the presence of CNV and family recurrence was observed. The interest in genetic factors in SLE brings new challenges in order to understand its role in the development and progression of SLE.

**Key words:** Systemic Lupus Erythematosus; Heredity; DNA copy number variation.

## **Lista de ilustrações**

Figura 1. Evolução dos estudos de CNV's no LES ao longo dos anos ..... 35

Figura 2. Padrão de bandas do gel de agarose 2% dos produtos amplificados da PCR. A maioria dos fragmentos devem estar entre 150 e 2.000 pb..... 47

Figura 3. Padrão de bandas do gel de agarose 4% dos produtos amplificados da PCR. A maioria dos fragmentos devem estar entre 25 e 125 pb..... 50

Figura 4. Fluxograma de análises das CNV's..... 56

## **Capítulo 2.**

Figura 1. Fluxograma utilizado para a classificação das CNV's ..... 82

## **Lista de tabelas**

Tabela 1. Tabela adaptada de genes e polimorfismos associados ao LES ..... 30

Tabela 2: Genes que foram estudados em relação à presença de CNV's e sua associação e risco para o desenvolvimento de LES..... 57

Tabela 3: CNV's observadas nos pacientes com LESj..... 121

### **Capítulo 1:**

Tabela 1: Prevalência de doenças autoimunes (exceto LES) nos familiares dos pacientes com LES de início juvenil comparadas com a prevalência na população geral..... 67

Tabela 2: Prevalencia de LES entre os familiares de pacientes com LESj e a comparação com a prevalência da população da América Latina (0,001)..... 68

Tabela 3: Variaveis clinicas, laboratoriais e de tratamento nos pacientes com LESj. Comparação entre pacientes que apresentam ou não recorrência familiar de LES..... 69

### **Capítulo 2:**

Tabela 1: CNV's relevantes observadas nos pacientes com LESj e o perfil de cada paciente..... 85

## **Lista de abreviaturas e siglas**

aGH – Hibridação genômica por array

aCL- Anti-cardiolipina

ACR- *American College of Rheumatology*

Anti-dsDNA- Anti-DNA de fita dupla

Anti-Sm- Anti-Smith

ChAS - Conjunto de Análise de Cromossomos

Clingen - *The Clinical Genome Resource*

CNV – Variação no número de cópias

*DEFB4* - *Defensin beta 4<sup>a</sup>*

*DEFA1A3* - *Defensin alpha 1 and alpha 3, variable copy number locus*

DNA- Ácido desoxirribonucléico

DP- Desvio padrão

EDTA - ácido etilenodiamino tetra-acético

FAN – Fator antinuclear

*FCGR* - Fc fragment of IgG receptor

FCM- Faculdade de Ciências Médicas

GLADEL - Grupo Latino Americano de Estudo de Lupus

HC- Hospital de Clínicas

HLA – Antígeno leucocitário humano

*HIN200* - *Hematopoietic interferon-inducible nuclear antigens with 200 amino acid repeats*

*HRH4* - *Histamine receptor H4*

Kb - Kilobase

LA- Anticoagulante lúpico

LES- Lúpus eritematoso sistêmico

LESj- Lúpus eritematoso sistêmico juvenil

MAPD - *Median Absolute Pairwise Difference*

mL – microlitro

NCBI – Centro Nacional de Informação em Biotecnologia

OMIM – Herança mendeliana no homem online

RCF – Força centrífuga relative

RefSeq - *Reference Sequence Database*

Pb – Pares de base

PCR – Reação em cadeia da polimerase  
*RABGAP1L - RAB GTPase activating protein 1 like*  
RPM- Rotação por minuto  
SLEDAI- *Systemic Lupus Erythematosus Disease Activity Index*  
SLICC- *Systemic Lupus International Collaborating Clinics*  
SNC – Sistema nervoso central  
SNP – Polimorfismo de base única  
SNPQC - *Single Nucleotide Polymorphism Quality Control*  
TCLE- Termo de consentimento livre e esclarecido  
*TLR7 – Toll like receptor 7*  
UNICAMP – Universidade Estadual de Campinas  
USP – Universidade de São Paulo  
WavinessSD - *Waviness Standard Deviation*  
µL - microlitro

**Lista de quadros**

Quadro 1: Critérios revisados para a classificação de LES (Hochberg, 1997) .....26

## **Lista de gráficos**

### Capítulo 2

Gráfico 1. Distribuição das CNV's nos cromossomos .....83

## **Sumário**

1. Introdução .....	22
1.1 Definições .....	22
1.2 Epidemiologia.....	22
1.3 LESj.....	23
1.4 Patogênese.....	24
1.5 Apresentação clínica.....	24
1.6 Critérios classificatórios do LES.....	25
1.7 O fator genético do LES.....	26
1.7.1 Lupus Familiar.....	27
1.7.2 A influência dos genes no LES.....	29
1.8 Variações no número de cópias.....	32
1.8.1 Variações no número de cópias no LES.....	33
2. Justificativa .....	36
3. Objetivos.....	37
3.1 Objetivo geral .....	37
3.2 Objetivo específico .....	37
4. Hipóteses .....	38
5. Métodos .....	

5.1	Tipo de estudo .....	39
5.2	Seleção dos pacientes .....	39
5.2.1	Critérios de inclusão .....	39
5.2.2	Critérios de exclusão .....	39
5.3	Seleção do grupo controle .....	39
5.4	Termo de consentimento livre e esclarecido (TCLE) .....	40
5.5	Análise de indicadores da doença .....	40
5.5.1	Índice de atividade da doença .....	40
5.5.2	Índice de dano cumulativo .....	41
5.6	Heredograma .....	41
5.6.1	Análise dos heredogramas.....	42
5.7	Coleta das amostras .....	42
5.7.1	Extração de DNA genômico.....	42
5.8	Técnica de aCGH.....	43
5.8.1	Análise dos dados.....	52
5.9	Análise estatística.....	58
6.	Resultados .....	59
6.1	Capítulo 1 Agregação familiar em pacientes com Lúpus Eritematoso Sistêmico de início juvenil.....	55

6.2 Capitulo 2 Variações no número de cópias do DNA nos pacientes com Lúpus Eritematoso Sistêmico juvenil por hibridação genômica.....	59
7. Discussão geral.....	99
8. Conclusão .....	105
9. Referências bibliográficas.....	106
10. Apêndices.....	121

## **1. Introdução**

### **1.1 Definição**

O lúpus eritematoso sistêmico (LES) é uma doença autoimune do tecido conjuntivo com manifestações clínicas diversas, caracterizada por períodos de remissão e exacerbação, com participação intensa do sistema imunológico<sup>1,2</sup>.

### **1.2 Epidemiologia**

A incidência do LES varia de acordo com a localização e a etnia; a incidência do LES é de 1 a 10 por 100.000 pessoas/ano e a taxa de prevalência em geral, varia de 20 a 70 por 100.000 habitantes<sup>3,4</sup>.

Quanto às diferentes raças, observa-se a frequência de 1 para cada 250 mulheres afroamericanas; 22,4 para cada 100.000 asiáticos e 10,3 para cada 100.000 caucasianos; notadamente a prevalência mais alta está entre os afrodescendentes<sup>2,4-8</sup>. Entretanto, apresenta-se como uma doença rara entre os negros africanos<sup>9,10</sup>. No Brasil, observa-se uma frequência maior entre caucasoides (69,9%), principalmente na região sudeste do país<sup>11</sup>. Um estudo da região nordeste do Brasil relatou uma incidência anual de 8,4 adultos com LES para cada 100 mil habitantes, sugerindo uma prevalência estimada de aproximadamente 0,098%<sup>12,13</sup>.

Estimativas mundiais de incidência de Lúpus Eritematoso Sistêmico juvenil (LESj) varia em torno 0,3-0,9/100 mil indivíduos e a prevalência varia em torno de 3,3-8,8/100 mil<sup>14,15</sup>. Porém os estudos epidemiológicos sobre o LESj encontram dificuldades devido à falta de um consenso quanto à idade de corte utilizada para defini-lo<sup>14,16,17</sup>. Esse fator reflete também sobre a real incidência e prevalência nessa faixa etária que continuam pouco esclarecidas<sup>15,18</sup>.

### **1.3 LESj**

As doenças reumatológicas na infância são consideradas raras, pois tem incidência menor que 5-7,5/10 mil crianças<sup>19</sup>. Aproximadamente 15-20% de todos os casos de LES são diagnosticados durante as primeiras décadas de vida<sup>20-22</sup>. A média de idade para o aparecimento da doença é de 10-12 anos, sendo raro seu início antes dos 5 anos<sup>21-23</sup>. A frequência aumenta a partir dos 10 anos e a maioria dos casos é diagnosticada na adolescência. Estima-se que 85% dos casos tenham início após a idade de 8 anos e que entre 10-17% dos casos se manifestem antes dos 16 anos<sup>16,24,25</sup>.

Diagnósticos estabelecidos até os 16 anos eram classificados como LESj<sup>26</sup>. Porém essa classificação foi alterada recentemente para diagnósticos até os 18 anos, que, portanto devem ser considerados LESj<sup>27,28</sup>.

Nas crianças, a relação entre sexo feminino e masculino é de 1,4 a 5,8:1; sendo que nos adultos essa relação varia de 8:1 a 13:1 e nos indivíduos de idade mais avançada esta relação é de 2:1<sup>29</sup>.

A manifestação do LES é geralmente mais grave e inclui maior cronicidade no envolvimento de órgãos vitais nos pacientes juvenis<sup>22,30</sup>. Nas últimas décadas, a taxa de sobrevida aumentou de aproximadamente 5 anos em 50-60% dos casos para 10 anos em 80-90% dos casos<sup>14,18,20,31</sup>. Esse notável aumento pode ser atribuído aos avanços no diagnóstico, tratamento e assistência médica geral, mas a morbidade permanece elevada, pois com o aumento da sobrevida, aumentaram as complicações secundárias como aterosclerose e osteoporose<sup>30</sup>.

#### **1.4 Patogênese**

A participação do sistema imunológico no LES ocorre através da resposta imune dirigida aos autoantígenos, provocando uma perda da tolerância imunológica e o desenvolvimento de autoanticorpo levando a uma deposição de imunocomplexos em órgãos e tecidos podendo desencadear lesão celular ou destruição tecidual<sup>2</sup>. As características clínicas apresentadas pelos pacientes refletem o local de depósito dos imunocomplexos, sendo portanto, de característica sistêmica<sup>2,3</sup>.

O LES é uma doença multifatorial, incluindo fatores genéticos, ambientais e hormonais. Além disso, alterações nas linhagens de células B e T também contribuem para o desenvolvimento da doença<sup>2,32,33</sup>.

### **1.5 Apresentação clínica**

O paciente com LESj pode apresentar manifestações clínicas mais agudas e graves quando comparado ao LES de início adulto<sup>26</sup>.

O envolvimento renal, uma das manifestações mais frequentes no LESj, ocorre entre 50-80% dos casos, sendo 90% deles durante o primeiro ano da doença<sup>34</sup>. O envolvimento neurológico (22-95%), principalmente epilepsia e psicose, alterações hematológicas (77%), febre, linfadenopatia<sup>23,35-40</sup> e a presença de úlceras orais são mais frequentemente observadas no LESj<sup>39,40</sup>.

Pleurite, presença dos anticorpos anti-Sm, anti-Ro/SSA e anti-La/SSB são igualmente frequentes no LESj e no LES de início adulto<sup>23,26</sup>. Enquanto que artrite, fotossensibilidade e lesões discoides são mais frequentemente observadas no LES de início adulto<sup>23,35,38</sup>.

Em relação à atividade da doença, pacientes juvenis têm uma doença significativamente mais ativa no início e também ao longo do tempo quando comparado com LES de início adulto<sup>41</sup>. Essa característica mais agressiva provoca nos pacientes com LESj

uma tendência ao dano permanente, porém a taxa de sobrevida aumentou durante as três últimas décadas<sup>34</sup>.

### **1.6 Critérios classificatórios do LES**

Não há critérios diagnósticos para o LES mas sim critérios classificatórios. O Colégio Americano de Reumatologia (ACR) definiu os critérios classificatórios para o diagnóstico de LES e segundo esta definição são necessários quatro critérios clínicos e/ou laboratoriais dentre os onze propostos<sup>42</sup>. Estes critérios foram revisados em 1997, e o item “presença de células LE”, constante do critério “alterações imunológicas”, foi excluído, e o teste falso positivo para sífilis foi substituído pela presença de anticorpos antifosfolípides<sup>43</sup> (Quadro 1).

Os critérios do ACR de 1997 foram validados para pacientes com LESj no Brasil, demonstrando precisão dos critérios também para a população juvenil (96% de sensibilidade e 100% de especificidade)<sup>44</sup>.

Quadro 1. Critérios revisados para a classificação de LES (Adaptado de Hochberg, 1997)

Critério	Observações
Rash malar	Eritema fixo sobre as eminências malares e/ou pregas naso-labiais
Lesão discoide	Placas eritematosas, elevadas e circulares, com escamação aderente, comprometimento dos pelos e cicatrização com atrofia
Fotossensibilidade	<i>Rash</i> cutâneo resultado da exposição à luz solar, observadas por médico
Úlcera orais	Ulceração oral e/ou em nasofaringe, geralmente dolorosa, observadas por médico
Artrite	Não erosiva de 2 ou mais articulações
Serosite	Pleurite Pericardite
Doença renal	Proteinúria maior que 0,5 g/dia Leucocitúria, na ausência de infecção Hematúria dismórfica Cilindros celulares
Envolvimento do sistema nervoso central (SNC)	Convulsão Psicose
Alterações hematológicas	Anemia hemolítica (Bilirrubinemia indireta, LDH elevada, Coombs direto positivo) Leucopenia menor que 4.000/mm <sup>3</sup> Linfopenia menor que 1.500/mm <sup>3</sup> Plaquetopenia menor que 100.000 /mm <sup>3</sup>
Alterações imunológicas	Anticorpos Anti-dsDNA Anticorpos Anti-Sm Anticorpos antifosfolípide [anticardiolipina (aCL)] IgG/IgM; anticoagulante lúpico (LA)]
Fatores antinuclear (FAN)	Título 1/80 de FAN por imunofluorescência ou um ensaio equivalente a qualquer ponto no tempo, na ausência de drogas conhecidas por induzirem FAN

### 1.7 O fator genético do LES

Pesquisas pioneiras com pacientes que tinham familiares acometidos pelo LES indicaram que algumas dessas famílias apresentavam um padrão de herança autossomica dominante, outras famílias apresentavam um padrão de herança recessiva e também herança

ligada ao sexo dominante e recessiva<sup>46</sup>. Quando os pesquisadores analisaram todo o conjunto das famílias, eles concluíram que o LES apresenta uma herança multifatorial<sup>46</sup>. Apartir desse momento o LES foi considerado uma doença com herança poligênica<sup>47</sup> cuja hereditariedade, ou seja, a fração da patogenia da doença que pode ser atribuída aos genes, é estimada em 66%<sup>48</sup>.

É importante notar que com a definição de herança multifatorial, cada aspecto específico dos diversos fenótipos apresentados pelos pacientes com LES (manifestações clínicas e anormalidades imunológicas) é majoritariamente controlado separadamente por um conjunto diferente de loci de susceptibilidade<sup>49</sup>.

### **1.7.1 Lupus Familiar**

A hipótese de que o LES é uma doença passível de ser explicada geneticamente é suportada pela existência de agregação familiar.

Os primeiros relatos sobre a recorrência de LES em famílias ocorreu com a observação de gêmeos<sup>50,51</sup>. Em 1971, a ocorrência de lúpus familiar começou a ser observada<sup>52</sup> e a partir desse período o número de casos familiares de LES aumentou, sendo que Dubois observou 2% de histórias familiares de LES em 1963 e 5% em 1974<sup>53</sup>. Em 1976, o seguimento de 8 famílias com recorrência de LES em diferentes graus de parentesco mostrou que gêmeos idênticos, pais e filhos são altamente concordantes para expressão da doença quando comparados a irmãos<sup>54</sup>.

Irmãos de pacientes com LES apresentam um risco 20 a 40 vezes maior de desenvolver o LES em relação à população geral (2% versus 0,05–0,1%). Estudos em gêmeos monozigóticos mostram uma taxa de concordância entre 24 a 57% sendo que entre os gêmeos dizigóticos essa taxa de concordância é 10 vezes menor; tal fato suporta a possibilidade da predisposição genética no LES<sup>51,55,56</sup>.

O Grupo Latinoamericano de Estudo de Lupus (GLADEL) descobriu um aumento da frequência de autoimunidade familiar quando os probandos apresentavam LES em comparação com a prevalência na população<sup>57</sup>. Priori et al. relatou uma frequência de 22,7% dos pacientes com histórico familiar de doença autoimune, sendo que os familiares de primeiro grau apresentam risco maior de apresentar LES ou qualquer doença autoimune<sup>58</sup>. Corporaal et al.<sup>59</sup> observou que esclerose sistêmica e artrite reumatoide se agrupam dentro das famílias de pacientes caucasianos com LES e dessa forma a prevalência de doenças autoimunes é aumentada em familiares de indivíduos com LES.

Um estudo realizado na Arabia com pacientes de LES observou que casamentos consanguíneos podem aumentar a frequência de LES familiar (20,8%) sendo que nesses casos as famílias demonstram um padrão de herança autossômica recessiva com padrão horizontal de transmissão da doença<sup>60</sup>.

Recentemente, em 2014, pesquisadores publicaram um estudo retrospectivo sobre uma família com 13 membros diagnosticados com LES. Ao contrário do que é comumente observado, esses membros não eram de gerações próximas, mas todos os indivíduos recorrentes eram da oitava e nona geração<sup>61</sup>. Os autores sugerem que a descendência africana do casal progenitor nessa família explica a alta taxa de recorrência, uma vez que há uma maior prevalência de LES em negros da ascendência africana. Outra explicação para a alta incidência de LES, especialmente a partir da 6ª geração é a adição genética entre as gerações que podem ter resultado em alterações genéticas que predispõem fenótipos de LES com alta penetrância da 6ª geração e uma apresentação grave da doença<sup>61</sup>.

### **1.7.2 A influência dos genes no LES**

A busca de genes de predisposição para doenças complexas tais como LES, pode ser dividida em duas estratégias: a análise da hipótese gene candidato-associação, na qual se

analisa um alelo ou haplótipo ou qualquer polimorfismo de DNA, geralmente mostrando uma diferença da frequência do alelo entre pacientes e controles; ou pode ser feito estudos de ligação do genoma, no qual é feito fundamentalmente um teste estatístico para a co-herança de marcadores genéticos (como microssatélites de DNA) com o fenótipo da doença em famílias com múltiplos membros afetados<sup>62,63</sup>.

O estudo do HLA em pacientes com LES se iniciou nos anos 70. Pesquisadores identificaram uma maior prevalência de HLA-A1 em pacientes com LES negros e HLA DQ8 em pacientes brancos respectivamente, associados principalmente a uma doença mais severa com envolvimento renal e do sistema nervoso central (SNC)<sup>64</sup>. O HLA-DR2 (principalmente o alelo HLA-DRB1\*1501) e HLA-DR3 (principalmente o alelo HLA-DRB1\*0301) foram associados ao LES<sup>65,66</sup>, sendo que o estudo definitivo dessa região ocorreu em 2002<sup>67</sup> com a avaliação do polimorfismo no gene do HLA, bem como em loci adjacentes em famílias europeias, afro-americanas e hispânicas resultando na conclusão de que o HLA-DR2 é o alelo mais fortemente associado a susceptibilidade ao LES.

As deficiências de proteínas do sistema complemento são incomuns na população em geral, porém as deficiências dos primeiros componentes da via clássica estão associadas a doenças por imunocomplexos ou autoimunes, como glomerulonefrites e LES respectivamente<sup>68</sup>.

Em 1975 surgiu a hipótese de que os componentes do sistema complemento estavam envolvidos na perda do mecanismo de defesa e, portanto, as deficiências nos níveis desses componentes poderiam acarretar na predisposição de doenças como o LES<sup>69</sup>. A deficiência dos componentes C1q, C1r/s, C2 e C4 do sistema complemento predispõem ao LES<sup>70</sup>. Além disso a deficiência da proteína C1q carrega consigo um alto risco de desenvolver o LES (cerca de 90%), seguida pela deficiência de C4 e C2 (75% e 10%, respectivamente)<sup>63</sup>. Deficiências

do C1r/s, C5 e C8 também tem sido associadas ao LES ou a síndromes “*lupus-like*” porém mutações responsáveis por essas deficiências não foram descritas<sup>63</sup>.

Através de um relato de caso, pesquisadores apontam que a concentração extremamente reduzida de C4 pode levar ao comprometimento do SNC em paciente com LES uma vez que o indivíduo apresentava deficiência adquirida de C1-INH, níveis de séricos de C3 normais, depleção de C4 e C2, inibidor de C1 e de C1q em conjunto com comprometimento do SNC<sup>71</sup>.

Recentemente uma meta-análise reuniu estudos mostrando associações de genótipos com LES neuropsiquiátrico, esse estudo mostrou que polimorfismos em genes relacionados à eliminação dos complexos autoimunes como a homozigose do FCγR IIIa 158 FF, a heterozigose do genotipo FCγR IIIb NA1/2 e o alelo ITGAM rs1143679 HH em homozigose estão relacionados ao LES neuropsiquiátrico<sup>72</sup>.

Muitos genes foram associados ao LES de alguma forma. A tabela abaixo mostra genes e/ou polimorfismos associados ao LES.

Tabela1. Tabela adaptada de genes e polimorfismos associados ao LES<sup>73-75</sup>.

Genes	POLIMORFISMOS
C1q, C2, and C4	rs172378 / rs292001
Receptores Fc gamma (Fcγ) FcγRI (CD64)	FcγRIIA rs1801274 e rs396991 / FcγRIIB rs1050501 e NA1/NA2
FcγRII (CD32)	
FcγRIII (CD16)	rs11797
TREX1	
PDCD1	
Família NFκB	
PHRF1	
PXK	
XKR6	
SCUBE1	
ITGAM	rs1143679 / rs9888739 / rs7574865 / rs1143683
PRDM1-ATG5	
JAZF1	
UHRF1BP1	
SLC15A4	

RASGRP3	
ETS1	
LRRC18-WDFY4	
IRF5-TNPO3	rs729302 / CGGGG / rs3807306 rs2070197/ rs2004640 / rs rs10954213/ rs2004640 / rs2280714.
TNIP1	rs10488631 / rs6889239 / rs13168551 rs7708392 / rs4958435
Genes HLA	
DRB1*03:01	rs8192591 / rs2246618
HLA-DRB1*08:01	
HLADRB1* 15:01	
HLADR2	
HLADR3	rs2187668
DQA1*01:02	
DQA2	
MSH5	rs9275328
STAT4	rs11889341 / rs7574865/ rs3821236 / rs13277113 / rs9275428
TNFAIP3	
TNFSF4	
FAM167A-BLK	rs2205960 / rs10489265
TYK2	
UBE2L3	rs9934438 / rs9923231
VKORC1	rs140490
LBH	
NFKBIA	rs7579944 / rs906868
IL28RA	
IFIH1 2q22–24	rs8016947/rs4649203
TLR7-TLR8	rs13023380/rs1990760/10930046
IL10	rs3853839
PTPN22	rs3122605
LILRA3	rs1217414/rs3765598
CR2	rs103294
KIAA0922/TLR2	rs1876453
IRAK1 / MECP2	rs893629
FAM167A / BLK	rs1059702
IRF5-TNPO3	rs922483 / rs922483 / rs1382568 rs4728142

### 1.8 Variações no número de cópias

Os organismos diploides apresentam duas cópias de cada região autossômica que estão localizadas cada uma em um cromossomo homólogo, porém é possível ocorrer alterações de segmentos através de duplicações e deleções, o que chamamos de *copy number variations (CNVs)*<sup>76</sup>.

Em 2006 as CNV's foram definidas como um segmento de DNA de uma kilobase (kb) ou mais que está presente em um número de cópias variável em comparação com um genoma de referência<sup>77</sup>. Dependendo da região genômica variável, as CNVs podem conter genes completos ou parciais<sup>78,79</sup>.

As CNVs podem ocasionar variações fenotípicas que estão dentro da normalidade<sup>78</sup> ou também condições patogênicas<sup>80-82</sup>. As condições patogênicas são causadas uma vez que essas variações podem afetar a dosagem de um gene, alterar a expressão gênica (como por exemplo, variações que afetam genes que codificam fatores de transcrição), causar a disruptão da sequência gênica codificante ou de um elemento regulatório<sup>77,83,84</sup>.

Os efeitos dessas variantes podem ser ou não observados fenotípicamente; deleções de uma cópia que varie entre 10 a 20 Kb parecem ser normais na população em geral, sugerindo que uma deleção maior ou ainda uma perda em homozigose seja necessário para um fenótipo patológico<sup>76</sup>. Casos nos quais a ocorrência de uma duplicação apareça com frequência na população podem ser haplo insuficientes<sup>76</sup>.

Inicialmente os estudos foram baseados em *arrays* construídos com cromossomos artificiais bacterianos ou plataformas de oligonucleotídeos de baixa resolução e atualmente técnicas de hibridação comparativa em *arrays* de alta resolução fornecem maior detalhe e precisão no mapeamento das CNVs<sup>83</sup>.

A técnica de aGH (array Genomic Hybridization) tem sido amplamente utilizada para o estudo de CNVs em amostras tumorais, sendo que foram desenvolvidos arrays de regiões específicas como também de genomas inteiros facilitando diagnóstico, prognóstico e aplicações em pesquisas, todas em última análise afetando o tratamento<sup>85</sup>. Porém essa técnica ainda não foi utilizada em estudos publicados com pacientes com LES sendo que os estudos na área de CNV's para esses pacientes incluem regiões pontuais do genoma para análise.

### 1.8.1 Variações no número de cópias no LES

Em 2007 surgiram os primeiros relatos de CNVs no LES, pesquisadores avaliaram o número de copias do gene *TLR7*<sup>86</sup> e não obtiveram sucesso em mostrar significância na diferença no número de cópias desse gene em pacientes e controles. Em 2010 um estudo que avaliou CNVs e incluiu crianças com LES mostrou que o aumento do numero de cópias do *TLR7* é um fator de risco para o desenvolvimento do LES na infância<sup>87</sup>. O gene *TLR7* foi novamente estudado em 2014 e 10% dos pacientes do estudo apresentaram mais do que duas cópias desse gene<sup>88</sup>. Figura 1.

As CNVs das moléculas do sistema complemento estão envolvidas não somente com a susceptibilidade ao LES, mas também com o padrão de herança autossômico recessivo em pacientes com LES<sup>89</sup>. O gene da molécula C4 do sistema complemento está localizado na região do MHC classe III, no cromossomo 6p21.3 e frequentemente exibe uma CNV inter-individual. Dessa forma uma CNV de *C4* é resultado de duplicações de segmentos do módulo RP-C4-CYP21-TNX (RCCX) do HLA. As CNVs homozigóticas deletérias dos componentes do sistema complemento podem ser suficientes para o desenvolvimento da doença de forma semelhante ao padrão de herança autossomico recessivo<sup>90</sup>.

Pesquisadores observaram uma diminuição no número de cópias no gene total *C4* e de suas frações *C4A* e *C4B* relacionada á susceptibilidade do LES<sup>90</sup>. A fração *C4A* foi descrita como a principal envolvida em pacientes com ancestralidade europeia<sup>90</sup>. Posteriormente esses genes continuaram sendo o foco de muitos autores. Sendo que pesquisadores sugeriram em 2009 que o aumento no número de cópias de *C4* confere proteção ao LES<sup>91</sup>. Figura 1.

O gene *C4* foi reportado em oito diferentes estudos, sendo um deles realizado no Brasil em 2016 o qual mostrou que a diminuição no número de cópias do gene *C4* e suas frações são fatores de risco também para crianças com LES<sup>92</sup>, tanto quanto para os adultos com LES<sup>91,93-98</sup>. Figura 1.

Em 2008 se iniciaram os estudos de CNVs sobre a família de genes de receptores Fcgamma<sup>99</sup>, principalmente *FcGR3B* e *FcGR2A*. Alguns estudos não conseguiram comprovar a relação desse gene com o LES<sup>100,101</sup> mas aqueles que conseguiram mostram que preferencialmente a diminuição das cópias desse gene está relacionada ao LES, porém as variações ocasionais de aumento também são relacionadas<sup>102-107</sup>. O número de cópias do gene de receptores Fcgamma possui funções no sistema imune como a de controlar as respostas dos imunocomplexos, absorção pelos neutrófilos, produção de autoanticorpos e a ativação de macrófagos e por essa razão são importantes na patogênese do LES<sup>108</sup>. Figura 1.

Outras CNVs relacionadas ao LES foram descritas. Em 2011, pesquisadores relataram que a duplicação de CNVs relacionadas ao gene *Th17* e também as interleucinas 21, 22<sup>109</sup> e 12B<sup>110</sup> estão associadas ao LES. Posteriormente vieram a conhecimento outras CNVs relacionadas ao LES, sendo elas: as duplicações em *DEFB4* (beta defencina 4) em 2012<sup>111</sup>, deleções em *RABGAP1L* (RAB GTPase ativadora de proteína) em 2013<sup>95</sup> e duplicações em *HLA DRB5* em 2014<sup>112</sup>. Figura 1.

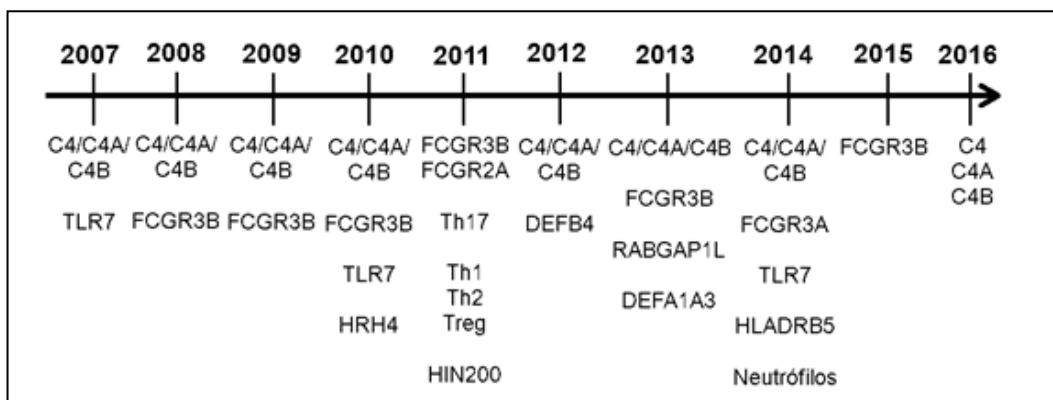


Figura 1. Evolução dos estudos de CNV's no LES ao longo dos anos.

## **2. Justificativa**

O LES é uma doença que apresenta hereditariedade e recorrência familiar em alguns casos e pacientes com LESj apresentam heterogeneidade da doença, com uma apresentação clínica diversificada que pode ser explicada pela ampla ação genética com múltiplos genes envolvidos. Existem poucos estudos feitos através da análise simultânea de milhares de regiões do genoma para a detecção de CNVs e nenhum estudo investigando as variações genómicas dos pacientes com LESj que apresentem LES familiar.

### **3. Objetivos**

#### **3.1 Objetivo geral**

- Identificar *CNVs* e verificar a recorrência familiar em pacientes com LESj

#### **3.2 Objetivos específicos**

- Descrever a recorrência familiar nos pacientes com LESj e comparar com as manifestações clínicas, laboratoriais e de tratamento
- Investigar a presença de *CNVs* em pacientes com LESj
- Comparar as *CNV*'s observadas nos pacientes com e sem LES familiar

#### **4. Hipóteses**

- A recorrência de LES está mais elevada em familiares de primeiro grau
- Os pacientes apresentam múltiplas CNVs no genoma relacionadas ao LES.
- Observamos diferenças nas CNV's dos pacientes com LES familiar.

## 5. Método

### 5.1 Tipo de estudo

Tratou-se de um estudo observacional, transversal, aberto, com grupo controle.

### 5.2 Seleção dos pacientes

Foram selecionados 112 pacientes consecutivos com LESj, acompanhados no ambulatório de Reumatologia e de Reumatologia Pediátrica do Hospital de Clínicas da UNICAMP, no período de janeiro de 2013 a dezembro de 2015, cujas manifestações clínicas e laboratoriais são rotineiramente estudadas de acordo com protocolo estabelecido.

#### 5.2.1 Critérios de inclusão

- Pacientes com diagnóstico de LES segundo os critérios estabelecidos pelo ACR<sup>43</sup> acompanhados rotineiramente nos ambulatórios da UNICAMP.
- Pacientes com início da doença antes dos 18 anos.

#### 5.2.2 Critérios de exclusão

- Não concordaram em participar da pesquisa

### 5.3 Seleção do grupo controle

O grupo controle foi utilizado para as análises das CNV's e foi constituído por indivíduos da população brasileira incluídos no consórcio de pesquisadores da FCM/UNICAMP. O grupo controle foi constituído de 76 mulheres e 41 homens.

### 5.4 Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE)

Este projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da FCM/ UNICAMP (nº 920/2007). Todos os pacientes e controles ou seus responsáveis foram previamente informados e foi solicitada a assinatura do TCLE.

## **5.5 Análises de indicadores de doença**

### **5.5.1 Índice de atividade da doença**

Definiu-se como atividade todas as manifestações reversíveis que resultaram diretamente do processo inflamatório. A atividade da doença foi avaliada pelo *Systemic Lupus Erythematosus Disease Activity Index* (SLEDAI)<sup>113</sup>, composto por 24 manifestações incluindo sinais, sintomas e testes laboratoriais. O índice utiliza uma pontuação ponderada com escores variando de 0-105. A doença foi considerada ativa se a somatória de pontos do SLEDAI fosse  $\geq 3$ <sup>114</sup>. A pontuação do SLEDAI ajustada ao longo do tempo<sup>115</sup> foi utilizada na análise. Nós utilizamos um programa desenvolvido pelo departamento de engenharia da UNICAMP para uso no Excel® que calcula o ponto sob a curva do SLEDAI ao longo de todo o acompanhamento medico. Nós calculamos o SLEDAI ajustado até a data dos heredogramas.

Estudos de sensibilidade e validade da medida em pacientes pediátricos foram conduzidos por Brunner e colaboradores<sup>116</sup> e seu uso foi considerado adequado. A aplicabilidade em crianças brasileiras foi testada em estudo conduzido pelo Instituto da Criança – Universidade de São Paulo (USP) e a Santa Casa de São Paulo e os resultados sugeriram que o instrumento pode ser usado para a verificação nessa população<sup>1 17,118</sup>.

### **5.5.2 Índice de dano cumulativo**

Definiu-se como dano às alterações persistentes (anatômicas, fisiológicas ou patológicas) que resultam da atividade inflamatória prévia causando atrofia, cicatrizes ou fibrose, assim como as complicações do tratamento e outros eventos<sup>119</sup>. As alterações eram irreversíveis e cumulativas e/ou presentes por pelo menos 6 meses. O dano cumulativo foi avaliado pelo *Systemic Lupus International Collaborating Clinics/American College of Rheumatology-damage index* (SLICC/ACR-DI) até o dia da realização dos heredogramas<sup>119</sup>. Os escores variam de 0 a 47 e a presença de dano foi confirmada se escore ≥ 1.

Não há estudos de validação do uso do instrumento em crianças, mas a relação entre atividade cumulativa da doença e dano acumulado encontrada em diversos estudos<sup>120,121</sup> apoia a validade do índice para essa população.

Dada à capacidade regenerativa própria da infância, modificações no índice têm sido sugeridas, dentre elas: o uso de pesos nos domínios, integração de itens como atraso no crescimento e início da puberdade<sup>118,122,123</sup>.

## **5.6 Heredograma**

A análise das famílias foi realizada com no mínimo três gerações de indivíduos, essa metodologia é a mais comum na busca da base genética de um dado fenótipo complexo. Nesses casos, a família é geralmente acessada a partir de um probando<sup>124</sup>. No caso do paciente criança, o heredograma foi feito com informações dadas pelos pais ou acompanhante familiar.

A pesquisa nas famílias foi realizada de forma sistemática. Desenhamos o heredograma buscando o maior volume de componentes possíveis e estendemos pelos dois lados da família. O *status* fenotípico é questionado um a um sem a omissão de ramos que, porventura, pareçam não apresentar membros afetados, perguntamos também a respeito de outras doenças autoimunes. Visando não ser tendencioso, perguntas como "Quem tem esse problema na família?" não foram formuladas.

Como dependemos da memória dos entrevistados, os históricos familiares tenderam a ser inexatos, incluindo tanto falsos positivos quanto negativos.

Os heredogramas foram desenhados manualmente com os símbolos convencionais, sendo que os probandos foram indicados por uma seta.

### **5.6.1 Análise dos heredogramas**

O desenho dos heredogramas foi analisado por inspeção visual. O objetivo é verificar se há um componente genético na etiologia do problema nas famílias estudadas e, em caso positivo, determinar o padrão ou padrões de herança do mesmo. Consideramos familiares de primeiro grau os pais, irmãos e filhos. Segundo grau os meio-irmãos, tios/tias e sobrinhos. Terceiro grau os avós e primos.

### **5.7 Coleta das amostras**

Foram coletados de 4mL de sangue periférico em tubos cônicos, contendo 1,0 mL de EDTA (etilenediaminotetracetato dissódico 2H<sub>2</sub>O) a 10% e pH 8,0 como anticoagulante para a extração de DNA genômico.

#### **5.7.1 Extração de DNA genômico**

Para obtenção das amostras de DNA genômico foi utilizado o kit de extração QIAamp® DNA Blood Midi (Qiagen®) seguindo o protocolo de extração descrito abaixo.

Descartamos o plasma (parte superior) com cuidado para não descartar a parte intermediária (leucócitos). Transferimos 2 ml ou 1 ml do sangue (se fosse necessário utilizar 1 ml, adicionamos 1 ml de tampão fosfato-salino) (parte intermediária e inferior) para um tubo falcon de 15 ml. Posteriormente adicionamos 200 µl de protease (previamente diluída em

H<sub>2</sub>Od); 2,5 ml de tampão AL e invertemos os tubos por 10 minutos. Após agitarmos no vórtex por 10 segundos deixamos em banho maria a 70°C por 10 minutos.

Quando retiramos no banho maria, adicionamos 2 ml de Etanol 100%; invertemos os tubos por 10 minutos e agitamos no vórtex por 10 segundos. Transferimos novamente toda a solução para um tubo da coluna. Centrifugamos a 4.000 rpm por 4 minutos. Após a centrifugação, tiramos a coluna e descartamos o filtrado. Limpamos a barda próxima à coluna para retirar respingos presentes no tubo.

Adicionamos 2 ml do tampão AW1 (previamente diluído em etanol 100%) e centrifugamos a 4.000 rpm por 4 minutos (NÃO DESCARTAMOS SOBRENADANTE). Adicionamos 2 ml do tampão AW2 (previamente diluído em etanol 100%) e centrifugamos novamente a 4.000 rpm por 15 minutos.

Limpamos os respingos da coluna. Colocamos a coluna em um tubo falcon novo e adicionamos 150 µl do tampão AE, espalhando por toda a membrana. Deixamos a temperatura ambiente por 7 minutos. Centrifugamos a 4.000 rpm por 3 minutos, pegamos o filtrado e colocamos novamente na coluna e deixamos novamente à temperatura ambiente por 7 minutos. Por fim centrifugamos a 4.000 rpm por 3 minutos.

Deixamos entrar em solução por uma noite e depois colocamos no tubo criogênico e guardamos no freezer.

## 5.8 Técnica de aGH

A técnica de aGH foi realizada utilizando a plataforma GeneChip System CytoScan HD<sup>TM</sup> (Affymetrix®) e o kit de reagentes compatível (Affymetrix®). O chip CytoScan HD<sup>TM</sup> (Affymetrix®) contém sondas de oligonucleotídeos com poder para detecção de alterações estruturais, com ampla cobertura do genoma, com capacidade para identificar

aproximadamente 2,6 milhões de CNVs e polimorfismos de base única (SNP do inglês: Single Nucleotide Polymorphism), com uma média de espaçamento de 1 Kb entre as sondas.

Cada célula do chip tem um tamanho de 5 x 5 micrômetros ( $\mu\text{m}$ ), e possui uma posição bem determinada. Cada SNP conta com 3 réplicas para cada alelo espalhadas em várias regiões do chip proporcionando medições múltiplas e independentes de cada região genômica, aumentando a precisão, confiabilidade e reproduzibilidade dos resultados. Sendo assim os GeneChip® contêm centenas de milhares de sondas de DNA individualizadas, que no seu conjunto representam todo o genoma humano incluindo variações intragênicas correlacionadas.

Há uma cobertura de 100% dos genes constitucionais do ClinGen, cobrindo ainda, cerca de 83% dos genes do OMIM e 80% dos mais de 36 mil genes do NCBI Reference Sequence Database (RefSeq).

A técnica de aGH foi realizada no Laboratório de Genética Molecular, do Departamento de Genética Médica da FCM/UNICAMP, seguindo as recomendações do fabricante.

#### **Avaliação da integridade do DNA:**

A integridade do material genético foi avaliada através de gel de agarose 1% em cuba de eletroforese a fim de observar a presença de indícios de degradação do DNA. Em seguida, verificou-se a concentração e os graus de pureza do DNA utilizando o espectrofotômetro Nanodrop2000®. Os padrões de pureza adequados devem possuir as razões de absorbância entre: A260/A280: 1,7 - 2,0; A260/A230: >1,1 e A320: 0,01-0,1.

#### **Diluição das amostras de DNA:**

As amostras foram diluídas em tampão Low EDTA TE buffer (Affymetrix, EUA) para a concentração de 50 ng/µL e novamente quantificadas no espectrofotômetro para confirmação.

O protocolo descrito abaixo contem as quantidades de reagentes necessárias para amostras individuais para a realização de cada etapa. As quantidades de reagentes ser multiplicadas pelo total de amostras a serem feitas a cada vez.

#### **Digestão do DNA:**

Os DNAs foram submetidos à digestão em sítios específicos com a enzima Nsp I (Affymetrix, EUA) para a obtenção de fragmentos de DNA de tamanhos variados. Foram adicionados 5 µL dos DNAs a 50 ng/µL (250 ng) aos poços correspondentes de uma placa de 96 poços. Como controle positivo foi utilizado 5 µL do DNA fornecido no kit e como controle negativo, 5 µL de tampão TE Low EDTA. Em seguida, preparamos o mix de digestão em um tubo de 1,5 mL contendo: 11,55 µL de água livre de nuclease, 0,2 µL de BSA 100X, 2,0 µL de tampão da NspI 10X e 1,0 µL enzima NspI. O mix foi colocado no vórtex três vezes em alta velocidade e centrifugado uma vez em alta velocidade, posteriormente distribuímos 14,75 µL às amostras nos poços correspondentes da placa. A placa foi selada, colocada no vórtex uma vez em alta velocidade e centrifugada a 2.000 rotações por minuto (RPM) durante um minuto. Em seguida, a reação foi incubada em um termociclador nas seguintes condições: 37°C por 2 horas, 65°C por 20 minutos e 4°C indefinidamente.

#### **Ligaçāo aos adaptadores:**

Nesta etapa, adaptadores específicos são ligados as extremidades livres de 4 pares de base (pb) de comprimento dos fragmentos de DNA anteriormente digeridos pela enzima NspI. Para que esta reação ocorra, foi feito o mix de ligação em um tubo de 1,5 mL contendo os reagentes: 0,75 µL de adaptador NspI, 2,5 µL tampão da T4 DNA Ligase 10X e 2,0 µL da enzima T4 DNA Ligase. Em seguida, o mix foi colocado no vórtex três vezes em alta

velocidade, e centrifugado uma vez em alta velocidade, posteriormente distribuímos 5,25 µL aos poços correspondentes da placa. A placa foi selada, colocada no vórtex uma vez em alta velocidade, e centrifugada a 2.000 rpm durante 1 minuto. A este passo seguiu-se a incubação da reação em um termociclador nas seguintes condições: 16°C por 3 horas, 70°C por 20 minutos e 4°C indefinidamente.

#### **Amplificação dos fragmentos por PCR:**

A placa contendo as amostras foi centrifugada a 2.000 rpm durante um minuto. As amostras foram diluídas em 75 µL de água livre de nuclease. A placa foi devidamente selada e colocada no vórtex duas vezes e centrifugada novamente nas condições similares às citadas anteriormente. Quatro alíquotas de 10 µL de cada amostra foram transferidas para outra placa de PCR. Em seguida, o mix de PCR foi preparado em um tubo de 50 mL contendo os seguintes reagentes: 39,5 µL de água livre de nucleasse, 20,0 µL de reagente GC-Melt, 14,0 µL de dNTP, 4,5 µL de iniciador (PCR Primer 002), 10,0 µL tampão da Taq TITTANIUMTM 50X, 2,0 µL da enzima Taq DNA Polimerase TITTANIUM™. O mix foi colocado no vórtex três vezes em alta velocidade e centrifugado uma vez em alta velocidade. 90 µL foram adicionados aos poços correspondentes da placa. A placa foi então selada, colocada no vórtex duas vezes em alta velocidade e centrifugada a 2.000 rpm durante um minuto. A este passo seguiu-se a incubação da reação em um termociclador nas seguintes condições: 94°C por 3 minutos, 94°C por 30 segundos, 60°C por 45 segundos, 68°C por 15 segundos, 68°C por 7 minutos, 4°C indefinidamente. Estas condições da PCR foram otimizadas pelo fabricante para amplificar preferencialmente fragmentos entre 150 e 2.000 pb.

#### **Primeiro ponto de verificação:**

Realizamos eletroforese em gel de agarose 2% do produto da PCR para checar se as etapas de digestão, ligação e amplificação do material ocorreram de forma correta. Foi utilizado tampão de amostra (6X DNA Loading Dye) e marcador (Gene Ruler 100 bp Plus

DNA Ladder- 100-3000 pb). Como as condições da PCR foram otimizadas para amplificar fragmentos entre 150 e 2.000 pb, o padrão de bandas da PCR otimizadas para amplificar fragmentos entre 150 e 2.000 pb visualizado no gel deve corresponder a esse intervalo, como mostrado na Figura 1.

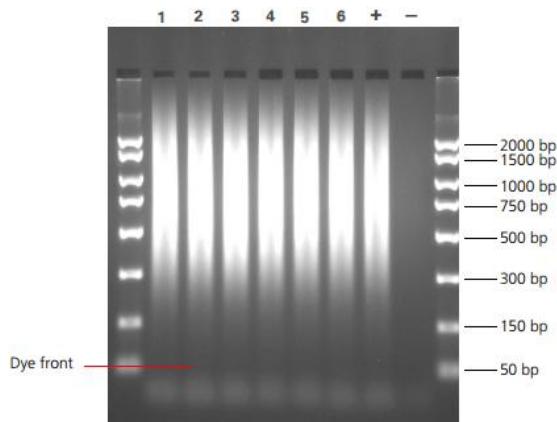


Figura 2. Padrão de bandas do gel de agarose 2% dos produtos amplificados da PCR. A maioria dos fragmentos devem estar entre 150 e 2.000 pb. Fonte: Manual Cytoscan HD<sup>TM</sup>.

### **Purificação dos produtos da PCR:**

Os quatro produtos da PCR de cada amostra foram colocados juntos em tubos de 1,5 mL correspondentes. Foram adicionados 720 µL do reagente Purification Beads em cada amostra. Cada tubo foi tampado, misturado por inversão e incubado a temperatura ambiente durante dez minutos. Os tubos foram centrifugados a 16.100 força centrífuga relativa (FCR) durante três minutos e transferidos para um suporte magnético (MagnaRackTM Life Technologies). Com os tubos no suporte, o sobrenadante foi retirado e descartado com o auxílio de uma pipeta, sem que o precipitado fosse tocado. Em seguida, 1,0 mL do tampão de lavagem foi adicionado a cada amostra. Os tubos foram tampados e levados ao vórtex na velocidade máxima durante dois minutos. Centrifugou-se a 16.100 rcf durante três minutos.

Em seguida, os tubos foram levados de volta ao suporte magnético. Novamente o sobrenadante foi retirado e descartado, com auxílio de uma pipeta, sem que o precipitado fosse tocado.

Centrifugou-se a 16.100 rcf durante 30 segundos e removeu-se do fundo do tubo qualquer resíduo do tampão de lavagem com o auxílio de uma pipeta. Os tubos foram retirados do suporte magnético e deixados destampados durante dez minutos em temperatura ambiente para assegurar que qualquer resíduo restante evaporasse.

Adicionou-se 52 µL do tampão de eluição nas amostras. Os tubos foram tampados, colocados dentro de um adaptador de espuma e levados ao vórtex na velocidade máxima durante dez minutos para ressuspender o material aderido às beads magnéticas. Centrifugou-se a 16.100 rcf durante três minutos. Os tubos foram colocados no suporte magnético por dez minutos, até que todas as beads magnéticas aderissem à parede do tubo. O volume de 47 µL da amostra eluída foi transferido para o poço correspondente de uma placa de 96 poços. A placa foi devidamente selada, levada ao vórtex uma vez em alta velocidade e centrifugada a 2.000 rpm durante um minuto.

### **2º ponto de verificação:**

Para o prosseguimento dos experimentos os produtos da PCR foram quantificados no espectrofotômetro Epoch (BioTeK®) e os padrões atingidos deveriam ser:

Concentração:  $\geq 3.000 \text{ ng}/\mu\text{L}$

Pureza: Razão A260/A280: 1,8-2,0

Medição A320:  $< 0,1$

### **Fragmentação:**

Inicialmente, a placa contendo o produto purificado foi levada ao vórtex uma vez em alta velocidade e colocada sobre o bloco de refrigeração em gelo, no qual permaneceu durante

essa etapa. Em seguida, o mix da fragmentação foi preparado em um tubo de 1,5 mL contendo os reagentes: 122,4 µL de água livre de nuclease; 7,2µL de reagente de fragmentação (2.5 U/µL); 158,4 µL de tampão de fragmentação. O mix foi colocado no vórtex três vezes em alta velocidade, e distribuímos 10,0 µL aos poços correspondentes da placa. A placa foi selada, colocada no vórtex uma vez em alta velocidade e depois em uma centrífuga pré-refrigerada (4°C) a 2.000 rpm durante um minuto. A este passo seguiu-se a incubação da reação em um termociclador nas seguintes condições: 37°C por 35 minutos, 95°C por 15 minutos e 4°C indefinidamente.

### **3º ponto de verificação:**

Foi feita eletroforese em gel de agarose 4% do produto fragmentado para checar se a fragmentação ocorreu de forma esperada. Foi utilizado tampão de amostra (6X DNA Loading Dye) e marcador (GeneRuler Ultra Low Range DNA ladder, 10-300 pb). O padrão de bandas visualizado no gel deve corresponder ao intervalo de 25 a 125 pb para confirmar que houve a fragmentação, como mostrado na Figura 2.

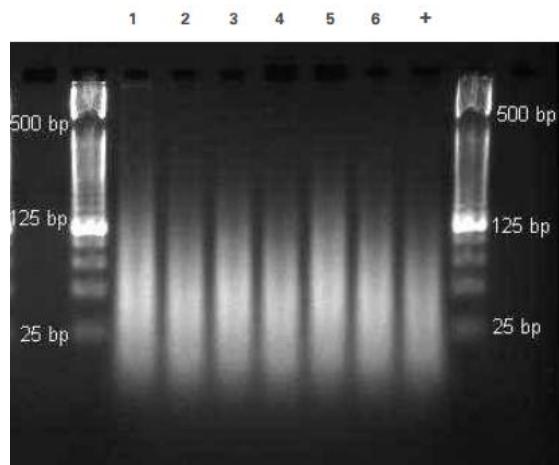


Figura 3. Padrão de bandas do gel de agarose 4% dos produtos amplificados da PCR. A maioria dos fragmentos devem estar entre 25 e 125 pb. Fonte: Manual Cytoscan HD™.

### **Pré-marcação:**

A placa contendo o produto purificado foi levada ao vórtex uma vez em alta velocidade, e colocada sobre o bloco de refrigeração em gelo, onde permaneceu durante essa etapa. Em seguida, o mix da pré-marcação foi preparado em um tubo de 1,5 mL contendo os reagentes: 2,0 µL de reagente de marcação do DNA, 14,0 µL de tampão da TdT 5X e 3,5 µL de enzima TdT. O mix foi colocado no vórtex três vezes em alta velocidade, e distribuído igualmente em tubos conectados (strip). Com o auxílio de uma pipeta multicanal, 19,5 µL foram adicionados aos poços correspondentes da placa.

A placa foi selada, colocada no vórtex uma vez em alta velocidade e depois em uma centrífuga pré-refrigerada (4°C) a 2.000 rpm durante um minuto. A este passo seguiu-se a incubação da reação em um termociclador nas seguintes condições: 37°C por 4 horas, 95°C por 15 minutos e 4°C indefinidamente.

### **Hibridação:**

Nesta etapa, cada amostra foi hibridada em um chip CytoScan HD<sup>TM</sup>. Inicialmente, o mix da hibridação foi preparado em um tubo de 15 mL contendo os reagentes: 165,0 µL de tampão de hibridação I, 15,0 µL tampão de hibridação II, 7,0 Ml de tampão de hibridação III, 1,0 µL de tampão de hibridação IV e 2,0 µL do reagente Oligo Control 0100. O mix foi colocado no vórtex três vezes em alta velocidade, e distribuído em um reservatório. Com o auxílio de uma pipeta multicanal 190 µL foram adicionados aos poços correspondentes das amostras. A placa foi selada, colocada no vórtex duas vezes em alta velocidade, e centrifugada a 2.000 RPM durante um minuto. A este passo seguiu-se a incubação da reação em um termociclador nas seguintes condições: 95°C por 10 minutos e 49°C indefinidamente. Em seguida, com as amostras no termociclador a 49°C, adicionou-se 200 µL de cada amostra em um chip individual. Os septos foram vedados firmemente com adesivo e, imediatamente, os chips foram levados ao forno de hibridação (GeneChip® Hybridization Oven 640; Affymetrix Inc.), onde permaneceram por um período de 16 horas a 50°C e 60 rpm.

**Lavagem e marcação:**

Após os chips serem retirados do forno de hibridação, o conteúdo no chip foi removido e substituído por 200 µL de tampão do array (Array Holding Buffer). Em seguida, os chips foram inseridos na estação de lavagem (GeneChip® Fluidics Station 450; Affymetrix Inc.), quatro de cada vez. Na estação de lavagem foram executados dois passos: a remoção do excesso de marcador e coloração. Para tal, dois recipientes contendo os tampões de lavagem A (Wash A) e B (Wash B) e outro recipiente contendo água estéril foram posicionados na parte lateral do equipamento. Os tampões de coloração 1 (Stain buffer 1) e 2 (Stain buffer 2) e o tampão do array (Array holding buffer) foram aliquotados em respectivos tubos cônicos de 1,5 mL. Cada conjunto de três tubos contendo os reagentes citados correspondeu a um chip e foi posicionado na parte frontal da estação. O programa para execução automática das etapas de lavagem e coloração dos chips CytoScan HD™ foi selecionado e teve duração de duas horas para cada conjunto de quatro chips.

**Escaneamento:**

O equipamento GeneChip® Scanner 3.000 7G foi utilizado para gerar os resultados da varredura completa do genoma. São utilizados programas específicos para captação de imagem do GeneChip CytoScan HD Array analisado. A imagem dessa leitura pode ser observada com o programa de visualização GeneChip® Operating *software* (GCOS) (Affymetrix®), no qual pode-se verificar o padrão das sondas controle do sistema, dispostas nas extremidades e no centro de cada chip, de forma a se comprovar que as condições de hibridação do microarranjo foram adequadas.

**5.8.1 Análise dos dados****Qualidade dos experimentos:**

O programa GCOS (Affymetrix®) realiza a conversão da aglomeração das intensidades das sondas decorrentes do escaneamento dos chips em logaritmo. Dentre os sete arquivos gerados para cada amostra, está o arquivo com extensão .CEL, utilizado como input para a análise dos dados realizada pelo *software Chromosome Analysis Suite* (ChAS) (versão 3.1, Affymetrix®). Para a avaliação da qualidade dos experimentos de aGH, três parâmetros recomendados pelo fabricante são visualizados no ChAS e indicam se os dados obtidos foram satisfatórias para a análise do número de cópias (CN):

Single Nucleotide Polymorphism Quality Control (SNPQC): parâmetro métrico que fornece informações sobre o nível global da qualidade dos dados a partir de uma perspectiva de SNPs. Esse indicador estima a distribuição dos alelos em homozigose (AA ou BB) e em heterozigose (AB), calculando a distância entre eles. Quanto melhor a separação dessas distribuições, melhor é a capacidade de identificar o genótipo com base na sua posição no cluster. Arrays com  $\text{SNPQC} \geq 12$  são considerados de qualidade adequada.

Median Absolute Pairwise Difference (MAPD): parâmetro que mede a variação de curto alcance do conjunto de sondas de array em todo o genoma. Esse indicador representa a mediana da distribuição das alterações no log<sub>2</sub> ratio entre sondas adjacentes. Como o MAPD mede diferenças par a par entre sondas adjacentes os efeitos são medidos em curta distância no array. A variabilidade aumentada no log<sub>2</sub> ratio diminui a qualidade da determinação do CN. Arrays com  $\text{MAPD} \leq 0,25$  são capazes de determinar o CN com clareza.

Waviness Standard Deviation (WavinessSD): parâmetro que mede a variação de longo alcance do conjunto de sondas de array em todo o genoma. Esse indicador mede o desvio padrão do log<sub>2</sub> ratio referente à extensão da faixa de variação em grandes segmentos. Arrays com  $\text{WavinessSD} \leq 0,12$  são considerados adequados.

Nós hibridamos 114 chips que foram avaliados pela técnica de aGH apresentaram padrão visual dentro do esperado e os controles positivos do sistema puderam ser verificados

comprovando as condições adequadas de hibridação do chip. Em seguida, os três parâmetros de qualidade: SNPQC, MAPD e WavineesSD estimados pelo programa ChAS foram avaliados e 17 casos não apresentaram os padrões adequados e destes 10 foram refeitos. Após as repetições, os 107 chips puderam ser processados para a análise de CNVs.

### **Determinação de CNVs pelo ChAS:**

O ChAS calcula a presença de CNVs baseado em dez etapa sucessivas. A estimativa do número de cópias neste programa é feita pelo cálculo do algoritmo Hidden Markov Model (HMM), enquanto que a determinação do sexo é feita pelo cálculo do algoritmo Y-Gender. Os dados gerados na determinação de CNVs pelo ChAS são visualizados na forma de gráficos e tabelas. Nos gráficos, são observados o log2 ratio, o weighted log2 ratio, CN state (CN) e o “*allele peaks*”. O CN refere-se ao número de cópias de cada segmento genômico. A cópia diploide normal é representada pelo CN=2, enquanto que CN<2 (CN=0 ou CN=1) corresponde à deleção e CN>2 (CN=3 ou CN=4) corresponde à duplicação de segmentos genômicos. O programa gera, para cada indivíduo, uma tabela na forma de arquivo com extensão.txt, contendo informações relacionadas a cada CNV detectada, tais como: localização genômica exata (cromossomo, citobanda, posição inicial e final), o tamanho da CNV, os genes sobrepostos, total ou parcialmente, as CNVs e se estes estão presentes no Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM) ®.

Esse programa também possibilita a análise de perda de heterozigose e de mosaicismo.

### **Análise padrão:**

Na detecção de CNVs pelo programa ChAS o número de sondas necessárias para definir as variantes foi limitado no mínimo de 25, no caso de deleção, e de 50, no caso de duplicação. Os limiares foram determinados de acordo com o que foi recomendado pela

Affymetrix® como seguro na detecção de CNVs com pouco risco de resultados falso-positivos. É necessário maior número de marcadores para as regiões de duplicações no intuito de neutralizar o viés de que essas regiões por envolverem seguimentos maiores do que deleções possuem também mais marcadores do que o limite estipulado<sup>124</sup>.

As CNVs em que o programa utilizou os recursos smoothed/joined (que combinam segmentos adjacentes de CN states diferentes ou que unem segmentos separados por intervalos pequenos dos segmentos com número de cópia normal) foram inspecionadas cuidadosamente com o intuito de filtrar as CNVs com risco de serem falso-positivas e eliminá-las das análises subsequentes.

Grupos de referência: foram utilizados dois grupos de referência: amostras padronizadas e disponíveis no *software* e amostras de controles da população brasileira. O arquivo modelo de referência do CytoScan HD™ (Affymetrix Inc., Santa Clara, CA, USA) inclui os dados de CNVs de 380 indivíduos controles executados como parte de um conjunto de nove operadores que processaram aproximadamente 48 amostras únicas em duas rodadas cada, com randomização das amostras de DNA, reagentes e instrumentos utilizados. A amostra de DNA consistiu em 284 amostras do projeto HapMap de três grupos étnicos distintos, contendo pelo menos uma réplica de cada uma das 270 amostras do HapMap<sup>125</sup>: 90 africanos (Yoruba), 90 asiáticos e 90 caucasianos, derivadas de linhagens celulares pertencentes ao Instituto de Pesquisa Médica Coriell (Coriell Institute of Medical Research), e 96 amostras de DNA a partir de sangue de indivíduos saudáveis pertencentes à companhia BioServe Biotechnologies (BioServe, Beltsville, USA).

### **Estratégia de análise das CNVs:**

Após a realização da técnica de array, os dados de cada paciente foram comparados contra o grupo de referência disponível no ChAS e o grupo controle. O grupo controle da

população brasileira foi montado utilizando dados de CNVs de arrays processados com o DNA de 117 indivíduos normais executados por um consórcio de pesquisadores da FCM/UNICAMP.

Considerando os resultados laboratoriais e as pesquisas em base de dados, a relevância das CNVs encontradas foi baseada em determinados parâmetros e seguindo o fluxograma abaixo (Figura 4).

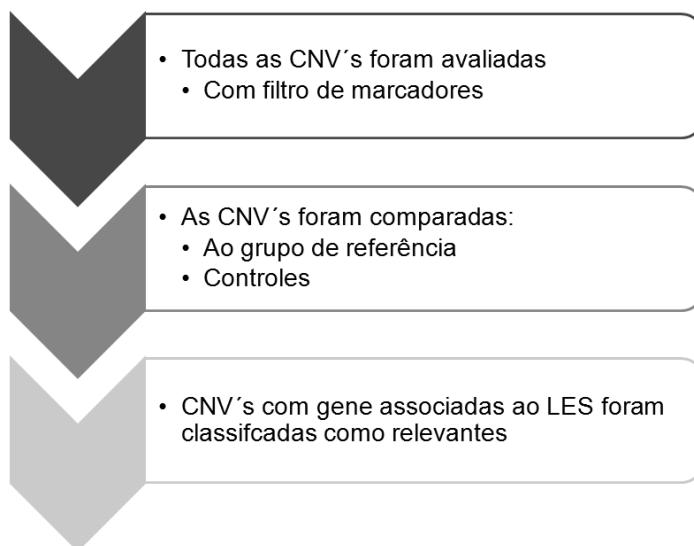


Figura 4. Fluxograma de análises das CNV's.

Os genes e suas respectivas funções com CNV's já descritas em pacientes com LES podem ser observados na tabela abaixo (Tabela 2).

Tabela 2: Genes que foram estudados em relação a presença de CNV's e sua associação e risco para o desenvolvimento de LES.

Gene	Função	Tipo de CNV
<i>C4 complement</i> C4 e frações <sup>89-94,96-98</sup>	Este gene codifica a forma ácida do factor 4 do complemento, parte da via de ativação clássica.	Deleções são fatores de risco Duplicações podem ser protetoras
<i>Fc fragment of IgG receptor</i> <i>FCGR3A</i> <i>FCGR3B</i> <i>FCGR2A</i> <sup>99-108</sup>	Este gene codifica um receptor para a porção Fc da imunoglobulina G e está envolvido na remoção de complexos antígeno-anticorpo da circulação e outras respostas dependentes de anticorpos.	Deleções associadas ao LES
<i>Toll like receptor 7</i> <i>TLR7</i> <sup>86-88</sup>	A proteína codificada por esse gene desempenha um papel fundamental no reconhecimento de patógenos e na ativação da imunidade inata.	Duplicações associadas ao LES
<i>Major histocompatibility complex, class II, DR beta 5</i> <i>HLADRB5</i> <sup>112</sup>	Sua proteína desempenha um papel central no sistema imunológico através da apresentação de peptideos derivados de proteínas extracelulares.	Duplicações associadas ao LES Deleções tendem a ser protetoras
<i>RAB GTPase activating protein 1 like</i> <i>RABGAP1L</i> <sup>95</sup>	Codifica uma proteína activadora de RAB GTPase. Sugeriu-se que esta molécula é uma tirosina quinase com um papel na transdução de sinal e na formação de junções celulares. Suas funções biológicas ou contribuições para a patogênese da doença ainda não são conhecidas.	Deleções associadas ao LES
<i>Defensin alpha 1 and alpha 3, variable copy number locus</i> <i>DEFA1A3</i> <sup>127</sup>	As proteínas codificadas por estes genes possuem mecanismos antimicrobianos e tem um papel importante na função do sistema imune inato.	Sem associação
<i>Defensin beta 4A</i> <i>DEFB4</i> <sup>111</sup>	Este gene codifica a defensina beta 4, um peptideo antibiótico que é regulado localmente pela inflamação.	Duplicações associadas ao LES
<i>T helper 17</i> <i>Th17</i> <sup>109</sup>	Desempenham um papel na defesa do hospedeiro contra agentes patogénicos extracelulares mediando o recrutamento de neutrófilos e macrófagos para tecidos infectados.	Duplicações associadas ao LES
<i>Interleukin 12B</i> <i>IL12B</i> <sup>110</sup>	Subunidade da interleucina 12 atua sobre células T e natural killer	Duplicações associadas ao LES
<i>Histamine receptor H4</i> <i>HRH4</i> <sup>128</sup>	A proteína desempenha um papel na inflamação e respostas alérgicas.	Duplicações associadas ao LES
<i>Hematopoietic interferon-inducible nuclear antigens with 200 amino acid repeats</i> <i>HIN200</i> <sup>129</sup>	São reguladores da proliferação e diferenciação celular e está envolvida tanto em processos apoptóticos como inflamatórios.	Sem associação

Legenda: MHC: Major Histocompatibility Complex, em português: complexo principal de histocompatibilidade.

## 5.9 Análise estatística

Para a determinação dos resultados foi utilizado o teste de normalidade de Shapiro-Wilk. Para as variáveis não normais foram utilizados o teste de *Mann-Whitney*, o teste exato de Fischer e o qui-quadrado foram utilizados para comparar as variáveis categóricas e a correlação de Spearman para correlacionar as variáveis contínuas. Para todas as análises,  $p<0,05$  foi considerado estatisticamente significativo.

Os resultados serão mostrados na forma de artigos completos.

## 6. RESULTADOS

### **6.1 Capítulo 1. Agregação familiar em pacientes com Lúpus Eritematoso Sistêmico de início juvenil**

Nailú Angélica Sinicato MsC<sup>1</sup>, Timothy B Niewold MD<sup>2</sup>, Luciana Oliveira MsC<sup>1</sup>, Aline Tamires Lapa MsC<sup>1</sup>, Mariana Postal PhD<sup>1</sup>, Karina de Oliveira Peliçari MsC<sup>1</sup>, Lilian TL Costallat MD, PhD<sup>1</sup>, Roberto Marini MD, PhD<sup>1</sup>, Vera Lúcia Gil-da-Silva-Lopes MD, PhD<sup>3</sup>, Simone Appenzeller MD, PhD<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Reumatologia, Departamento de Medicina, Faculdade de Ciências Médicas, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, Brasil

<sup>2</sup> Clinica Mayo, Divisão de Reumatologia, Departamento de Imunologia, Rochester, Minnesota, Estados Unidos da América

<sup>3</sup> Departamento de Genética Médica, Faculdade de Ciências Médicas, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, Brasil

Palavras Chave: Lúpus Eritematoso Sistêmico juvenil, Recorrência Familiar, Susceptibilidade.

Apoio Finaceiro: Fundação Apoio À Pesquisa Estado São Paulo-Brasil (FAPESP 2008/02917-0 and 2009/06049-6 and 2009/15286-1), Conselho Nacional Pesquisa Desenvolvimento-Brasil CNPq (300447/2009-4 and 471343/2011-0 and 302205/2012-8 and 473328/2013-5)

Autor Correspondente: Simone Appenzeller- Departamento de Medicina, Faculdade de Ciências Médicas, Universidade Estadual de Campinas, Cidade Universitária, Campinas SP, Brasil, CEP 13083-970; FAX: +55 19 3289-1818

E-mail: appenzellersimone@yahoo.com

#### **Resumo**

Introdução: Fatores genéticos participam do desenvolvimento do Lúpus Eritematoso Sistêmico (LES), fato evidenciado pelo alto risco de irmãos desenvolverem LES ( $\lambda_s=8-29$ ) e a alta taxa de concordância entre gêmeos monozigóticos (>35%) quando comparada a taxa de gêmeos dizigóticos (2-5%). É evidente que as bases genéticas do LES diferem de acordo com a ancestralidade dos pacientes e ainda é pouco compreendida em descendentes não europeus. Nesse estudo, nosso objetivo foi avaliar a ocorrência familiar de doenças autoimunes em pacientes brasileiros com LES de início juvenil (LESj). Pacientes e métodos: incluímos pacientes com LESj (início da doença  $\leq 18$  anos) seguidos no ambulatório de Reumatologia pediátrica do Hospital de Clínicas da UNICAMP. Cada paciente foi entrevistado pessoalmente sobre o histórico de doenças autoimunes em pelo menos três gerações familiares (avós, pais, tios/tias, primos e irmãos). Taxas de recorrência foram calculadas dividindo os pacientes com LES familiar sobre os sem LES familiar de acordo com cada geração. Resultado: Nós incluímos 112 pacientes com LESj [96 (85,7%) mulheres]. Os pacientes incluídos somaram 3812 familiares. Nós observamos 10 familiares de primeiro grau com LES (taxa de recorrência de 25,3 – 25 vezes mais risco de desenvolver LES do que a população em geral). Dez familiares de segundo grau apresentaram LES (taxa de recorrência de 8,3) e 3 familiares de terceiro grau (taxa de recorrência 1,3). As demais doenças autoimunes observadas frequentemente nos familiares foram: hipotireoidismo, hipertireoidismo e artrite reumatoide. Conclusão: Familiares de primeiro grau apresentam maior taxa de recorrência em relação aos de segundo e terceiro grau. Esse padrão é esperado, pois corresponde ao padrão de herança complexa. As taxas de recorrência observadas nesse estudo são comparáveis com as relatadas em ascendência européia.

## Introdução

O Lúpus Eritematoso Sistemico (LES) é uma doença autoimune a qual apresenta patogênese que inclui mecanismo imunológico, fatores hormonais e uma interação genética e ambiental [1]. O LES afeta principalmente mulheres em idade reprodutiva e aproximadamente 10 a 20% de todos os casos são diagnosticados durante a infância, sendo denominada de LES juvenil (LESj) [2].

A prevalência do LES pode variar entre 7 a 160 casos em 100.000 pessoas e sua incidência varia de acordo com a localidade, sendo aproximadamente 1 a 22 casos por 100.000 pessoas por ano [3-5]. No Brasil, a incidência fica em torno de 8,7 casos por 100.000 pessoas por ano de acordo com estudo epidemiológico na região nordeste [5].

A participação dos fatores genéticos no LES é comprovada pela existência da hereditariedade que fica em torno de 66% [6,7]. O maior risco relativo entre irmãos ( $\lambda_s=8-29$ ), e a alta taxa de concordância entre os gêmeos monozigóticos comparados aos gêmeos dizigóticos (>35%) ressalta a importância dos fatores genéticos no LES. Aproximadamente 10% dos pacientes apresentam um familiar de primeiro ou de segundo grau com LES ou alguma doença autoimune [8,9].

A agregação familiar no LES tem sido documentada em estudos familiares [10-19]. Em 1976, um estudo caso-controle sugeriu que o LES familiar provavelmente não seja diferente de um LES esporádico [10].

Foi descrito na literatura que o fator antinuclear (FAN) está presente em 52,9% dos familiares consanguíneos e 56,5% nos familiares não consanguíneos de pacientes com LES [14]. Em 1983 pesquisadores não encontraram evidências suficientes para caracterizar o padrão de herança mendeliano para o LES [12]. Porém, como foi previamente descrito, outras doenças autoimunes são frequentemente observadas nas famílias com LES [16,18] e em 2002

foi observado que tanto doenças autoimunes quanto autoanticorpos são mais frequentemente observados em familiares de pacientes com LES sugerindo a influência genética no LES [19].

Em 2015 foi descrito o primeiro estudo populacional investigando o LES familiar e a coagregação com outras doenças autoimunes em familiares de primeiro grau de pacientes com LES, mostrando um aumento do risco para o LES em 17 vezes quando comparados à população geral. Esse estudo mostrou também uma menor herdabilidade (43,9%) do que estudos prévios, mostrando claramente a importância dos fatores ambientais na contribuição do risco para o desenvolvimento do LES [7].

Está claro que a influência genética no LES difere de acordo com o grau de ancestralidade e que também é menos estudada em indivíduos de ancestralidade não europeia [20]. Nosso objetivo foi analisar a ocorrência de LES e de outras doenças autoimunes em familiares de pacientes com LES de início juvenil.

## **Pacientes e métodos**

### **Sujeitos**

Nós incluímos 112 pacientes consecutivos recrutados no ambulatório de Reumatologia e Reumatologia Pediatrica do Hospital de Clinicas da UNICAMP. Os pacientes foram incluídos se eles apresentassem: (1) no mínimo 4 critérios dos critérios classificatórios do Colégio Americano de Reumatologia [21], (2) fossem menores de 18 anos na data de diagnóstico da doença.

Nós revisamos os prontuários médicos a fim de determinar as variáveis incluídas nesse estudo, as quais foram: idade no diagnóstico, duração da doença, atividade e dano de doença e as características clínicas e laboratoriais. Esse estudo foi aprovado pelo comitê de ética em pesquisa da UNICAMP e todos os participantes ou o seu guardião legal assinaram o termo de consentimento livre e esclarecido.

### **Atividade de doença e dano**

A atividade da doença foi avaliada através do Systemic Lupus Erythematosus Disease Activity Index (SLEDAI) [22]. O SLEDAI possui pontuações que variam de 0 a 105 sendo que pontuações  $\geq 3$  são consideradas como doença ativa [23]. O SLEDAI ajustado ao longo do tempo foi calculado através da revisão de prontuários e de exames prévios [24].

O dano cumulativo de todos os pacientes foi avaliado através do Systemic Lupus International Collaborating Clinics (SLICC)/ACR Damage Index (SDI) [25].

### **Investigação clínica, laboratorial e de tratamento**

O histórico médico, clínico e serológico de cada paciente foi investigado através de prontuários médicos e incluímos no estudo as manifestações que o paciente apresentou pelo menos uma vez ao longo da duração da doença. As manifestações clínicas e laboratoriais foram classificadas e definidas de acordo com o ACR [21].

Consideramos: presença de adinamia; emagrecimento ( $>4$  kg); febre ( $> 37,8^{\circ}\text{C}$ ); artrite (não erosiva em duas ou mais articulações periféricas, vista pelo médico); necrose asséptica (documentada por radiografia simples, cintilografia ou ressonância nuclear magnética); deformidades articulares (geralmente redutíveis, vistas pelo médico); eritema malar (eritema fixo sobre as eminências malares e/ou pregas naso-labiais); lesões discoides (placas eritematosas com descamação, podendo ocorrer atrofia nas lesões antigas); alopecia; úlcera oral e/ou nasal (ulceração oral e/ou em nasofaringe, geralmente dolorosa, observadas por médico); fotossensibilidade (eritema cutâneo resultado da exposição à luz solar, relatado na história clínica ou observada por médico); nefrite (definida pela presença de proteinúria maior que 0,5 g/L em 24 horas, aumento progressivo de creatinina sérica, presença de sedimento urinário ou ainda alterações histopatológicas quando compatíveis com nefrite lúpica, segundo critérios da Organização Mundial de Saúde); síndrome nefrótica foi definida quando a proteinúria ultrapassou 3,0g/dia; hipertensão arterial (HAS): pressão sistólica maior

que 140 mmHg e/ou pressão diastólica maior que 110 mmHg; serosite (presença de pleurite, pericardite ou ambas documentada no exame clínico e por imagem); outras manifestações pulmonares como hipertensão pulmonar, pneumonite e hemorragia pulmonar; outras manifestações cardíacas como miocardite, endocardite própria do LES e infarto do miocárdio; miopatia (revelada por fraqueza muscular, alterações enzimáticas, alterações da biópsia muscular e /ou da eletromiografia). Será considerado também o envolvimento intestinal, hepático, e do sistema retículo-endotelial, presença de tromboembolismo pulmonar e alterações oculares e a presença do fenômeno de Raynaud. A terapêutica atual e pregressa será analisada através da revisão dos prontuários. Todos os exames laboratoriais e autoanticorpos serão realizados seguindo técnicas de rotina utilizadas no Laboratório de Patologia Clínica e no Laboratório de Investigação em Alergia e Imunologia. As alterações hematológicas quando induzidas por drogas ou infecções serão excluídas. Serão considerados: leucopenia ( $<4000$  células/mm $^3$ ); linfopenia ( $<1500$  cels/mm $^3$ ); anemia hemolítica (Coombs direto positivo); trombocitopenia ( $<100000$  cels/mm $^3$ ); fator anti-nuclear (FAN) (por imunofluorescência indireta, positivo em títulos maiores que 1:40); anticorpo anti-DNA de fita dupla (por imunofluorescência indireta com *Crithidia luciliae* como substrato); anticorpo anti-Sm (por imunodifusão dupla); Anticorpo anticardiolipina (por método imunoenzimático); anticoagulante lúpico (por TTPA e Russel).

Os níveis de anticorpos anticardiolipina (aCL) IgG e IgM foram mensurados pela técnica de ELISA [26]. A atividade do lúpus anticoagulante foi detectada por ensaios em plasma pobre em plaquetas obtido através de dupla centrifugação seguindo as recomendações do Comite Científico e de Normalização da Sociedade Internacional de Trombose e Homeostasia [27].

As medicações em uso em algum momento do tratamento também foram incluídas no estudo. Além disso, nós calculamos a dose prescrita cumulativa de corticosteroide para cada paciente.

### **História Familiar**

Cada paciente foi entrevistado pessoalmente e obtivemos os dados de no mínimo 3 gerações familiares (avós e primos, tios/tias e sobrinhos, pais e irmãos) sobre doenças autoimunes. Nós pesquisamos o histórico familiar de tireoidite de Hashimoto, diabetes melittus tipo 1, anemia hemolítica, púrpura trombocitopenica, leucopenia idiopática, neutropenia autoimune, colite ulcerativa, doença de Crohn, miastenia gravis, esclerose múltipla, febre reumática, psoríase, vasculite cutânea, uveíte idiopática, LES, artrite reumatoide, esclerose sistêmica, dermatomiosite e polimiosite, doença mista do tecido conjuntivo, lúpus eritematoso discoide, síndrome antifosfolipide, síndrome de Sjögren, fenômeno de Raynaud e vasculite sistêmica [18].

### **Análise estatística**

Nós avaliamos pacientes que tinham pelo menos um familiar com alguma doença autoimune (exceto LES) e avaliamos os pacientes que possuem familiares com diagnóstico de LES. Ambas as avaliações foram feitas independente do grau de parentesco (se primeiro, segundo ou terceiro grau).

Cada um desses grupos foi comparado com o restante dos pacientes incluídos que não possuíam familiares com LES ou outras doenças autoimunes. Familiares distantes, a partir da quarta geração em diante, foram excluídos das análises.

As análises estatísticas para comparação das características clínicas, laboratoriais e de tratamento entre os pacientes com e sem histórico familiar foi feita pelo teste de qui-

quadrado e quando apropriado pelo teste exato de Fischer. Esses testes também foram usados para a comparação da ocorrência de LES e das demais doenças autoimunes (exceto LES) nos familiares de pacientes com a ocorrência dessas doenças na população em geral.

## Resultados

### Demográficos

Nós incluímos 112 pacientes com LESj [96 mulheres (85,7%)]. Média de idade de 21 anos  $\pm$  4,8 anos (intervalo 9-36 anos]. Média de idade no diagnóstico 13,2 anos (DP  $\pm$  3,4 anos; intervalo 6-18 anos). Média da duração da doença 7,8 anos (DP  $\pm$  6,5 anos; intervalo 1-19 anos).

### Autoimunidade familiar

As entrevistas diretas com os pacientes incluídos no estudo mostraram que 29 pacientes possuem familiares com pelo menos uma doença autoimune (exceto LES) totalizando 41 familiares. As doenças relatadas foram: 21 (52,5%) hipotireoidismo, 9 (22,5%) hipertireoidismo, 3 (7,5%) artrite reumatoide, 2 (5%) síndrome de Sjögren, 2 (5%) febre reumática, 2 (5%) vitiligo, 1 (3,1%) esclerose sistêmica e 1 (3,1%) síndrome antifosfolipide. As doenças autoimunes mais frequentes foram comparadas à frequência populacional e os resultados estão na tabela 1.

Tabela 1. Prevalência de doenças autoimunes (exceto LES) nos familiares dos pacientes com LES de início juvenil comparadas com a prevalência na população geral.

	Familiares dos pacientes com LESj N=3813	População Geral
<b>Hipotireoidismo [28]</b>		
Presença	21	
OR	0,2517	2,15%
Prevalencia	0,5%	
p valor*	p=0	
<b>Hipertireoidismo [29]</b>		1,2%
Presença	9	(2 a 0,2%)

OR	0,0173	
Prevalencia	0,2%	
p valor *	p=0	
<b>Artrite Reumatoide [30]</b>		
Presença	3	
OR	0,1701	0,5% <sup>a</sup>
Prevalencia	0,1%	
p valor	p=0,0013**	

Legenda: OR: Odds Ratio. <sup>a</sup> Estimativa brasileira. \* Teste de Qui-quadrado. \*\* Teste exato de Fisher

### Recorrência familiar

A análise foi realizada entre os 3813 familiares dos pacientes. Dez pacientes apresentam pelo menos um familiar de primeiro grau com LES (4 mulheres, 2 gêmeas monozigóticas, 2 gêmeas dizigóticas, 1 irmão e 1 pai) resultando na taxa de recorrência de 25,3.

Dez pacientes apresentaram familiares de segundo grau com LES (7 tias e 3 tios), com a taxa de recorrência de 8,3. E nos familiares de terceiro grau, nós observamos 2 avós e 1 primo gerando a taxa de recorrência de 1,3. A estatística da recorrência foi realizada utilizando os dados da população latino-americana (prevalência de 0,001) [18] e os dados estão descritos na tabela 2.

Tabela 2. Prevalencia de LES entre os familiares de pacientes com LES e a comparação com a prevalência da população da América Latina (0,001)

	Primeiro grau	Segundo grau	Terceiro grau
Presença	10	10	3
OR	25.2911	8.3738	1.3610
Prevalência	2.5%	0.8%	0.1%
Taxa de recorrência	25.3	8.3	1.3
Valor de p	p=0*	p=0*	p=0.230**

Legenda: OR:Odds Ratio. \*Teste de Qui-quadrado. \*\* Teste exato de Fisher.

Não observamos diferença estatística na apresentação clínica, laboratorial e de tratamento entre os pacientes com LES familiar e os pacientes com LES esporádico. Os dados que estão apresentados na tabela 3 foram considerados presentes quando manifestados pelo menos uma vez no decorrer na doença.

Tabela 3. Variáveis clínicas, laboratoriais e de tratamento nos pacientes com LESj. Comparação entre pacientes que apresentam ou não recorrência familiar de LES.

	Primeiro grau	Segundo grau	Terceiro grau
Critérios do ACR	p=0,921	p=0,455	p=,229
Idade de início	p=0,454	p=0,688	p=0,757
Duração da doença	p=0,115	p=0,903	p=0,145
SLEDAI ao longo do tempo	p=0,842	p=0,846	p=0,208
SLEDAI	p=0,810	p=0,158	p=0,427
SLICC	p=0,940	p=0,244	p=0923
Alopecia	p=1	p=0,196	p=0,142
Artrite	p=0,754	p=1	p=0,506
Fenômeno de Raynaud	p=0,364	p=1	p=1
Fotossensibilidade	p=0,445	p=1	p=1
Manifestações Neuropsquiátricas	p=0,469	p=0,649	p=1
Miosite	p=1	P=0,240	p=1
Nefrite	p=0,329	p=1	p=0,518

Pericardite	p=0,602	p=0,509	p=1
Pleurite	p=1	p=1	p=1
Rash Malar	p=1	p=1	p=0,523
Serosite	p=0,592	p=1	p=1
Úlcera mucosa	p=0,745	p=1	p=0,111
Vasculite	p=0,201	p=1	p=1
Anemia	p=1	p=1	p=1
Anticardiolipina	p=0,450	p=0,627	p=0,627
Anti-dsDNA	p=0,322	p=0,670	p=1
Anti-La/SSB	p=0,775	p=0,262	p=0,560
Anti-Ro/SSA	p=0,692	p=1	p=0,376
Anti-sm	p=1	p=0,146	p=0,423
FAN	p=0,652	p=0,199	p=1
Hematuria	p=1	p=0,670	p=0,523
Hipocomplementemia	p=0,531	p=0,689	p=0,500
Leucocituria	p=0,1	p=0,661	p=1
Leucopenia	p=0,316	p=0,183	p=0,126
Linfopenia	p=0,616	p=0,545	p=1
Lupus anticoagulante	p=0,147	p=1	p=0,456
Proteinuria	p=0,752	p=0,206	p=1
Trombocitopenia	p=0,1	p=1	p=0,066
Antimalárico	p=1	p=1	p=1
Corticosteroide	p=1	p=1	p=1
Imunossupressor	p=1	p=0,315	p=1
Pulso de Ciclofosfamida	p=0,681	p=1	p=1

\*Legenda: ACR-American College of Rheumatology; SLEDAI-Systemic Lupus Erythematosus Disease Activity Index; SLICC-Systemic Lupus International Collaborating Clinics; FAN – Fator anti nuclear; ds-DNA-duble-stranded deoxyribonucleic acid; Anti-sm-Anti-Smith.

## Discussão

Este estudo teve como objetivo principal avaliar a recorrência familiar de doenças autoimunes nos familiares de pacientes com LESj. A agregação familiar de doenças autoimunes (exceto LES) em pacientes com LES pode ser explicada através da ação de genes que predispõe ou aumentam o risco do desenvolvimento não somente de LES, mas também de outras doenças autoimunes [18,31-35].

Em relação à ocorrência de doenças autoimunes (exceto LES), nós observamos que as doenças da tireoide são as mais frequentes entre os familiares seguidas por artrite reumatoide.

A ocorrência de doenças da tireoide não está significativamente mais elevada nos familiares dos pacientes com LESj quando comparada a prevalência da população geral. Pesquisas já mostraram que as doenças da tireoide são comumente observadas (15%) em pacientes pediátricos com LES [36], bem como na população brasileira e mundial [18,37,38].

O estudo de agregação familiar feito pelo grupo GLADEL com familiares de pacientes com LES adulto [18] mostrou que artrite reumatoide foi a doença mais frequentemente relatada entre os familiares, no entanto em nossos resultados a artrite reumatoide foi a terceira mais frequente e sua frequência foi menor do que a apresentada pela população brasileira (0,5 to 1%)[30].

Na literatura, a frequência de LES nos familiares de primeiro grau dos pacientes com LES é aproximadamente 1-2%. Essa frequência é aumentada em relação à observada na população geral [39]. Nós observamos uma frequência de 2,5% de LES nos familiares de primeiro grau, nossos resultados estão próximos ao observado pelo grupo GLADEL (2,7% to 2,9%) [18].

Nós observamos 25 vezes mais risco de desenvolver LES familiar entre os familiares de primeiro grau do que a população geral (1-2%) porém essa diferença não foi estatisticamente significante. Estudos reportaram uma prevalência de 20,8% de LES familiar no LESj [40] e os estudos realizados com pacientes adultos mostraram a prevalência variando entre 5% no grupo ILUMINA [41], 8% no grupo GRAID [36] e 27,4% no Kuwaiti [42].

Mães dos pacientes com LESj foram os familiares de primeiro grau mais afetados [38], visto que o LES ocorre 9 vezes mais frequentemente no sexo feminino é esperado que haja maior número de mulheres diagnosticadas [3]. Porém alguns estudos encontraram maior frequência de LES entre os irmãos [17,36,41].

O LES familiar diminuiu nos familiares de segundo grau (4,8 vezes mais risco) e de terceiro grau (3,9 vezes mais risco), assim como descrito previamente na literatura [18].

Não observamos famílias com mais de três membros com LES. Somente um estudo da literatura mostrou uma ocorrência familiar de LES em 6 membros da mesma família [36]. Estudos na literatura sugerem que a ocorrência de LES em muitos membros da mesma família indica um padrão mendeliano de herança genética, porém é mais comum observar casos isolados ou poucos casos de recorrência o que reflete a baixa penetrância do LES na população em geral assim como a possível baixa penetrância dos genes de susceptibilidade enfatizando o modelo de herança multifatorial do LES [17,36].

Não observamos diferença estatística em relação à idade, idade de início e duração da doença, porém há relatos de que pacientes com LESj apresentam menor idade de início da doença ( $p=0,001$ ) quando há recorrência familiar de LES [43].

Nós observamos um perfil clínico, laboratorial e de tratamento similar entre os pacientes que apresentam LES familiar e aqueles que não apresentam. Resultados similares foram encontrados na literatura com pacientes juvenis [43], mas em pacientes adultos úlcera oral [36,41], rash malar [36], manifestação renal [36], doença cerebrovascular [41], pericardite, FAN e infarto [17] já foram associados ao LES familiar.

As disparidades raciais no LES são bem documentadas, porém não são completamente compreendidas. Pesquisadores incluíram casos de LES familiar e casos de LES esporádicos em análises estratificadas por raça e observaram que há uma associação entre artrite e células LE em pacientes de descendência Europeu-Americana com LES familiar e uma associação com o teste para sífilis falso-positivo em pacientes de descendência hispânica com LES familiar [16].

Assim como na literatura [40,41], não observamos associação entre atividade de doença e a presença de dano permanente em pacientes com ou sem LES familiar, demonstrando a importância que os fatores ambientais tem no fenótipo do LES.

A taxa de recorrência familiar no LES é maior em familiares de primeiro grau e diminui constantemente entre as gerações, isso é esperado devido à herança complexa do LES. As taxas de recorrência familiar observadas foram comparáveis com as relatadas em descendência européia.

## References

1. Rahman A, Isenberg DA. Systemic Lupus Erythematosus. *N Engl J Med.* 2008;358:929–939.
2. Bader-Meunier B. Initial presentation of childhoodonset systemic lupus erythematosus: a French Multicenter study. *J Pediatr* 2005;146:648-653.
3. D'Cruz DP, Khamashta MA, Hughes GR. Systemic lupus erythematosus. *Lancet.* 2007;369:587-96.
4. Chakravarty EF, Bush TM, Manzi S, et al. Prevalence of adult systemic lupus erythematosus in California and Pennsylvania in 2000: estimates obtained using hospitalization data. *Arthritis Rheum.* 2007;56:2092-4.
5. Vilar MJ, Sato EI. Estimating the incidence of systemic lupus erythematosus in a tropical region (Natal, Brazil). *Lupus.* 2002; 11: 528- 32.
6. Lawrence JS, Martins CL, Drake GL. A family survey of lupus erythematosus, 1:heritability. *JRheumatol.*1987;14:913-921.
7. Kuo CF, Grainge MJ, Valdes AM, et al. Familial Aggregation of Systemic Lupus Erythematosus and Coaggregation of Autoimmune Diseases in Affected Families. *JAMA Intern Med.* 2015;175:1518-26.
8. Moser KL, Kelly JA, Lessard CJ, et al. Recent insights into the genetic basis of systemic lupus erythematosus. *Genes Immun.* 2009;10:373–379
9. Tiffin N, Adeyemo A, Okpechi I. A diverse array of genetic factors contribute to the pathogenesis of systemic lupus erythematosus. *Orphanet J Rare Dis.* 2013;7:8:2.
10. Arnett FC, Shulman LE. Studies in familial systemic lupus erythematosus. *Medicine (Baltimore).* 1976;55:313-22.
11. Buckman KJ,Moore SK,Ebbin AJ, et al. Familial systemic lupus erythematosus. *Arch Intern Med.*1978; 138:1674-1676.
12. Reveille JD, Bias WB, Winkelstein JA, et al. Familial systemic lupus erythematosus: immunogenetic studies in eight families. *Medicine (Baltimore).*1983;62:21-35.
13. Corporaal S, Bijl M, Kallenberg CG. Familial occurrence of autoimmune diseases and autoantibodies in a Caucasian population of patients with systemic lupus erythematosus. *Clin Rheumatol.* 2002;21:108-13.
14. Cleland LG, Bell DA, Willans M, et al. Familial lupus: family studies of HLA and serologic findings. *Arthritis Rheum.* 1978;21:183-191.
15. Yeh HM, Chen JR, Tsai JJ, et al. Prevalence of familial systemic lupus erythematosus in Taiwan. *Gaoxiong Yi Xue Ke Xue Za Zhi.* 1993;9:664-667.
16. Sestak AL, Shaver TS, Moser KL, et al. Familial aggregation of lupus and autoimmunity in an unusual multiplex pedigree. *J Rheumatol.*1999;26:1495-1499.
17. Koskenmies S, Widen E, Kere J, et al. Familial systemic lupus erythematosus in Finland. *J Rheumatol.* 2001;28:758-760.

18. Alarcón-Segovia D, Alarcón-Riquelme ME, Cardiel MH, et al; Grupo Latinoamericano de Estudio del Lupus Eritematoso (GLADEL). Familial aggregation of systemic lupus erythematosus, rheumatoid arthritis, and other autoimmune diseases in 1,177 lupus patients from the GLADEL cohort. *Arthritis Rheum.* 2005;52:1138-1147.
19. Ramos PS, Kelly JA, Gray-McGuire C, et al. Familial aggregation and linkage analysis of autoantibody traits in pedigrees multiplex for systemic lupus erythematosus. *Genes Immun.* 2006;7:417-432.
20. Sánchez E, Comeau ME, Freedman BI, et al. Identification of novel genetic susceptibility loci in African American lupus patients in a candidate gene association study. *Arthritis Rheum.* 2011;63:3493-501.
21. Hochberg MC: Updating the American College of Rheumatology revised criteria for the classification of the systemic lupus erythematosus (letter). *Arthritis Rheum.* 1997;40:172.
22. Bombardier C, Gladman DD, Urowitz MB, et al. Derivation of the SLEDAI. A disease activity index for lupus patients. The Committee on Prognosis Studies in SLE. *Arthritis Rheum.* 1992;35:630-40
23. Yee CS, Farewell VT, Isenberg DA, et al. The use of Systemic Lupus Erythematosus Disease Activity Index-2000 to define active disease and minimal clinically meaningful change based on data from a large cohort of systemic lupus erythematosus patients. *Rheumatology (Oxford)* 2011;50:982-8
24. Ibañez D, Urowitz MB, Gladman DD. Summarizing disease features over time: I. Adjusted mean SLEDAI derivation and application to an index of disease activity in lupus. *J Rheumatol.* 2003;30:1977-82
25. Gladman D, Ginzler E, Goldsmith C, et al. The development and initial validation of the Systemic Lupus International Collaborating Clinics/American College of Rheumatology damage index for systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum.* 1996;39:363-9
26. Harris EN, Gharavi AE, Patel SP, et al. Evaluation of the anticardiolipin antibody test: report of an international workshop held 4 April 1986. *Clin Exp Immunol.* 1987;68:215-22
27. Brandt JT, Triplett DA, Alving B, et al. Criteria for the diagnosis of lupus anticoagulants: an update. On behalf of the Subcommittee on behalf of the Subcommittee on Lupus Anticoagulant/Antiphospholipid Antibody of the Scientific and Standardisation Committee of the ISTH. Criteria for the diagnosis of lupus anticoagulants: an update. *Thromb Haemost.* 1995;74:1185-90
28. Wajner SM, Maia AL. Hipotireoidismo. Em: Rotinas em endocrinologia. 1º edição. Artmed. 2015. Capítulo 18.
29. Dora JM, Scheffel RS, Maia AL. Hipertireoidismo. Em: Rotinas em endocrinologia. 1º edição. Artmed. 2015. Capítulo 20.
30. Mota LMH da, Cruz BA, Brenol CV, Pereira IA, Rezende-Fronza LS, Bertolo MB, et al . Consenso 2012 da Sociedade Brasileira de Reumatologia para o tratamento da artrite reumatoide. *Rev. Bras. Reumatol.* 2012;52:152-174
31. Marlow AA, Peabody HD Jr, Nickel WR. Familial occurrence of systemic lupus erythematosus. *JAMA.* 1960;13;173:1641-3

32. Levin L, Tomer Y. The etiology of autoimmune diabetes and thyroiditis: evidence for common genetic susceptibility. *Autoimmun Rev* 2003;2:377–86.
33. Ueda H, Howson JM, Esposito L, et al. Association of the T-cell regulatory gene CTLA4 with susceptibility to autoimmune disease. *Nature* 2003;423:506–11.
34. Alarcon-Riquelme ME. A RUNX trio with a taste for autoimmunity. *Nat Genet* 2003;35:299–300.
35. Ban Y, Tomer Y. The contribution of immune regulatory and thyroid specific genes to the etiology of Graves' and Hashimoto's thyroiditis. *Autoimmunity* 2003;36:367–79.
36. Michel M, Johanet C, Meyer O, et al; Group for Research on Auto-Immune Disorders (GRAID). Familial lupus erythematosus. Clinical and immunologic features of 125 multiplex families. *Medicine (Baltimore)*. 2001;80:153–8.
37. Huang CM, Yang YH, Chiang BL. Different familial association patterns of autoimmune diseases between juvenile-onset systemic lupus erythematosus and juvenile rheumatoid arthritis. *J Microbiol Immunol Infect*. 2004;37:88–94.
38. Walters HM, Pan N, Moorthy LN, et al. Patterns and influence of familial autoimmunity in pediatric systemic lupus erythematosus. *Pediatr Rheumatol Online J*. 2012;10:22.
39. Christian CL. Clues from genetic and epidemiologic studies. *Arthritis Rheum*. 1978;21:S130–3.
40. Al-Mayouf S, Abdwani R, Al-Brawi S. Familial juvenile systemic lupus erythematosus in Arab children. *Rheumatol Int*. 2012;32:1939–43.
41. Burgos PI, McGwin Jr G, Reveille JD, et al. Is Familial Lupus Different from Sporadic Lupus?: Data from LUMINA, a Multiethnic US Cohort. *Lupus*. 2010; 19: 1331–1336.
42. Abutibab F, Mokkaddam K, Ameen E, et al. Comparison between familial and sporadic systemic lupus erythematosus in Kuwaiti patients. *Lupus*. 2009;18:86–91.
43. Al-Mayouf SM, Al Sonbul A. Juvenile systemic lupus erythematosus in multicase families from Saudi Arabia: comparison of clinical and laboratory variables with sporadic cases. *Lupus*. 2006;15:616–8.
44. Tsao BP, Grossman JM, Riemekasten G, et al. Familiality and co-occurrence of clinical features of systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum*. 2002;46:2678–85.

## **6.2 Capítulo 2. Variações no número de cópias do DNA em pacientes com Lúpus Eritematoso Sistêmico juvenil.**

Nailú Angélica Sinicato MsC<sup>1</sup>, Luciana Oliveira MsC<sup>1</sup>, Roberto Marini MD, PhD<sup>1</sup>, Vera Lúcia Gil-da-Silva-Lopes MD, PhD<sup>2</sup>, Simone Appenzeller MD, PhD<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Reumatologia, Departamento de Medicina, Faculdade de Ciências Médicas, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, Brasil

<sup>2</sup>Departamento de Genética Médica, Faculdade de Ciências Médicas, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, Brasil

**Palavras Chave:** Lúpus Eritematoso Sistêmico juvenil, Variações no número de cópias, Susceptibilidade.

Apoio Finaceiro: Fundação Apoio À Pesquisa Estado São Paulo-Brasil (FAPESP 2008/02917-0 and 2009/06049-6 and 2009/15286-1), Conselho Nacional Pesquisa Desenvolvimento-Brasil CNPq (300447/2009-4 and 471343/2011-0 and 302205/2012-8 and 473328/2013-5)

**Autor Correspondente:** Simone Appenzeller- Departamento de Medicina, Faculdade de Ciências Médicas, Universidade Estadual de Campinas, Cidade Universitária, Campinas SP, Brasil, CEP 13083-970; FAX: +55 19 3289-1818

E-mail: appenzellersimone@yahoo.com

## Resumo

Introdução: O Lúpus Eritematoso Sistêmico (LES) é uma doença autoimune crônica que pode se desenvolver por múltiplos fatores, incluindo genéticos. Vários genes influenciam a susceptibilidade ao LES, e as variações no número de cópias (CNV's) poderiam aumentar a susceptibilidade individual. . O objetivo desse estudo foi analisar a presença de CNV's em pacientes com Lúpus Eritematoso Sistêmico juvenil (LESj) utilizando a metodologia de hibridação genômica em arrays (aGH). Pacientes e métodos: incluímos pacientes com LESj (início da doença  $\leq 18$  anos) seguidos no ambulatório de Reumatologia pediátrica do Hospital de Clínicas da UNICAMP. O histórico médico, clínico e serológico de cada paciente foi investigado por meio de consulta aos prontuários médicos; foram incluídas manifestações clínicas que o paciente apresentou pelo menos uma vez ao longo da duração da doença. Cada paciente foi entrevistado pessoalmente sobre o histórico de LES em pelo menos três gerações familiares a fim de observarmos a presença de recorrência familiar de LES. A análise das CNV's de cada paciente foi realizada através da técnica de aGH utilizando o GeneChip System CytoScan HD™ (Affymetrix®) segundo as recomendações do fabricante. A primeira análise utilizou filtro de 25 Kb para deleção e 50 kb para duplicação e, após, foram excluídos os filtros. Resultados: Nós incluímos 107 pacientes com LESj [90 mulheres (84%)]. Média de idade de 19,6 anos [desvio padrão (DP)  $\pm 5,5$  anos]. Média de idade no diagnóstico de 12,8 anos (DP  $\pm 3,5$  anos). Média da duração da doença de 6,9 anos (DP  $\pm 4,6$  anos). Dezessete pacientes apresentaram recorrência de LES nos familiares. Na análise com o uso de filtros nós observamos que 11 pacientes apresentaram CNV's relevantes (genes: *MECP2* (duplicações), *BANK1* (deleções), *DNASE1* e *TRAP1* (deleções), *IKBKG* (deleções) e *CFHR4* (4 deleções e 2 duplicações)). Pacientes com CNV apresentam menor idade de início da doença, porém não observamos diferença estatística em relação à presença de recorrência familiar e ao perfil clínico, laboratorial, de tratamento. Conclusão: Pacientes com LESj frequentemente apresentam CNV's nos genes *MECP2*, *BANK1* e *CFHR4* e os pacientes que apresentam CNV's relevantes tem menor idade de início da doença.



## Introdução

O Lúpus Eritematoso Sistêmico (LES) é uma doença autoimune inflamatória crônica que pode ser desencadeada por fatores genéticos e algumas vezes pode ser observada em mais de um membro da família [1]. As variações no número de cópias (CNV's do inglês *copy number variation*) são alterações que ocorrem no material genético e podem estar relacionadas à susceptibilidade e ao desenvolvimento de doenças [2].

A presença de fatores genéticos apropriados somada à ativação efetiva do sistema imune leva à produção de anticorpos específicos que circulam no organismo por até aproximadamente 5 anos anteriores ao aparecimento dos sintomas clínicos da doença e consequentemente das diversas manifestações do LES [1].

As primeiras análises de CNV's no LES se iniciaram em 2007 com o gene *C4* (*C4a/C4b*) [3] e posteriormente mais genes relacionados ao LES foram estudados em relação à presença dessas variações. Regiões com deleções associadas ao LES foram observadas nos genes *FCGR3A*, *FCGR3B*, *FCGR2A* [4-10] e *RABGAP1L* [11] e regiões duplicadas foram observadas nos genes *TLR7* [12-14], *DEFB4* [15], *Th17* [16], *IL12B* [17] e *HRH4* [18].

As análises de CNV's em pacientes com LES de início juvenil (LESj) começaram em 2010, com o estudo realizado no México que avaliou CNV's no gene *TLR7* e mostrou que o aumento do número de cópias desse gene é um fator de risco para o desenvolvimento do LES na infância [13]. Em 2016 pesquisadores brasileiros avaliaram as CNV's no gene *C4* e concluíram que a diminuição no número de cópias desse gene e suas frações são fatores de risco no LESj [19], assim como descrito para os adultos com LES [10,20-25]. Até o presente momento os estudos disponíveis abordaram metodologias específicas para cada gene em estudo. O objetivo desse estudo foi avaliar CNV's em pacientes com LESj, por meio de hibridação genômica em *arrays* e comparar a sua ocorrência com a recorrência familiar de LES.

## Pacientes e métodos

### Sujeitos

Nós incluímos 107 pacientes consecutivos recrutados no ambulatório de Reumatologia e Reumatologia Pediátrica do Hospital de Clínicas da UNICAMP. Os pacientes foram incluídos caso apresentassem: idade menor a 18 anos na data do diagnóstico da doença e o mínimo de 4 dos critérios classificatórios do Colégio Americano de Reumatologia [26].

Esse estudo foi aprovado pelo comitê de ética em pesquisa da instituição (nº 920/2007) e todos os participantes ou o seu guardião legal assinaram o termo de consentimento livre e esclarecido

### Investigação clínica, laboratorial e de tratamento

O histórico médico, clínico e sorológico de cada paciente foi investigado por meio de consulta aos prontuários médicos. Foram incluídas para análise clínica as manifestações apresentadas pelo menos uma vez ao longo da duração da doença. As manifestações clínicas e laboratoriais foram classificadas e definidas de acordo com o ACR [26]. O diagnóstico de nefrite foi baseado na proteinúria excedendo de 0,5 g/L e presença de sedimentos urinários. A síndrome nefrótica foi definida quando a proteínuria ultrapassou 3,0g/dia.

Alterações hematológicas foram descritas na ausência de supressão da medula óssea (leucopenia <4000 cels/mm<sup>3</sup>, trombocitopenia <100,000 cels/mm<sup>3</sup>, anemia hemolítica). Nós também analisamos a presença de *rash* malar, lesão discoide, lesão cutânea subaguda, vasculite cutânea, fotossensibilidade, úlceras orais, artrite e serosite.

Os níveis de anticorpos anticardiolipina (aCL) IgG e IgM foram mensurados pela técnica de ELISA [27]. A atividade do lúpus anticoagulante foi detectada por ensaios em plasma pobre de plaquetas obtido através de dupla centrifugação seguindo as recomendações

do Comitê Científico e de Normalização da Sociedade Internacional de Trombose e Homeostasia [28].

Para cada paciente, foram verificadas as medicações utilizadas no curso do tratamento da doença, assim como calculada a dose cumulativa de corticosteroide.

### Análises das CNV's

A técnica de aGH (GeneChip System CytoScan HD<sup>TM</sup> (Affymetrix®)) foi executada segundo as recomendações do fabricante.

Os resultados dessa técnica foram analisados pelo *software Chromosome Analysis Suite* (ChAS) (Affymetrix®). Avaliamos as CNV's com o uso de filtros para quantidade mínima de marcadores na região [deleção (25 marcadores) e duplicação (50 marcadores)]. Nós avaliamos todas as CNV's e comparamos com um grupo de referência do sistema Affymetrix e a um grupo controle formado por indivíduos da população brasileira geral. Observamos se havia a presença das CNV's na base de dados DGV (*Database of Genomic Variants*). As variantes foram classificadas de acordo com a figura 1. Os resultados serão expostos de forma descritiva.



Figura 1. Fluxograma utilizado para a classificação das CNV's.

### Análise da recorrência familiar

Realizamos heredogramas de até 3 gerações familiares de cada paciente incluído no estudo. Os heredogramas foram analisados e a recorrência familiar de LES foi dividida entre os familiares de primeiro (pais, irmãos e filhos), segundo (tios e sobrinhos) e terceiro grau (avós e primos).

### Estatística

A análise estatística foi feita através do teste de qui quadrado ou teste exato de Fischer quando necessário. Utilizamos o teste de *Mann-Whitney U* para as variáveis continuas. Consideramos estatisticamente significante  $p < 0,05$ .

### Resultados

#### Demográficos

Nós incluímos 107 pacientes com LESj [90 mulheres (84%), média de idade de 19,6 anos [desvio padrão (DP)  $\pm$  5,5 anos]. A média de idade no diagnóstico 12,8 anos (DP  $\pm$  3,5 anos). Média da duração da doença 6,9 anos (DP  $\pm$  4,6 anos).

### Análise geral das CNV's

A análise de CNV's pelo *software* ChAS dos 107 pacientes com LESj identificou um total de 3158 CNV's, das quais 2157 foram do tipo deleção e 1008 duplicações. A média de CNV's por paciente correspondeu a 30. A tabela com todas as CNV's geradas pelo *software* está em apêndice 1.

Do total das 3158 CNV's identificadas, 19 (0,1%) apresentaram tamanho menor que 1Kb, 503 (16%) apresentaram tamanhos entre 1-9Kb, 1786 (57%) apresentaram tamanhos entre 10-99Kb, 505 (16%) entre 100-299Kb e 345 (11%) maiores ou iguais a 300 Kb.

Do total das CNV's observadas (3158) 1041 não apresentavam genes na sua região. Nos pacientes com LESj foram detectadas 1042 CNVs sem correspondência no grupo controle.

A distribuição de CNV's nos cromossomos está representada no gráfico abaixo. (Gráfico 1).

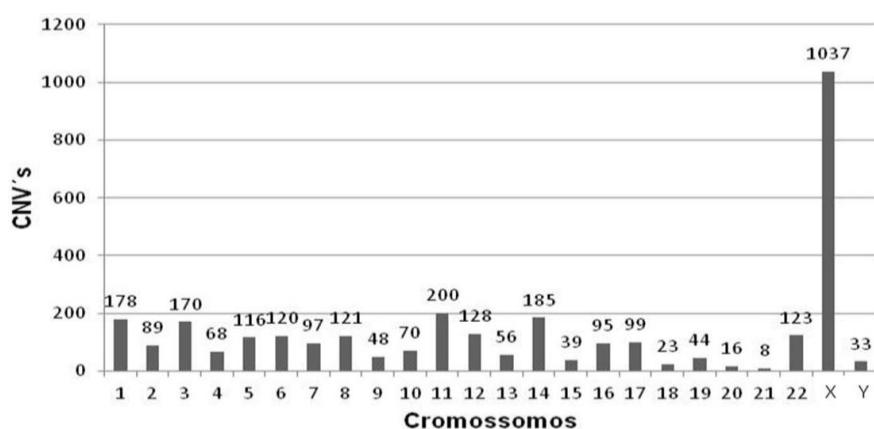


Gráfico 1. Distribuição das CNV's nos cromossomos.

### CNV's relevantes

As CNV's foram consideradas relevantes quando apresentavam gene com participação no sistema imune ou com influência sobre as diversas manifestações que podem ser apresentadas pelos pacientes com LES em sua região. Essa análise está descrita na tabela 1. CNV's classificadas como relevantes também não foram observadas nos controles.

Nós observamos que pacientes que apresentam CNV relevantes possuem menor idade de início da doença (média:  $11,5 \pm DP\ 3,9$  anos) quando comparados aos pacientes que não apresentam essas variações (média:  $13,5 \pm DP\ 5,2$  anos)  $p=0,015$ . Consequentemente os pacientes com CNV apresentam significativamente maior tempo de doença (média:  $8,6 \pm DP\ 5$  anos vs. média:  $6,1 \pm DP\ 4,2$  anos)  $p=0,018$ .

A quantidade total de CNV's observada foi semelhante em pacientes com e sem CNV's relevantes ( $p=0,068$ ), porém pacientes com variações relevantes apresentam maior número de variações acima de 300Kb ( $p=0,042$ ).

Nossos resultados mostram que a presença de CNV's relevantes não está associada a presença de recorrência familiar de LES ( $p=0,100$ ), assim como a recorrência em familiares de primeiro, segundo e terceiro grau ( $p=0,159$ ;  $p=1$ ;  $p=1$  respectivamente).

Não observamos diferença estatística em relação ao perfil clínico, laboratorial e de tratamento entre os pacientes com e sem CNV's relevantes.

Tabela 1. CNV's relevantes observadas nos pacientes com LESj e o perfil de cada paciente.

ID	Perfil do paciente	Tipo de CNV	Tamanho Kb	Número de marcadores	Genes Ref Seq	Localização arr[hg19]	Grupo Controle	DGV	Íntron - Éxon
4	AADNA Artrite Cefaleia Convulsão Complemento FAN Febre Fotossensibilidade Hematuria Leucocituria Leucopenia Nefrite Plaquetopenia Psicose Rash malar Sind. Orgânica Cerebral Vasculite	DUP	136	60	<i>CFHR3</i> , <i>CFHR1</i> , <i>CFHR4</i>	1q31.3(196,741,302-196,876,833)x3	Não	Sim	Íntron
9	Alopecia Anemia hemolítica Artrite Cefaleia FAN Rash malar Úlcera oral VDRL	DEL	49	60	<i>CFHR4</i>	1q31.3(196,827,841-196,877,037)x1	Não	Sim	Íntron - Éxon
10	AADNA Alopecia Artrite Complemento FAN Leucopenia Plaquetopenia	DUP	161	66	<i>CFHR3</i> , <i>CFHR1</i> , <i>CFHR4</i>	1q31.3(196,716,412-196,877,037)x3	Não	Sim	Íntron - Éxon
11	AADNA	DEL	49	60	<i>CFHR4</i>	1q31.3(196,827,841-196,877,037)x1	Não	Sim	Íntron -

	Alopecia Anticoagulante lupico Anti-RNP Anti-Ro Artrite Cefaleia Complemento FAN Febre Hematuria Leucocituria Leucopenia Rash malar Úlcera oral								Éxon
12	Artrite Complemento Hematuria Leucocituria Linfopenia Rash malar Úlcera oral Vasculite cutânea	DEL	74	56	<i>CFHR4</i> , <i>CFHR2</i>	1q31.3(196,838,922-196,913,251)x1	Não	Sim	Íntron - Éxon
15	Alopecia Anti-RNP Anti-Ro Artrite Complemento FAN Febre Fotossensibilidade Hematuria Linfopenia Rash malar Úlcera oral	DEL	49	60	<i>CFHR4</i>	1q31.3(196,827,841-196,877,037)x1	Não	Sim	Íntron - Éxon
1	FAN Linfopenia Plaquetopenia Rash malar Úlcera oral	DEL	20	44	<i>BANK1</i>	4q24 (102,838,806-102,870,698)x1	Não	Não	Íntron

	Vasculite								
2	Alopecia Complemento Hematuria Leucocituria Úlcera oral Vasculite	DEL	32	50	<i>BANK1</i>	4q24(102,843,801-102,875,600)x1	Não	Não	Íntron
6	AADNA Artrite Complemento FAN Hematuria Leucocituria Leucopenia Plaquetopenia Rash Malar	DEL	32	44	<i>BANK1</i>	4q24(102,838,806-102,870,698)x1	Não	Não	Íntron
3	AADNA Alopecia Anticardiolipina Anticoagulante Lúpico Artrite Complemento Fotossensibilidade Hematuria Leucocituria Linfopenia Rash Malar	DEL	15	68	<i>DNASE</i> <i>TRAP1</i>	16p13.3(3,701,564-3,717,022)x1	Não	Sim	<i>DNASE</i> Gene todo <i>TRAP1</i> Íntron
5	Anti-RO Anticardiolipina Artrite Cefaleia Complemento Febre Hematuria Leucocituria Leucopenia Rash malar	DUP	14	72	<i>MECP2</i>	Xq28(153,322,172-153,335,831)x3	Não	Não	Íntron
7	AADNA Anti-RO	DUP	8	92	<i>MECP2</i>	Xq28(153,334,710-153,342,757)x3	Não	Não	Íntron

	Cefaleia FAN Nefrite lupica Rash malar	DEL	4	98	<i>IKBKG</i>	Xq28(153,792,412-153,796,532)x1	Não	Não	Éxon
8	AADNA Cefaleia Complemento FAN Febre Hematuria Leucocituria Rash malar Úlcera oral	DUP	10	95	<i>MECP2</i>	Xq28(153,334,715-153 ,344,890)x3	Não	Não	Íntron
13	AADNA FAN Hematuria Proteinuria	DUP	8	91	<i>MECP2</i>	Xq28(153,334,715-153,342,757)x3	Não	Não	Íntron
14	AADNA Anti-Sm Artrite Complemento Fotossensibilidade Hematuria Leucocituria Plaquetopenia Proteinuria Rash Malar Vasculite	DUP	10	96	<i>MECP2</i>	Xq28(153,334,710-153,344,890)x3	Não	Não	Íntron
16	AADNA Anemia Anticardiolipina Anticoagulante Lupico Artrite Artralgia Complemento FAN Hematuria Nefrite Plaquetopenia	DUP	10	52	<i>MECP2</i>	Xq28(153,325,529-153,335,831)x2	Não	Não	Íntron

	Proteinuria Serosite								
17	Anemia Anticoagulante Lupico Artrite FAN Leucopenia Linfopenia Rash malar Vasculite cutanea	DUP	13	68	MECP2	Xq28(153,322,172-153,335,310)x3	Não	Não	Ítron

Legenda: ID: Identificação numérica do paciente (não representa a ordem de análise dos chips), AADNA: anticorpo anti DNA de fita dupla, Anti-Sm: Anticorpo Anti Smith, FAN: Fator anti núcleo, DEL: deleção, DUP: duplicação, *BANK1* (B-cell scaffold protein with ankyrin repeats 1), *DNASE1* (deoxyribonuclease 1), *TRAP1* (TNF receptor associated protein 1), *MECP2* (Methyl-CpG binding protein 2), DGV (*Database of Genomic Variants*).

## Discussão

Esse é o primeiro estudo que avalia conjutamente a recorrência familiar de LESj e as CNV's em pacientes com LESj, esse estudo exploratório tem o objetivo de investigar CNV's em pacientes com LESj utilizando o método de aGH. Visto que o LES é uma doença que está sobre a influência de múltiplos genes, a vantagem de utilizarmos essa técnica está no fato de que ela é abrangente e não restrita a um único gene.

Observamos que 11 pacientes apresentaram algum tipo de CNV (genes: *MECP2* (duplicações), *BANK1* (deleções), *DNASE1* e *TRAP1* (deleções), *IKBKG* (deleções) e *CFHR4* (4 deleções e 2 duplicações)) sendo que esses genes não foram estudados especificadamente em relação à CNV no LES.

Três pacientes apresentaram deleções na região do gene *BANK1*. Apesar de não haver relatos sobre CNV's para esse gene, a sua associação com o LES foi descoberta em 2008 e foi replicada em várias populações [29]. Os estudos observaram polimorfismos de base única (SNPs) no *BANK1* com a função de contribuir para a sinalização do receptor de célula B e sustentar a hiperatividade nessas células [30].

Os SNPs presentes no gene *BANK1* estão associados ao perfil laboratorial dos pacientes. Pacientes que apresentam os SNPs rs10516487 e rs17266594 apresentavam altos títulos de FAN e anti-La positivo. E a presença do SNP rs10516487 esteve associada à produção de AADNA em pacientes com LES de descendência europeias [29,31].

Um paciente apresentou deleção na região dos genes *DNASE1* (função do gene: codificar uma enzima para clivagem do DNA) e *TRAP1* (função do gene: codificar uma proteína mitocondrial). Também não há relatos na literatura de CNV's nesse gene em pacientes com LES, mas a sua associação foi descrita em estudos animais e humanos [23,33]. A DNASE é a principal nuclease em atividade, portanto a perda de atividade dessa enzima é

identificada como um fator central na contribuição da transformação da nefrite lúpica mesangial (classe I) para a nefrite lúpica proliferativa difusa (classe IV) [34,35]. Visto que o paciente que apresenta essa CNV possui um quadro laboratorial de hematuria e leucocituria, há uma possibilidade de que esta CNV possa ter relação com este achado.

Um total de 7 pacientes apresentaram duplicações no gene *MECP2*. Esse gene produz uma proteína capaz de se ligar ao DNA metilado e que está envolvida no silenciamento de outros genes [36].

Mutações no gene *MECP2* implicam em algumas doenças caracterizadas por atraso no desenvolvimento e disfunção intelectual, incluindo a síndrome de Rett. A síndrome de Rett afeta predominantemente mulheres sendo que homens não sobrevivem além da infância [37]. O efeito fenotípico dessas mutações na síndrome de Rett é claramente conhecida, uma vez que os sintomas neurológicos dessa doença são quase que exclusivamente causados por mutações que afetam a função da proteína codificada pelo *MECP2* [38].

Esse gene é associado à susceptibilidade ao LES uma vez que a duplicação do *MECP2* resulta em uma resposta de linfócitos T helper 1 (Th1) e de produção de IFN- $\gamma$  defeituosa, além disso, esse gene regula positivamente as células B nos pacientes com LES [36,39,40].

Observamos também a presença de CNV no gene *IKBKG* em 1 paciente, esse gene codifica a subunidade gama reguladora do inibidor do complexo quinase  $\kappa\beta$ ; essa subunidade ativa a família NF- $\kappa\beta$  (uma família de fatores de transcrição criticamente envolvida no desenvolvimento inflamatório de doenças autoimunes e na gênese de tumores) [41].

A existência de uma alteração na atividade e regulação dos fatores de transcrição da família NF- $\kappa\beta$  gera uma ativação e maturação inapropriada das células dendríticas levando

a uma resposta patogênica imuno mediada devido à capacidade de ativação das células T pelas células dendríticas. Essas alterações levam a susceptibilidade ao LES [42,43].

Não há relatos de CNV no *IKBKG* em pacientes com LES, porém, a literatura sugere seu envolvimento da família NF-κβ na nefrite lúpica [43]. Em modelos animais, a supressão da família NF-κβ mostrou redução na incidência e gravidade do LES, casos de glomerulonefrite mais branda com redução de 80% da proteinúria e menores títulos de AADNA, Anti-Ro e Anti-RNP [43].

Observamos CNV's recorrentes na região dos genes que codificam o fator H regulador do complemento (CFH) principalmente no gene *CFHR4*. O CFH é um fator chave na regulação da via alternativa de ativação do complemento. Ele modula a resposta imune inata a microorganismos e previne a inflamação e o dano tecidual [44,45].

O gene *CFHR4* possui um papel importante na regulação do complemento, sendo que a sua proteína expressa se liga a uma forma pentamérica da proteína C-reativa e a recruta para a superfície as células necróticas promovendo a opsonização, aumentando a sua remoção e também facilitando a ativação da fração C1q [46]. Estudos em animais mostram que a deficiência de CFH pode acelerar o desenvolvimento de nefrite lúpica [47] e devido a função do gene *CFHR4* de regular o sistema complemento e a sua importância na interação com a proteína C-reativa, deleções nessa região podem limitar a capacidade de resposta anti-inflamatória acarretando no avanço do LES [48].

O locus 1q32 ao qual pertence o gene *CFHR4* inclui no total 5 genes relacionados com o CFH (*CFHR1-CFHR5*), dessa forma cada gene representa um componente funcional diferente e para que a regulação ativa do complemento ocorra de forma correta é necessário que haja o equilíbrio homeostático entre o *CFHR1*, *CFHR3* e *CFHR4* [48].

O perfil clínico, laboratorial e de tratamento dos pacientes que apresentam variações relevantes é similar aos dos demais pacientes. Porém pacientes com CNV's relevantes apresentam menor idade de início da doença. Sabe-se que diagnósticos na idade juvenil ou ainda casos de recorrência familiar podem corresponder a maior influência dos genes responsáveis pelo desenvolvimento da doença [49].

Os genes *MECP2*, *BANK1*, *DNASE1* e *TRAP1*, *IKBKG*, *CFHR4* já associados ao LES apresentaram CNVs na amostra de LESj estudada. A presença de CNV's não está associada a presença de recorrência familiar em pacientes com LESj.

### **Limitações**

Simultaneamente à vantagem apresentada pelo uso da metodologia empregada nesse trabalho citamos a limitação da técnica que apresenta regiões genômicas descobertas.

## Referencias bibliográficas

1. Tiffin N, Adeyemo A, Okpechi I. Diverse array of genetic factors contribute to the pathogenesis of systemic lupus erythematosus. *Orphanet J Rare Dis.* 2013;8:2.
2. Wong KK, De Leeuw RJ, Dosanjh NS, Kimm LR, Cheng Z, Horsman DE, et al. A Comprehensive Analysis of Common Copy-number Variations in the Human Genome. *Am J Hum Genet;* 80:91-104, 2007
3. Yang Y, Chung EK, Wu YL, Savelli SL, Nagaraja HN, Zhou B, et al. Gene copy- number variation and associated polymorphisms of complement component C4 in human systemic lupus erythematosus (SLE): low copy number is a risk factor for and high copy number is a protective factor against SLE susceptibility in European Americans. *Am J Hum Genet.* 2007;80:1037-54.
4. Willcocks LC, Lyons PA, Clatworthy MR, Robinson JI, Yang W, Newland SA, et al. Copy number of FCGR3B, which is associated with systemic lupus erythematosus, correlates with protein expression and immune complex uptake. *J Exp Med.* 2008;205:1573-82.
5. Zhou XJ, Lv JC, Qin LX, Yang HZ, Yu F, Zhao MH, et al. Is FCGR2A a susceptibility gene to systemic lupus erythematosus in Chinese? *Lupus.* 2011;20:1198-202.
6. Dong C, Ptacek TS, Redden DT, Zhang K, Brown EE, Edberg JC, et a. Fcγ receptor IIIa single-nucleotide polymorphisms and haplotypes affect human IgG binding and are associated with lupus nephritis in African Americans. *Arthritis Rheumatol.* 2014;66:1291-9.
7. Almal SH, Padh H. Frequency distribution of autoimmunity associated FCGR3B gene copy number in Indian population. *Int J Immunogenet.* 2015;42:26-30.
8. Chen JY, Wang CM, Chang SW, Cheng CH, Wu YJ, Lin JC, et al. Association of FCGR3A and FCGR3B copy number variations with systemic lupus erythematosus and rheumatoid arthritis in Taiwanese patients. *Arthritis Rheumatol.* 2014;66:3113-21
9. Mueller M, Barros P, Witherden AS, Roberts AL, Zhang Z, Schaschl H, et al. Genomic pathology of SLE-associated copy-number variation at the FCGR2C/FCGR3B/FCGR2B locus. *Am J Hum Genet.* 2013;92:28-40.
10. Molokhia M, Fanciulli M, Petretto E, Patrick AL, McKeigue P, Roberts AL, et al. FCGR3B copy number variation is associated with systemic lupus erythematosus risk in Afro-Caribbeans. *Rheumatology (Oxford).* 2011;50:1206-10.

11. Kim JH, Jung SH, Bae JS, Lee HS, Yim SH, Park SY, et al. Deletion variants of RABGAP1L, 10q21.3, and C4 are associated with the risk of systemic lupus erythematosus in Korean women. *Arthritis Rheum.* 2013;65:1055-63.
12. Kelley J, Johnson MR, Alarcón GS, Kimberly RP, Edberg JC. Variation in the relative copy number of the TLR7 gene in patients with systemic lupus erythematosus and healthy control subjects. *Arthritis Rheum.* 2007;56:3375-8.
13. García-Ortiz H, Velázquez-Cruz R, Espinosa-Rosales F, Jiménez-Morales S, Baca V, Orozco L. Association of TLR7 copy number variation with susceptibility to childhood-onset systemic lupus erythematosus in Mexican population. *Ann Rheum Dis.* 2010;69:1861-5.
14. Pacheco GV, Cruz DC, González Herrera LJ, Pérez Mendoza GJ, Adrián Amaro GI, Nakazawa Ueji YE, et al. Copy Number Variation of TLR-7 Gene and its Association with the Development of Systemic Lupus Erythematosus in Female Patients from Yucatan Mexico. *Genet Epigenet.* 2014;6:31-6.
15. Zhou XJ, Cheng FJ, Lv JC, Luo H, Yu F, Chen M, et al. Higher DEFB4 genomic copy number in SLE and ANCA-associated small vasculitis. *Rheumatology (Oxford).* 2012;51:992-5
16. Yu B, Guan M, Peng Y, Shao Y, Zhang C, Yue X, et al. Copy number variations of interleukin-17F, interleukin-21, and interleukin-22 are associated with systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum.* 2011;63:3487-92.
17. Yu B, Shao Y, Yue X, Zhang J, Guan M, Wan J, et al. Copy number variations of Interleukin-12B and T-bet are associated with systemic lupus erythematosus. *Rheumatology (Oxford).* 2011;50:1201-5
18. Yu B, Shao Y, Li P, Zhang J, Zhong Q, Yang H, et al. Copy number variations of the human histamine H4 receptor gene are associated with systemic lupus erythematosus. *Br J Dermatol.* 2010;163:935-40.
19. Pereira KM, Faria AG, Liphaus BL, Jesus AA, Silva CA, Carneiro-Sampaio M, et al. Low C4, C4A and C4B gene copy numbers are stronger risk factors for juvenile-onset than for adult-onset systemic lupus erythematosus. *Rheumatology (Oxford).* 2016;55:869-73.
20. Chen JY, Wu YL, Mok MY, Wu YJ, Lintner KE, Wang CM, et al. Effects of Complement C4 Gene Copy-Number Variations, Size Dichotomy and C4A-Deficiency on Genetic Risk and Clinical Presentation of East-Asian SLE. *Arthritis Rheumatol.* 2016;68:1442-53.

21. Margery-Muir AA, Wetherall JD, Castley AS, Hew M, Whidborne RS, Mallon DF, et al. Establishment of gene copy number-specific normal ranges for serum C4 and its utility for interpretation in patients with chronically low serum C4 concentrations. *Arthritis Rheumatol.* 2014;66:2512-20.
22. Boteva L, Morris DL, Cortés-Hernández J, Martin J, Vyse TJ, Fernando MM. Genetically determined partial complement C4 deficiency states are not independent risk factors for SLE in UK and Spanish populations. *Am J Hum Genet.* 2012;90:445-56.
23. Lv Y, He S, Zhang Z, Li Y, Hu D, Zhu K, et al. Confirmation of C4 gene copy number variation and the association with systemic lupus erythematosus in Chinese Han population. *Rheumatol Int.* 2012;32:3047-53.
24. Fernando MM, Boteva L, Morris DL, Zhou B, Wu YL, et al. Assessment of complement C4 gene copy number using the paralog ratio test. *Hum Mutat.* 2010;31:866-74.
25. Wu YL, Hauptmann G, Viguier M, Yu CY. Molecular basis of complete complement C4 deficiency in two North-African families with systemic lupus erythematosus. *Genes Immun.* 2009;10:433-45.
26. Hochberg MC: Updating the American College of Rheumatology revised criteria for the classification of the systemic lupus erythematosus (letter). *Arthritis Rheum* 1997;40:172.
27. Harris EN, Gharavi AE, Patel SP, et al. Evaluation of the anticardiolipin antibody test: report of an international workshop held 4 April 1986. *Clin Exp Immunol.* 1987;68:215–22
28. Brandt JT, Triplett DA, Alving B, et al. Criteria for the diagnosis of lupus anticoagulants: an update. On behalf of the Subcommittee on behalf of the Subcommittee on Lupus Anticoagulant/Antiphospholipid Antibody of the Scientific and Standardisation Committee of the ISTH. Criteria for the diagnosis of lupus anticoagulants: an update. *Thromb Haemost.* 1995;74:1185–90
29. Kozyrev SV, Abelson AK, Wojcik J, Zaghlool A, Linga Reddy MV, Sanchez E, et al. Functional variants in the B-cell gene BANK1 are associated with systemic lupus erythematosus. *Nat Genet.* 2008;40:211-6.
30. Grant SF, Petri M, Bradfield JP, Kim CE, Santa E, Annaiah K, et al. Association of the BANK 1 R61H variant with systemic lupus erythematosus in Americans of European and African ancestry. *Appl Clin Genet.* 2009;2:1-5.
31. Sánchez E, Rasmussen A, Riba L, Acevedo-Vasquez E, Kelly JA, Langefeld CD, et al. Impact of genetic ancestry and sociodemographic status on the clinical expression of systemic

- lupus erythematosus in American Indian-European populations. *Arthritis Rheum.* 2012;64:3687-94.
32. Fenton K, Fisman S, Hedberg A, Seredkina N, Fenton C, Mortensen ES, et al. Anti-dsDNA antibodies promote initiation, and acquired loss of renal Dnase1 promotes progression of lupus nephritis in autoimmune (NZBxNZW)F1 mice. *PLoS One.* 2009;4:e8474.
33. Zykova SN, Tveita AA, Rekvig OP. Renal Dnase1 enzyme activity and protein expression is selectively shut down in murine and human membranoproliferative lupus nephritis. *PLoS One.* 2010;5:pii:e12096.
34. Fisman S, Thiagarajan D, Seredkina N, Nielsen H, Jacobsen S, Elung-Jensen T, et al. Impact of the tumor necrosis factor receptor-associated protein 1 (Trap1) on renal DNaseI shutdown and on progression of murine and human lupus nephritis. *Am J Pathol.* 2013;182:688-700.
35. Thiagarajan D, Fisman S, Seredkina N, Jacobsen S, Elung-Jensen T, Kamper AL, et al. Silencing of renal DNaseI in murine lupus nephritis imposes exposure of large chromatin fragments and activation of Toll like receptors and the Clec4e. *PLoS One.* 2012;7:e34080.
36. Webb R, Wren JD, Jeffries M, Kelly JA, Kaufman KM, Tang Y, et al. Variants within MECP2, a key transcription regulator, are associated with increased susceptibility to lupus and differential gene expression in patients with systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum.* 2009;60:1076-84.
37. Brown K, Selfridge J, Lagger S, Connelly J, De Sousa D, Kerr A, et al. The molecular basis of variable phenotypic severity among common missense mutations causing Rett syndrome. *Hum Mol Genet.* 2016;25:558-70.
38. Shah RR, Bird AP. MeCP2 mutations: progress towards understanding and treating Rett syndrome. *Genome Med.* 2017;17:9:17
39. Ramos PS, Brown EE, Kimberly RP, Langefeld CD. Genetic factors predisposing to systemic lupus erythematosus and lupus nephritis. *Semin Nephrol.* 2010;30:164-76.
40. Harley IT, Kaufman KM, Langefeld CD, Harley JB, Kelly JA. Genetic susceptibility to SLE: new insights from fine mapping and genome-wide association studies. *Nat Rev Genet.* 2009;10:285-90.
41. Rothwarf DM, Zandi E, Natoli G, Karin M. IKK-gamma is an essential regulatory subunit of the IkappaB kinase complex. *Nature.* 1998;395:297-300.

42. You Y, Qin Y, Lin X, Yang F, Li J, Sooranna SR, Pinhu L. Methylprednisolone attenuates lipopolysaccharide-induced Fractalkine expression in kidney of Lupus-prone MRL/lpr mice through the NF-kappaB pathway. *BMC Nephrol.* 2015;16:148.
43. Kalergis AM, Iruretagoyena MI, Barrientos MJ, González PA, Herrada AA, Leiva ED, et al. Modulation of nuclear factor-kappaB activity can influence the susceptibility to systemic lupus erythematosus. *Immunology.* 2009;128:e306-14.
44. de Cordoba SR, de Jorge EG. Translational mini-review series on complement factor H: genetics and disease associations of human complement factor H. *Clin Exp Immunol* 2008;151: 1–13. 8.
45. Rodriguez de Cordoba S, Esparza-Gordillo J, Goicoechea de Jorge E, LopezTrascasa M, Sanchez-Corral P. The human complement factor H: functional roles, genetic variations and disease associations. *Mol Immunol* 2004;41:355–367.
46. Mihlan M, Hebecker M, Dahse HM, Hälbich S, Huber-Lang M, Dahse R, et al. Human complement factor H-related protein 4 binds and recruits native pentameric C-reactive protein to necrotic cells. *Mol Immunol.* 2009;46:335-44.
47. Bao L, Haas M, Quigg RJ. Complement factor H deficiency accelerates development of lupus nephritis. *J Am Soc Nephrol* 2011;22: 285–295.
48. Zhao J, Wu H, Khosravi M, Cui H, Qian X, Kelly JA, et al. Association of genetic variants in complement factor H and factor H-related genes with systemic lupus erythematosus susceptibility. *PLoS Genet.* 2011;7:e1002079.
49. Belot A, Cimaz R. Monogenic forms of systemic lupus erythematosus: new insights into SLE pathogenesis. *Pediatr Rheumatol Online J.* 2012;10:21.

## 7. Discussão geral

O envolvimento genético no desenvolvimento do LES ganhou destaque com os primeiros estudos de gêmeos<sup>52,53</sup>. Esses estudos mostraram que os familiares de primeiro grau de pacientes com LES apresentam um fenótipo altamente concordante entre eles em relação aos demais familiares<sup>54</sup>.

O LES é classificado como uma doença complexa. A característica primaria das doenças complexas é a possibilidade de agregação familiar também chamado de risco de recorrência. A recorrência de um fenótipo é observada, portanto, quando a doença ocorre mais frequentemente em familiares do que na população em geral<sup>130</sup>.

O estudo de agregação familiar no LES vem ocorrendo gradativamente ao longo dos anos sendo que o primeiro estudo aconteceu em 1976<sup>54</sup>. A literatura mostra que a frequencia de LES nos familiares de primeiro grau dos pacientes com LES é de aproximadamente 1-2%<sup>131</sup>. Apesar de baixa, essa frequência é maior do que à observada na população geral, tendo, por exemplo, a prevalência de LES estimada no Brasil a qual é de aproximadamente 0,098%<sup>12,13</sup>.

Assim como o esperado, nós observamos que a ocorrência mais frequente de LES está entre os familiares de primeiro grau. Nossos resultados mostram uma frequência de 2,5% de LES nos familiares de primeiro grau e são concordantes com o observado pelo grupo GLADEL (2,7% - 2,9%)<sup>57</sup>. Até a publicação desse estudo em 2005, apenas suspeitava-se da agregação familiar no LES<sup>57</sup>. Infelizmente a prevalência de LES em populações latino-americana é pouco estudada e assim como a incidência do LES é variável a prevalência de LES familiar também se mostra consideravelmente variável conforme o estudo considerado. Os relatos variam de uma prevalência de 20,8% de LES familiar no único estudo envolvendo pacientes com LESj<sup>132</sup> até a prevalência de 5% no grupo ILUMINA<sup>133</sup>, 8% no grupo

GRAID<sup>134</sup> e 27,4% no Kuwaiti<sup>135</sup> de LES familiar entre pacientes com LES adultos. Estudos familiares em outras doenças autoimunes reumáticas como a artrite reumatoide juvenil<sup>136</sup>, a esclerose sistêmica<sup>137</sup>, a síndrome de Sjögren primária<sup>142</sup> também mostraram maior recorrência em familiares de primeiro grau.

Em nosso estudo a ocorrência de LES familiar diminuiu entre os familiares de segundo grau (4,8 vezes mais risco) e de terceiro grau (3,9 vezes mais risco) em conformidade com a literatura<sup>57</sup>.

As famílias incluídas não apresentaram mais de três membros com LES. Na literatura, somente um estudo mostrou uma ocorrência familiar de LES em 6 membros da mesma família<sup>134</sup>. Poucos casos de recorrência na mesma família são típicos de doenças complexas e indicam a baixa penetrância do LES e consequentemente de seus genes de susceptibilidade na população geral<sup>134,138</sup>.

O fato de mais de uma doença autoimune coexistir no mesmo paciente (poliautoimunidade) ou coexistir no mesmo núcleo familiar (autoimunidade familiar) sugere uma origem em comum para as doenças autoimunes<sup>139</sup>.

Um estudo de revisão em 2010 mostrou que 41% dos pacientes com LES apresentam poliautoimunidade<sup>139</sup> e ficou mais evidente de que a presença de automunidade familiar também abrange outras doenças autoimunes (exceto LES).

Assim como descrito na esclerose sistêmica<sup>137,140</sup>, artrite reumatoide<sup>141</sup> e síndrome de Sjögren<sup>142,143</sup>, nossos resultados mostram que as doenças da tireoide são as mais frequentes nos familiares. A terceira doença pouco mais frequente que as demais citadas foi a artrite reumatoide assim como nos familiares de pacientes com síndrome de Sjögren<sup>142</sup>, porém ela é a mais frequente entre os familiares de pacientes com dermatomiosite juvenil<sup>144</sup>.

Em relação as associações, nós não observamos diferença estatística em relação à idade, idade de início da doença, duração da doença entre os pacientes que tinham ou não história familiar de LES, no entanto sabe-se que pacientes com LESj apresentam menor idade de início da doença ( $p=0,001$ ) quando há recorrência familiar de LES<sup>132</sup>. Pesquisadores mostraram que a idade no diagnóstico de LES tende a ser maior em irmãos e que é significativamente menor em filhos quando comparado aos seus pais<sup>145</sup>. A idade de início da doença também difere quando consideramos a raça, sendo que em populações não caucasianas, irmãos apresentam menor idade ao diagnóstico de LES quando comparados a irmãos de populações caucasianas<sup>145</sup>.

Sabe-se da diversidade do perfil clínico e laboratorial apresentado pelos pacientes com LES<sup>2</sup>, dessa forma, não observamos diferenças significativas no perfil dos pacientes que apresentam ou não LES familiar. Na literatura úlcera oral<sup>133,134</sup>, rash malar<sup>134</sup>, manifestação renal<sup>134</sup>, doença cerebrovascular<sup>133</sup>, pericardite, FAN e infarto<sup>138</sup> já foram associados ao LES familiar. O perfil clínico e laboratorial dos pacientes também é influenciado pela descendência, e por isso análises estratificadas por raça mostram que pacientes com LES familiar de descendência Europeu-Americana apresentam associação entre artrite e células LE e em contrapartida pacientes com LES familiar de descendência hispânica possuem uma associação com o teste para sífilis falso-positivo<sup>146</sup> quando comparados a pacientes com LES esporádico.

Os estudos realizados em outras doenças autoimunes não mostram a variação do perfil clínico e laboratorial dos pacientes com e sem recorrência familiar o que impede a comparação com os demais estudos da literatura.

Desde o início dos estudos genéticos no LES e pelos anos seguintes, uma série de estudos de associação genômica de larga escala mostrou mais de 30 *loci* de susceptibilidade

ao LES<sup>104</sup>. Os estudos sobre CNV no LES se iniciaram em 2007 e mostraram a importância das duplicações no gene *TLR7*<sup>86</sup> e das deleções no gene *C4*<sup>90</sup> para a susceptibilidade ao LES. Posteriormente esses genes continuaram sendo alvo de muitos pesquisadores, sendo os únicos estudados em pacientes com LESj em 2010 (*TLR7*)<sup>87</sup> e 2016 (*C4*)<sup>92</sup>. Em seguida foram estudados os genes *FCGR3B*<sup>99,101-108</sup>, *HRH4*<sup>128</sup>, *IL12B*<sup>110</sup>, *FCGR2A*<sup>100</sup>, *Th17*<sup>109</sup>, *DEFB4*<sup>111</sup>, *RABGAP1L*<sup>95</sup> e *HLADRB5*<sup>112</sup> evidenciando ainda mais a influência das CNV's.

Esse trabalho mostra novas regiões com CNV's em genes relacionados ao LES. Primeiramente no cromossomo 1, observamos regiões com deleções ou duplicações no gene *CFHR4*. Esse gene pertence a um conjunto de genes reguladores chamada fator H regulador do complemento (CFH) composta no total por 5 genes<sup>147</sup>. Sua função específica em relação ao LES ainda não está totalmente esclarecida e sua atuação em outras doenças autoimunes também não foi descrita, mas sugere-se seu envolvimento com a doença de acordo com sua função regulatória da defesa inata<sup>147,148</sup>.

No cromossomo 4, observamos deleções no gene *BANK1*. A presença dos SNP's rs10516487, rs17266594 e rs10516487 nesse gene associados ao perfil clínico de pacientes com LES fez com que ele fosse associado à doença<sup>149,150</sup>. O SNP rs10516487 T também foi associado à esclerose sistêmica cutânea difusa; esse estudo mostrou que o haplótipo A-T tende a ser protetor e o haplótipo G-C tende a ser um fator de risco para esses pacientes<sup>151</sup>. No entanto o mesmo não foi observado na síndrome antifosfolípide<sup>152</sup> sendo que os resultados em relação ao *BANK1* são inconclusivos para essa doença.

Notamos deleção na região dos genes *DNASE1* e *TRAP1* presentes no cromossomo 16. Também não há relatos na literatura de CNV's nesse gene em pacientes com LES, mas a sua associação foi descrita em estudos animais e humanos<sup>153,154</sup>. A DNASE é a principal nuclease em atividade no soro e urina e estudos em modelos animais mostram que ela pode

ser a responsável pela remoção de antígenos nucleares, portanto a perda de atividade dessa enzima é identificada como um fator central para o desenvolvimento do LES<sup>155</sup>.

Alem disso, estudos mostram que a perda de função da DNASE contribui para a progressão do LES atuando na transformação da nefrite lúpica mesangial (classe I) para a nefrite lúpica proliferativa difusa (classe IV)<sup>153,154</sup>. Um estudo mostrou que dois pacientes que possuíam uma mutação A-G no éxon 2 na posição 172 da sequencia codificante no gene da *DNASE1*, essa mutação provoca uma expansão na autoreatividade linfocitica contra os antígenos nucleicos causando deficiências na remoção dos complexos cromatina-proteína em pacientes com LES contribuindo para a severidade da doença<sup>156,157</sup>.

Nós observamos duplicações no gene *MECP2* localizado no cromossomo X. Não temos relatos de CNV's nesse gene, mas ele é associado à susceptibilidade ao LES. Os pacientes com LES apresentam metilação anormal do DNA nas células T, dessa forma as células T ativas nos pacientes com LES apresentam redução na expressão da DNA metiltransferase 1 (principal enzima que mantém a metilação do DNA durante a divisão celular). A metilação do DNA suprime a expressão do gene através de vários mecanismos, incluindo a incapacidade de ligação dos fatores de transcrição nas sequencias promotoras. A duplicação do *MECP2* resulta em uma resposta de linfócitos T helper 1 (Th1) e de produção de IFN-γ defeituosa e alem disso, esse gene regula positivamente as células B nos pacientes com LES<sup>158-160</sup>.

Alem do *MECP2*, observamos também CNV no gene *IKBKG*. A alteração na função da família NF-κβ codificada por esse gene leva o individuo a apresentar susceptibilidade ao LES<sup>161,162</sup>. Novamente não há relatos de CNV nesse gene em pacientes com LES, porém, a literatura sugere o seu envolvimento com nefrite lúpica<sup>162</sup>. Em modelos animais, a supressão da família NF-κβ mostrou redução na incidência e severidade do LES<sup>162</sup>.

A idade de incio dos pacientes com CNV's relevantes foi significativamente menor. Sugere-se que quanto menos idade o paciente tiver no diagnóstico maior a influência genética no desenvolvimento da doença, visto que o tempo de exposição a fatores ambientais foi menor<sup>163</sup>.

Este é o primeiro estudo avaliando a recorrência familiar e a presença de CNV's avaliada em larga escala em pacientes com LESj. Em relação à literatura existente, nossos resultados mostram que a recorrência familiar está próxima ao observado em pacientes com LES, porém os resultados de CNV mostram novos genes com essas variações.

Devido ás consequências decorrentes de alterações no gene *DNASE1* e ao número de variações observadas na região do gene *MECP2* ambas se tornam importantes para uma avaliação mais detalhada. O interesse pelo estudo genético no LES vem crescendo a cada ano devido ás novas oportunidades proporcionadas pelas inovações das técnicas de biologia molecular e de citogenética e em relação aos nossos resultados surgem novos desafios a fim de compreender melhor as variantes observadas e sua função no desenvolvimento do LES.

## **8. Conclusão**

Familiares de primeiro grau dos pacientes com LESj apresentam maior taxa de recorrência da doença e tem 25 vezes mais chance de desenvolver LES.

Pacientes com LESj apresentam CNV's em genes relacionados ao LES e que não estão relatadas na literatura.

A recorrência familiar de LES não está associada a presença de CNV's relevantes em pacientes com LESj

## 9. Referências bibliográficas

1. Dubois EL, Tuffanelli DL. Clinical manifestations of systemic lupus erythematosus. Computer analysis of 520 cases. *JAMA*. 1964; 190:104-11
2. O'Neill S, Cervera R. Systemic lupus erythematosus. *Best Pract Res Clin Rheumatol*. 2010; 6:841-55
3. Siegel M, Lee SL. The epidemiology of systemic lupus erythematosus. *Semin Arthritis Rheum*. 1973; 3:1-54
4. Petri M. Epidemiology of systemic lupus erythematosus. *Best Pract Res Clin Rheumatol*. 2002; 16:847-58
5. Fessel EJ. Systemic lupus erythematosus in the community. Incidence, prevalence, outcome, and first symptoms; the high prevalence in black women. *Arch Intern Med*. 1974; 134:1027-35
6. Hopkinson ND, Doherty M, Powell RJ. Clinical features and race-specific incidence/prevalence rates of systemic lupus erythematosus in a geographically complete cohort of patients. *Ann Rheum Dis*. 1994; 53:675-80
7. Johnson AE, Gordon C, Palmer RG, Bacon PA. The prevalence and incidence of systemic lupus erythematosus in Birmingham, England. Relationship to ethnicity and country of birth. *Arthritis Rheum*. 1995; 38:551-8
8. Alarcon GS. Of ethnicity race and lupus. *Lupus*. 2001; 10:594-596
9. Molina JF, Molina J, García C, Gharavi AE, Wilson WA, Espinoza LR. Ethnic differences in the clinical expression of systemic lupus erythematosus: a comparative study between African-Americans and Latin Americans. *Lupus*. 1997; 6:63-7
10. Molokhia M, McKeigue PM, Cuadrado M, Hughes G. Systemic lupus erythematosus in migrants from West Africa compared with Afro-Caribbean people in the UK. *Lancet*. 2001 May 5;357:1414-5
11. Chahade WH, Sato EI, Moura JE Jr, Costallat LT, Andrade LE. Systemic lupus erythematosus in São Paulo/Brazil: a clinical and laboratory overview. *Lupus*. 1995; 4:100-3
12. Villar MJ, Sato EL. Estimating the incidence of systemic lupus erythematosus in a tropical region (Natal,Brazil). *Lupus*. 2002;11:528-32

13. Borba EF, Araujo D, Bonfá E, Shinjo S. Clinical and immunological features of 888 Brazilian systemic lupus patients from a monocentric cohort: comparison with other populations. *Lupus*. 2013;22:744-9.
14. Kamphius S, Silverman ED. Prevalence and burden of pediatric-onset systemic lupus erythematosus. *Nat Rev Rheumatol* 2010;6:538-46.
15. Pineles D, Valente A, Warren B, Peterson M, Lehman T, Moorthy L. Worldwide incidence and prevalence of pediatric onset systemic lupus erythematosus. *Lupus*. 2011; 20:1187-92
16. Papadimitraki ED, Isenberg DA. Childhood- and adult-onset lupus: an update of similarities and differences. *Expert Rev Clin Immunol*. 2009;5:391-403
17. das Chagas Medeiros MM, Bezerra MC, Braga FN, da Justa Feijão MR, Gois AC, Rebouças VC, et al. Clinical and immunological aspects and outcome of a Brazilian cohort of 414 patients with systemic lupus erythematosus (SLE): comparison between childhood-onset, adult-onset, and late-onset SLE. *Lupus*. 2016;25:355-63
18. Appenzeller S, Marini R, Costallat LT. Damage did not independently influence mortality in childhood systemic lupus erythematosus. *Rheumatol Int*. 2005;25:619-24
19. Machado C, Ruperto N. Consenso em reumatologia pediátrica parte II – definição de melhora clínica para o lúpus eritematoso sistêmico e dermatomiosite juvenil. *Rev Bras Reumatol*. 2005;45:14-9
20. Tucker LB, Menon S, Schaller JG, Isenberg DA. Adult- and childhood-onset systemic lupus erythematosus: a comparison of onset, clinical features, serology, and outcome. *Br J Rheumatol*. 1995; 34:866–72
21. Bader-Meunier B, Quartier P, Deschênes G, Cochard P, Haddad E, Koné-Paut I, et al. Childhood-onset systemic lupus erythematosus. *Arch Pediatr* 2003;10:147-57
22. Stichweh D, Arce E, Pascual V: Update on pediatric systemic lupus erythematosus. *Curr Opin Rheumatol* 2004, 16:577-87
23. Font J, Cervera R, Espinosa G, Pallarés L, Ramos-Casals M, Jiménez S, et al. Systemic lupus erythematosus (SLE) in childhood: analysis of clinical and immunological findings in 34 patients and comparison with SLE characteristics in adults. *Ann Rheum Dis*. 1998; 57:456–9

24. Bastos WA, Sacchetti SB, Santos MC. Lúpus Eritematoso Sistêmico. In: Oliveira SKF, Azevedo ECL. Reumatologia Pediatrica. 2ed. Revinter:2001. Cap 14, p.231-54
25. Koné-Paut I, Piram M, Guillaume S, Tran TA. Lupus in adolescence. *Lupus* 2007;16:606-12
26. Mina R, Brunner HI. Pediatric lupus are there differences in presentation, genetics, response to therapy, and damage accrual compared with adult lupus? *Rheum Dis Clin North Am*. 2010;36:53-80.
27. Silva CA, Avcin T, Brunner HI. Taxonomy for systemic lupus erythematosus with onset before adulthood. *Arthritis Care Res.* 2012;64:1787-93.
28. Levy DM, Kamphuis S. Systemic lupus erythematosus in children and adolescents. *Pediatr Clin North Am*. 2012;59:345-64.
29. Klein-Gitelman M, Reiff A, Silverman ED. Systemic lupus erythematosus in childhood. *Rheum Dis Clin North Am* 2002; 28: 561–577.
30. von Scheven E, Bakkaloglu A. What's new in paediatric SLE? *Best Pract Res Clin Rheumatol* 2009;23:699-708
31. Ravelli A, Ruperto N, Martini A. Outcome in juvenile onset systemic lupus erythematosus. *Curr Opin Rheumatol*. 2005;17:568-73
32. Ruiz-Irastorza G, Khamashta MA, Castellino G, Hughes GR. Systemic lupus erythematosus. *Lancet*. 2001; 357:1027-32
33. Rahman A, Isenberg DA. Systemic lupus erythematosus. *N Engl J Med.* 2008; 358:929-39
34. Fatemi A, Matinfar M, Saber M, Smiley A. The association between initial manifestations of childhood-onset systemic lupus erythematosus and the survival. *Int J Rheum Dis.* 2016;19:974-980
35. Carreño L, López-Longo FJ, Monteagudo I, Rodríguez-Mahou M, Bascones M, González CM, et al. et al. Immunological and clinical differences between juvenile and adult onset of systemic lupus erythematosus. *Lupus*. 1999; 8: 287–92
36. Brunner HI, Gladman DD, Ibanez D, Urowitz MD, Silverman ED. Difference in disease features between childhood-onset and adult-onset systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum* 2008;58:556–62

37. Sibbitt WL Jr, Brandt JR, Johnson CR, Maldonado ME, Patel SR, Ford CC, et al. The incidence and prevalence of neuropsychiatric syndromes in pediatric onset systemic lupus erythematosus. *J Rheumatol* 2002;29:1536–42.
38. Hoffman IE, Lauwers BR, De Keyser F, Huizinga TW, Isenberg D, Cebecauer L, et al. Juvenile-onset systemic lupus erythematosus: different clinical and serological pattern than adult-onset systemic lupus erythematosus. *Ann Rheum Dis*. 2009; 68:412–5
39. Ramírez Gómez LA, Uribe Uribe O, Osio Uribe O, Grisales Romero H, Cardiel MH, Wojdyla D, et al. Childhood systemic lupus erythematosus in Latin America. The GLADEL experience in 230 children. *Lupus*. 2008; 17:596–604
40. Tarr T, Dérfalvi B, Győri N, Szántó A, Siminszky Z, Malik A, et al. Similarities and differences between pediatric and adult patients with systemic lupus erythematosus. *Lupus*. 2015;24:796-803.
41. Hersh AO, von Scheven E, Yazdany J, Panopalis P, Trupin L, Julian L, et al. Differences in long-term disease activity and treatment of adult patients with childhood- and adult-onset systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum* 2009;61:13–20
42. Tan EM, Cohen AS, Fries JF, Masi AT, McShane DJ, Rothfield NF, et al. The 1982 revised criteria for the classification of systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum*. 1982; 25:1271-7
43. Hochberg MC. Updating the American College of Rheumatology revised criteria for the classification of systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum* 1997; 40:1725
44. Ferraz MB, Goldenberg J, Hilario MO, Bastos WA, Oliveira SK, Azevedo EC et al. Evaluation of the ACR lupus criteria data set in pediatric patients. Committees of Pediatric Rheumatology of 75 the Brazilian Society of Pediatric and the Brazilian Society of Rheumatology. *Clin Exp Rheumatol*. 1994;12:83-7.
45. Petri M, Orbai AM, Alarcón GS, Gordon C, Merrill JT, Fortin PR, et al. Derivation and validation of the Systemic Lupus International Collaborating Clinics classification criteria for systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum*. 2012;64:2677-86.
46. Buckman KJ, Moore SK, Ebbin AJ, Cox MB, Dubois EL. Familial systemic lupus erythematosus. *Arch Intern Med*. 1978;138:1674-6.

47. Gaffney PM, Kearns GM, Shark KB, Ortmann WA, Selby SA, Malmgren ML, et al. A genome-wide search for susceptibility genes in human systemic lupus erythematosus sib-pair families. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 1998;95:14875–9.
48. Lawrence JS, Martins CL, Drake GL. A family survey of lupus erythematosus. 1. Heritability. *J Rheumatol* 1987;14:913–21.
49. Shirai T, Nishimura H, Jiang Y, Hirose S. Genome screening for susceptibility loci in systemic lupus erythematosus. *J Pharmacogenomics*. 2002;2:1-12.
50. Yocum MW, Grossman J, Waterhouse C, Abraham GN, May AG, Condemi JJ. Monozygotic twins discordant for systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum.* 1975;18:193-9.
51. Block SR, Winfield JB, Lockshin MD, D'Angelo WA, Christian CL. Studies of twins with systemic lupus erythematosus. A review of the literature and presentation of 12 additional sets. *Am J Med.* 1975;59:533-52.
52. Estes D, Christian CL. The natural history of systemic lupus erythematosus by prospective analysis. *Medicine (Baltimore)*. 1971;50:85
53. Dubois EL. The clinical picture of systemic lupus erythematosus, in *Lupus Erythematosus*. Chap 9, and chap 9, supp. 1, ed. By EL Dubois, University of Southern California Press, Los Angeles, 1974, 232-437.
54. Arnett FC, Shulman LE. Studies in familial systemic lupus erythematosus. *Medicine (Baltimore)*. 1976;55:313-22
55. Tsao BP. The genetics of human lupus. In: Wallace DJ, Hahn BH, editors. *Dubois' lupus erythematosus*. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins; 2002. p. 97–120.
4. Hochberg MC. The epidemiology of systemic lupus erythematosus. In: Wallace DJ, Hahn BH, editors. *Dubois' lupus erythematosus*. Baltimore: Williams & Wilkins; 1997. p. 49–65. 5
56. Deapen D, Escalante A, Weinrib L, Horwitz D, Bachman B, Roy-Burman P, et al. A revised estimate of twin concordance in systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum* 1992;35:311–8.
57. Alarcon-Segovia D, Alarcon-Riquelme ME, Cardiel MH, Caeiro F, Massardo L, Villa AR, et al. Familial aggregation of systemic lupus erythematosus, rheumatoid arthritis, and other autoimmune diseases in 1,177 lupus patients from the GLADEL cohort. *Arthritis Rheum* 2005, 52:1138-1147.

58. Priori R, Medda E, Conti F, Cassara EAM, Danieli MG, Gerli R, et al. Familial autoimmunity as a risk factor for systemic lupus erythematosus and vice versa: a case-control study. *Lupus* 2003; 12:735-740.
59. Corporaal S, Bijl M, Kallenberg CG: Familial occurrence of autoimmune diseases and autoantibodies in a Caucasian population of patients with systemic lupus erythematosus. *Clin Rheumatol* 2002; 21:108-113.
60. Qari A, Al-Mayouf SM, Al-Owain M. Mode of inheritance in systemic lupus erythematosus in Saudi multiplex families. *Genet Couns* 2009;20:215–223.
61. Adedayo O, Cummings C, Iheonunekwu N, Wallace J, McLaughlin T, Merren J, et al. Familial clustering of systemic lupus erythematosus in the cayman islands. *West Indian Med J*. 2014;63:325-8.
62. Nath SK, Kilpatrick J, Harley JB. Genetics of human systemic lupus erythematosus: the emerging picture. *Curr Opin Immunol*. 2004;16:794-800.
63. Castro J, Balada E, Ordi-Ros J, Vilardell-Tarrés M. The complex immunogenetic basis of systemic lupus erythematosus. *Autoimmun Rev*. 2008;7:345-51
64. Goldberg MA, Arnett FC, Bias WB, Shulman LE. Histocompatibility antigens in systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum*. 1976;19:129-32.
65. Batchelor JR, Fielder AH, Walport MJ, David J, Lord DK, Davey N, et al. Family study of the major histocompatibility complex in HLA DR3 negative patients with systemic lupus erythematosus. *Clin Exp Immunol*. 1987;70:364–371
66. Ayed K, Gorgi Y, Ayed-Jendoubi S, Bardi R. The involvement of HLA -DRB1\*, DQA1\*, DQB1\* and complement C4A loci in diagnosing systemic lupus erythematosus among Tunisians. *Ann Saudi Med*. 2004; 24:31-5.
67. Graham RR, Ortmann WA, Langefeld CD, Jawaheer D, Selby SA, Rodine PR, et al. Visualizing human leukocyte antigen class II risk haplotypes in human systemic lupus erythematosus. *Am J Hum Genet* 2002;71:543–53.
68. Sullivan KE. Complement deficiency and autoimmunity. *Curr Opin Pediatr* 1998;10:600-6.
69. Agnello V, Ruddy S, Winchester RJ, Christian CL, Kunkel HG. Hereditary C2 deficiency in systemic lupus erythematosus and acquired complement abnormalities in an unusual SLE-related syndrome. *Birth Defects Orig Artic*. 1975;11:312-7.

70. Manderson AP, Botto M, Walport MJ. The role of complement in the development of systemic lupus erythematosus. *Annu Rev Immunol.* 2004;22:431–456.
71. Nakamura S, Yoshinari M, Saku Y, Hirakawa K, Miishima SC, Murai K et al. Acquired C1 inhibitor deficiency associated with systemic lupus erythematosus affecting the central nervous system. *Ann Rheum Dis* 1992; 50: 713-6.
72. Ho RC, Ong H, Thiaghu C, Lu Y, Ho CS, Zhang MW. Genetic Variants That Are Associated with Neuropsychiatric Systemic Lupus Erythematosus. *J Rheumatol.* 2016;43:541-51.
73. Deng Y, Tsao BP. Genetic susceptibility to systemic lupus erythematosus in the genomic era. *Nat Rev Rheumatol.* 2010; 6: 683–692.
74. Li X, Ptacek TS, Brown EE, Edberg JC. Fcgamma receptors: structure, function and role as genetic risk factors in SLE. *Genes Immun.* 2009 10:380-9.
75. Ceccarelli F, Perricone C, Borgiani P, Ciccacci C, Rufini S, Cipriano E, et al. Genetic Factors in Systemic Lupus Erythematosus: Contribution to Disease Phenotype. *J Immunol Res.* 2015;2015:745647.
76. Lee C, Iafrate AJ, Brothman AR. Copy number variations and clinical cytogenetic diagnosis of constitutional disorders. *Nat Genet.* 2007;39(7 Suppl):S48-54.
77. Redon R, Ishikawa S, Fitch KR, Feuk L, Perry GH, Andrews TD, et al. Global variation in copy number in the human genome. *Nature.* 2006;444:444-54.
78. Wong KK, deLeeuw RJ, Dosanjh NS, Kimm LR, Cheng Z, Horsman DE, et al. A Comprehensive Analysis of Common Copy-number Variations in the Human Genome. *Am J Hum Genet;* 80:91-104, 2007.
79. Wain LV, Tobin MD. Copy number variation. *Methods Mol Biol;* 713:167-83, 201
80. Walters RG, Jacquemont S, Valsesia A, de Smith AJ, Martinet D, Andersson J, et al. A new highly penetrant form of obesity due to deletions on chromosome 16p11. 2. *Nature.* 2010; 463:671-675.
81. Sebat J. Major changes in our DNA lead to major changes in our thinking. *Nat Genet.* 2007; 39:S3-5.
82. Grayson BL, Smith ME, Thomas JW, et al. Genome-wide analysis of copy number variation in type 1 diabetes. *PloS one.* 2010;5:e15393.

83. Feuk L, Carson AR, Scherer SW. Structural variation in the human genome. *Hum Mol Genet* 2006;1:57-66.
84. Stranger BE, Forrest MS, Dunning M, Ingle CE, Beazley C, Thorne N, et al. Relative impact of nucleotide and copy number variation on gene expression phenotypes. *Science*. 2007;315:848-853.
85. Prescott K, Woodfine K, Stubbs P. A novel 5q11.2 deletion detected by microarray comparative genomic hybridisation in a child referred as a case of suspected 22q11 deletion syndrome. *Hum Genet*. 2005;116: 83-90.
86. Kelley J, Johnson MR, Alarcón GS, Kimberly RP, Edberg JC. Variation in the relative copy number of the TLR7 gene in patients with systemic lupus erythematosus and healthy control subjects. *Arthritis Rheum*. 2007;56:3375-8.
87. García-Ortiz H, Velázquez-Cruz R, Espinosa-Rosales F, Jiménez-Morales S, Baca V, Orozco L. Association of TLR7 copy number variation with susceptibility to childhood-onset systemic lupus erythematosus in Mexican population. *Ann Rheum Dis*. 2010;69:1861-5.
88. Pacheco GV, Cruz DC, González Herrera LJ, Pérez Mendoza GJ, Adrián Amaro GI, Nakazawa Ueji YE, et al. Copy Number Variation of TLR-7 Gene and its Association with the Development of Systemic Lupus Erythematosus in Female Patients from Yucatan Mexico. *Genet Epigenet*. 2014;6:31-6.
89. Hauptmann G, Tappeiner G, Schifferli JA. Inherited deficiency of the fourth component of human complement. Rosen, FS.; Seligmann, M., editors. Hardwood Academic Publishers; 1993. p. 253-266.
90. Yang Y, Chung EK, Wu YL, Savelli SL, Nagaraja HN, Zhou B, et al. Gene copy-number variation and associated polymorphisms of complement component C4 in human systemic lupus erythematosus (SLE): low copy number is a risk factor for and high copy number is a protective factor against SLE susceptibility in European Americans. *Am J Hum Genet*. 2007;80:1037-54.
91. Wu YL, Hauptmann G, Viguer M, Yu CY. Molecular basis of complete complement C4 deficiency in two North-African families with systemic lupus erythematosus. *Genes Immun*. 2009;10:433-45.
92. Pereira KM, Faria AG, Liphaus BL, Jesus AA, Silva CA, Carneiro-Sampaio M, et al. Low C4, C4A and C4B gene copy numbers are stronger risk factors for juvenile-onset

- than for adult-onset systemic lupus erythematosus. *Rheumatology (Oxford)*. 2016;55:869-73.
93. Chen JY, Wu YL, Mok MY, Wu YJ, Lintner KE, Wang CM, et al. Effects of Complement C4 Gene Copy-Number Variations, Size Dichotomy and C4A-Deficiency on Genetic Risk and Clinical Presentation of East-Asian SLE. *Arthritis Rheumatol*. 2016;68:1442-53.
  94. Margery-Muir AA, Wetherall JD, Castley AS, Hew M, Whidborne RS, Mallon DF, et al. Establishment of gene copy number-specific normal ranges for serum C4 and its utility for interpretation in patients with chronically low serum C4 concentrations. *Arthritis Rheumatol*. 2014;66:2512-20.
  95. Kim JH, Jung SH, Bae JS, Lee HS, Yim SH, Park SY, et al. Deletion variants of RABGAP1L, 10q21.3, and C4 are associated with the risk of systemic lupus erythematosus in Korean women. *Arthritis Rheum*. 2013;65:1055-63.
  96. Boteva L, Morris DL, Cortés-Hernández J, Martin J, Vyse TJ, Fernando MM. Genetically determined partial complement C4 deficiency states are not independent risk factors for SLE in UK and Spanish populations. *Am J Hum Genet*. 2012;90:445-56.
  97. Lv Y, He S, Zhang Z, Li Y, Hu D, Zhu K, et al. Confirmation of C4 gene copy number variation and the association with systemic lupus erythematosus in Chinese Han population. *Rheumatol Int*. 2012;32:3047-53.
  98. Fernando MM, Boteva L, Morris DL, Zhou B, Wu YL, et al. Assessment of complement C4 gene copy number using the paralog ratio test. *Hum Mutat*. 2010;31:866-74.
  99. Willcocks LC, Lyons PA, Clatworthy MR, Robinson JI, Yang W, Newland SA, et al. Copy number of FCGR3B, which is associated with systemic lupus erythematosus, correlates with protein expression and immune complex uptake. *J Exp Med*. 2008;205:1573-82.
  100. Zhou XJ, Lv JC, Qin LX, Yang HZ, Yu F, Zhao MH, et al. Is FCGR2A a susceptibility gene to systemic lupus erythematosus in Chinese? *Lupus*. 2011;20:1198-202.
  101. Dong , Ptacek TS, Redden DT, Zhang K, Brown EE, Edberg JC, et a. Fcγ receptor IIIa single-nucleotide polymorphisms and haplotypes affect human IgG

- binding and are associated with lupus nephritis in African Americans. *Arthritis Rheumatol.* 2014;66:1291-9.
102. Almal SH, Padh H. Frequency distribution of autoimmunity associated FCGR3B gene copy number in Indian population. *Int J Immunogenet.* 2015;42:26-30.
103. Chen JY, Wang CM, Chang SW, Cheng CH, Wu YJ, Lin JC, et al. Association of FCGR3A and FCGR3B copy number variations with systemic lupus erythematosus and rheumatoid arthritis in Taiwanese patients. *Arthritis Rheumatol.* 2014;66:3113-21.
104. Mueller M, Barros P, Witherden AS, Roberts AL, Zhang Z, Schaschl H, et al. Genomic pathology of SLE-associated copy-number variation at the FCGR2C/FCGR3B/FCGR2B locus. *Am J Hum Genet.* 2013;92:28-40.
105. Molokhia M, Fanciulli M, Petretto E, Patrick AL, McKeigue P, Roberts AL, et al. FCGR3B copy number variation is associated with systemic lupus erythematosus risk in Afro-Caribbeans. *Rheumatology (Oxford).* 2011;50:1206-10.
106. Morris DL, Roberts AL, Witherden AS, Tarzi R, Barros P, Whittaker JC, et al. Evidence for both copy number and allelic (NA1/NA2) risk at the FCGR3B locus in systemic lupus erythematosus. *Eur J Hum Genet.* 2010;18:1027-31.
107. Mamtani M, Anaya JM, He W, Ahuja SK. Association of copy number variation in the FCGR3B gene with risk of autoimmune diseases. *Genes Immun.* 2010;11:155-60.
108. Niederer HA, Willcocks LC, Rayner TF, Yang W, Lau YL, Williams TN, et al. Copy number, linkage disequilibrium and disease association in the FCGR locus. *Hum Mol Genet.* 2010;19:3282-94.
109. Yu B, Guan M, Peng Y, Shao Y, Zhang C, Yue X, et al. Copy number variations of interleukin-17F, interleukin-21, and interleukin-22 are associated with systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum.* 2011;63:3487-92.
110. Yu B, Shao Y, Yue X, Zhang J, Guan M, Wan J, et al. Copy number variations of Interleukin-12B and T-bet are associated with systemic lupus erythematosus. *Rheumatology (Oxford).* 2011;50:1201-5.
111. Zhou XJ, Cheng FJ, Lv JC, Luo H, Yu F, Chen M, et al. Higher DEFB4 genomic copy number in SLE and ANCA-associated small vasculitis. *Rheumatology (Oxford).* 2012;51:992-5.

112. Wu L, Guo S, Yang D, Ma Y, Ji H, Chen Y, et al. Copy number variations of HLA-DRB5 is associated with systemic lupus erythematosus risk in Chinese Han population. *Acta Biochim Biophys Sin (Shanghai)*. 2014;46:155-60.
113. Petri M, Susan G, Barr AZ, Nacach LS, Magde R. Patterns of disease activity in systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum* 1999; 12: 2682-8
114. Yee CS, Farewell VT, Isenberg DA, Griffiths B, Teh LS, Bruce IN, et al. The use of Systemic Lupus Erythematosus Disease Activity Index-2000 to define active disease and minimal clinically meaningful change based on data from a large cohort of systemic lupus erythematosus patients. *Rheumatology (Oxford)*. 2011;50:982-8.
115. Ibañez D, Urowitz MB, Gladman DD. Summarizing disease features over time: I. Adjusted mean SLEDAI derivation and application to an index of disease activity in lupus. *J Rheumatol* 2003;30:1977-82.
116. Brunner HI, Feldman BM, Bombardier C, Silverman ED. Sensitivity of the Systemic Lupus Erythematosus Disease Activity Index, British Isles Lupus Assessment Group Index, and Systemic Lupus Activity Measure in the evaluation of clinical change in childhood-onset systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum*. 1999;42:1354-60.
117. Machado C, Ruperto N. Consenso em Reumatologia Pediátrica parte II – definição de melhora clínica para o lúpus eritematoso sistêmico e dermatomiosite juvenil. *Ver Bras Reumatol*. 2005;45:14-9
118. Okuda EM. Avaliação de um índice de atividade (SLEDAI) em 104 crianças com lúpus eritematoso sistêmico. São Paulo: 1995. Tese (Mestrado) – Faculdade de Ciências Médicas da Santa Casa de São Paulo.
119. Gladman DD, Ginzler EM, Goldsmith C, et al. The development and initial validation of the Systemic Lupus International Collaborating Clinics/American College of Rheumatology damage index for systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum* 1996; 39: 363–369
120. Tucker LB, Menon S, Schaller JG, et al. Comparison of adult and childhood onset systemic lupus erythematosus. *Br J Rhematol*. 1994;33:s84
121. Stoll T, Sutcliffe N, Mach J, Klaghofer R, Isenberg DA. Analysis of the relationship between disease activity and damage in patients with systemic lupus

- erythematosus – a 5 year prospective study. *Rheumatology (Oxford)*. 2004;43:1039-44
122. Brunner HI, Silverman ED, To T, Bombardier C, Feldman BM. Risk factors for damage in childhood-onset systemic lupus erythematosus: cumulative disease activity and medication use predict disease damage. *Arthritis Rheum*. 2002;46:436-44.
123. Gutiérrez-Suárez R, Ruperto N, Gastaldi R, Pistorio A, Felici E, Burgos-Vargas R, et al. A proposal for a pediatric version of the Systemic Lupus International Collaborating Clinics/ American College of Rheumatology Damage Index based on the analysis of 1015 patients with juvenile onset systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum*. 2006;45:2989-96
124. Thomas, DC. Statistical methods in genetic epidemiology. new york: oxford university, 2004.
125. Choy KW, Setlur SR, Lee C, Lau TK. The impact of human copy number variation on a new era of genetic testing. *BJOG*. 2010;117:391-398.
126. Gibbs RA, Belmont JW, Hardenbol P, International HapMap Consortium. et al. The international HapMap project. *Nature*. 2003;426:789-796.
127. Cheng FJ, Zhou XJ, Zhao YF, Zhao MH, Zhang H. Alpha-defensin DEFA1A3 gene copy number variation in Asians and its genetic association study in Chinese systemic lupus erythematosus patients. *Gene*. 2013;517:158-63.
128. Yu B, Shao Y, Li P, Zhang J, Zhong Q, Yang H, et al. Copy number variations of the human histamine H4 receptor gene are associated with systemic lupus erythematosus. *Br J Dermatol*. 2010;163:935-40.
129. Mondini M, Costa S, Sponza S, Gugliesi F, Gariglio M, Landolfo S. The interferon-inducible HIN-200 gene family in apoptosis and inflammation: implication for autoimmunity. *Autoimmunity*. 2010;43:226-31.
130. Cárdenas-Roldán J, Rojas-Villarraga A, Anaya JM. How do autoimmune diseases cluster in families? A systematic review and meta-analysis. *BMC Med*. 2013;11:73.

131. Christian CL. Clues from genetic and epidemiologic studies. *Arthritis Rheum.* 1978;21:S130-3.
132. Al-Mayouf SM, Al Sonbul A. Juvenile systemic lupus erythematosus in multicase families from Saudi Arabia: comparison of clinical and laboratory variables with sporadic cases. *Lupus.* 2006;15:616-8.
133. Burgos PI, McGwin Jr G, Reveille JD, et al. Is Familial Lupus Different from Sporadic Lupus?: Data from LUMINA, a Multiethnic US Cohort. *Lupus.* 2010; 19: 1331–1336.
134. Michel M, Johanet C, Meyer O, et al; Group for Research on Auto-Immune Disorders (GRAID). Familial lupus erythematosus. Clinical and immunologic features of 125 multiplex families. *Medicine (Baltimore).* 2001;80:153-8.
135. Abutiban F, Mokkaddam K, Ameen E, et al. Comparison between familial and sporadic systemic lupus erythematosus in Kuwaiti patients. *Lupus.* 2009;18:86-91.
136. Prahalad S, Shear ES, Thompson SD, Giannini EH, Glass DN. Increased prevalence of familial autoimmunity in simplex and multiplex families with juvenile rheumatoid arthritis. *Arthritis Rheum.* 2002;46:1851-6.
137. Koumakis E, Dieudé P, Avouac J, Kahan A, Allanore Y; Association des Sclérodermiques de France. Familial autoimmunity in systemic sclerosis -- results of a French-based case-control family study. *J Rheumatol.* 2012;39:532-8.
138. Koskenmies S, Widen E, Kere J, et al. Familial systemic lupus erythematosus in Finland. *J Rheumatol.* 2001;28:758-760.
139. Rojas-Villarraga A, Toro CE, Espinosa G, Rodríguez-Velosa Y, Duarte-Rey C, Mantilla RD, Iglesias-Gamarra A, Cervera R, Anaya JM. Factors influencing polyautoimmunity in systemic lupus erythematosus. *Autoimmun Rev.* 2010;9:229-32.
140. Heinzlef O, Alamowitch S, Sazdovitch V, Chillet P, Joutel A, Tournier-Lasserve E, et al. Autoimmune diseases in families of French patients with multiple sclerosis. *Acta Neurol Scand* 2000; 101:36–40
141. Lin JP, Cash JM, Doyle SZ, Peden S, Kanik K, Amos CI, et al. Familial clustering of rheumatoid arthritis with other autoimmune diseases. *Hum Genet* 1998;103:475–82
142. Anaya JM, Tobon GJ, Vega P, Castiblanco J. Autoimmune disease aggregation in families with primary Sjögren's syndrome. *J Rheumatol.* 2006;33:2227-34.

143. Foster H, Fay A, Kelly C, Charles P, Walker D, Griffiths I. Thyroid disease and other autoimmune phenomena in a family study of primary Sjogren's syndrome. *Br J Rheumatol* 1993;32:36–40.
144. Niewold TB, Wu SC, Smith M, Morgan GA, Pachman LM. Familial aggregation of autoimmune disease in juvenile dermatomyositis. *Pediatrics*. 2011;127:e1239-46.
145. Tsao BP, Grossman JM, Riemekasten G, Strong N, Kalsi J, Wallace DJ et al. Familiality and co-occurrence of clinical features of systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum* 2002; 46: 2678–2685
146. Sestak AL, Shaver TS, Moser KL, et al. Familial aggregation of lupus and autoimmunity in an unusual multiplex pedigree. *J Rheumatol*. 1999;26:1495-1499.
147. Zhao J, Wu H, Khosravi M, Cui H, Qian X, Kelly JA, et al. Association of genetic variants in complement factor H and factor H-related genes with systemic lupus erythematosus susceptibility. *PLoS Genet*. 2011;7:e1002079.
148. de Cordoba SR, de Jorge EG. Translational mini-review series on complement factor H: genetics and disease associations of human complement factor H. *Clin Exp Immunol* 2008;151: 1–13
149. Kozyrev SV, Abelson AK, Wojcik J, Zaghlool A, Linga Reddy MV, Sanchez E, et al. Functional variants in the B-cell gene BANK1 are associated with systemic lupus erythematosus. *Nat Genet*. 2008;40:211-6.
150. Sánchez E, Rasmussen A, Riba L, Acevedo-Vasquez E, Kelly JA, Langefeld CD, et al. Impact of genetic ancestry and sociodemographic status on the clinical expression of systemic lupus erythematosus in American Indian-European populations. *Arthritis Rheum*. 2012;64:3687-94.
151. Dieudé P, Wipff J, Guedj M, Ruiz B, Melchers I, Hachulla E, et al. BANK1 is a genetic risk factor for diffuse cutaneous systemic sclerosis and has additive effects with IRF5 and STAT4. *Arthritis Rheum*. 2009;60:3447-54.

152. Yin H, Borghi MO, Delgado-Vega AM, Tincani A, Meroni PL, Alarcón-Riquelme ME. Association of STAT4 and BLK, but not BANK1 or IRF5, with primary antiphospholipid syndrome. *Arthritis Rheum.* 2009;60:2468-71.
153. Zykova SN, Tveita AA, Rekvig OP. Renal Dnase1 enzyme activity and protein expression is selectively shut down in murine and human membrano proliferative lupus nephritis. *PLoS One.* 2010;5.pii:e12096.
154. Fismen S, Thiagarajan D, Seredkina N, Nielsen H, Jacobsen S, Elung-Jensen T, et al. Impact of the tumor necrosis factor receptor-associated protein 1 (Trap1) on renal DNaseI shutdown and on progression of murine and human lupus nephritis. *Am J Pathol.* 2013;182:688-700.
155. Napirei M, Karsunky H, Zevnik B, Stephan H, Mannherz HG, Möröy T. Features of systemic lupus erythematosus in Dnase1-deficient mice. *Nat Genet.* 2000;25:177-81.
156. Thiagarajan D, Fismen S, Seredkina N, Jacobsen S, Elung-Jensen T, Kamper AL, et al. Silencing of renal DNaseI in murine lupus nephritis imposes exposure of large chromatin fragments and activation of Toll like receptors and the Clec4e. *PLoS One.* 2012;7:e34080.
157. Yasutomo K, Horiuchi T, Kagami S, Tsukamoto H, Hashimura C, Urushihara M, Kuroda Y. Mutation of DNASE1 in people with systemic lupus erythematosus. *Nat Genet.* 2001;28:313-4.
158. Webb R, Wren JD, Jeffries M, Kelly JA, Kaufman KM, Tang Y, et al. Variants within MECP2, a key transcription regulator, are associated with increased susceptibility to lupus and differential gene expression in patients with systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum.* 2009;60:1076-84.
159. Ramos PS, Brown EE, Kimberly RP, Langefeld CD. Genetic factors predisposing to systemic lupus erythematosus and lupus nephritis. *Semin Nephrol.* 2010;30:164-76.
160. Harley IT, Kaufman KM, Langefeld CD, Harley JB, Kelly JA. Genetic susceptibility to SLE: new insights from fine mapping and genome-wide association studies. *Nat Rev Genet.* 2009;10:285-90.
161. You Y, Qin Y, Lin X, Yang F, Li J, Sooranna SR, Pinhu L. Methylprednisolone attenuates lipopolysaccharide-induced Fractalkine expression in

- kidney of Lupus-prone MRL/lpr mice through the NF-kappaB pathway. *BMC Nephrol.* 2015;16:148.
162. Kalergis AM, Iruretagoyena MI, Barrientos MJ, González PA, Herrada AA, Leiva ED, et al. Modulation of nuclear factor-kappaB activity can influence the susceptibility to systemic lupus erythematosus. *Immunology.* 2009;128:e306-14.
163. Belot A, Cimaz R. Monogenic forms of systemic lupus erythematosus: new insights into SLE pathogenesis. *Pediatr Rheumatol Online J.* 2012;10:21.

## 10. Apêndices

### Apêndice 1. Tabela 2. CNV's observadas nos pacientes com LESj.

CH IP	Localização	Tamanho	Marcadores	Genes Ref Seq
1	1p36.33(1,627,905-1,672,591)x1	45	36	CDK11B, MMP23A, CDK11A, LC35E2
	1q44(248,688,586-248,795,277)x1	107	60	OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11
	3p11.1(89,394,609-89,416,519)x1	22	46	EPHA3
	3q27.3(186,386,545-186,416,217)x1	30	62	HRG
	4q24(104,199,891-104,251,154)x1	51	36	0
	5p13.3(32,109,541-32,170,613)x3	61	60	PDZD2, GOLPH3
	6p25.3(254,253-302,184)x1	48	90	DUSP22
	6q11.1q11.2(62,911,582-63,334,015)x3	422	263	KHDRBS2
	7p21.3(8,824,416-8,865,997)x1	42	40	0
	10q26.3(135,252,897-135,372,601)x3	120	228	LOC619207, CYP2E1, SYCE1
	11p15.4(5,787,560-5,809,230)x1	22	45	OR52N5, OR52N1
	12p11.23(27,647,893-27,659,531)x1	12	25	SMCO2
	17q12(34,426,244-34,477,480)x3	51	63	CCL4
	22q11.23q12.1(25,656,237-25,922,334)x3	266	72	IGLL3P, LRP5L, CRYBB2P1
2	1q21.3(152,519,236-152,592,184)x1	73	60	LCE3E, LCE3D, LCE3C, LCE3B
	3q26.33(181,441,699-181,459,487)x1	18	39	SOX2-OT
	3q28(189,360,741-189,371,964)x1	11	36	TP63
	12q23.1(99,791,778-99,798,721)x1	7	32	ANKS1B
	12p11.23(27,645,979-27,659,531)x1	14	29	SMCO2
	13q31.1(84,101,177-84,155,985)x1	55	53	0
	14q32.33(106,079,822-106,536,858)x3	457	168	ELK2AP, KIAA0125, ADAM6
	14q32.33(106,667,034-106,849,677)x3	183	63	LINC00226
	16p13.11(14,927,408-15,053,870)x1	126	36	NOMO1, MIR3179-3, MIR3179-2, MIR3179-1, MIR3180-1, MIR3180-3, MIR3180-2, NPIPA1
	17q21.31(44,212,823-44,292,319)x3	79	69	KANSL1, KANSL1-AS1

	19q13.2(41,345,129-41,369,550)x1	24	32	CYP2A6
	19q13.42(54,722,727-54,806,601)x1	84	54	LILRB3, LILRA6, LILRB5, LILRB2, MIR4752, LILRA3
	22q11.22(23,155,630-23,258,369)x3	103	68	MIR650, IGLL5
	Xp22.33(2,370,493-2,382,544)x1	12	58	DHRSX
	Xq28(148,884,728-149,028,747)x3	144	348	MAGEA8-AS1, MAGEA8
	Xq13.3(75,668,406-75,668,926)x1	1	32	0
	Xq27.1(139,493,669-139,498,147)x1	4	47	0
	Xq27.3(146,839,392-146,849,243)x1	10	48	0
	Xq28(148,498,076-148,506,548)x1	8	68	0
	Xq28(148,640,403-148,656,599)x1	16	28	0
	Xq28(152,632,639-152,649,209)x1	17	32	0
<b>3</b>	1q31.3(197,574,324-197,593,198)x1	14	25	DENND1B
	1q44(248,753,332-248,794,396)x1	21	52	OR2T10, OR2T11
	2q34(213,155,953-213,192,832)x1	17	141	ERBB4
	2q22.1(140,981,413-141,003,247)x1	51	43	LRP1B
	2q31.3(181,921,678-181,935,811)x1	26	26	UBE2E3
	2q32.1(185,132,578-185,164,548)x1	37	25	
	3p21.1(53,031,722-53,038,931)x1	42	36	SFMBT1
	3q13.31(114,702,056-114,746,345)x1	27	38	ZBTB20
	3p24.1(26,451,024-26,487,455)x1	15	37	
	3p12.2(83,028,337-83,064,424)x1	58	27	
	3p11.1q11.1(90,373,747-93,520,054)x1	3	32	
	4q13.3(73,310,312-73,334,371)x1	34	28	ADAMTS3
	4q24(102,838,806-102,870,698)x1	20	44	BANK1
	4q13.2(69,435,888-69,541,894)x3	53	50	UGT2B15
	5p12q11.1(45,939,673-49,552,685)x1	14	166	
	5q14.3(89,200,711-89,261,193)x1	52	49	
	5q15(97,296,146-97,403,390)x3	41	56	
	5q21.1(100,707,389-100,761,775)x1	28	38	
	5q22.3(113,948,621-113,984,785)x1	38	32	

6p25.3(254,253-294,826)x1	42	88	DUSP22
6q12(65,667,507-65,775,854)x1	108	140	EYS
6q12(67,123,343-67,150,597)x1	27	27	
6q14.1(82,404,041-82,436,604)x1	33	44	
7p21.3(8,579,646-8,612,917)x1	33	30	NXPH1
7p21.3(11,738,249-11,778,873)x1	41	68	THSD7A
7q21.13(88,563,805-88,592,450)x1	29	44	ZNF804B
7p14.1(38,328,966-38,349,129)x1	20	40	
7p11.2q11.21(57,960,621-62,453,415)x1	4493	27	
8p11.1q11.1(43,442,233-46,912,762)x1	3471	116	
9p21.1(31,182,306-31,203,683)x1	21	36	
11q14.1(84,521,352-84,555,563)x1	34	36	DLG2
11p11.12(50,344,990-50,596,467)x1	251	96	LOC646813
11q11(55,402,800-55,442,305)x1	40	56	OR4P4, OR4S2, OR4C6
11p14.3(25,247,287-25,273,090)x1	26	33	
11p11.2p11.12(48,709,714-48,849,435)x1	140	36	
11p11.12q11(51,559,994-55,009,349)x1	3449	84	
12p11.1(34,599,313-34,730,588)x1	131	32	
12q11q12(37,987,891-38,428,116)x1	440	72	
14q32.33(106,206,397-106,777,331)x3	571	226	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
14q11.2(22,676,928-22,938,398)x1	261	411	
17q21.31(44,212,823-44,288,428)x3	76	67	KANSL1, KANSL1-AS1
Xq28(147,649,794-147,659,309)x1	10	77	AFF2
Xq28(147,688,263-147,695,031)x1	7	36	AFF2
Xq28(147,977,681-147,981,407)x1	4	68	AFF2
Xq27.1(138,818,758-138,832,555)x1	14	60	ATP11C
Xq13.2(72,784,767-72,814,728)x1	30	28	CHIC1
Xq23(110,617,688-110,619,118)x1	1	40	DCX
Xp22.33(2,390,927-2,393,274)x1	2	32	DHRSX

	Xp21.1(32,081,874-32,085,150)x1	3	48	DMD
	Xp22.2(14,612,146-14,639,873)x1	28	31	GLRA2
	Xp21.2(29,951,929-29,956,480)x1	5	28	IL1RAPL1
	Xq27.1(138,692,905-138,697,097)x1	4	32	MCF2
	Xq28(149,810,733-149,814,839)x1	4	57	MTM1
	Xq23(110,356,325-110,357,527)x1	1	28	PAK3
	Xq21.1q21.2(84,566,565-84,608,518)x1	42	40	POF1B
	Xq25(123,632,005-123,634,201)x1	2	33	TENM1
	Xq22.1(98,885,359-98,934,174)x1	49	52	XRCC6P5
	Xq22.1(101,133,404-101,151,615)x1	18	32	ZMAT1
	Xq26.1(129,375,241-129,385,740)x1	10	44	ZNF280C
	Xp22.33(532,444-539,768)x3	7	64	
	Xp11.1q11.1(58,326,433-62,021,787)x1	3695	220	
	Xq13.2(72,353,669-72,412,393)x1	59	36	
	Xq21.1(77,660,983-77,735,761)x1	75	38	
	Xq23(115,491,211-115,491,856)x1	1	35	
	Xq25(122,094,092-122,115,316)x1	21	70	
	Xq25(122,151,665-122,170,887)x1	19	36	
	Xq25(122,180,863-122,186,917)x1	6	50	
	Xq27.1(139,493,774-139,504,489)x1	11	62	PCDH11Y
	Xq28(147,215,724-147,230,478)x1	15	85	
	Xq28(147,496,079-147,507,604)x1	12	88	
	Xq28(154,896,093-154,947,012)x1	51	42	
	Yp11.2(5,354,663-5,624,279)x1	270	172	
	Yp11.2(3,864,690-4,089,239)x1	225	72	
<b>4</b>	1p32.2(57,205,810-57,220,225)x1	14	34	C1orf168
	1q31.3(197,572,064-197,592,798)x1	21	31	DENND1B
	1q24.3(172,147,241-172,164,093)x1	17	28	DNM3
	1q21.3(152,267,545-152,318,885)x1	51	52	FLG
	1p12(118,009,433-118,035,367)x1	26	32	MAN1A2

---

1p31.1(71,987,759-72,025,236)x1	37	56	NEGR1
1q44(248,753,332-248,795,277)x1	42	56	OR2T10, OR2T11
1q23.3(163,749,525-163,776,298)x1	27	28	0
2q31.1(169,800,109-169,814,804)x1	15	36	ABCB11
2q11.2(98,118,198-98,175,937)x1	58	28	ANKRD36B
2p15(61,391,469-61,394,851)x1	3	27	C2orf74
2q34(213,158,819-213,192,832)x1	34	136	ERBB4
2q22.1(140,981,413-141,001,265)x1	20	40	LRP1B
2p16.3(51,098,919-51,152,020)x1	53	105	NRXN1
2q31.3(181,921,678-181,935,811)x1	14	26	UBE2E3
2p22.3(36,251,326-36,303,188)x1	52	36	0
2p16.1(57,768,018-57,808,810)x1	41	32	0
2p12(81,661,314-81,689,088)x1	28	27	0
2q12.3(108,559,863-108,598,184)x1	38	36	0
2q32.1(185,134,422-185,176,555)x1	42	31	0
2q32.3(195,860,157-195,940,628)x1	80	56	0
3p24.1(29,912,433-29,947,614)x1	35	43	RBMS3
3q13.31(114,702,813-114,747,159)x1	44	37	ZBTB20
3p24.1(26,434,110-26,487,455)x1	53	46	0
3p12.2(83,027,611-83,105,028)x1	77	44	0
3p11.1q11.1(90,310,714-93,520,054)x1	3209	46	0
3q13.13(110,141,726-110,208,784)x1	67	50	0
4q13.3(73,289,101-73,334,371)x1	45	44	ADAMTS3
4q24(102,843,801-102,875,600)x1	32	50	BANK1
4q31.22(147,236,570-147,264,510)x1	28	36	SLC10A7
4q13.3(72,334,509-72,356,789)x1	22	49	SLC4A4
4q13.2(69,795,358-69,828,678)x1	33	40	UGT2A3
4p11q11(49,065,627-52,699,764)x1	3634	36	0
4q12(58,690,896-58,724,669)x1	34	31	0
4q26(117,851,509-117,879,655)x1	28	33	0

---

---

5p12(44,348,685-44,370,189)x1	22	28	FGF10
5q35.2(175,570,677-175,661,111)x1	90	48	LOC643201
5p15.1(16,153,878-16,175,466)x1	22	31	MARCH11
5q32(147,447,883-147,469,789)x1	22	34	SPINK5
5p12q11.1(45,905,665-49,568,724)x1	3663	196	
5q14.3(89,204,391-89,261,305)x1	57	49	
5q21.1(100,707,146-100,813,612)x1	106	74	
5q22.3(113,898,418-113,972,752)x1	74	48	
5q23.1(117,445,186-117,491,078)x1	46	29	
5q23.2(125,253,953-125,308,531)x1	55	28	
5q33.1(152,311,571-152,338,616)x1	27	28	
6q12(65,051,528-65,077,963)x1	26	28	EYS
6q12(65,862,319-65,892,425)x1	30	40	EYS
6q16.3(102,043,731-102,062,308)x1	19	78	GRIK2
6q12(67,123,754-67,153,002)x1	29	33	0
6q14.1(82,406,876-82,446,251)x1	39	58	0
7q21.3(93,090,688-93,132,034)x1	41	52	CALCR, MIR653, MIR489
7q31.33(126,079,143-126,113,230)x1	34	32	GRM8
7p21.3(8,570,843-8,612,917)x1	42	40	NXPH1
7q21.11(84,635,568-84,661,957)x1	26	32	SEMA3D
7p21.3(11,733,425-11,789,336)x1	56	101	THSD7A
7q21.13(88,567,685-88,599,929)x1	32	44	ZNF804B
7p11.2q11.21(57,950,844-62,453,455)x1	4503	31	0
7q21.13(89,661,299-89,686,549)x1	25	29	0
8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
8q23.3(113,891,338-113,932,526)x1	41	31	CSMD3
8q24.21(127,979,690-128,067,424)x1	88	64	PCAT1
8q23.1(106,729,703-106,754,083)x1	24	72	ZFPM2
8p11.1(43,424,102-43,822,229)x1	398	107	0
8q21.12(78,405,750-78,454,931)x1	49	28	0

---

---

8q24.13(123,392,136-123,436,091)x1	44	26	0
9p21.2(26,396,756-26,461,417)x1	65	32	0
9p21.1(31,185,861-31,206,171)x1	20	36	0
11q14.1(84,530,512-84,555,563)x1	25	32	DLG2
11p11.12(50,306,192-51,436,407)x1	1130	236	LOC646813, OR4A5
11p15.4(5,783,909-5,809,230)x1	25	48	OR52N5, OR52N1
11p14.3(25,247,287-25,282,498)x1	35	40	
] 11p12(37,065,405-37,133,076)x1	68	50	
11p11.2p11.12(48,709,714-48,849,435)x1	140	36	
11p11.12q11(51,559,994-55,009,462)x1	3449	85	
11q14.1(81,836,890-81,889,044)x1	52	42	
11q14.3(91,814,469-91,859,440)x1	45	46	
12q14.1(62,153,749-62,182,582)x1	29	44	FAM19A2
12q21.33(91,441,909-91,466,433)x1	25	48	KERA
12p11.1(34,599,313-34,749,005)x1	150	36	0
12q11q12(37,987,891-38,428,116)x1	440	72	0
13q22.3(78,469,399-78,489,833)x1	20	76	EDNRB
13q31.3(94,509,950-94,521,444)x1	11	72	GPC6, GPC6-AS2
14q32.33(106,071,819-106,777,330)x3	706	246	ELK2AP, KIAA0125, ADAM6, LINC00226
14q31.3(88,400,301-88,403,743)x1	3	35	GALC
14q11.2(20,618,658-20,626,373)x1	8	36	0
14q11.2(22,678,502-22,688,302)x1	10	32	0
14q21.1(40,489,744-40,538,526)x1	49	37	0
14q21.1(40,883,802-40,909,996)x1	26	32	0
15q21.3(58,292,124-58,338,201)x1	46	52	ALDH1A2
15q26.3(99,722,841-99,760,335)x1	37	32	TTC23
15q21.3(53,841,660-53,859,262)x1	18	26	WDR72
15q21.1(45,221,516-45,240,104)x1	19	28	0
16q23.3(83,196,442-83,210,892)x1	14	36	CDH13
16p11.2p11.1(34,466,474-34,755,816)x3	289	174	LOC283914, LOC146481, LOC100130700

---

---

17q21.31(44,225,439-44,784,639)x3	559	56	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
17q11.1(25,455,184-25,504,812)x1	50	25	0
17q22(50,507,361-50,538,567)x1	31	28	0
18q21.2(50,632,378-50,661,970)x1	30	60	DCC
18q12.1(26,614,699-26,736,404)x1	122	68	0
18q21.32(58,460,763-58,494,679)x1	34	27	0
18q22.1(64,577,684-64,615,163)x1	37	28	0
19p12q11(24,368,819-28,271,120)x1	3902	84	0
20q13.12(42,127,778-42,142,098)x1	14	32	L3MBTL1
22q11.22(23,064,580-23,258,369)x3	194	94	MIR650, IGLL5
Xq23(108,896,317-108,904,825)x1	9	29	ACSL4
Xq28(147,654,911-147,659,309)x1	4	52	AFF2
Xq28(147,688,263-147,697,977)x1	10	51	AFF2
Xq28(147,970,337-147,979,686)x1	9	84	AFF2
Xq27.1(138,818,249-138,832,555)x1	14	74	ATP11C
Xq13.2(72,787,561-72,832,816)x1	45	30	CHIC1
Xq26.3(134,844,956-134,891,198)x3	46	68	CT45A1, CT45A2, CT45A4, CT45A3
Xp21.1(32,622,365-32,627,072)x1	5	36	DMD
Xp22.2(14,549,947-14,639,873)x1	90	99	GLRA2
Xq26.3(135,424,691-135,440,249)x1	16	25	GPR112
Xq25(122,416,128-122,439,790)x1	24	80	GRIA3
Xq22.3(103,933,627-103,974,716)x1	41	40	IL1RAPL2
Xq22.3(104,233,203-104,290,191)x1	57	49	IL1RAPL2
Xq28(149,810,774-149,813,532)x1	3	28	MTM1
Xq23(110,356,320-110,358,660)x1	2	44	PAK3
Xq23(110,405,958-110,415,646)x1	10	36	PAK3
Xq21.1q21.2(84,587,346-84,633,622)x1	46	48	POF1B
Xq25(123,628,158-123,634,302)x1	6	46	TENM1
Xp11.21(54,951,330-55,011,874)x1	61	70	TRO, PFKFB1
Xq22.1(98,821,094-98,966,558)x1	145	128	XRCC6P5

---

Xq23(111,592,005-111,610,200)x1	18	26	ZCCHC16	
Xq22.1(101,131,414-101,142,021)x1	11	32	ZMAT1	
Xq26.1(129,369,014-129,376,465)x1	7	48	ZNF280C	
Xp11.1q11.1(58,326,433-62,073,852)x1	3747	300	0	
Xq12(66,079,067-66,143,935)x1	65	31	0	
Xq13.2(72,961,906-72,975,944)x1	14	32	0	
Xq21.1(77,660,983-77,720,021)x1	59	36	0	
Xq23(115,491,197-115,510,505)x1	19	100	0	
Xq24(119,948,115-119,967,524)x1	19	34	0	
Xq24(120,158,829-120,169,687)x1	11	26	0	
Xq24(120,791,673-120,861,605)x1	70	27	0	
Xq25(122,088,744-122,115,314)x1	27	87	0	
Xq25(122,209,398-122,223,079)x1	14	84	0	
Xq26.3(136,951,596-136,952,145)x1	1	28	0	
Xq27.1(138,506,730-138,510,985)x1	4	40	0	
Xq27.1(139,919,245-139,920,849)x1	2	28	0	
Xq28(147,212,034-147,238,255)x1	26	132	0	
] Xq28(147,496,079-147,519,376)x1	23	157	0	
Xq28(154,908,921-154,946,935)x1	38	37	0	
Yp11.2(3,897,835-4,089,239)x1	191	63	0	
<b>5</b>	1q31.3(197,572,673-197,601,668)x1	29	36	DENND1B
	1q31.2(191,825,840-191,867,711)x1	42	29	
	2q34(213,173,432-213,187,551)x1	14	42	ERBB4
	3p26.1(6,173,453-6,246,651)x1	73	44	
	3p12.2(83,028,440-83,064,424)x1	36	26	
	3p11.1(90,311,072-90,502,849)x1	192	40	
	3q21.2(125,712,256-125,721,849)x1	10	31	
	4q13.2(69,435,888-69,558,258)x1	122	68	UGT2B15
5p12q11.1(45,931,096-49,552,685)x1	3.622	170		
	5q21.1(100,719,862-100,761,775)x1	42	32	

5q33.1(150,203,406-150,218,591)x1	15	25	
6q16.3(104,240,499-104,577,402)x3	337	192	
7p21.3(11,733,773-11,759,829)x1	26	60	THSD7A
7p11.2q11.21(57,936,076-62,453,415)x1	4.517	31	
8q13.2(68,547,546-68,561,954)x1	14	28	CPA6
8p11.1(43,442,233-43,780,282)x1	338	99	
9p23(11,952,468-12,112,855)x1	160	110	
9p21.1(31,156,013-31,195,288)x1	39	32	
10q11.22(46,996,891-47,147,301)x3	150	183	GPRIN2, NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33
11q11(55,374,018-55,452,996)x1	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
11p11.2p11.12(48,702,698-48,844,411)x1	142	34	
11p11.12(50,417,590-50,596,467)x1	179	49	
11p11.12q11(51,581,437-55,009,463)x1	3.428	73	
12p13.2(11,219,929-11,256,413)x1	36	39	PRH1-PRR4, TAS2R43
12p11.1(34,599,313-34,749,005)x1	150	36	
12q11q12(37,987,891-38,428,116)x1	440	72	
14q32.33(106,246,785-106,519,050)x3	272	136	KIAA0125, ADAM6
14q32.33(106,536,990-106,709,975)x1	173	25	
16q23.3(83,196,442-83,210,892)x1	14	36	CDH13
16p13.3(3,701,564-3,717,022)x1	15	68	DNASE1, TRAP1
16p11.2p11.1(34,449,594-34,755,816)x3	306	176	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
Xp11.4(40,461,558-40,477,714)x1	16	68	ATP6AP2
Xq26.3(134,870,852-134,891,198)x4	20	52	CT45A2, CT45A4, CT45A3
Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
Xp21.1(32,742,110-32,743,194)x1	1	27	DMD
Xq28(148,876,306-149,028,747)x3	152	350	MAGEA8-AS1, MAGEA8
Xq22.3(107,110,202-107,112,200)x1	2	28	MID2
Xq23(110,356,320-110,356,790)x1	0,5	30	PAK3
Xp22.31(7,124,020-7,144,534)x3	21	52	STS
Xp11.1q11.1(58,326,433-62,036,700)x1	3.710	224	

	Xq21.2(84,799,835-84,847,310)x1	47	29	
<b>6</b>	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x0	12	28	MB21D2
	3q29(192,485,137-192,583,086)x1	98	95	SFMBT1
	3p21.1(53,031,722-53,038,931)x1	7	36	TP63
	3q28(189,363,664-189,371,964)x1	8	33	0
	3q21.2(125,712,585-125,721,849)x1	9	27	CSN1S2BP, C4orf40, ODAM, FDCSP
	4q13.3(70,964,909-71,093,363)x1	128	135	0
	5p12p11(46,019,076-46,377,316)x1	358	100	0
	5q21.1(100,723,101-100,756,873)x1	34	25	0
	] 7p11.2q11.21(57,950,844-62,453,415)x1	4,503	28	ADAM5, ADAM3A
	8p11.22(39,247,097-39,361,676)x1	115	60	0
	8p11.1(43,487,869-43,786,723)x1	299	88	LOC283177
	11q25(134,348,703-134,726,234)x3	378	464	MRGPRX1
	11p15.1(18,941,196-18,961,339)x3	20	52	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11q11(55,376,497-55,452,996)x1	76	92	0
	11p11.2p11.12(48,598,353-48,849,435)x1	251	88	0
	11p11.12(50,472,472-50,596,467)x1	124	28	0
	11q13.3(69,415,725-69,430,554)x1	15	44	0
	12p11.1(34,599,313-34,749,005)x1	150	36	KIAA0125, ADAM6
	14q32.33(106,270,855-106,728,149)x3	457	154	0
	14q32.33(107,150,443-107,179,594)x3	29	64	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	CRHR1
	17q21.31(43,754,098-43,837,825)x1	84	92	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	17q21.31(44,212,823-44,784,639)x4	572	72	ZNF826P
	19p12(20,598,429-20,720,705)x1	122	84	MACROD2
	20p12.1(14,781,683-14,823,472)x1	42	38	MIR650, IGLL5
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	P2RY8
	Xp22.33(1,626,595-1,642,257)x1	16	34	ZIC3
	Xq26.3(136,638,059-136,667,227)x3	29	84	0
	Xp22.31(7,685,333-7,696,029)x1	11	45	0

	Xp11.1q11.1(58,326,433-61,967,741)x1	3.641	160	0
	Xq24(118,839,591-118,860,096)x1	21	82	0
	Xq26.1(128,822,766-128,826,137)x1	3	52	0
	Xq28(147,313,168-147,328,241)x3	15	56	0
	Yp11.2(5,611,925-6,006,197)x1	394	120	
<b>8</b>	1p36.33(1,627,905-1,672,591)x1	45	36	CDK11B, MMP23A, CDK11A, SLC35E2
	1q31.3(196,741,302-196,876,833)x3	136	60	CFHR3, CFHR1, CFHR4
	1q21.3(152,519,236-152,592,184)x1	73	60	LCE3E, LCE3D, LCE3C, LCE3B
	6p25.3(257,339-294,826)x1	37	84	DUSP22
	9p13.2(37,983,534-37,998,156)x1	15	26	SHB
	11q11(55,386,383-55,439,978)x3	54	60	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.4(5,788,078-5,809,230)x1	21	44	OR52N5, OR52N1
	12q23.1(99,795,759-99,798,721)x1	3	28	ANKS1B
	12p11.23(27,646,150-27,659,531)x1	13	28	SMCO2
	13q31.3(94,501,387-94,529,087)x1	28	125	GPC6, GPC6-AS2
	13q31.1(84,101,177-84,166,896)x1	66	56	0
	14q32.33(106,262,439-106,849,677)x4	587	199	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	15q25.3(86,341,281-86,350,171)x1	9	40	0
	22q11.22(23,124,497-23,258,939)x3	134	86	MIR650, IGLL5
	Xp11.4(40,461,558-40,477,714)x1	16	68	ATP6AP2
	Xq26.3(134,854,915-134,891,198)x3	36	56	CT45A1, CT45A2, CT45A4, CT45A3
	Xq26.3(134,928,735-134,969,327)x3	41	109	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq24(120,009,891-120,114,894)x1	105	48	CT47A5, CT47A1, CT47A2, CT47A10, CT47A3, CT47A12, CT47A11, CT47A8, CT47A9, CT47A4, CT47A6, CT47A7
	Xp21.2(31,338,464-31,383,868)x1	45	140	DMD
	Xp21.1(32,742,109-32,743,344)x1	1	32	DMD
	Xp11.4(37,685,151-37,723,002)x1	38	80	DYNLT3
	Xp21.3(28,808,531-28,818,865)x1	10	36	IL1RAPL1
	Xq28(152,443,732-152,541,278)x3	98	336	MAGEA1
	Xq25(123,508,622-123,517,171)x1	9	26	TENM1
	Xq27.1(139,493,671-139,504,489)x1	11	72	

			0
1q21.3(152,761,910-152,773,905)x0	12	28	LCE1D
1q44(247,944,367-248,106,108)x3	162	212	OR14A16, OR11L1, TRIM58, OR2W3, OR2T8, OR2L13
1q44(248,688,586-248,795,277)x1	107	60	OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11
1q31.2(191,825,840-191,867,252)x1	41	28	0
3p21.31(46,793,071-46,859,141)x1	66	49	0
7p14.1(38,319,295-38,394,857)x1	76	96	LOC100506776
11q11(55,439,976-55,452,996)x1	13	26	0
12q23.1(99,791,594-99,798,721)x1	7	36	ANKS1B
12p13.33(2,250,829-2,257,636)x1	7	74	CACNA1C
13q21.1(57,758,275-57,776,590)x1	18	32	0
14q32.33(106,207,204-106,931,309)x3	724	266	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
14q11.2(22,519,678-22,995,123)x1	475	731	0
14q32.33(107,150,443-107,173,910)x4	23	52	0
15q11.2(25,420,014-25,430,385)x1	10	29	SNORD115-3, SNORD115-4, SNORD115-5, SNORD115-9, SNORD115-12, SNORD115-10, SNORD115-6, SNORD115-7, SNORD115-8
16p11.2(28,802,397-29,070,000)x3	268	150	ATXN2L, TUFM, MIR4721, SH2B1, ATP2A1, LOC100289092, RABEP2, CD19, NFATC2IP, MIR4517, SPNS1, LAT
17q12(34,439,964-34,477,480)x4	38	61	
22q11.22(23,121,367-23,258,369)x3	137	88	0
Xp22.33(1,422,849-1,460,944)x1	38	32	MIR650, IGLL5
Xp22.33(2,390,927-2,395,532)x1	5	40	CSF2RA, IL3RA
Xp21.1(32,742,109-32,743,393)x1	1	36	DHRSX
Xp21.2(29,318,639-29,319,928)x1	1	28	DMD
Xp22.2(10,810,477-10,831,665)x1	21	68	IL1RAPL1
Xp11.22(53,475,174-53,488,727)x1	14	100	MID1
Xp11.1q11.1(58,507,166-61,877,279)x1	3,370	26	0

	Xq13.3(75,668,406-75,668,926)x1	1	32	0
	Xq25(121,944,648-121,957,382)x1	13	46	0
	Xq27.1(139,493,373-139,504,489)x1	11	76	0
	Xq28(152,632,639-152,649,209)x1	17	32	0
	Xq28(154,912,941-154,946,935)x0	34	35	0
<b>1</b> <b>0</b>	1p36.33(1,627,905-1,672,591)x1	45	36	CDK11B, MMP23A, CDK11A, SLC35E2
	2p13.1(73,855,664-73,890,368)x1	35	31	NAT8, ALMS1P
	3q28(189,360,742-189,371,964)x1	11	35	TP63
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	8p23.2(3,997,049-4,003,949)x1	7	36	CSMD1
	11q11(55,374,018-55,452,996)x1	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12p13.33(2,251,445-2,258,092)x3	7	72	CACNA1C
	12p11.21(31,356,048-31,407,111)x3	51	52	0
	14q32.33(106,207,017-106,777,331)x3	570	225	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	14q11.2(22,594,506-22,941,066)x1	347	580	0
	17q21.31(44,187,491-44,288,442)x3	101	104	KANSL1, KANSL1-AS1
	22q11.22(23,121,619-23,258,369)x3	137	86	MIR650, IGLL5
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq24(120,009,891-120,121,829)x1	112	51	CT47A8, CT47A12, CT47A10, CT47A1, CT47A9, CT47A4, CT47A11, CT47A2, CT47A3, CT47A5, CT47A6, CT47A7
	Xp22.33(2,370,777-2,376,636)x1	6	32	DHRSX
	Xq24(117,880,922-117,907,835)x1	27	25	IL13RA1
	Xp22.33(1,460,545-1,523,407)x1	63	52	IL3RA, SLC25A6, ASMTL-AS1, ASMTL
<b>1</b> <b>1</b>	Xq28(153,322,172-153,335,831)x3	14	72	MECP2
	Xq28(147,313,168-147,325,589)x3	12	52	0
	1p13.3(111,376,206-111,393,284)x0	17	36	0
	3q26.31(173,229,703-173,300,180)x3	70	56	NLGN1
	4q13.2(69,672,290-69,717,202)x3	45	52	UGT2B10
	6p22.1(29,864,577-29,921,739)x1	57	30	HCG4B, HLA-A

7q35(143,218,394-144,075,890)x3	857	414	EPHA1-AS1, CTAGE15, FAM115C, CTAGE6, LOC154761, FAM115A, OR2F2, OR2F1, OR6B1, OR2A5, OR2A25, OR2A12, OR2A2, OR2A14, CTAGE4, ARHGEF35, RNU6-57P, OR2A1, OR2A42, OR2A9P, OR2A20P, OR2A7, ARHGEF34P, CTAGE8, ARHGEF5
7p22.2(3,602,347-3,614,788)x1	12	28	
8p11.22(39,254,032-39,379,439)x3	125	60	SDK1
10q11.22(46,293,590-47,056,291)x3	763	101	ADAM5, ADAM3A
10q11.22(47,062,984-47,600,476)x3	537	124	AGAP4, PTPN20B, PTPN20A, BMS1P5, BMS1P1, GLUD1P7, FAM35BP, SYT15, GPRIN2
10q24.1(98,261,755-98,852,584)x3	591	584	NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33, ANXA8, ANXA8L1, FAM25B, FAM25C, FAM25G, AGAP9, BMS1P6, BMS1P2, FAM35DP
11p11.12(49,710,848-49,746,642)x1	36	36	TLL2, TM9SF3, PIK3AP1, LCOR, C10orf12, SLIT1
11q11(55,393,294-55,439,978)x3	47	56	LOC440040
11p15.4(5,786,007-5,809,325)x1	23	48	OR4P4, OR4S2, OR4C6
13q21.2(60,705,791-60,767,995)x3	62	61	OR52N5, OR52N1
13q21.1(57,758,275-57,778,238)x1	20	34	DIAPH3, DIAPH3-AS2
14q32.33(106,072,250-106,777,331)x3	705	246	0
14q11.2(22,690,190-22,941,066)x1	251	368	ELK2AP, KIAA0125, ADAM6, LINC00226
17q21.31(44,187,491-44,288,442)x3	101	104	0
20q13.2(52,644,516-52,658,593)x1	14	38	KANSL1, KANSL1-AS1
22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	BCAS1
Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	MIR650, IGLL5
Xq22.3(107,110,275-107,112,208)x1	2	34	IL1RAPL1
Xp22.33(614,732-631,408)x1	17	37	MID2
Xp22.11(21,962,421-21,977,221)x1	15	80	SHOX
Xq25(123,508,619-123,517,155)x1	9	25	SMS
Xp22.33(1,024,439-1,101,193)x1	77	56	TENM1
Xq25(122,151,521-122,163,417)x1	12	28	0
Xq28(152,633,458-152,649,209)x1	16	28	0
Xq28(153,429,330-153,438,781)x1	9	28	
1p31.1(72,771,353-72,812,440)x1	41	26	
<b>1</b> 1p13.3(111,376,206-111,393,284)x1	17	36	
<b>2</b> 3q28(189,360,741-189,371,964)x1	11	36	TP63
3q13.32(117,967,114-118,130,149)x3	163	100	
3q13.32(118,482,996-118,580,155)x3	97	68	

	4q32.3(168,808,499-168,994,080)x1	186	110	
	6q24.3(146,335,559-146,408,892)x3	73	72	GRM1
	10q21.3(68,077,578-68,122,519)x1	45	56	CTNNA3
	11p15.1(18,941,196-18,961,805)x1	21	59	MRGPRX1
	11p15.4(5,787,560-5,809,230)x1	22	45	OR52N5, OR52N1
	12p13.33(1,454,197-1,465,857)x1	12	32	ERC1
	12p13.31(8,004,411-8,124,048)x3	120	96	SLC2A14, SLC2A3
	13q21.1(57,758,376-57,776,590)x1	18	28	
	14q32.33(106,206,397-106,931,309)x3	725	268	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	15q25.3(87,438,047-87,583,030)x3	145	168	AGBL1
	15q25.3(87,830,571-87,870,343)x1	40	40	
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	19p12(20,598,429-20,720,705)x1	122	84	ZNF826P
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xp11.1q11.1(58,504,116-61,877,279)x1	3.373	28	
	Xq27.1(138,425,768-138,440,623)x3	15	96	
	1q21.3(152,761,994-152,773,905)x1	12	25	LCE1D
	2q34(213,186,164-213,192,145)x1	6	30	ERBB4
	6q22.33(127,908,012-129,944,227)x1	2.036	2150	C6orf58, THEMIS, PTPRK, LAMA2, ARHGAP18
	7p22.3(154,720-158,615)x1	4	28	
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
1	10q21.3(68,387,132-68,556,357)x1	169	212	CTNNA3
3	10q11.22(47,062,984-47,147,301)x3	84	108	NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33
	10q11.22(46,966,533-47,056,291)x3	90	100	SYT15, GPRIN2
	11q11(55,376,497-55,452,996)x1	76	92	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	14q32.33(106,079,822-106,761,968)x3	682	224	ELK2AP, KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	17q21.31(44,212,823-44,292,742)x3	80	71	KANSL1, KANSL1-AS1
	19q13.2(41,345,144-41,392,187)x1	47	54	CYP2A6, CYP2A7
	19p12(20,588,836-20,716,336)x1	128	85	ZNF826P

---

	22q11.22(23,124,497-23,262,943)x3	138	88	MIR650, IGLL5
	Xp22.33(1,024,439-1,101,398)x1	77	58	
	Xp11.1q11.1(58,504,116-61,877,279)x1	3.373	28	
	Xq21.1(76,324,809-76,513,178)x1	188	60	
<b>1</b> <b>6</b>	1p31.1(72,007,175-72,031,553)x1	24	34	NEGR1
	1p31.1(75,288,995-75,322,345)x1	33	25	0
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x0	12	28	LCE1D
	2p22.1(41,403,132-41,446,609)x1	43	30	0
	2q11.2(97,765,704-97,898,640)x1	133	36	ANKRD36
	2q22.1(140,981,413-141,000,690)x1	19	36	LRP1B
	2q34(211,462,964-211,479,625)x1	17	51	CPS1
	2q34(213,165,737-213,210,164)x1	44	136	ERBB4
	3p24.2(24,446,477-24,465,138)x1	19	68	THRB
	3p24.1(26,448,688-26,474,457)x1	26	28	0
	3p22.3(36,133,603-36,157,193)x1	24	44	0
	3p12.3(76,790,215-76,838,491)x1	48	28	0
	3p12.2(83,027,611-83,071,702)x1	44	34	0
	3p11.1q11.1(90,394,569-93,526,591)x1	3132	32	0
	3q13.31(114,702,449-114,746,345)x1	44	36	ZBTB20
	4q12(58,689,848-58,724,914)x1	35	35	0
	4q13.2(69,794,075-69,818,267)x1	24	32	UGT2A3
	4q13.2(70,017,181-70,071,566)x1	54	44	UGT2B11
	4q21.23(84,929,485-84,966,152)x1	37	30	0
	4q24(102,838,806-102,870,698)x1	32	44	BANK1
	4q26(117,851,442-117,885,255)x1	34	36	0
	5p12q11.1(45,905,665-49,552,685)x1	3647	184	0
	5q11.2(50,817,184-50,868,760)x1	52	26	0
	5q14.3(89,200,670-89,261,305)x1	61	52	0
	5q21.1(100,707,146-100,761,775)x1	55	40	0
	5q22.3(113,898,418-113,976,153)x1	78	52	0

---

5q23.2(125,243,164-125,308,531)x1	65	32	0
5q31.3(144,324,158-144,348,935)x1	25	26	0
6p22.1(29,864,577-29,936,041)x1	71	32	HCG4B, HLA-A
6p21.32(32,671,595-32,689,122)x1	18	35	0
6p11.1q11.1(58,718,953-61,962,644)x1	3244	28	0
6q12(65,861,773-65,901,487)x1	40	63	EYS
6q14.1(82,408,715-82,446,251)x1	38	54	0
7p21.3(8,576,628-8,612,115)x1	35	28	NXPH1
7p21.3(11,686,977-11,786,350)x1	99	136	THSD7A
7p11.2q11.21(57,931,635-62,457,462)x1	4526	39	0
7q21.13(88,564,900-88,599,243)x1	34	46	ZNF804B
7q21.13(89,661,696-89,686,549)x1	25	28	0
7q34(142,873,032-142,902,285)x1	29	32	TAS2R39
8p11.22(39,247,097-39,362,916)x1	116	64	ADAM5, ADAM3A
8p11.1q11.1(43,442,233-46,854,928)x1	3413	112	0
8q21.11(74,394,290-74,410,220)x1	16	31	STAU2
8q23.1(106,732,721-106,750,536)x1	18	40	ZFPM2
9p23(12,000,099-12,127,088)x1	127	96	0
10p12.2(24,161,128-24,174,540)x1	13	28	KIAA1217
11p15.4(5,789,727-5,809,230)x1	20	40	OR52N5, OR52N1
11p14.3(25,239,274-25,282,498)x1	43	43	0
11p12(37,065,405-37,133,073)x1	68	49	0
11p11.2p11.12(48,709,714-48,849,435)x1	140	36	0
11p11.12(50,344,990-51,439,428)x1	1094	236	LOC646813, OR4A5
11p11.12q11(51,559,994-55,009,349)x1	3449	84	0
12p13.33(2,251,478-2,258,092)x3	7	68	CACNA1C
12p11.1(34,615,199-34,730,588)x1	115	28	0
12q11q12(37,987,891-38,393,647)x1	406	70	0
13q21.1(57,758,275-57,775,319)x1	17	30	0
14q21.2(45,173,898-45,226,859)x1	53	40	0

14q31.3(88,398,407-88,422,569)x1	24	52	GALC
16p13.11(15,898,947-15,910,599)x1	12	29	MYH11
17q12(34,447,401-34,465,088)x1	18	36	0
18q12.3(39,093,054-39,114,709)x1	22	28	KC6
18q21.2(50,628,096-50,638,797)x1	11	33	DCC
19p12p11(24,368,819-24,437,299)x1	68	52	0
22q13.2(42,523,209-42,540,108)x1	17	26	CYP2D6, CYP2D7P1
Xp22.33(2,521,636-2,533,169)x1	12	26	CD99P1, LINC00102
Xp22.31(6,634,452-6,642,670)x1	8	28	0
Xp22.2(14,612,145-14,639,873)x1	28	32	GLRA2
Xp11.4(40,572,614-40,606,828)x1	34	26	MED14
Xp11.1q11.1(58,334,077-62,036,700)x1	3.703	222	0
Xq12(66,085,321-66,143,935)x1	59	28	0
Xq13.2(72,770,222-72,806,624)x1	36	37	MAP2K4P1, CHIC1
Xq21.1(77,670,699-77,741,985)x1	71	38	0
Xq21.1q21.2(84,524,785-84,614,390)x1	90	86	ZNF711, POF1B
Xq22.1(98,898,318-98,957,856)x1	60	72	XRCC6P5
Xq23(110,356,320-110,378,053)x1	22	92	PAK3
Xq23(110,617,701-110,619,118)x1	1	27	DCX
Xq23(115,071,343-115,076,936)x1	6	25	0
Xq23(115,617,143-115,621,229)x1	4	80	0
Xq24(120,009,891-120,100,317)x1	90	38	CT47A1, CT47A4, CT47A12, CT47A2, CT47A5, CT47A8, CT47A3, CT47A10, CT47A9, CT47A11, CT47A6, CT47A7
Xq25(122,094,551-122,115,312)x1	21	62	0
Xq25(122,215,673-122,219,710)x1	4	29	0
Xq25(123,631,951-123,633,331)x1	1	28	TENM1
Xq25(128,458,671-128,483,212)x1	25	28	0
Xq25(128,538,163-128,552,259)x1	14	36	0
Xq26.2(132,427,748-132,440,801)x3	13	104	GPC4
Xq27.1(138,695,712-138,702,111)x1	6	25	MCF2
Xq27.1(138,818,193-138,825,495)x1	7	36	

	Xq27.1(139,493,805-139,504,489)x1	11	60	ATP11C
	Xq28(147,215,724-147,241,133)x1	25	144	0
	Xq28(147,495,983-147,529,975)x1	34	178	0
	Xq28(147,647,284-147,657,985)x1	11	68	0
	Xq28(147,675,677-147,697,988)x1	22	112	AFF2
	Xq28(147,970,174-147,981,342)x1	11	114	AFF2
	Xq28(148,251,706-148,268,199)x1	16	64	AFF2
	Xq28(149,571,731-149,579,081)x1	7	60	0
	Xq28(149,810,733-149,813,532)x1	3	41	MAMLD1
	Xq28(152,735,088-152,774,180)x3	39	56	MTM1
	Xq28(154,908,921-154,947,012)x0	38	38	HAUS7, BGN
	Yp11.2(4,450,966-4,674,962)x1	224	54	PCDH11Y
	Yp11.2(5,354,663-5,471,287)x1	117	56	
	2q34(213,158,819-213,178,078)x1	19	85	ERBB4
	3p11.1(89,407,024-89,416,364)x1	9	29	EPHA3
	3q28(189,363,665-189,371,964)x1	8	32	TP63
	5p12q11.1(45,916,034-49,552,685)x1	3637	174	0
	5q15(97,051,317-97,093,721)x1	42	29	0
	5q21.1(100,722,957-100,761,775)x1	39	30	0
	5q35.3(180,378,753-180,414,940)x1	36	27	0
1	7p11.2q11.21(57,950,844-62,453,454)x1	4503	30	0
7	7q34(142,827,953-142,891,708)x1	64	82	PIP, TAS2R39
	8p11.1q11.1(43,599,724-46,854,928)x1	3255	72	0
	11p15.1(18,941,196-18,961,600)x3	20	56	MRGPRX1
	11p11.2p11.12(48,709,714-48,844,649)x1	135	34	0
	11p11.12(50,344,990-51,267,021)x1	922	128	LOC646813
	11q11(55,413,651-55,442,305)x1	29	40	OR4S2, OR4C6
	11q12.2(60,414,065-60,461,496)x1	47	28	LINC00301
	11q14.3(90,725,339-90,798,267)x1	73	50	0
	11q25(134,835,613-134,881,293)x3	46	50	0

---

12p11.1(34,599,313-34,730,588)x1	131	32	0
12q12(38,219,360-38,428,116)x1	209	36	0
14q32.33(106,329,183-106,777,210)x3	448	104	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
16p13.3(1,052,879-1,295,193)x3	242	112	SSTR5-AS1, SSTR5, C1QTNF8, CACNA1H, TPSG1, TPSB2, TPSAB1
16p13.11(15,317,301-15,343,844)x1	27	40	0
16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
17q12(34,450,122-34,465,088)x1	15	29	0
18q23(77,969,284-78,014,123)x3	45	56	PARD6G
22q11.22(23,157,235-23,258,369)x3	101	64	MIR650, IGLL5
Xp11.1q11.1(58,334,048-61,950,161)x1	3616	152	0
Xq24(120,009,891-120,122,390)x1	112	53	CT47A2, CT47A9, CT47A10, CT47A8, CT47A3, CT47A12, CT47A11, CT47A4, CT47A1, CT47A5, CT47A6, CT47A7
Xq28(153,167,259-153,189,112)x3	22	50	AVPR2, ARHGAP4
Xq28(154,918,771-154,946,935)x0	28	33	0
1q21.3(152,756,773-152,773,905)x0	17	31	LCE1E, LCE1D
1q44(248,688,586-248,795,277)x1	107	60	OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11
2q11.2(99,846,304-99,918,336)x4	72	77	LYG2, LYG1
3p26.3(231,445-248,208)x1	17	28	CHL1
3p21.1(53,031,722-53,039,204)x1	7	40	SFMBT1
3q27.1(182,765,150-182,809,927)x3	45	116	MCCC1
5q35.3(180,378,753-180,414,940)x1	36	27	
7p21.3(9,647,625-9,660,196)x1	13	26	
12p13.2(11,219,390-11,251,920)x1	33	39	PRH1-PRR4, TAS2R43
12q12(40,380,905-40,418,470)x1	38	64	SLC2A13
13q21.1(57,758,275-57,776,590)x1	18	32	
13q21.32(67,330,585-67,344,913)x1	14	44	PCDH9
14q12(27,367,665-27,455,437)x1	88	76	MIR4307
15q11.2(22,770,421-23,082,328)x3	312	712	TUBGCP5, CYFIP1, NIPA2, NIPA1
16p13.11(15,901,137-15,910,394)x1	9	26	MYH11
16p12.2(21,596,299-21,946,045)x1	250	180	METTL9, IGSF6, OTOA, RRN3P1

	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	17q21.31(44,188,378-44,267,478)x3	79	94	KANSL1
	Xp22.33(986,336-995,819)x1	9	32	
	Xp22.33(1,378,439-1,520,130)x3	142	110	CSF2RA, MIR3690, IL3RA, SLC25A6, ASMTL-AS1
	Xp22.33(1,523,994-1,622,815)x3	99	136	ASMTL-AS1, ASMTL, P2RY8
	Xp22.31(6,634,452-6,642,670)x1	8	28	
	Xq23(115,133,388-115,156,165)x1	23	37	
	Xq26.3(134,848,798-134,889,547)x1	41	54	CT45A1, CT45A2, CT45A4, CT45A3
	Xq27.3(147,012,658-147,020,536)x3	8	51	FMR1
	1p13.3(111,376,206-111,388,172)x1	12	35	
	3p21.31(46,802,231-46,848,691)x1	46	40	
	3q28(189,360,742-189,371,964)x1	11	35	TP63
	7p21.2(15,002,020-15,047,280)x1	45	30	
	7q31.33(126,553,802-126,596,963)x1	43	56	GRM8
	8q21.13(82,539,564-82,591,171)x3	52	100	IMPA1
1 9	12p13.33(2,229,859-2,257,392)x3	28	92	CACNA1C
	14q32.33(106,329,183-106,750,867)x3	422	84	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	15q11.2(23,620,191-23,676,512)x1	56	40	
	17q21.31(44,191,393-44,276,547)x3	85	91	KANSL1, KANSL1-AS1
	Xp21.3(29,160,657-29,174,711)x0	14	54	IL1RAPL1
	Xq26.3(134,930,816-134,966,528)x4	36	96	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq28(152,735,088-152,773,006)x2	38	50	HAUS7, BGN
	Xq28(153,163,441-153,189,112)x2	26	52	AVPR2, ARHGAP4
	Xq28(154,912,941-154,946,935)x1	34	35	
	1p36.33(2,151,540-2,188,260)x3	37	81	SKI
	1p13.3(111,379,051-111,393,492)x1	14	33	0
2 0	1q21.3(152,761,910-152,768,687)x1	7	26	0
	1q44(248,688,586-248,795,277)x1	107	60	OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11
	6p25.3(331,798-375,202)x1	43	80	DUSP22
	8p23.1(10,606,024-10,657,726)x1	52	65	PINX1

8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
8q21.2(85,257,553-85,268,668)x1	11	28	RALYL
8q24.23(137,677,895-137,862,435)x1	185	120	0
10p11.21(34,626,271-34,670,662)x1	44	42	PARD3
10q11.22(46,969,031-47,045,193)x3	76	88	SYT15, GPRIN2
11p15.5(2,142,120-2,200,260)x3	58	64	INS-IGF2, IGF2, MIR483, IGF2-AS, INS, TH, MIR4686
11p15.4(5,790,716-5,812,365)x1	22	40	OR52N5, OR52N1
11p15.1(18,941,196-18,961,975)x4	21	60	MRGPRX1
12p13.33(390,476-417,577)x1	27	35	KDM5A
12p13.33(2,251,867-2,258,092)x3	6	60	CACNA1C
12q24.33(131,491,062-131,862,311)x3	371	321	GPR133, LOC116437, LOC338797
13q14.2(48,908,673-48,911,378)x1	3	32	RB1
14q32.33(106,329,183-106,868,463)x4	539	116	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
14q32.33(106,872,840-106,927,555)x1	55	30	0
16p13.3(1,052,879-1,328,156)x3	275	124	SSTR5-AS1, SSTR5, C1QTNF8, CACNA1H, TPSG1, TPSB2, TPSAB1, TPSD1
16p13.11(15,054,174-15,159,213)x3	105	76	PDXDC1, NTAN1, RRN3
16q24.3(88,921,235-88,967,053)x3	46	56	GALNS, TRAPPC2L, PABPN1L, CBFA2T3
Xp22.31(6,634,452-6,642,670)x1	8	28	0
Xq21.1(76,286,321-76,378,644)x1	92	36	0
Xq21.32(91,880,420-92,007,741)x1	127	48	0
Xq23(115,133,388-115,156,164)x1	23	36	0
Xq23(115,576,235-115,589,080)x1	13	52	SLC6A14
Xq24(120,009,891-120,095,498)x1	86	36	CT47A9, CT47A2, CT47A3, CT47A4, CT47A8, CT47A10, CT47A11, CT47A1, CT47A12, CT47A5, CT47A6, CT47A7
Xq25(122,151,661-122,166,373)x1	15	27	0
Xq26.1(129,375,323-129,383,125)x1	8	39	ZNF280C
Xq26.3(134,718,783-134,739,030)x1	20	72	0
Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
Xq27.1(139,493,805-139,501,109)x1	7	59	0
Xq28(147,320,306-147,325,589)x1	5	43	0
Xq28(152,924,750-152,927,397)x1	3	26	

			0
	1p13.3(111,379,051-111,393,284)x1	14	32
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28
	1q32.1(206,718,441-206,757,736)x1	39	32
	2q21.1(131,997,816-132,387,247)x3	389	241
	3p21.31(46,802,231-46,848,691)x1	46	40
	5q35.3(180,378,753-180,430,789)x1	52	36
	6p25.3(254,175-294,826)x1	41	89
	7p22.3(154,720-158,615)x1	4	28
	8p22(18,029,020-18,055,279)x1	26	29
	8q21.11(77,015,595-77,234,006)x1	218	146
	8q22.1(95,398,025-95,428,933)x1	31	30
<b>2</b>	11q11(55,416,498-55,442,305)x1	26	36
<b>1</b>	14q32.33(106,246,785-106,536,858)x3	290	144
	15q22.31(66,563,992-66,634,587)x1	71	64
	16p13.11(15,898,947-15,910,394)x1	11	27
	Xp22.33(1,793,059-1,818,776)x3	26	52
	Xp22.31(6,634,452-6,642,221)x1	8	27
	Xp21.3(29,114,199-29,118,500)x1	4	29
	Xq21.31(89,730,584-89,824,303)x1	94	32
	Xq23(115,133,388-115,156,164)x0	23	36
	Xq24(118,878,614-118,889,713)x1	11	70
	Xq24(119,035,143-119,057,478)x4	22	81
	Xq24(120,009,891-120,100,317)x1	90	38
	Xq26.1(129,375,241-129,383,123)x1	8	38
<b>2</b>	1q44(245,110,218-245,803,340)x3	693	733
<b>2</b>	1q44(246,546,422-246,823,857)x3	277	300
	1q44(248,637,250-248,794,396)x1	157	84
	3p11.1(89,394,609-89,416,203)x1	22	44

	3q12.2(100,340,054-100,442,497)x3	102	108	GPR128, TFG
	6p25.3(277,346-294,825)x1	17	47	DUSP22
	11p15.4(5,783,909-5,809,230)x1	25	48	OR52N5, OR52N1
	11q11(55,374,175-55,452,560)x1	78	92	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	14q32.33(106,272,955-106,530,460)x3	258	110	KIAA0125, ADAM6
	14q32.33(106,560,962-106,863,508)x3	303	68	LINC00226
	17q21.31(44,190,908-44,784,639)x3	594	103	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	19q13.42(54,718,939-54,752,217)x1	33	32	LILRB3, LILRA6
	Xp22.33(529,015-565,911)x3	37	141	0
	Xq21.32(92,290,880-92,384,122)x1	93	42	0
	Xq23(115,576,235-115,589,080)x1	13	52	SLC6A14
	Xq24(118,552,621-118,569,156)x3	17	72	SLC25A43
	Xq24(120,009,891-120,122,287)x1	112	52	CT47A11, CT47A3, CT47A4, CT47A2, CT47A1, CT47A9, CT47A12, CT47A8, CT47A10, CT47A5, CT47A6, CT47A7
	Xq26.2(132,433,810-132,440,801)x3	7	96	GPC4
	Xq26.3(136,638,059-136,665,439)x3	27	82	ZIC3
	Xq27.3(147,012,658-147,020,570)x3	8	54	FMR1
	Xq28(147,311,652-147,325,589)x3	14	56	0
	Xq28(153,334,710-153,342,757)x3	8	92	MECP2
	Xq28(153,792,412-153,796,532)x1	4	28	IKBKG
	1q21.3(152,519,236-152,552,461)x1	33	58	LCE3E, LCE3D
	5q35.3(180,378,753-180,442,388)x0	64	39	BTNL3
	6q12(67,004,972-67,051,189)x1	46	32	
2	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
3	8q13.3(72,215,297-72,220,114)x0	5	28	EYA1
	9q32(115,854,352-115,881,587)x1	27	28	FAM225B, FAM225A
	11p15.4(5,786,007-5,809,230)x1	23	47	OR52N5, OR52N1
	11p11.12(49,712,656-49,746,642)x1	34	33	LOC440040
	14q32.33(106,207,204-106,525,299)x3	318	147	KIAA0125, ADAM6
	15q15.3(43,889,174-43,976,997)x1	88	68	RNU6-28P, CKMT1B, STRC, CATSPER2

	16p13.11(15,898,946-15,910,599)x1	12	30	MYH11
	22q11.22(23,155,630-23,210,365)x3	55	64	MIR650
	Xp22.33(1,793,059-1,818,776)x3	26	52	
	Xp22.33(2,390,927-2,396,540)x1	6	44	DHRSX
	Xp22.31(6,641,412-6,642,670)x1	1	26	
	Xp21.2(31,456,046-31,461,761)x1	6	25	DMD
	Xq23(115,576,235-115,589,080)x1	13	52	SLC6A14
	Xq26.2(132,433,810-132,440,801)x3	7	96	GPC4
	Xq26.3(136,637,842-136,667,227)x3	29	87	ZIC3
	Xq28(147,313,168-147,325,589)x3	12	52	
	1p36.33(1,616,989-1,672,591)x1	56	40	CDK11B, SLC35E2B, MMP23A, CDK11A, SLC35E2
	1p11.2q21.1(121,168,762-143,935,173)x3	22766	144	EMBP1, ANKRD20A12P, LOC100130000, FLJ39739, LINC00875, PPIAL4G, FAM72D
	2q11.2(97,765,704-97,876,793)x1	111	28	ANKRD36
	3p21.31(46,801,991-46,849,576)x1	48	45	0
	3q13.33(120,470,006-120,481,952)x1	12	26	GTF2E1
	6p25.3(280,386-376,347)x1	96	156	DUSP22
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
	9p23(11,724,546-11,806,965)x1	82	60	0
	9p23(12,099,392-12,180,567)x1	81	52	0
2 4	10q11.21(42,966,713-42,987,904)x1	21	28	LINC00839
	14q32.33(106,227,153-106,530,460)x3	303	146	KIAA0125, ADAM6
	14q32.33(106,667,114-106,931,309)x3	264	102	LINC00226
	22q11.23q12.1(25,656,237-25,922,334)x1	266	72	IGLL3P, LRP5L, CRYBB2P1
	22q12.1(27,037,368-27,058,527)x1	21	25	MIAT
	Xp22.33(2,370,149-2,382,544)x1	12	60	DHRSX
	Xp22.31(6,641,412-6,642,670)x1	1	26	0
	Xp11.1(58,504,116-58,526,908)x1	23	25	0
	Xq21.1(77,904,920-77,929,909)x1	25	28	ZCCHC5
	Xq23(115,137,991-115,156,164)x0	18	34	0
	Xq26.2(132,434,060-132,440,801)x4	7	88	GPC4

---

	1q31.3(197,574,324-197,599,004)x1	25	28	DENND1B
	2p12(81,650,382-81,690,216)x1	40	32	
	2q11.2(97,765,704-97,876,793)x1	11	28	ANKRD36
	2q22.1(140,981,413-141,000,690)x1	19	36	LRP1B
	2q33.1q33.2(203,293,011-203,313,469)x1	20	96	BMPR2
	2q34(213,172,657-213,190,343)x1	18	58	ERBB4
	3p12.2(83,027,611-83,068,145)x1	41	30	
	3p11.1(90,311,072-90,502,849)x1	192	40	
	3q28(189,360,741-189,371,964)x1	11	36	TP63
	4p12(46,102,572-46,124,667)x1	22	32	GABRG1
	4q13.2(69,795,879-69,818,267)x1	22	26	UGT2A3
	4q13.3(72,335,838-72,356,789)x1	21	45	SLC4A4
	4q26(115,184,296-115,207,479)x1	23	28	
	5p12q11.1(45,922,107-49,552,685)x1	3631	172	
<b>2</b>	5q14.3(89,200,670-89,255,161)x1	54	48	
<b>5</b>	5q21.1(100,707,248-100,761,775)x1	55	39	
	5q32(147,451,794-147,469,789)x1	18	31	SPINK5
	5q33.1(150,177,170-150,218,591)x1	41	48	
	5q35.3(180,378,753-180,418,090)x1	39	34	BTNL3
	6q11.1(62,111,098-62,240,993)x1	130	27	
	6q12(65,044,112-65,074,064)x1	30	28	EYS
	6q14.1(82,409,796-82,426,708)x1	17	26	
	6q16.3(102,470,598-102,489,428)x1	19	48	GRIK2
	7p22.3(155,078-158,615)x1	4	25	
	7p21.3(11,735,353-11,759,164)x1	24	52	THSD7A
	7p11.2q11.21(57,950,844-62,453,509)x1	4503	32	
	7q31.1(114,209,440-114,215,739)x1	6	28	FOXP2
	8p23.1(8,726,545-8,729,438)x1	3	26	MFHAS1
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	8p11.1q11.1(43,442,233-46,863,522)x1	3421	113	

---

---

9p21.1(31,153,699-31,209,074)x1	55	64	
10p11.21(34,626,271-34,670,662)x1	44	42	PARD3
10q23.33(96,885,333-96,920,690)x1	35	32	
10q25.1(107,980,383-108,006,127)x1	26	28	
11p15.4(5,783,909-5,809,230)x1	25	48	OR52N5, OR52N1
11p14.3(25,247,287-25,272,910)x1	26	32	
11p11.2p11.12(48,674,929-48,892,181)x1	217	48	
11p11.12(50,344,990-51,385,380)x1	1040	158	LOC646813
11p11.12q11(51,581,310-55,009,463)x1	3428	74	
11q11(55,374,018-55,452,996)x0	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
11q14.1(84,801,498-84,833,135)x1	32	40	DLG2
12p11.1(34,049,317-34,063,904)x1	15	44	
12p11.1(34,599,313-34,749,005)x1	150	36	
12q11q12(37,987,891-38,393,647)x1	406	70	
13q31.3(94,513,503-94,519,066)x1	6	44	GPC6
14q11.2(22,643,683-22,686,975)x1	43	80	
14q11.2(22,718,941-22,938,641)x1	220	308	
14q21.2(46,583,749-46,630,034)x1	46	28	LINC00871
14q32.33(106,246,288-106,530,460)x3	284	144	KIAA0125, ADAM6
15q25.3(86,969,272-87,024,140)x1	55	68	AGBL1
19p12(20,598,429-20,720,705)x1	122	84	ZNF826P
22q11.1(17,449,809-17,463,044)x1	13	28	GAB4
22q11.22(23,124,497-23,210,365)x3	86	80	MIR650
Xp22.33(1,793,055-1,818,776)x3	26	56	
Xp22.31(6,630,120-6,634,177)x3	4	58	
Xp21.3(26,737,378-26,823,559)x1	86	48	
Xp11.1q11.1(58,326,433-62,036,700)x1	3710	224	
Xq13.2(72,774,759-72,806,608)x1	32	34	MAP2K4P1, CHIC1
Xq13.3(75,659,453-75,662,988)x1	4	48	
Xq21.1q21.2(84,587,346-84,622,806)x1	35	32	POF1B

---

	Xq25(122,162,590-122,170,702)x1	8	25	
	Xq25(123,204,485-123,223,434)x1	19	28	STAG2
	Xq26.2(132,434,060-132,440,801)x4	7	88	GPC4
	Xq26.3(135,777,091-135,782,872)x3	6	56	ARHGEF6
<b>2 6</b>	1p31.1(72,771,353-72,812,440)x1	41	26	0
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
	2p22.1(39,242,660-39,250,899)x1	8	38	SOS1
	2q24.3(166,853,053-166,871,119)x1	18	40	SCN1A
	3p11.1(90,311,072-90,502,849)x1	192	40	0
	3q26.1(164,737,877-164,808,079)x1	70	52	SI
	3q26.1(165,041,534-165,085,386)x1	44	28	0
	4q12(54,873,310-54,894,207)x1	21	39	CHIC2
	4q13.2(69,435,888-69,485,827)x0	50	40	0
	5p12q11.1(46,019,254-49,552,685)x1	3533	141	0
	5q21.3(107,620,562-107,664,428)x1	44	51	FBXL17
	6p25.3(254,253-294,826)x1	41	88	DUSP22
	6q16.3(102,344,464-102,358,372)x1	14	59	GRIK2
	7q11.21(64,682,736-64,730,270)x1	48	32	0
	8p11.22(39,225,874-39,386,952)x1	161	84	ADAM5, ADAM3A
	8p11.1(43,487,869-43,657,690)x1	170	48	0
	9p13.2(37,805,000-37,831,981)x1	27	26	DCAF10
	10q11.22(46,996,611-47,056,291)x3	60	60	GPRIN2
	10q11.22(47,062,984-47,688,677)x3	626	128	NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33, ANXA8, ANXA8L1, FAM25C, FAM25B, FAM25G, AGAP9, BMS1P2, BMS1P6, FAM35DP
	11p15.4(5,783,909-5,809,448)x1	26	50	OR52N5, OR52N1
	11p11.2p11.12(48,721,745-48,892,181)x1	170	40	0
	11p11.12(51,126,723-51,268,156)x1	141	26	0
	12p11.1(34,599,313-34,749,005)x1	150	36	0
	12q23.1(99,791,757-99,798,577)x1	7	31	0
	13q14.2(48,928,766-48,938,505)x1	10	56	ANKS1B
	13q21.1(57,758,275-57,776,590)x1	18	32	RB1

14q13.2(36,085,745-36,130,048)x1	44	36	0
14q32.33(106,329,183-106,776,960)x3	448	103	RALGAPA1
16p13.11(15,901,137-15,910,474)x1	9	27	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
17q11.2(27,801,069-27,827,476)x1	26	28	MYH11
17q12(34,426,244-34,477,480)x4	51	63	TAOK1
18q21.32(58,094,437-58,128,169)x1	34	28	CCL4
21q21.1(18,856,772-18,880,914)x1	24	26	0
22q11.23q12.1(25,656,237-25,910,555)x4	254	68	0
22q13.33(51,103,691-51,115,526)x1	12	60	IGLL3P, LRP5L, CRYBB2P1
Xp22.33(528,521-528,974)x1	0,5	26	SHANK3
Xp21.3(29,114,198-29,118,570)x1	4	33	0
Xp21.2(30,320,506-30,348,154)x3	28	98	IL1RAPL1
Xp21.1(31,521,600-31,527,375)x1	6	30	NR0B1
Xp11.1q11.1(58,326,433-61,932,751)x1	3606	140	DMD
Xq22.2(103,260,662-103,312,921)x3	52	68	0
Xq23(115,576,235-115,584,544)x1	8	40	MIR1256, H2BFWT, H2BFM
Xq23(115,620,360-115,621,229)x1	1	31	SLC6A14
Xq25(122,360,401-122,389,038)x3	29	104	0
Xq25(122,580,208-122,588,001)x3	8	56	GRIA3
Xq25(123,203,578-123,215,301)x1	12	36	GRIA3
Xq26.2(132,432,738-132,440,801)x4	8	98	STAG2
Xq26.3(135,338,132-135,353,041)x3	15	72	GPC4
Xq26.3(135,777,110-135,782,871)x3	6	53	MAP7D3
Xq26.3(136,638,059-136,667,227)x3	29	84	ARHGEF6
Xq26.3(136,943,776-136,954,312)x3	11	84	ZIC3
Xq27.1(138,203,181-138,219,973)x3	17	116	0
Xq27.1(139,059,289-139,066,420)x1	7	48	FGF13
Xq28(147,889,712-147,895,743)x3	6	64	0
Xq28(153,419,008-153,437,343)x1	18	32	AFF2
			OPN1LW

---

	1p36.33(2,151,540-2,188,998)x3	37	84	SKI
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
	3p26.3(224,588-248,208)x1	24	34	CHL1
	3p11.1(90,311,072-90,502,849)x1	192	40	0
	4q27(122,281,972-122,296,807)x1	15	25	QRFPR
	5p12q11.1(46,034,929-49,447,301)x1	3412	116	0
	6p25.3(294,273-375,828)x1	82	132	DUSP22
	6q16.1(95,539,838-95,560,154)x1	20	30	0
	7p11.2q11.21(57,950,844-62,453,509)x1	4503	32	0
	7q31.1(114,209,440-114,215,739)x1	6	28	FOXP2
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	8p11.1(43,442,233-43,657,690)x1	215	60	0
	9p24.3(254,070-260,970)x1	7	28	DOCK8
	9q31.1(107,363,819-107,371,640)x1	8	38	OR13C2
2 7	11p11.12(50,344,990-51,267,021)x1	922	128	LOC646813
	11p11.12q11(51,581,310-55,009,464)x1	3428	75	0
	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12p11.1(34,615,199-34,730,588)x1	115	28	0
	13q21.1(57,758,275-57,776,590)x1	18	32	0
	14q32.33(106,232,259-106,328,303)x3	96	107	0
	14q32.33(106,329,183-106,777,210)x4	448	104	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	14q32.33(107,145,550-107,173,910)x3	28	56	0
	17p11.2(19,937,883-19,994,673)x1	57	74	SPECC1
	17q21.31(44,224,531-44,784,639)x3	560	62	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	21q22.3(47,724,701-47,775,357)x1	51	52	C21orf58, PCNT
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xp22.33(539,471-565,908)x3	26	82	0
	Xp22.33(817,312-827,150)x1	10	40	0
	Xp22.31(6,008,155-6,039,645)x1	31	66	NLGN4X
	Xp22.31(6,630,120-6,634,452)x3	4	76	0

---

	Xp22.31(6,634,452-6,642,670)x1	8	28	0
	Xp21.1(32,741,513-32,743,295)x1	2	33	DMD
	Xp11.22(51,722,036-51,769,678)x1	48	26	0
	Xp11.1q11.1(58,326,433-61,932,751)x1	3606	140	0
	Xq11.1(61,995,269-62,057,753)x1	62	52	0
	Xq13.3(75,662,383-75,668,418)x1	6	40	0
	Xq21.1(77,904,920-77,929,909)x1	25	28	ZCCHC5
	Xq22.3(107,110,720-107,112,200)x1	1	25	MID2
	Xq23(110,356,320-110,356,732)x1	0,5	28	PAK3
	Xq23(110,584,456-110,591,630)x1	7	29	DCX
	Xq23(115,137,991-115,156,164)x0	18	34	0
	Xq23(115,453,528-115,465,336)x1	12	40	0
	Xq23(115,576,235-115,584,544)x1	8	40	SLC6A14
	Xq25(122,162,590-122,170,829)x1	8	26	0
	Xq26.2(132,432,737-132,440,801)x3	8	99	GPC4
	Xq26.3(134,843,885-134,891,198)x3	47	72	CT45A1, CT45A2, CT45A4, CT45A3
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x3	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq26.3(136,638,059-136,667,227)x3	29	84	ZIC3
	Xq27.1(139,804,677-139,808,665)x1	4	32	0
	Xq28(147,313,168-147,328,155)x3	15	55	0
	Xq28(152,735,143-152,773,732)x3	39	50	HAUS7, BGN
	Xq28(153,167,259-153,189,112)x3	22	50	AVPR2, ARHGAP4
	Xq28(154,121,651-154,127,536)x1	6	34	F8
<b>2 9</b>	1p13.3(111,376,206-111,393,284)x1	17	36	0
	2p16.1(56,540,534-56,920,208)x1	380	320	CCDC85A
	2q33.1q33.2(203,292,946-203,309,483)x1	17	92	BMPR2
	2q34(213,171,246-213,187,551)x1	16	52	ERBB4
	3p21.1(53,031,722-53,039,204)x1	7	40	SFMBT1
	3p11.1q11.1(90,365,129-93,520,054)x1	3155	36	0
	3q13.11(103,591,168-103,620,850)x1	30	28	0

4p15.33(11,318,043-11,343,836)x1	26	28	0
5p15.2(9,897,966-9,926,398)x1	28	37	LOC285692
5p12q11.1(46,019,076-49,552,685)x1	3534	143	0
5q21.1(100,723,101-100,756,873)x1	34	25	0
6p25.3(254,253-375,828)x1	122	204	DUSP22
6p12.3(49,362,122-49,382,605)x1	20	36	0
6q14.1(82,705,911-82,732,325)x1	26	28	0
7p11.2q11.21(57,950,844-62,453,509)x1	4503	32	0
7q35(146,569,688-146,600,230)x1	31	76	CNTNAP2
8p11.1q11.1(43,487,869-46,854,928)x1	3367	100	0
9q21.2(79,777,108-79,821,624)x3	45	71	VPS13A-AS1, VPS13A
11p11.2p11.12(48,709,714-48,849,435)x1	140	36	0
11p11.12(50,480,770-51,385,694)x1	905	88	0
11q11(55,374,018-55,452,996)x0	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
12p11.1(34,611,181-34,730,588)x1	116	30	0
12q11q12(38,190,532-38,428,116)x1	238	40	0
14q24.2(71,929,851-72,015,021)x1	85	72	LOC145474, SIPA1L1
14q32.33(106,207,204-106,328,303)x3	121	110	0
14q32.33(106,329,183-106,761,968)x4	433	88	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
16p11.2(32,511,178-32,902,151)x1	391	58	TP53TG3B, TP53TG3, TP53TG3C, SLC6A10P
16q23.1(78,371,497-78,384,725)x1	13	25	WWOX
17q12(34,426,244-34,477,480)x4	51	63	CCL4
17q21.31(44,212,823-44,784,639)x4	572	72	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
17q21.31(44,784,968-44,801,532)x1	17	28	NSF
18q12.2(34,239,082-34,261,021)x3	22	52	FHOD3
19q13.2(41,360,129-41,391,762)x1	32	41	CYP2A7
22q11.22(23,155,630-23,258,369)x3	103	68	MIR650, IGLL5
22q13.2(42,445,266-42,457,012)x1	12	25	NAGA
Xp22.33(528,969-539,768)x3	11	72	0
Xp21.1(33,139,966-33,142,786)x1	3	28	DMD

	Xp11.1q11.1(58,326,433-62,058,115)x1	3732	260	0
	Xq13.1(68,908,639-68,916,382)x1	8	25	EDA
	Xq13.2(72,770,175-72,806,378)x1	36	36	MAP2K4P1, CHIC1
	Xq21.1q21.2(84,587,346-84,614,390)x1	27	26	POF1B
	Xq23(115,576,418-115,584,544)x1	8	36	SLC6A14
	Xq23(115,751,421-115,758,401)x1	7	68	0
	Xq24(120,009,890-120,114,891)x1	105	48	CT47A4, CT47A10, CT47A3, CT47A2, CT47A1, CT47A8, CT47A5, CT47A11, CT47A9, CT47A12, CT47A6, CT47A7
	Xq25(128,457,881-128,461,341)x1	3	28	0
	Xq26.2(132,434,060-132,440,801)x4	7	88	GPC4
	Xq26.3(135,777,091-135,782,872)x3	6	56	ARHGEF6
	Xq26.3(136,638,059-136,667,227)x3	29	84	ZIC3
	Xq27.1(139,493,311-139,497,990)x3	5	52	0
	Xq27.2(141,643,975-141,713,741)x1	70	56	0
	Xq28(147,320,307-147,325,589)x1	5	42	0
	Xq28(149,571,731-149,577,751)x1	6	40	MAMLD1
	Yp11.2(4,353,139-4,677,759)x1	325	84	0
	Yp11.2(5,354,663-5,471,591)x1	117	60	PCDH11Y
	Yp11.2(5,543,024-5,796,657)x1	254	116	PCDH11Y
	Yq11.23(27,601,813-27,656,926)x1	55	52	GOLGA2P2Y, GOLGA2P3Y, CSPG4P1Y
3 0	1q44(248,753,183-248,795,277)x1	42	58	OR2T10, OR2T11
	2q11.2(98,855,690-98,881,182)x1	25	56	VWA3B
	2q21.2(133,280,686-133,317,266)x3	37	52	GPR39
	2q32.1(184,123,709-184,158,786)x1	35	28	
	3p11.1(89,394,609-89,416,203)x1	22	44	EPHA3
	3q26.1(162,524,823-162,654,269)x1	129	28	
	7p12.1(50,825,638-50,832,746)x1	7	28	GRB10
	9q32(115,378,335-115,583,261)x3	205	192	KIAA1958, INIP, SNX30
	10q11.22(47,062,984-48,174,779)x3	1112	148	NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33, ANXA8, ANXA8L1, FAM25C, FAM25B, FAM25G, AGAP9, BMS1P6, BMS1P2, FAM35DP, ANXA8L2, FAM21B, CTS1P2
	11p15.1(18,941,196-18,962,398)x1	21	64	MRGPRX1

	12p12.3(18,908,847-18,956,388)x1	48	26	
	12q23.1(99,791,778-99,798,721)x1	7	32	ANKS1B
	14q32.33(106,207,017-106,328,303)x3	121	111	
	14q32.33(106,329,183-106,948,691)x3	620	152	KIAA0125, ADAM6, LINC00226, LINC00221
	16q12.2(55,796,375-55,816,692)x1	20	28	CES1P1
	17q12(36,283,806-36,404,138)x1	120	29	TBC1D3F, TBC1D3, LOC440434
	17q21.31(44,190,670-44,784,639)x4	594	104	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	22q13.33(49,815,750-49,882,210)x1	66	48	
	22q13.33(51,103,691-51,115,526)x1	12	60	SHANK3
	Xp22.33(532,334-539,660)x4	7	61	
	Xp22.33(1,916,130-1,932,981)x3	17	56	
	Xp22.33(2,295,258-2,302,145)x1	7	32	DHRSX
	Xp22.33(2,368,250-2,382,544)x1	14	80	DHRSX
	Xp22.33(2,521,636-2,533,169)x1	12	26	CD99P1, LINC00102
	Xp21.3(29,114,199-29,117,749)x1	4	28	IL1RAPL1
	Xp21.2(29,474,730-29,482,894)x1	8	32	IL1RAPL1
	Xp21.2(31,429,288-31,438,454)x1	9	44	DMD
	Xp21.1(32,685,839-32,700,010)x0	14	56	DMD
	Xp21.1(37,069,284-37,172,930)x1	104	26	
	Xp11.4(38,386,611-38,405,024)x1	18	28	
	Xq13.3(75,668,406-75,668,926)x1	1	32	
	Xq21.31(89,752,139-89,851,826)x1	100	36	
	Xq21.32(91,853,285-91,923,930)x1	71	46	PCDH11X
	Xq25(122,899,948-122,901,058)x0	1	26	
	Xq26.3(133,642,080-133,654,653)x1	13	28	
	Xq26.3(134,718,783-134,739,030)x1	20	72	
	Xq28(147,317,018-147,325,589)x1	9	44	
<b>3</b>	1q44(248,753,414-248,795,277)x1	42	53	OR2T10, OR2T11
<b>1</b>	1q42.13(227,778,480-227,946,552)x3	168	169	ZNF678, ZNF847P, LOC100130093, JMJD4, SNAP47
	6p25.3(280,385-294,825)x1	14	36	DUSP22

	6p25.1(6,965,330-6,997,665)x1	32	40	
	7p14.1(38,325,923-38,349,129)x1	23	52	
	11q11(55,376,497-55,452,996)x1	76	92	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p11.12(49,115,112-49,165,574)x1	50	40	
	11p11.12(49,710,848-49,746,642)x1	35	36	LOC440040
	11p15.4(5,786,007-5,809,325)x1	23	48	OR52N5, OR52N1
	12p13.33(2,251,867-2,259,954)x3	8	64	CACNA1C
	13q21.1(57,758,275-57,776,590)x1	18	32	
	14q32.33(106,206,397-106,896,439)x3	690	248	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	14q11.2(22,732,618-22,878,421)x1	145	210	
	15q24.3(76,891,727-76,906,427)x1	15	28	SCAPER
	16p11.2(33,596,761-33,774,616)x1	178	52	
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	17q12(34,455,782-34,477,480)x1	22	36	
	17q21.31(44,187,491-44,784,639)x3	597	108	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	19p12(20,596,105-20,716,336)x1	120	83	ZNF826P
	19q13.42(54,730,201-54,752,217)x1	22	25	LILRA6
	22q11.22(23,155,630-23,258,369)x3	103	68	MIR650, IGLL5
	Xp22.33(562,074-565,815)x1	4	28	
	Xp22.33(1,793,059-1,818,776)x3	26	52	
	Xp11.23(47,865,294-48,001,375)x1	136	100	SPACA5, SPACA5B, ZNF630, SSX6
	Xq26.2(132,433,810-132,440,801)x3	7	96	GPC4
	Xq26.3(135,777,110-135,782,872)x3	6	54	ARHGEF6
	Xq26.3(136,638,059-136,667,227)x3	29	84	ZIC3
	Xq24(118,552,621-118,569,156)x4	16	72	SLC25A43
	Xq24(120,009,891-120,122,390)x1	112	53	CT47A4, CT47A10, CT47A5, CT47A1, CT47A2, CT47A8, CT47A12, CT47A3, CT47A9, CT47A11, CT47A6, CT47A7
<b>3</b>	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
<b>2</b>	9q21.2(79,770,615-79,821,652)x3	51	100	VPS13A-AS1, VPS13A
	14q32.33(106,223,586-106,536,858)x3	313	149	KIAA0125, ADAM6

14q32.33(106,693,441-106,863,508)x3	170	64	LINC00226
16p11.2p11.1(34,449,594-34,755,816)x3	306	176	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
22q13.1(40,874,624-40,888,884)x1	14	30	MKL1
Xp22.33(532,444-539,768)x3	7	64	
Xp21.3(29,114,198-29,117,749)x0	3	29	IL1RAPL1
Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
Xq28(149,577,738-149,581,591)x1	4	38	MAMLD1
Xq24(118,878,614-118,882,510)x1	4	40	
Xq24(120,009,891-120,090,575)x1	81	32	CT47A4, CT47A10, CT47A5, CT47A1, CT47A2, CT47A8, CT47A12, CT47A3, CT47A9, CT47A11, CT47A6, CT47A7
1q21.3(152,761,910-152,773,905)x0	12	28	LCE1D
1p21.3(95,123,886-95,152,018)x1	28	32	
3p22.3(32,670,397-32,702,580)x1	32	31	
3q28(189,360,742-189,371,964)x1	11	35	TP63
5q35.3(180,378,753-180,417,647)x1	39	32	BTNL3
6p25.3(287,387-294,826)x1	7	30	DUSP22
6q14.1(78,962,580-79,041,633)x1	79	27	
7p21.3(11,600,754-11,648,717)x1	48	96	THSD7A
8p12p11.23(35,424,522-37,523,707)x3	2,100	1409	UNC5D, KCNU1
3 3 8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	139	76	ADAM5, ADAM3A
9p24.3(592,076-608,646)x1	16	56	KANK1
10p12.1(28,564,265-28,570,570)x1	6	26	MPP7
10q22.3(81,447,244-81,464,341)x1	17	25	BEND3P3, NUTM2B
11p15.1(18,941,196-18,961,600)x3	20	56	MRGPRX1
14q32.33(106,207,017-106,868,463)x3	661	235	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
14q32.33(106,872,840-106,927,555)x1	55	30	
16p13.3(1,052,879-1,288,498)x3	236	108	SSTR5-AS1, SSTR5, C1QTNF8, CACNA1H, TPSG1, TPSB2
16p13.11(15,898,946-15,910,615)x1	12	32	MYH11
19q13.2(41,345,129-41,392,142)x1	47	54	CYP2A6, CYP2A7
20p12.1(14,735,200-14,850,762)x1	115	88	MACROD2

	21q21.2(24,176,862-24,212,223)x1	35	27	
	22q11.22(23,155,753-23,258,369)x3	103	66	MIR650, IGLL5
	Xp22.31(6,634,452-6,642,670)x1	8	28	
	Xq22.3(104,561,186-104,626,201)x1	65	40	IL1RAPL2
	Xp11.4(41,770,438-41,777,035)x1	7	32	CASK
	Xp21.1(32,690,875-32,703,713)x1	13	64	DMD
	Xp21.1(32,741,513-32,743,344)x1	2	35	DMD
	Xq28(147,313,168-147,328,241)x3	15	56	
	Xq28(154,912,941-154,947,012)x0	34	36	
	Xq24(120,009,891-120,090,575)x1	81	32	CT47A4, CT47A10, CT47A5, CT47A1, CT47A2, CT47A8, CT47A12, CT47A3, CT47A9, CT47A11, CT47A6, CT47A7
	Xq25(121,964,510-121,975,639)x1	11	28	
	Xq23(110,356,320-110,376,229)x1	19	80	PAK3
	Xq23(115,576,235-115,589,080)x1	13	52	SLC6A14
	1p36.32(3,318,713-3,340,374)x3	222	184	PRDM16, ARHGEF16, MEGF6, MIR551A
	1p13.3(108,729,365-108,854,166)x0	125	51	SLC25A24, NBPF4
	3p21.1(53,031,722-53,038,931)x1	7	36	SFMBT1
	6q27(168,333,307-168,617,512)x3	284	278	MLLT4, HGC6.3, KIF25, FRMD1
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
	10q11.22(46,981,206-47,056,291)x3	75	80	GPRIN2
	10q11.22(47,062,984-48,179,757)x3	1.116	149	NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33, ANXA8, ANXA8L1, FAM25B, FAM25G, FAM25C, AGAP9, BMS1P2, BMS1P6, FAM35DP, ANXA8L2, FAM21B, CTS1P2
3	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
4	11p15.4(5,788,078-5,812,365)x1	24	48	OR52N5, OR52N1
	11p15.5(2,142,120-2,200,260)x3	58	64	INS-IGF2, IGF2, MIR483, IGF2-AS, INS, TH, MIR4686
	12p13.33(2,252,689-2,259,954)x3	7	56	CACNA1C
	14q32.33(106,206,397-106,849,677)x3	643	228	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	15q25.3(87,830,571-87,877,159)x1	47	42	
	16p13.11(15,898,946-15,910,615)x1	12	32	MYH11
	17q21.31(44,191,389-44,784,639)x3	593	101	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	22q11.22(23,124,497-23,210,365)x3	86	80	MIR650

Xp22.33 or Yp11.32(2,382,321-2,396,540 or 2	14	108	DHRSX
Xp22.33 or Yp11.32(2,521,636-2,533,169 or 2	12	26	CD99P1, LINC00102
Xp22.31(7,037,574-7,058,341)x0	21	56	HDHD1
Xq28(154,912,941-154,946,932)x0	34	34	
Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
3p21.1(53,031,722-53,038,786)x1	7	32	SFMBT1
4q13.2(69,435,888-69,558,258)x1	122	68	UGT2B15
5q21.2(104,409,783-104,498,041)x3	88	88	RAB9BP1
8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
10p11.21(34,626,271-34,670,662)x1	44	42	PARD3
10q22.3(81,446,577-81,464,341)x1	18	28	BEND3P3, NUTM2B
10q26.3(135,357,401-135,427,143)x3	70	81	SYCE1, SPRNP1
11q12.1(58,815,113-58,881,675)x3	67	56	LOC283194, FAM111B
12p11.21(32,002,282-32,059,491)x3	57	51	
13q21.31(64,289,303-64,388,624)x3	99	70	OR7E156P
3 5	14q11.2(22,732,747-22,749,600)x1	17	36
14q11.2(22,930,848-22,938,299)x1	7	34	
14q32.33(106,206,397-106,868,463)x3	662	236	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
14q32.33(106,872,840-106,927,555)x1	55	30	
14q32.33(107,150,443-107,179,594)x3	29	64	
15q21.3(54,870,372-54,913,985)x1	44	55	UNC13C
16p11.2(32,524,715-33,779,681)x3	1255	149	TP53TG3, TP53TG3B, TP53TG3C, SLC6A10P, LOC390705, RNU6-76P
16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
17q21.31(44,188,450-44,288,442)x3	100	101	KANSL1, KANSL1-AS1
Xp11.22(53,987,295-54,064,920)x3	78	185	PHF8
Xp11.4(38,105,263-38,125,977)x3	21	50	
Xp11.4(38,214,729-38,232,337)x3	18	68	OTC
Xp21.1(31,527,032-31,536,878)x1	10	52	DMD

Xp21.1(32,193,758-32,222,660)x3	29	58	DMD
Xp21.1(32,415,661-32,431,226)x3	16	52	DMD
Xp21.1(32,743,296-32,758,617)x3	15	74	DMD
Xp21.1(32,834,657-32,845,289)x3	11	88	DMD
Xp21.2q13.2(29,497,738-72,428,467)x2-3	42931	41860	<p>IL1RAPL1, MAGEB2, MAGEB3, MAGEB4, MAGEB1, NR0B1, CXorf21, GK, TAB3, FTHL17, DMD, FAM47A, TMEM47, FAM47B, MAGEB16, CXorf22, CHDC2, CXorf30, FAM47C, FTH1P18, PRRG1, LANCL3, XK, CYBB, DYNLT3, CXorf27, SYTL5, SRPX, RPGR, OTC, TSPAN7, MID1IP1, LOC286442, BCOR, ATP6AP2, MPC1L, CXorf38, MED14, LOC100132831, USP9X, DDX3X, NYX, CASK, GPR34, GPR82, PPP1R2P9, MAOA, MAOB, NDP, EFHC2, FUNDC1, DUSP21, KDM6A, CXorf36, LOC392452, MIR221, MIR222, KRBOX4, ZNF674, ZNF674-AS1, CHST7, SLC9A7, RP2, CXorf31, PHF16, RGN, NDUFB11, RBM10, UBA1, INE1, CDK16, USP11, ZNF157, SNORA11C, ZNF41, ARAF, SYN1, TIMP1, MIR4769, CFP, ELK1, UXT, LOC100133957, CXXC1P1, ZNF81, ZNF182, SPACA5, SPACA5B, ZNF630, SSX6, SSX5, SSX1, SSX9, SSX3, SSX4B, SSX4, SLC38A5, FTSJ1, PORCN, EBP, TBC1D25, RBM3, WDR13, WAS, SUV39H1, GLOD5, GATA1, HDAC6, ERAS, PCSKIN, TIMM17B, PQBP1, SLC35A2, PIM2, OTUD5, KCND1, GRIPAP1, TFE3, CCDC120, PRAF2, WDR45, GPKOW, MAGIX, PLP2, PRICKLE3, SYP, CACNA1F, CCDC22, FOXP3, PPP1R3F, GAGE10, GAGE12J, GAGE13, GAGE2E, GAGE8, GAGE2D, GAGE2A, GAGE2C, GAGE4, GAGE5, GAGE12I, GAGE7, GAGE12F, GAGE2B, GAGE12D, GAGE12H, GAGE12G, GAGE12E, GAGE12C, GAGE12B, GAGE6, GAGE1, PAGE1, PAGE4, USP27X-AS1, USP27X, CLCN5, MIR532, MIR188, MIR500A, MIR362, MIR501, MIR500B, MIR660, MIR502, AKAP4, CCNB3, DGKK, SHROOM4, BMP15, NUDT10, NUDT11, CENPV1, CENPV2, GSPT2, MAGED1, MAGED4, MAGED4B, SNORA11E, SNORA11D, XAGE2, XAGE2B, XAGE1B, XAGE1D, XAGE1A, XAGE1E, XAGE1C, SSX8, SSX7, SSX2B, SSX2, SPANXN5, XAGE5, XAGE3, FAM156A, FAM156B, GPR173, TSPYL2, KDM5C, IQSEC2, SMC1A, RIBC1, HSD17B10, HUWE1, MIR98, MIRLET7F2, PHF8, FAM120C, WNK3, TSR2, FGD1, GNL3L, ITIH6, MAGED2, SNORA11, TRO, PFKFB1, APEX2, ALAS2, PAGE2B, PAGE2, FAM104B, MTRNR2L10, PAGE5, PAGE3, MIR4536-1, MAGEH1, USP51, FOXR2, RRAGB, KLF8, UBQLN2, LOC550643, UQCRCBP1, SPIN3, SPIN2B, SPIN2A, FAAH2, ZXDB, ZXDA, SPIN4, LOC92249, ARHGEF9, MIR1468, AMER1, ASB12, MTMR8, ZC4H2, ZC3H12B, LAS1L, FRMD8P1, MSN, MIR223, VSIG4, HEPH, EDA2R, AR, OPN1, YIPF6, STARD8, EFNB1, PJA1, LINC00269, FAM155B, EDA, MIR676, AWAT2, OTUD6A, IGBP1, DGAT2L6, AWAT1, P2RY4, ARR3, RAB41, PDZD11, KIF4A, GDPD2, DLG3, TEX11, SLC7A3, SNX12, FOXO4, CXorf65, IL2RG, MED12, NLGN3, BCYRN1, GJB1, ZMYM3, NONO, ITGB1BP2, TAF1, INGX, OGT, ACRC, CXCR3, LOC100132741, LINC00891, CXorf49B, CXorf49, NHSL2, RPS26P11, RGAG4, FLJ44635, PIN4, ERCC6L, RPS4X, CITED1, HDAC8, PHKA1, LINC00684, DMRTC1B, DMRTC1, FAM226B, FAM226A, PABPC1L2B, PABPC1L2A, NAP1L6</p>
			NR0B1
			DMD
			IL1RAPL1
Xp21.2(30,321,975-30,328,350)x3	6	52	DMD
Xp21.2(31,171,005-31,198,204)x3	27	84	
Xp21.2p21.1(31,480,808-31,511,382)x3	31	51	
Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	KAL1
	4	76	

Xp22.31(6,630,120-6,634,452)x3	22	52	CD99
Xp22.31(8,650,585-8,672,531)x3	20	88	ARSH, ARSF, CXorf28, MXRA5, PRKX, LOC389906, NLGN4X, MIR4770, VCX3A, HDHD1, MIR4767, STS, VCX, PNPLA4, MIR651, VCX2, VCX3B, KAL1, FAM9A, FAM9B, TBL1X, GPR143, SHROOM2, LOC100288814, WWC3, CLCN4, MID1, HCCS, ARHGAP6
Xp22.33(2,434,174-2,454,512)x3	74	196	
Xp22.33(2,591,984-2,666,341)x3	8283	11831	AR
Xp22.33p22.2(2,906,110-11,189,606)x2-3			POU3F4, CYLC1, RPS6KA6, HDX, UBE2DNL, APOOL, SATL1, ZNF711, POF1B, CHM, DACH2, KLHL4, CPXCR1, TGIF2LX, PABPC5, PCDH11X, NAP1L3, FAM133A, LOC643486, DIAPH2, RPA4, XRCC6P5, PCDH19, TNMD, TSPAN6, SRPX2, SYTL4, CSTF2, NOX1, XKRX, ARL13A, TRMT2B, TMEM35, CENPI, DRP2, TAF7L, TIMM8A, BTK, RPL36A, RPL36A-HNRNPH2, GLA, HNRNPH2, ARMCX4, ARMCX1, ARMCX6, ARMCX3, ARMCX2, NXF5, ZMAT1, TCEAL2, TCEAL6, BEX5, TCP11X2, NXF2B, NXF2, TMSB15A, NXF4, ARMCX5, ARMCX5-GPRASP2, GPRASP1, GPRASP2, BHLHB9, LINC00630, RAB40AL, BEX1, NXF3, BEX4, TCEAL8, TCEAL5, BEX2, TCEAL7, WBPS, NGFRAP1, RAB40A, TCEAL4, TCEAL3, TCEAL1, MORF4L2, MORF4L2-AS1, GLRA4, TMEM31, PLP1, RAB9B, MIR1256, TMSB15B, H2BFXP, H2BFWT, H2BFM, SLC25A53, ZCCHC18, LOC286437, FAM199X, ESX1, IL1RAPL2, TEX13A, NRK, SERPINA7, MUM1L1, CXorf57, RNF128, TBC1D8B, RIPPPLY1, CLDN2, MORC4, RBM41, NUP62CL, PIH1D3, PRPS1, TSC22D3, MID2, TEX13B, VSIG1, PSMD10, ATG4A, COL4A6, COL4A5, IRS4, GUCY2F, NXT2, KCNE1L, ACSL4, TMEM164, MIR3978, AMMECR1, SNORD96B, RGAG1, TDGF1P3, CHRDL1, PAK3, CAPN6, DCX, RNU6-28P, LINC00890, ALG13, TRPC5, TRPC5OS, ZCCHC16, LHFPL1, AMOT, MIR4329, HTR2C, SNORA35, MIR764, MIR1912, MIR1264, MIR1998, MIR1911, MIR448, IL13RA2, LRCH2, RBMXL3, LUZP4, PLS3, AGTR2
Xq12(66,854,327-66,873,925)x3	33545	28891	PCDH19
Xq21.1q23(81,968,332-115,513,507)x2-3			COL4A5
			DCX
Xq22.1(98,358,136-98,479,952)x3	122	57	SLC25A43
	43	104	RHOXF2, RHOXF2B, NKAPP1, ZBTB33, TMEM255A, ATP1B4, LAMP2, CUL4B, MCTS1, C1GALT1C1, CT47B1, CT47A12, CT47A1, CT47A9, CT47A11, CT47A8, CT47A5, CT47A10, CT47A3, CT47A2, CT47A4, CT47A6, CT47A7, GLUD2, GRIA3, THOC2, XIAP, STAG2, SH2D1A, TENM1, LOC100129520, DCAF12L2, DCAF12L1, CXorf64, ACTRT1, SMARCA1, OCRL, APLN, XPNPEP2, SASH3, ZDHHC9, UTP14A
Xq22.1(99,592,667-99,636,135)x3	18	56	GLUD2
Xq22.3(107,831,151-107,849,336)x3	6	60	GRIA3
Xq23(110,601,591-110,607,671)x3	30	53	ENO2, ARHGAP36, IGSF1, OR13H1, LOC286467, MST4, FRMD7, RAP2C, MBNL3, HS6ST2, HS6ST2-AS1, USP26, TFDP3, GPC4, GPC3, MIR363, MIR92A2, MIR19B2, MIR20B, MIR18B, MIR106A, CCDC160, PHF6, HPRT1, MIR450B, MIR450A1, MIR450A2, MIR542, MIR503HG, MIR503, MIR424, LINC00629, PLAC1, FAM122B, FAM122C, MOSPD1, SMIM10, FAM127C, FAM127A, FAM127B, LINC00087, LINC00633, CXorf48, ZNF75D, ZNF449, LINC00086, DDX26B, CT45A1, CT45A2, CT45A4, CT45A3, CT45A5, CT45A6, SAGE1, MMGT1, SLC9A6, FHL1, MAP7D3, GPR112, BRS3, HTATSF1, VGLL1, MIR934, LINC00892, CD40LG, ARHGEF6, RBMX, SNORD61, GPR101, ZIC3, LINC00889, FGF13, MIR504, FGF13-AS1, SRD5A1P1, F9, MCF2, ATP11C, MIR505, CXorf66, LOC389895, SOX3, LINC00632, CDR1, MIR320D2, SPANXB2, SPANXB1, SPANXF1, LDOC1, SPANXC, SPANXA2-OT1, SPANXA2, SPANXA1, SPANXD,
Xq24q26.1(119,257,603-129,132,361)x2-3	9875	15952	
Xq24(120,179,618-120,210,392)x3	31	64	
Xq25(122,575,402-122,588,510)x3	13	73	

			SPANXE, MAGEC3, MAGEC1, MAGEC2, SPANXN4, SPANXN3, SLITRK4, SPANXN2, UBE2NL, SPANXN1, SLITRK2, TMEM257, MIR890, MIR888, MIR892A, MIR892B, MIR891B, MIR891A, CXorf51B, CXorf51A, MIR506, MIR507, MIR508, MIR514B, MIR509-2, MIR509-1, MIR509-3, MIR510, MIR514A1, MIR514A3, MIR514A2, FMR1-AS1, FMR1, FMR1NB, AFF2, IDS, LINC00893, CXorf40A, MAGEA9, MAGEA9B, HSFX2, HSFX1, TMEM185A, MAGEA11, MAGEA8-AS1, MAGEA8, CXorf40B, LINC00894, MIR2114, MAMLD1, MTM1, MTMR1, CD99L2, HMGB3, MIR4330, GPR50, VMA21, PASD1, PRRG3, FATE1, CNGA2, MAGEA4, GABRE, MIR452, MAGEA5, MAGEA10-MAGEA5, MAGEA10, GABRA3, MIR105-1, MIR767, MIR105-2, GABRQ, MAGEA6, CSAG3, CSAG2, MAGEA2, MAGEA2B, CSAG4, MAGEA12, CSAG1, MAGEA3, CETN2, NSDHL, ZNF185, PNMA5, PNMA3, PNMA6D, PNMA6C, PNMA6A, MAGEA1, ZNF275, ZFP92, TREX2, HAUS7, BGN, ATP2B3, FAM58A, DUSP9, PNCK, SLC6A8, BCAP31, ABCD1, PLXNB3, SRPK3, IDH3G, SSR4, PDZD4, L1CAM, AVPR2, ARHGAP4, NAA10, RENBP, HCFC1, TMEM187, MIR3202-1, MIR3202-2, IRAK1, MIR718, MECP2, OPN1LW, OPN1MW2, OPN1MW, TEX28, TKTL1, FLNA, EMD, RPL10, SNORA70, DNASE1L1, TAZ, ATP6AP1, GDI1, FAM50A, PLXNA3, LAGE3, UBL4A, SLC10A3, FAM3A, G6PD, IKBKG, FAM223B, FAM223A, CTAG1A, CTAG1B, CTAG2, GAB3, DKC1, SNORA36A, MIR644B, SNORA56, MPP1, SMIM9, F8, H2AFB1, H2AFB3, F8A1, F8A3, F8A2, MIR1184-2, MIR1184-1, MIR1184-3, FUNDC2, CMC4, MTCP1, BRCC3, VBP1, RAB39B, CLIC2, TMLHE- AS1, H2AFB2, TMLHE, SPRY3, VAMP7, IL9R	
			GPC4	
			GPC3	
			GPC3	
			ARHGEF6	
	25464	50766	ZIC3	
	9	100		
Xq26.1q28(129,769,762-155,233,731)x2-3	6	52	FGF13	
Xq26.2(132,432,089-132,440,801)x4	19	62		
Xq26.2(132,766,268-132,772,016)x3	11	60		
Xq26.2(133,025,325-133,044,647)x3	29	84	MCF2	
Xq26.3(135,772,059-135,782,872)x3	11	89	ATP11C	
Xq26.3(136,638,059-136,667,227)x3	17	116		
Xq26.3(136,943,672-136,954,312)x3	23	108		
Xq27.1(138,203,181-138,219,973)x3	6	67		
Xq27.1(138,417,715-138,440,623)x4	10	68		
Xq27.1(138,474,069-138,479,776)x3	9	80		
Xq27.1(138,713,815-138,723,481)x3	22	98		
Xq27.1(138,825,857-138,834,570)x3	21	66	AFF2	

	Xq27.1(139,532,386-139,554,139)x3	2	52	AFF2
	Xq27.3(146,683,648-146,704,395)x3	19	64	IDS
	Xq27.3(147,042,337-147,044,621)x3	4	25	MAMLD1
	Xq28(147,159,097-147,177,872)x3	10	55	
	Xq28(147,317,018-147,321,242)x1	27	104	MTMR1
	Xq28(147,324,255-147,334,014)x3	31	88	MECP2
	Xq28(147,694,008-147,721,186)x3	31	100	CLIC2, TMLHE-AS1, H2AFB3, H2AFB1, H2AFB2, F8A1, F8A2, F8A3, MIR1184-2, MIR1184-3, MIR1184-1, TMLHE
	Xq28(147,780,719-147,812,020)x3	26	66	
	Xq28(148,566,841-148,598,188)x3	24	104	
	Xq28(149,535,671-149,561,402)x3	7	88	
	Xq28(149,695,265-149,719,011)x3	10	95	
	Xq28(149,863,137-149,870,035)x3	225	102	
	Xq28(153,334,715-153,344,890)x3			
	Xq28(154,555,852-154,780,420)x3			
<b>3 6</b>	1p13.3(111,378,881-111,393,284)x1	14	34	
	1q31.1(188,037,932-188,196,801)x1	159	136	
	1q44(248,753,332-248,795,277)x1	42	56	OR2T10, OR2T11
	2p22.3(35,932,261-35,997,473)x1	65	36	
	3q27.3(186,412,847-186,447,101)x1	34	68	KNG1
	4q13.2q13.3(70,487,176-70,522,226)x1	35	39	UGT2A2, UGT2A1
	6p25.3(294,375-376,671)x1	82	134	DUSP22
	7q31.1(111,132,611-111,496,054)x3	363	306	IMMP2L, DOCK4
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	8q22.1(95,398,025-95,424,814)x1	27	28	RAD54B
	11p11.12(50,367,480-50,404,002)x1	37	32	LOC646813
	11p15.4(5,790,625-5,812,365)x1	22	41	OR52N5, OR52N1
	14q32.33(106,227,153-106,763,647)x3	536	208	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	15q26.1(91,352,986-91,384,421)x1	31	52	BLM

	17q12(34,440,082-34,477,480)x4	37	60	
	17q21.31(44,190,670-44,292,742)x3	102	103	KANSL1, KANSL1-AS1
	Xp21.1(32,683,899-32,700,011)x1	16	65	DMD
	Xp21.1(32,741,513-32,743,392)x1	2	38	DMD
	Xp21.1(33,112,988-33,140,059)x1	27	135	DMD
	Xp21.1(35,804,034-35,885,834)x1	82	76	MAGEB16
	Xp21.3(28,808,554-28,818,865)x1	10	32	IL1RAPL1
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
	Xp22.11(22,188,532-22,190,848)x1	2	25	PHEX, PHEX-AS1
	Xp22.33(2,295,258-2,302,145)x1	7	32	DHRSX
	Xq22.2(103,261,558-103,305,297)x3	44	57	MIR1256, H2BFWT, H2BFM
	Xq26.2(132,434,060-132,440,801)x4	7	88	GPC4
	Xq26.3(134,718,783-134,748,909)x1	30	150	
	Xq28(148,640,403-148,656,417)x1	16	26	
	Xq28(148,876,306-149,028,332)x3	152	348	MAGEA8-AS1, MAGEA8
	Xq28(154,918,771-154,946,935)x0	28	33	
3 7	1p36.33(2,205,580-2,292,591)x1	87	88	SKI, MORN1, LOC100129534
	1q44(248,688,586-248,795,277)x1	107	60	OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11
	3q22.3(135,913,244-135,974,357)x1	61	59	MSL2, PCCB
	6p25.3(257,339-294,911)x1	38	85	DUSP22
	7p22.3(114,290-132,265)x1	18	30	
	9p24.1(8,011,812-8,235,033)x1	223	180	
	10q25.1(107,109,581-107,317,580)x3	208	148	
	11p15.4(5,786,007-5,809,230)x1	23	47	OR52N5, OR52N1
	12p11.22(28,089,201-28,097,584)x1	8	34	
	13q12.11(21,045,900-21,084,342)x1	38	46	CRYL1
	14q11.2(22,796,228-22,944,507)x1	148	200	
	14q32.33(106,258,639-106,717,343)x3	459	166	KIAA0125, ADAM6
	16p13.3(2,130,808-2,237,833)x1	107	48	TSC2, PKD1, MIR1225, MIR4516, MIR3180-5, RAB26, SNORD60, TRAF7, CASKIN1

20p12.3(5,786,264-5,836,816)x3	51	60	C20orf196
22q13.33(50,506,472-50,535,100)x1	29	32	MLC1, MOV10L1
22q13.33(51,168,366-51,171,538)x1	3	32	SHANK3
Xp22.33(168,546-565,358)x3	397	532	PLCXD1, GTPBP6, LINC00685, PPP2R3B
Xp22.33(565,815-1,625,473)x3	1	1,24	SHOX, CRLF2, CSF2RA, MIR3690, IL3RA, SLC25A6, ASMTL-AS1, ASMTL, P2RY8, P2RY8, AKAP17A, ASMT, DHRSX, ZBED1, CD99P1, LINC00102, CD99, XG, XGPY2, GYG2, ARSD, ARSE, ARSH, ARSF, CXorf28, MXRA5, PRKX, LOC389906, NLGN4X, MIR4770, VCX3A, HDHD1, MIR4767, STS, VCX, PNPLA4, MIR651, VCX2, VCX3B, KAL1, FAM9A, FAM9B, TBL1X, GPR143, SHROOM2, LOC100288814, WWC3, CLCN4, MID1, HCCS, ARHGAP6, AMELX, MSL3, FRMPD4, PRPS2, TLR7, TLR8-AS1, TLR8, TMSB4X, FAM9C, LOC100093698, ATXN3L, LOC100133123, EGFL6, TCEANC, RAB9A, TRAPP2, OFD1, GPM6B, GEMIN8, GLRA2, FANCB, MOSPD2, ASB9, ASB11, PIGA, FIGF, FIGF, PIR, BMX, ACE2, TMEM27, CA5BP1, CA5B, INE2, ZRSR2, AP1S2, GRPR, MAGEB17, CTPS2, S100G, SYAP1, TXLNG, RBBP7, REPS2, NHS, MIR4768, SCML1, RAI2, BEND2, SCML2, CDKL5, RS1, PPEF1, PHKA2-AS1, PHKA2, GPR64, PDHA1, MAP3K15, SH3KBP1, CXorf23, LOC729609, MAP7D2, MIR23C, EIF1AX, SCARNA9L, RPS6KA3, CNKSR2, KLHL34, SMPX, MBTPS2, YY2, SMS, PHEX, PHEX-AS1, LOC100873065, ZNF645, DDX53, PTCHD1, PRDX4, ACOT9, SAT1, APOO, CXorf58, KLHL15, EIF2S3, ZFX-AS1, ZFX, SUPT20HL2, SUPT20HL1, PDK3, PCYT1B, POLA1, SCARNA23, ARX, MAGEB18, MAGEB6, MAGEB5, VENTXP1, SMEK3P, DCAF8L2, MAGEB10, DCAF8L1, IL1RAPL1
Xp21.3(28,653,130-28,810,331)x3	157	490	IL1RAPL1
Xp21.3p21.2(28,817,775-29,341,336)x3	524	1,652	IL1RAPL1
Xp21.2(29,342,203-29,788,266)x3	446	1,136	IL1RAPL1, MAGEB2, MAGEB3, MAGEB4, MAGEB1
Xp21.2(29,794,711-30,322,476)x3	528	864	NR0B1
Xp21.2(30,322,476-30,327,257)x1	5	28	NR0B1, CXorf21, GK, TAB3, FTHL17, DMD
Xp21.2p21.1(30,327,392-31,927,171)x3	1,6	3,068	DMD
Xp21.1(31,936,033-32,544,255)x3	608	1,852	DMD
Xp21.1(32,547,454-32,772,247)x3	225	848	DMD
Xp21.1(32,773,218-32,930,673)x3	157	568	DMD, FAM47A, TMEM47, FAM47B, MAGEB16, CXorf22, CHDC2, CXorf30, FAM47C, FTH1P18, PRRG1, LANCL3, XK, CYBB, DYNLT3, CXorf27, SYTL5, SRPX, RPGR, OTC, TSPAN7, MID1IP1, LOC286442, BCOR, ATP6AP2
Xp21.1p11.4(32,930,791-40,461,158)x3	7,53	6,964	ATP6AP2, MPC1L, CXorf38, MED14, LOC100132831, USP9X, DDX3X, NYX, CASK, GPR34, GPR82, PPP1R2P9, MAOA, MAOB, NDP, EFHC2, FUNDC1, DUSP21, KDM6A, CXorf36, LOC392452, MIR221, MIR222, KRBOX4, ZNF674, ZNF674-AS1
Xp11.4p11.23(40,461,929-46,415,604)x3	5,954	5,164	CHST7, SLC9A7, RP2, CXorf31, PHF16, RGN, NDUFB11, RBM10, UBA1, INE1, CDK16, USP11, ZNF157, SNORA11C, ZNF41, ARAF, SYN1, TIMP1, MIR4769, CFP
Xp11.23(46,427,521-47,494,412)x3	1,067	1,5	ELK1, UXT, LOC100133957, CXXC1P1, ZNF81, ZNF182, SPACA5, SPACA5B, ZNF630, SSX6, SSX5, SSX1, SSX9, SSX3, SSX4B, SSX4, SLC38A5, FTSJ1, PORCN, EBP, TBC1D25, RBM3, WDR13, WAS, SUV39H1, GLOD5, GATA1, HDAC6, ERAS, PCSK1N, TIMM17B, PQBP1, SLC35A2, PIM2, OTUD5, KCND1,
Xp11.23p11.1(47,498,066-58,504,116)x3	11,006	10,736	

			GRIPAP1, TFE3, CCDC120, PRAF2, WDR45, GPKOW, MAGIX, PLP2, PRICKLE3, SYP, CACNA1F, CCDC22, FOXP3, PPP1R3F, GAGE10, GAGE12J, GAGE13, GAGE2E, GAGE8, GAGE2D, GAGE2A, GAGE2C, GAGE4, GAGE5, GAGE12I, GAGE7, GAGE12F, GAGE2B, GAGE12D, GAGE12G, GAGE12E, GAGE12C, GAGE12H, GAGE12B, GAGE6, GAGE1, PAGE1, PAGE4, USP27X-AS1, USP27X, CLCN5, MIR532, MIR188, MIR500A, MIR362, MIR501, MIR500B, MIR660, MIR502, AKAP4, CCNB3, DGKK, SHROOM4, BMP15, NUDT10, NUDT11, CENPVP1, CENPVP2, GSPT2, MAGED1, MAGED4B, MAGED4, SNORA11D, SNORA11E, XAGE2, XAGE1B, XAGE1E, XAGE1C, XAGE1D, XAGE1A, SSX8, SSX7, SSX2, SSX2B, SPANXN5, XAGE5, XAGE3, FAM156A, FAM156B, GPR173, TSPYL2, KDM5C, IQSEC2, SMC1A, RIBC1, HSD17B10, HUWE1, MIR98, MIRLET7F2, PHF8, FAM120C, WNK3, TSR2, FGDI1, GNL3L, ITIH6, MAGED2, SNORA11, TRO, PFKFB1, APEX2, ALAS2, PAGE2B, PAGE2, FAM104B, MTRNR2L10, PAGE5, PAGE3, MIR4536-1, MAGEH1, USP51, FOXR2, RRAGB, KLF8, UBQLN2, LOC550643, UQCRBP1, SPIN3, SPIN2B, SPIN2A, FAAH2, ZXDB, ZXDA
Xq11.1q11.2(61,882,086-63,387,293)x3	1,505	1,095	SPIN4, LOC92249, ARHGEF9, MIR1468
Xq11.2q13.1(63,387,896-70,384,249)x3	6,996	6,464	AMER1, ASB12, MTMR8, ZC4H2, ZC3H12B, LAS1L, FRMD8P1, MSN, MIR223, VSIG4, HEPH, EDA2R, AR, OPHN1, YIPF6, STARD8, EFNB1, PJA1, LINC00269, FAM155B, EDA, MIR676, AWAT2, OTUD6A, IGBP1, DGAT2L6, AWAT1, P2RY4, ARR3, RAB41, PDZD11, KIF4A, GDPD2, DLG3, TEX11, SLC7A3, SNX12, FOXO4, CXorf65, IL2RG, MED12, NLGN3
Xq13.1(70,384,331-70,766,001)x3	382	624	NLGN3, BCYRN1, GJB1, ZMYM3, NONO, ITGB1BP2, TAF1, INGX, OGT
Xq13.1q13.3(70,783,010-74,078,394)x3	3,295	2,872	BCYRN1, OGT, ACRC, CXCR3, LOC100132741, LINC00891, CXorf49B, CXorf49, NHSL2, RPS26P11, RGAG4, FLJ44635, PIN4, ERCC6L, RPS4X, CITED1, HDAC8, PHKA1, LINC00684, DMRTC1B, DMRTC1, FAM226A, FAM226B, PABPC1L2B, PABPC1L2A, NAP1L6, NAP1L2, CDX4, MAP2K4P1, CHIC1, TSIX, XIST, JPX, FTX, MIR421, MIR374B, MIR374C, MIR545, MIR374A, ZCCHC13, SLC16A2, RLIM, KIAA2022
Xq13.3(74,088,912-74,202,655)x3	114	152	KIAA2022
Xq13.3(74,223,948-74,697,115)x3	473	665	ABCB7, UPRT, ZDHHC15
Xq13.3(74,697,158-75,232,223)x3	535	346	ZDHHC15, TTC3P1, MAGEE2
Xq13.3q21.1(75,250,155-76,324,803)x3	1,075	1,16	PBDC1, MAGEE1, MIR384
Xq21.1(76,368,943-76,881,029)x3	512	452	FGF16, ATRX
Xq21.1(76,882,367-84,497,019)x3	7,615	5,567	ATRX, MAGT1, COX7B, ATP7A, PGAM4, PGK1, TAF9B, CYSLTR1, ZCCHC5, LPAR4, MIR4328, P2RY10, GPR174, ITM2A, TBX22, FAM46D, BRWD3, HMGN5, SH3BGRL, POU3F4, CYLC1, RPS6KA6, HDX, UBE2DNL, APOOL, SATL1
Xq21.1q21.31(84,512,504-91,213,731)x3	6,701	4,452	ZNF711, POF1B, CHM, DACH2, KLHL4, CPXCR1, TGIF2LX, PABPC5, PCDH11X
Xq21.31q21.33(91,232,099-96,848,280)x3	5,616	4,196	PCDH11X, NAP1L3, FAM133A, LOC643486, DIAPH2, RPA4
Xq21.33q22.3(96,849,998-107,828,877)x3	10,979	9,263	DIAPH2, XRCC6P5, PCDH19, TNMD, TSPAN6, SRPX2, SYTL4, CSTF2, NOX1, XKRX, ARL13A, TRMT2B, TMEM35, CENPI, DRP2, TAF7L, TIMM8A, BTK, RPL36A, RPL36A-HNRNPH2, GLA, HNRNPH2, ARMCX4, ARMCX1, ARMCX6, ARMCX3, ARMCX2, NXF5, ZMAT1, TCEAL2, TCEAL6, BEX5, TCP11X2, NXF2, NXF2B, TMSB15A, NXF4, ARMCX5, ARMCX5-GPRASP2, GPRASP1, GPRASP2, BHLHB9, LINC00630, RAB40AL, BEX1, NXF3, BEX4, TCEAL8, TCEAL5, BEX2, TCEAL7, WBP5, NGFRAP1, RAB40A, TCEAL4, TCEAL3, TCEAL1, MORF4L2, MORF4L2-AS1, GLRA4, TMEM31, PLP1, RAB9B, MIR1256, TMSB15B, H2BFXP, H2BFWT, H2BFWL, SLC25A53, ZCCHC18, LOC286437, FAM199X, ESX1, IL1RAPL2, TEX13A, NRK, SERPINA7, MUM1L1, CXorf57, RNF128, TBC1D8B, RIPPLY1, CLDN2, MORC4, RBM41, NUP62CL, PIH1D3, PRPS1, TSC22D3, MID2, TEX13B, VSIG1, PSMD10, ATG4A, COL4A6, COL4A5

Xq22.3q23(107,830,386-110,356,220)x3	2,526	2,548	COL4A5, IRS4, GUCY2F, NXT2, KCNE1L, ACSL4, TMEM164, MIR3978, AMMECR1, SNORD96B, RGAG1, TDGF1P3, CHRDL1, PAK3, CAPN6, DCX, RNU6-28P, LINC00890, ALG13, TRPC5, TRPC5OS, ZCCHC16, LHFPL1, AMOT, MIR4329, HTR2C, SNORA35, MIR764, MIR1912, MIR1264, MIR1298, MIR1911, MIR448, IL13RA2, LRCH2, RBMLX3, LUZP4, PLS3, AGTR2, SLC6A14, CXorf61, KLHL13, WDR44, MIR1277, DOCK11, IL13RA1, ZCCHC12, LONRF3, KIAA1210, PGRMC1, SLC25A43, SLC25A5-AS1, SLC25A5, CXorf56, UBE2A, NKRF, SEPT6, MIR766, SOWAHD, RPL39, SNORA69, UPF3B, RNF113A, NDUFA1, AKAP14, NKAP, RHOXF2B, RHOXF2, RHOXF1, NKAPP1, ZBTB33, TMEM255A
Xq23q24(110,356,591-119,470,610)x3	9,114	13,573	ATP1B4, LAMP2, CUL4B, MCTS1, C1GALT1C1
			GLUD2
			GRIA3, THOC2
Xq24(119,470,686-120,005,085)x3	534	2,129	
Xq24q25(120,122,389-122,162,038)x3	2,04	1,732	XIAP
Xq25(122,163,502-122,896,336)x3	733	2,528	XIAP, STAG2
Xq25(122,899,948-122,901,058)x0	1	26	SH2D1A, TENM1
Xq25(122,913,847-123,017,990)x3	104	240	TENM1, LOC100129520, DCAF12L2, DCAF12L1, CXorf64, ACTRT1
Xq25(123,018,470-123,445,694)x3	427	1,512	SMARCA1, OCRL, APLN, XPNPEP2, SASH3, ZDHHC9, UTP14A, BCORL1, ELF4, AIFM1, RAB33A, ZNF280C, SLC25A14, GPR119
Xq25(123,472,256-123,709,352)x3	237	1,008	RBMX2, FAM45B
Xq25(123,711,744-128,564,881)x3	4,853	3,968	ENO2, ARHGAP36, IGSF1, OR13H1, LOC286467, MST4, FRMD7, RAP2C, MBNL3, HS6ST2, HS6ST2-AS1, USP26, TFDP3, GPC4, GPC3, MIR363, MIR92A2, MIR19B2, MIR20B, MIR18B, MIR106A, CCDC160, PHF6, HPRT1, MIR450B, MIR450A1, MIR450A2, MIR542, MIR503HG, MIR503, MIR424, LINC00629, PLAC1
Xq25q26.1(128,566,324-129,534,651)x3	968	3,32	PLAC1, FAM122B, FAM122C, MOSPD1, SMIM10, FAM127C, FAM127A, FAM127B, LINC00087, LINC00633, CXorf48, ZNF75D, ZNF449, LINC00086, DDX26B, CT45A1, CT45A2, CT45A4, CT45A3, CT45A5, CT45A6, SAGE1, MMGT1, SLC9A6, FHL1, MAP7D3, GPR112, BRS3, HTATSF1, VGLL1, MIR934, LINC00892, CD40LG, ARHGEF6, RBMX, SNORD61, GPR101, ZIC3, LINC00889, FGF13, MIR504, FGF13-AS1, SRD5A1P1, F9, MCF2, ATP11C, MIR505, CXorf66, LOC389895
Xq26.1q26.3(129,692,773-133,736,617)x3	4,044	8580	SOX3, LINC00632, CDR1, MIR320D2, SPANXB2, SPANXB1, SPANXF1, LDOC1, SPANXC, SPANXA2-OT1, SPANXA2, SPANXA1, SPANXE, MAGEC3, MAGEC1, MAGEC2, SPANXN4, SPANXN3, SLITRK4, SPANXN2, UBE2NL, SPANXN1, SLITRK2, TMEM257, MIR890, MIR888, MIR892A, MIR892B, MIR891B, MIR891A, CXorf51A, CXorf51B, MIR506, MIR507, MIR508, MIR514B, MIR509-1, MIR509-2, MIR509-3, MIR510, MIR514A1, MIR514A2, MIR514A3, FMR1-AS1, FMR1, FMR1NB
Xq26.3q27.1(133,737,954-139,497,463)x3	5,76	15676	AFF2
Xq27.1q28(139,498,146-147,265,075)x3	7,767	9548	IDS, LINC00893, CXorf40A, MAGEA9, MAGEA9B, HSFX2, HSFX1, TMEM185A, MAGEA11, MAGEA9B, MAGEA9, MAGEA8-AS1, MAGEA8, CXorf40B, LINC00894, MIR2114, MAMLD1, MTM1, MTMR1, CD99L2, HMGB3, MIR4330, GPR50, VMA21, PASD1, PRRG3, FATE1, CNGA2, MAGEA4, GABRE, MIR452, MAGEA5, MAGEA10-MAGEA5, MAGEA10, GABRA3, MIR105-1, MIR767, MIR105-2, GABRQ, MAGEA6, CSAG3, CSAG2, MAGEA2, MAGEA2B, CSAG4, MAGEA12, CSAG1, MAGEA3, CETN2, NSDHL, ZNF185, PNMA5, PNMA3, PNMA6D, PNMA6C, PNMA6A, MAGEA1, ZNF275
Xq28(147,267,702-148,497,572)x3	1,23	5066	

	Xq28(148,498,219-148,855,992)x3	358	1180	ZNF275, ZFP92, TREX2, HAUS7
	Xq28(148,868,894-152,613,031)x3	3,744	6090	HAUS7, BGN, ATP2B3, FAM58A, DUSP9, PNCK, SLC6A8, BCAP31, ABCD1, PLXNB3, SRPK3, IDH3G, SSR4, PDZD4, L1CAM, AVPR2, ARHGAP4, NAA10, RENBP, HCFC1, TMEM187, MIR3202-1, MIR3202-2, IRAK1, MIR718, MECP2, OPN1LW, OPN1MW2, OPN1MW, TEX28, TKTL1
				FLNA, EMD, RPL10, SNORA70, DNASE1L1, TAZ
				SLC10A3, FAM3A, G6PD, IKBKG, FAM223B, FAM223A, CTAG1A, CTAG1B, CTAG2, GAB3, DKC1, SNORA36A, MIR644B, SNORA56, MPP1
	Xq28(152,614,032-152,735,082)x3	121	340	SMIM9, F8, H2AFB3, H2AFB1, F8A1, F8A2, F8A3, MIR1184-3, MIR1184-2, MIR1184-1, FUNDC2, CMC4, MTCP1, BRCC3, VBP1, RAB39B, CLIC2, TMLHE-AS1, H2AFB2, TMLHE, SPRY3, VAMP7, IL9R
	Xq28(152,752,161-153,576,558)x3	824	1812	
	Xq28(153,581,543-153,656,827)x3	75	260	PCDH11Y
	Xq28(153,717,678-154,032,583)x3	315	715	PCDH11Y
	Xq28(154,036,999-155,233,731)x3	1,197	1558	
	Yp11.2(3,689,585-4,089,239)x1	400	150	
	Yp11.2(4,359,372-4,881,878)x1	523	107	
	Yp11.2(5,428,860-5,796,657)x1	368	184	
	1p36.22(9,731,336-10,349,431)x3	618	632	PIK3CD, CLSTN1, CTNNBIP1, LZIC, NMNAT1, RBP7, UBE4B, KIF1B
	1q44(246,815,051-247,145,872)x3	331	372	CNST, SCCPDH, LOC149134, AHCTF1, ZNF695, ZNF670-ZNF695
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
	2q31.1(177,110,927-177,135,544)x1	25	36	MTX2
	5q35.3(180,378,753-180,416,782)x1	38	28	BTNL3
3	6p24.2(11,042,908-11,099,209)x1	56	39	ELOVL2, ELOVL2-AS1, SMIM13
8	6q27(168,333,307-168,583,118)x3	250	262	MLLT4, HGC6.3, KIF25, FRMD1
	7q21.2(91,359,446-91,373,476)x1	14	28	
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	9p24.1(5,024,427-5,041,187)x1	17	30	JAK2
	10q11.22(46,287,821-47,003,718)x1	716	60	FAM21C, AGAP4, PTPN20B, PTPN20A, BMS1P5, BMS1P1, GLUD1P7, FAM35BP, SYT15, GPRIN2
	10q11.22(47,059,391-47,081,698)x1	22	40	
	10p11.21(34,626,271-34,670,662)x1	44	42	PARD3

	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12p13.2(11,216,816-11,251,920)x1	35	42	PRH1-PRR4, TAS2R43
	12q24.12q24.13(112,181,076-112,313,688)x3	133	132	ACAD10, ALDH2, MAPKAPK5-AS1, MAPKAPK5
	14q32.33(106,246,785-106,736,698)x3	490	187	KIAA0125, ADAM6
	14q32.33(107,145,271-107,179,594)x3	34	72	
	16p13.11(14,927,327-15,058,347)x1	131	51	NOMO1, MIR3179-2, MIR3179-1, MIR3179-3, MIR3180-1, MIR3180-3, MIR3180-2, NPIPA1
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xq28(152,927,509-152,984,572)x3	57	60	PNCK, SLC6A8, BCAP31
	Xq28(153,167,259-153,189,112)x3	22	50	AVPR2, ARHGAP4
	Xq26.2(132,434,060-132,440,801)x4	7	88	GPC4
	Xq26.3(135,338,044-135,347,088)x3	9	52	MAP7D3
	Xq27.1(138,400,341-138,429,929)x3	30	108	
	Xq24(120,009,891-120,095,498)x1	86	36	CT47A11, CT47A10, CT47A12, CT47A2, CT47A9, CT47A8, CT47A4, CT47A3, CT47A5, CT47A1, CT47A6, CT47A7
	Xq23(110,356,320-110,356,732)x1	<0.5	28	PAK3
	Xp22.33(535,150-537,332)x1	2	32	
	Xp22.33(1,024,439-1,101,398)x1	77	58	
	Xp22.33(1,223,287-1,227,005)x1	4	36	
	Xp22.33(2,368,245-2,382,544)x3	14	81	DHRSX
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
3 9	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12q12(38,921,383-38,923,892)x1	3	31	
	12q23.1(99,795,759-99,798,721)x1	3	28	ANKS1B
	14q32.33(106,227,153-106,728,149)x3	501	188	KIAA0125, ADAM6
	14q31.1(82,199,137-82,234,120)x1	35	28	
	17q24.3(70,528,062-70,569,942)x1	42	27	LINC00673
	20q13.2(52,644,753-52,678,410)x1	34	64	BCAS1
	22q13.31(46,601,910-46,615,110)x1	13	27	PPARA
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6

	Xq27.1(139,059,289-139,066,440)x1	7	49	
	Xq24(120,009,891-120,090,575)x1	81	32	CT47A5, CT47A2, CT47A9, CT47A8, CT47A11, CT47A4, CT47A3, CT47A12, CT47A1, CT47A10, CT47A6, CT47A7
	Xq23(110,356,320-110,357,527)x1	1	32	PAK3
	Xp22.33(529,013-539,768)x3	11	68	
	Xp22.33(562,100-565,908)x1	4	28	
	Xp22.33(1,223,402-1,227,005)x1	4	28	
	Xp21.3(29,114,199-29,117,749)x1	4	28	IL1RAPL1
	Xp22.31(8,255,464-8,393,904)x3	138	208	
	Xq11.2q12(64,419,020-64,682,464)x1	263	91	
	Xq22.3(107,110,275-107,112,200)x1	2	26	MID2
	Xp21.1(32,742,109-32,743,344)x1	1	32	DMD
	1q21.1(143,950,572-144,081,222)x1	131	89	
	3q29(196,505,568-196,515,151)x1	10	40	PAK2
	3p11.1(89,387,087-89,420,218)x1	33	54	EPHA3
	3p21.31(46,793,028-46,849,166)x0	56	47	
	6p25.3(257,339-294,911)x1	38	85	DUSP22
	7p12.1(53,458,839-53,593,618)x1	135	72	
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	8q21.2(85,252,063-85,268,668)x1	17	32	RALYL
4 0	9p23(10,504,303-10,531,820)x1	28	58	PTPRD
	11p11.12(50,232,621-50,302,679)x3	70	52	LOC441601
	12p13.31(7,974,128-8,122,785)x3	149	100	SLC2A14, SLC2A3
	14q32.33(106,227,153-106,868,463)x3	641	232	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	16p13.11(14,927,408-15,053,870)x1	126	36	NOMO1, MIR3179-1, MIR3179-3, MIR3179-2, MIR3180-1, MIR3180-3, MIR3180-2, NPIPA1
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	17q21.31(44,187,491-44,292,676)x4	105	106	KANSL1, KANSL1-AS1
	19q13.42(54,718,955-54,752,217)x1	33	30	LILRB3, LILRA6
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
	Xq26.2(132,434,060-132,440,801)x4	7	88	GPC4

	Xq26.3(134,940,202-134,966,528)x4	26	76	CT45A5, CT45A6
	Xq27.1(139,059,823-139,066,420)x1	7	27	
	Xq24(120,009,891-120,090,575)x1	81	32	CT47A9, CT47A12, CT47A2, CT47A8, CT47A11, CT47A10, CT47A5, CT47A1, CT47A3, CT47A4, CT47A6, CT47A7
	Xq23(110,356,320-110,356,732)x1	<0.5	28	PAK3
	Xp22.31(6,630,120-6,634,175)x3	4	56	
	Xp22.33(1,460,237-1,506,309)x1	46	27	IL3RA, SLC25A6
	Xp22.33(1,599,034-1,600,439)x1	1	26	P2RY8
	Xp22.33(2,390,927-2,396,540)x1	6	44	DHRSX
<b>4 1</b>	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
	2p16.3(50,545,326-50,558,980)x1	14	28	NRXN1
	3p21.1(53,031,722-53,039,204)x1	7	40	SFMBT1
	3q25.2(152,845,050-152,872,111)x1	27	42	
	5p13.3(32,109,541-32,171,896)x3	62	64	PDZD2, GOLPH3
	6p21.33(31,283,852-31,318,164)x1	34	26	
	6q12(66,399,523-66,407,209)x1	8	28	EYS
	7q21.2(91,358,526-91,374,297)x1	16	51	
	7p11.2(55,515,870-55,524,853)x1	9	28	
	8p11.22(39,213,948-39,384,337)x1	170	88	ADAM5, ADAM3A
	10q23.32(93,957,545-93,980,451)x1	23	32	CPEB3
	11q11(55,374,018-55,452,996)x1	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12q23.1(99,795,759-99,798,721)x1	3	28	ANKS1B
	12p13.33(2,235,940-2,257,908)x1	22	88	CACNA1C
	14q32.33(106,227,153-106,728,149)x3	501	188	KIAA0125, ADAM6
	18p11.21(14,071,521-14,336,523)x1	265	104	ZNF519, ANKRD20A5P
	22q13.33(51,106,757-51,120,077)x1	13	34	SHANK3
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xp22.33(387,711-513,354)x4	126	78	
	Xp22.33(532,444-570,991)x3	39	155	
	Xp22.33(1,223,287-1,227,005)x1	4	36	

	Xp22.33(1,793,059-1,818,776)x3	26	52	
	Xp22.33(2,368,245-2,382,544)x3	14	81	DHRSX
	Xp22.31(6,621,973-6,634,382)x3	12	66	
	Xp22.31(6,696,273-6,698,671)x3	2	56	
	Xp21.1(32,742,108-32,743,194)x1	1	29	DMD
	Xp21.1(32,919,479-32,930,886)x1	11	47	DMD
	Xq28(147,317,018-147,325,589)x1	9	44	
	Xq28(152,840,385-152,874,964)x3	35	124	ATP2B3, FAM58A
	Xq28(152,927,509-152,984,572)x3	57	60	PNCK, SLC6A8, BCAP31
	Xq26.2(132,434,060-132,440,801)x4	7	88	GPC4
	Xq26.3(134,848,793-134,889,547)x1	41	56	CT45A1, CT45A2, CT45A4, CT45A3
	Xq26.3(135,338,044-135,347,088)x3	10	52	MAP7D3
	Xq26.3(136,773,560-136,786,539)x3	13	88	
	Xq26.3(136,943,776-136,951,803)x4	8	65	
	Xq26.1(129,375,241-129,376,465)x1	1	28	ZNF280C
	Xq27.1(138,401,165-138,440,623)x3	39	156	
	Xq27.1(139,059,782-139,066,420)x1	7	28	
	Xq24(118,552,621-118,569,156)x4	17	72	SLC25A43
	Xq24(118,724,025-118,729,515)x3	5	52	NKRF
	Xq25(123,282,108-123,297,390)x3	15	51	
	Xq23(110,356,320-110,356,732)x1	0,5	28	PAK3
	Xq23(115,133,388-115,156,164)x1	23	36	
	1q41(216,003,062-216,084,727)x1	82	156	USH2A
	1q31.2(191,825,840-191,876,168)x1	50	31	
	1p31.1(72,762,662-72,811,135)x1	48	26	
4 2	2p15(61,385,315-61,409,905)x1	25	35	C2orf74, AHSA2
	6q14.1(78,962,580-79,035,161)x1	73	25	
	7p22.3(154,720-158,615)x1	4	28	
	8q12.1(57,049,397-57,099,159)x3	50	104	PLAG1
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A

	10q11.22(47,069,676-48,174,779)x3	1105	139	NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33, ANXA8, ANXA8L1, FAM25C, FAM25B, FAM25G, AGAP9, BMS1P6, BMS1P2, FAM35DP, ANXA8L2, FAM21B, CTS1P2
	10p11.23(30,233,373-30,261,629)x1	28	25	
	11q11(55,402,800-55,452,996)x1	50	76	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.4(5,787,560-5,809,477)x1	22	48	OR52N5, OR52N1
	12q23.1(99,795,759-99,798,577)x1	3	26	ANKS1B
	13q21.1(57,758,275-57,776,590)x1	18	32	
	14q32.33(106,206,397-106,728,149)x3	522	192	KIAA0125, ADAM6
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	22q11.22(23,065,697-23,258,369)x3	193	92	MIR650, IGLL5
	Xp22.31(7,696,183-7,993,612)x3	297	534	VCX, PNPLA4
	Xq28(152,632,469-152,648,392)x1	16	28	
	Xq27.1(139,493,669-139,498,148)x1	4	48	
	Xq23(115,133,388-115,156,164)x1	23	36	
	Xq13.3(75,668,406-75,668,926)x1	1	32	
	Xp22.33(2,368,137-2,382,544)x1	14	83	DHRSX
	Xp22.31(6,455,151-6,607,435)x3	152	456	
	Xp22.31(6,611,311-6,859,952)x3	249	1408	
	Xp22.31(7,606,200-7,685,334)x3	79	56	
	Xp22.31(7,685,335-7,696,029)x1	11	44	
	Xp22.31(7,696,183-7,993,612)x3	297	534	VCX, PNPLA4
<b>4</b> <b>3</b>	2p22.3(35,932,261-36,000,447)x1	68	37	
	2q13(110,504,317-111,365,996)x3	862	117	RGPD6, RGPD5, LIMS3, LIMS3L, LIMS3-LOC440895, LOC440895, LOC100288570, LOC440894, MIR4267, MALL, MIR4436B1, MIR4436B2, NPHP1, LINC00116, LOC100507334, LOC151009
	2q33.1q33.2(203,295,762-203,313,469)x1	18	92	BMPR2
	3p21.31(46,801,803-46,849,576)x1	48	46	
	3p21.1(53,031,722-53,038,786)x1	7	32	SFMBT1
	3p11.1(89,394,609-89,416,203)x1	22	44	EPHA3
	3q21.2(125,708,696-125,721,738)x1	13	32	
	3q25.1(151,513,063-151,549,014)x1	36	28	MIR548H2, AADAC
	3q26.1(162,521,296-162,626,676)x4	42	52	NAALADL2

	4q27(121,277,391-121,420,789)x1	143	114	
	6q13(73,921,526-73,951,425)x1	30	42	KHDC1L, KHDC1
	10p13(14,983,690-15,066,222)x3	83	92	DCLRE1C, MEIG1
	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12q23.1(99,795,759-99,798,721)x1	3	28	ANKS1B
	13q21.1(57,758,275-57,776,590)x1	18	32	
	14q11.2(22,799,790-22,940,138)x1	140	168	
	14q32.33(106,206,397-106,952,842)x3	746	280	KIAA0125, ADAM6, LINC00226, LINC00221
	15q26.3(100,343,656-100,597,985)x3	254	288	DNM1P46, ADAMTS17
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
<b>4</b>	1p36.33(2,153,435-2,179,273)x3	26	56	SKI
	1p36.32(3,608,593-3,647,231)x3	39	109	TP73
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x0	12	28	LCE1D
	1q24.2(169,216,098-169,320,135)x1	104	112	NME7
	1q44(248,753,183-248,795,277)x1	42	58	OR2T10, OR2T11
	2q34(213,181,314-213,192,204)x1	11	36	ERBB4
	4q13.2(69,367,194-69,558,258)x1	191	70	UGT2B17, UGT2B15
	6p25.3(254,253-316,401)x1	62	100	DUSP22
	8p23.2(4,718,920-4,758,159)x1	39	48	CSMD1
	11p15.4(5,783,781-5,809,230)x0	25	49	OR52N5, OR52N1
	11q11(55,374,018-55,442,196)x3	68	78	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11q22.3(107,220,509-107,229,935)x1	9	27	CWF19L2
	12p13.33(2,252,689-2,258,092)x3	5	52	CACNA1C
	14q11.2(22,643,683-22,760,078)x1	116	212	
	14q32.33(106,223,586-106,777,210)x3	554	221	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	16p13.11(15,332,687-15,398,954)x1	66	56	
	17p13.3(2,494,365-2,529,942)x3	36	64	PAFAH1B1
	17q12(34,450,350-34,465,395)x1	15	32	
	17q21.31(44,187,491-44,288,442)x3	101	104	KANSL1, KANSL1-AS1
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5

	22q13.33(50,278,228-50,296,515)x1	18	56	ZBED4
	Xp22.33(1,038,828-1,042,198)x1	3	28	
	Xp22.33(2,368,258-2,382,544)x1	14	78	DHRSX
	Xp22.32(5,575,701-5,622,859)x1	47	34	
	Xp22.31(8,180,171-8,199,661)x1	19	55	
	Xq13.3(75,449,992-75,577,913)x1	128	52	
	Xq21.2(84,782,485-84,850,501)x1	68	34	
	Xq22.3(107,110,720-107,116,569)x1	6	36	MID2
	Xq24(118,839,591-118,860,096)x1	21	82	
	Xq24(118,878,829-118,889,061)x1	10	57	
	Xq24(118,909,091-118,914,953)x1	6	32	
	Xq24(119,028,442-119,057,524)x4	29	88	AKAP14
	Xq25(122,162,590-122,170,829)x1	8	26	
	Xq26.1(129,375,241-129,376,465)x1	1	28	ZNF280C
	Xq26.3(134,718,783-134,739,030)x1	20	72	
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq28(148,498,076-148,501,275)x1	3	60	
4 5	1p31.3(62,439,217-62,454,659)x1	15	38	INADL
	3q28(189,360,741-189,371,964)x1	11	36	TP63
	6p24.3(10,467,100-10,530,991)x1	64	60	GCNT2
	6p12.3(49,426,334-49,459,028)x3	33	60	MUT, CENPQ
	6q14.1(78,969,091-79,041,720)x1	73	26	
	7p14.1(38,294,982-38,387,020)x1	92	96	TARP, LOC100506776
	7q34(142,342,270-142,491,993)x1	150	120	MTRNR2L6, PRSS1, PRSS3P2, PRSS2
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	10q11.22(46,966,533-47,056,291)x3	90	100	SYT15, GPRIN2
	10q11.22(47,062,984-47,135,671)x3	73	100	NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33
	11q11(55,402,800-55,452,964)x1	50	75	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	13q21.1(57,758,275-57,778,238)x0	20	34	
	14q11.2(22,424,058-22,969,566)x1	546	776	

	14q32.33(106,206,397-106,762,112)x3	556	210	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	17q21.2(39,511,103-39,526,296)x1	15	36	KRT33B
	19p12(20,588,836-20,720,868)x1	132	89	ZNF826P, ZNF737
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	22q11.23(23,577,100-23,592,124)x0	15	50	BCR
	Xp22.33(1,793,059-1,818,776)x3	26	52	
	Xp22.31(7,685,335-7,695,559)x1	10	41	
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x0	12	28	LCE1D
	5p15.31(8,703,025-8,750,244)x1	47	48	
	5q15(97,043,560-97,125,988)x1	82	48	
	7q34(142,820,792-142,891,709)x1	71	85	PIP, TAS2R39
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
	8q13.3(72,210,734-72,216,588)x1	6	28	EYA1
	9q34.3(138,139,988-138,309,279)x3	169	92	C9orf62
	10q26.3(135,355,062-135,427,143)x3	72	89	SYCE1, SPRNP1
	11q11(55,374,018-55,452,996)x1	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
4	11q22.3(107,792,538-107,823,321)x1	31	28	RAB39A
6	12p13.31(7,975,693-8,142,583)x3	167	108	SLC2A14, SLC2A3
	12p11.21(31,265,150-31,407,111)x3	142	55	
	14q11.2(22,634,906-22,940,347)x1	305	475	
	14q32.33(106,206,397-106,777,210)x3	571	224	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	15q21.1(45,221,516-45,240,104)x1	19	28	
	16p13.12p13.11(14,667,424-14,892,915)x3	225	102	PARN, BFAR, PLA2G10, NPIPA2, NPIPA3
	17q21.31(44,190,670-44,784,639)x4	594	104	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	19q13.41(52,142,917-52,160,015)x1	17	28	SIGLEC14
	20q11.21(29,506,000-29,651,840)x4	146	55	FRG1B, MLLT10P1
	22q11.22(23,124,497-23,210,365)x3	86	80	MIR650
	22q13.33(51,106,757-51,115,526)x1	9	32	SHANK3
	Xp22.33 or Yp11.32(2,368,117-2,382,431 or 2	14	80	DHRSX

	Xp22.11(21,964,077-21,977,221)x0	13	76	SMS
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
	Xq27.1(139,919,015-139,920,238)x0	1	29	
	1q21.3(152,761,994-152,773,905)x1	12	25	LCE1D
	1q44(248,753,183-248,795,277)x1	42	58	OR2T10, OR2T11
	2p12(77,197,471-77,241,510)x3	44	84	LRRTM4
	4q13.2(69,435,888-69,485,827)x1	50	40	
	5q23.1(115,586,765-115,625,174)x0	38	54	COMMD10
	5q35.3(180,378,753-180,430,789)x1	52	36	BTNL3
	6p25.3(254,253-316,401)x1	62	100	DUSP22
	6q16.3(105,064,799-105,126,321)x1	62	36	
	7p14.1(42,145,287-42,154,166)x1	9	44	GLI3
	9q21.11(72,098,584-72,127,165)x3	29	72	APBA1
	10q25.2(114,348,465-114,377,940)x1	29	36	VTI1A
	11q11(55,402,800-55,452,996)x1	50	76	OR4P4, OR4S2, OR4C6
4 7	12p13.31p13.2(8,680,343-12,302,884)x1	3,623	3,934	CLEC4E, AICDA, MFAP5, RIMKLB, A2ML1, PHC1, M6PR, KLRG1, LINC00612, A2M-AS1, A2M, PZP, A2MP1, MIR1244-2, MIR1244-1, MIR1244-3, LOC100499405, LOC642846, DDX12P, KLRB1, LOC374443, CLEC2D, CLECL1, CD69, KLRF1, CLEC2B, KLRF2, CLEC2A, CLEC12A, CLEC1B, CLEC12B, CLEC9A, CLEC1A, CLEC7A, OLR1, TMEM52B, GABARAPL1, KLRD1, KLRK1, KLRC4-KLRK1, KLRC4, KLRC3, KLRC2, KLRC1, KLRAP1, MAGOHB, STYK1, YBX3, TAS2R7, TAS2R8, TAS2R9, TAS2R10, PRR4, PRH1-PRR4, PRH1, TAS2R13, PRH2, TAS2R14, TAS2R50, TAS2R20, TAS2R19, TAS2R31, TAS2R46, TAS2R43, TAS2R30, LOC100129361, TAS2R42, PRB3, PRB4, PRB1, PRB2, LOC338817, ETV6, RNU6-19P, BCL2L14, LRP6
	13q14.3q21.1(54,515,440-57,913,614)x1	3,398	2,388	MIR1297, MIR5007, PRR20B, PRR20A, PRR20E, PRR20D, PRR20C
	13q21.1q21.2(59,338,843-59,923,161)x1	584	484	
	13q21.2(60,149,238-60,290,663)x1	141	116	DIAPH3
	3q21.2q21.33(60,546,373-69,732,493)x1	9,186	8,728	DIAPH3, DIAPH3-AS1, DIAPH3-AS2, TDRD3, MIR3169, PCDH20, OR7E156P, PCDH9, PCDH9-AS2, PCDH9-AS3, LINC00550
	13q34(112,806,374-114,580,074)x1	1,774	1,458	SPACA7, TUBGCP3, C13orf35, ATP11A, MCF2L-AS1, MCF2L, F7, F10, PROZ, PCID2, CUL4A, LAMP1, GRTP1, ADPRHL1, DCUN1D2, TMCO3, TFDP1, ATP4B, GRK1, LINC00552, TMEM255B, GAS6-AS1, GAS6, LOC100506394
	14q32.33(106,207,017-106,777,331)x3	570	225	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	14q32.33(107,150,443-107,179,594)x4	29	64	
	16p12.3(20,512,752-20,533,136)x1	20	33	
	18q22.2(68,469,795-68,521,406)x1	52	26	

	21q22.3(45,107,096-47,067,181)x1	1,96	2	RRP1B, PDXK, CSTB, RRP1, LOC284837, AGPAT3, TRAPPC10, PWP2, C21orf33, ICOSLG, DNMT3L, AIRE, PFKL, C21orf2, TRPM2, LRRC3-AS1, LRRC3, TSPEAR, TSPEAR-AS1, C21orf90, KRTAP10-1, KRTAP10-2, KRTAP10-3, KRTAP10-4, KRTAP10-5, KRTAP10-6, KRTAP10-7, KRTAP10-8, KRTAP10-9, KRTAP10-10, KRTAP10-11, KRTAP12-4, KRTAP12-3, KRTAP12-2, KRTAP12-1, KRTAP10-12, UBE2G2, SUMO3, PTTG1IP, ITGB2, ITGB2-AS1, C21orf67, FAM207A, LINC00163, LINC00162, SSR4P1, ADARB1, POFUT2, LOC642852, COL18A1, COL18A1-AS2, COL18A1-AS1, SLC19A1
	22q11.22(23,065,697-23,258,369)x3	193	92	MIR650, IGLL5
	22q13.31(46,696,357-46,715,905)x1	20	27	GTSE1
	Xp22.33(817,312-826,135)x1	9	28	
	Xp21.2(29,318,639-29,347,245)x1	29	76	IL1RAPL1
	Xp21.1(32,742,190-32,743,344)x1	1	28	DMD
	Xq23(115,132,833-115,156,166)x3	23	50	
	Xq28(148,498,076-148,506,548)x1	8	68	
	Xq28(148,875,827-149,028,747)x3	153	352	MAGEA8-AS1, MAGEA8
	1p13.3(111,376,206-111,388,172)x0	12	35	
	2p22.3(35,932,261-35,997,473)x1	65	36	
	3p21.1(53,031,722-53,038,931)x1	7	36	SFMBT1
	3p11.1(89,394,609-89,416,203)x1	22	44	EPHA3
	3q21.2(125,708,696-125,721,738)x1	13	32	
	6p25.3(294,273-316,401)x1	22	28	DUSP22
	6q14.1(78,969,091-79,041,720)x1	73	26	
	7p22.3(154,720-158,615)x1	4	28	
4 8	8p23.2(4,718,920-4,752,779)x1	34	46	CSMD1
	9p24.1(8,011,812-8,235,033)x1	223	180	
	9p21.3(25,257,961-25,350,532)x1	93	62	
	10q11.22(47,062,984-47,142,216)x3	79	104	NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33
	11p11.12(49,710,848-49,746,642)x1	36	36	LOC440040
	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11q22.3(104,941,739-104,976,057)x3	34	56	CARD17
	12p13.33(2,252,689-2,258,092)x3	5	52	CACNA1C
	14q32.33(106,207,017-106,777,331)x3	570	225	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	17q12(33,676,493-33,769,794)x1	93	72	SLFN11, SLFN12, SLFN13

	17q12(34,456,491-34,475,531)x1	19	28	
	17q21.31(44,188,297-44,784,639)x3	596	107	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	19p13.3(1,171,487-1,334,800)x3	163	64	SBNO2, STK11, C19orf26, ATP5D, MIDN, CIRBP-AS1, CIRBP, C19orf24, EFNA2
	22q11.22(23,063,020-23,210,365)x3	147	92	MIR650
	22q13.33(51,106,757-51,107,080)x1	<0.5	25	
	Xp22.33 or Yp11.32(1,038,819-1,101,193 or 9	62	48	
	Xp22.33 or Yp11.32(2,376,091-2,378,681 or 2	3	25	DHRSX
	Xp21.1(32,987,854-32,991,906)x0	4	36	DMD
	Xp21.1(33,099,140-33,117,042)x0	18	52	DMD
	Xq21.31(87,920,276-87,967,159)x0	47	36	
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x3	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq28(148,251,249-148,256,357)x0	5	40	
<b>4 9</b>	1p36.33(1,616,989-1,672,591)x1	56	40	CDK11B, SLC35E2B, MMP23A, CDK11A, SLC35E2
	1q44(248,653,866-248,828,223)x1	174	81	OR2G6, OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11, OR2T35, OR2T27
	1q31.3(198,392,994-198,475,481)x1	28	74	
	3p21.31(46,802,231-46,849,576)x1	47	44	
	3q24(145,391,453-145,485,129)x3	94	58	
	4q13.2(69,366,692-69,541,894)x3	175	58	UGT2B17, UGT2B15
	10q26.13(124,341,415-124,356,641)x1	15	26	DMBT1
	13q21.1(57,758,275-57,778,367)x1	20	36	
	14q32.33(106,044,262-106,950,429)x3	906	300	ELK2AP, KIAA0125, ADAM6, LINC00226, LINC00221
	16q23.1(78,500,564-78,668,982)x1	168	284	WWOX
	17q12(34,437,481-34,477,480)x3	40	62	
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
	Xp22.33 or Yp11.32(566,009-629,997 or 516,0	63	76	SHOX
	Xp22.33 or Yp11.32(1,459,629-1,460,944 or 1	1	26	IL3RA
	Xp22.33 or Yp11.32(1,787,488-1,801,571 or 1	14	38	
	Xp22.33 or Yp11.32(2,449,888-2,469,329 or 2	20	73	
	Xp22.11(23,613,859-23,650,354)x0	36	40	
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1

	Xp22.31(6,008,155-6,039,649)x0	31	68	NLGN4X
	Xp22.31(7,680,713-7,696,029)x0	15	60	
	Xq11.2q12(64,581,293-64,682,464)x0	101	32	
	Xp11.4(40,461,558-40,475,171)x0	14	58	ATP6AP2
	Xp21.1(33,138,214-33,140,059)x0	2	40	DMD
	Xq21.2(84,799,835-84,856,355)x0	57	33	
	Xq27.1(138,829,026-138,829,805)x0	1	27	ATP11C
	Xq24(119,513,369-119,542,128)x0	29	59	ATP1B4
	Xq23(115,455,773-115,465,336)x0	10	36	
	Xq23(115,575,137-115,589,080)x0	14	64	SLC6A14
<b>5 0</b>	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
	3p11.1(89,394,609-89,419,367)x1	25	48	EPHA3
	3q28(189,363,665-189,371,964)x1	8	32	TP63
	4q13.2(69,435,888-69,541,963)x3	106	52	UGT2B15
	5q35.3(180,378,753-180,430,789)x1	52	36	BTNL3
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	8p23.2(3,997,049-4,003,949)x1	7	36	CSMD1
	9q21.11(72,091,254-72,120,265)x3	29	72	APBA1
	14q32.33(106,206,397-106,536,858)x3	330	152	KIAA0125, ADAM6
	16p11.2p11.1(34,460,182-34,755,816)x3	296	175	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	17q21.31(44,188,297-44,288,442)x3	100	103	KANSL1, KANSL1-AS1
	19q13.42(54,730,201-54,752,217)x1	22	25	LILRA6
	22q11.23q12.1(25,726,687-25,922,334)x1	196	70	LRP5L, CRYBB2P1
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
	Xq13.3(75,668,406-75,668,926)x1	1	32	
	Xp22.33(566,009-614,840)x1	49	64	SHOX
	Xp22.33(1,459,623-1,460,944)x1	1	28	IL3RA
	Xq28(152,372,767-152,559,823)x3	187	364	MAGEA1
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq27.1(139,493,373-139,497,990)x1	5	48	

	Xq24(119,028,442-119,057,524)x4	29	88	AKAP14 NBPF8, PPIAL4B, PPIAL4A, PPIAL4F, PPIAL4D, NBPF14, NBPF9
	1q21.2(147,933,972-148,514,899)x1	581	28	
	1p13.3(111,376,206-111,393,284)x1	17	36	
	2q34(213,181,314-213,192,145)x1	11	32	ERBB4
	3p21.31(46,793,071-46,860,083)x1	67	52	
	3q28(189,363,665-189,371,964)x1	8	32	TP63
	4q35.2(189,842,868-190,401,844)x3	559	592	
	8q21.2(85,252,063-85,268,668)x1	17	32	RALYL
	11q11(55,402,800-55,439,978)x1	37	52	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.1(18,941,196-18,961,339)x3	20	52	MRGPRX1
	11p15.4(5,788,078-5,809,230)x1	21	44	OR52N5, OR52N1
	12p13.31(8,006,978-8,124,048)x3	117	92	SLC2A14, SLC2A3
5	14q32.33(106,072,250-106,950,429)x3	878	296	ELK2AP, KIAA0125, ADAM6, LINC00226, LINC00221
1	15q25.3(86,341,281-86,349,781)x1	9	37	
	17q12(34,440,082-34,477,480)x3	37	60	
	19p13.12(15,779,310-15,820,326)x3	41	63	CYP4F12
	Xp22.31(6,609,401-6,610,916)x1	2	40	
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
	Xq13.3(75,668,406-75,669,124)x1	1	34	
	Xp22.33(1,793,059-1,801,365)x1	8	28	
	Xp22.33(2,571,730-2,575,173)x1	3	28	CD99P1
	Xp11.1(58,480,546-58,496,042)x1	15	32	
	Xq28(148,498,076-148,500,649)x1	3	48	
	Xq28(152,632,469-152,648,392)x1	16	28	
	Xq26.1(129,667,394-129,668,174)x1	1	25	
	Xq27.1(139,489,065-139,504,489)x1	15	88	
5	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
2	3q28(189,363,665-189,371,964)x1	8	32	TP63
	3q11.2(97,566,264-97,719,352)x3	153	128	CRYBG3, MINA, GABRR3

	6p22.1(29,864,508-29,899,737)x1	35	25	HCG4B
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	11q11(55,374,175-55,442,305)x1	69	76	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12p11.23(27,647,893-27,659,531)x1	12	25	SMCO2
	12q23.1(99,795,759-99,798,577)x1	3	26	ANKS1B
	13q14.2(48,984,342-48,996,201)x1	12	35	RB1, LPAR6
	14q32.33(106,206,397-107,081,253)x3	875	368	KIAA0125, ADAM6, LINC00226, LINC00221
	17q21.31(44,213,636-44,784,639)x3	571	70	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	22q11.22(23,146,338-23,258,369)x3	112	76	MIR650, IGLL5
	Xp22.33 or Yp11.32(390,150-480,432 or 340,1	90	56	
	Xp22.33 or Yp11.32(2,376,091-2,382,544 or 2	6	44	DHRSX
	Xp22.33 or Yp11.32(2,449,888-2,469,328 or 2	19	72	
	Xq26.1(129,017,908-129,044,019)x0	26	60	UTP14A
<b>5 3</b>	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
	2p25.3(3,284,051-3,728,749)x3	445	384	TSSC1, TRAPPC12, ADI1, RNASEH1, LOC100506054, RPS7, COLEC11, ALLC
	6p25.3(254,282-294,826)x1	41	87	DUSP22
	7q21.3(96,275,236-96,452,374)x3	177	331	LOC100506136, SHFM1
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	11p15.1(18,941,196-18,961,600)x3	20	56	MRGPRX1
	11p15.4(5,783,909-5,809,230)x0	25	48	OR52N5, OR52N1
	14q32.33(106,258,115-106,717,343)x3	459	168	KIAA0125, ADAM6
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq27.1(139,059,289-139,060,224)x0	1	26	
	Xq27.1(139,804,197-139,808,475)x1	4	40	
	Xq25(121,943,450-121,948,406)x1	5	28	
	Xq25(122,899,948-122,913,868)x0	14	28	
<b>5 4</b>	1q21.3(152,761,941-152,773,905)x1	12	26	LCE1D
	6p21.33(31,384,079-31,480,958)x1	97	111	HCP5, HCG26, MICB
	6q27(168,333,307-168,583,576)x3	250	264	MLLT4, HGC6.3, KIF25, FRMD1
	6q12(67,004,972-67,051,189)x1	46	32	

	7p21.3(8,824,452-8,865,997)x1	42	39	
	8p11.22(39,247,097-39,352,609)x1	106	52	ADAM5, ADAM3A
	10q11.22(46,966,533-47,600,476)x3	634	244	SYT15, GPRIN2, NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33, ANXA8, ANXA8L1, FAM25B, FAM25G, FAM25C, AGAP9, BMS1P2, BMS1P6, FAM35DP
	11p11.12(49,712,408-49,746,642)x1	34	35	LOC440040
	11p15.1(18,941,196-18,961,339)x3	20	52	MRGPRX1
	11p15.4(5,783,909-5,809,230)x0	25	48	OR52N5, OR52N1
	14q32.33(106,270,855-106,746,855)x3	476	163	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	17p13.3p13.2(3,069,286-3,698,838)x1	630	783	OR1A2, OR1A1, OR1D4, OR3A2, OR3A1, OR3A4P, OR1E1, OR3A3, OR1E2, SPATA22, ASPA, TRPV3, TRPV1, SHPK, CTNS, TAX1BP3, P2RX5-TAX1BP3, EMC6, P2RX5, ITGAE, GSG2
	Xq13.3(75,668,401-75,668,926)x1	1	33	
	Xp22.33(1,459,623-1,460,944)x0	1	28	IL3RA
	Xq28(152,632,469-152,648,392)x1	16	28	
	Xq26.1(129,375,241-129,376,465)x1	1	28	ZNF280C
	Xq27.1(139,493,669-139,504,489)x1	11	74	
	Yp11.2(5,591,773-5,796,657)x1	205	78	PCDH11Y
<b>5</b>	1q44(248,753,332-248,795,277)x1	42	56	OR2T10, OR2T11
	2q31.1(176,952,319-177,057,639)x3	105	115	HOXD13, HOXD12, HOXD11, HOXD10, HOXD9, HOXD8, HOXD-AS2, MIR10B, HOXD4, HOXD3, HOXD-AS1, HOXD1
	5q15(96,773,893-97,269,534)x1	496	296	
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	11p15.4(5,789,587-5,809,477)x1	20	46	OR52N5, OR52N1
	12p11.21(31,265,043-31,411,051)x3	146	59	
	13q21.1(57,713,219-57,778,367)x3	65	52	PRR20B, PRR20D, PRR20C, PRR20E, PRR20A
	14q32.33(106,227,153-106,952,842)x3	726	276	KIAA0125, ADAM6, LINC00226, LINC00221
	14q21.1(42,897,969-42,995,538)x1	98	66	
	16p12.3(20,475,014-20,488,107)x1	13	30	ACSM2A
	17q12(34,437,481-34,823,294)x3	386	66	TBC1D3B, CCL3L3, CCL3L1, CCL4L1, CCL4L2, TBC1D3C, TBC1D3H, TBC1D3G
	17q21.31(44,191,389-44,288,442)x3	97	97	KANSL1, KANSL1-AS1
	19p12(20,596,105-20,720,705)x1	125	86	ZNF826P
	20p13(2,585,769-2,640,696)x3	55	76	TMC2, NOP56, MIR1292, SNORD110, SNORA51, SNORD86, SNORD56, SNORD57, IDH3B

	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xp21.2(29,319,579-29,342,203)x1	23	68	IL1RAPL1
	Xp22.33(356,281-377,908)x1	22	28	
	Xp22.33(2,368,137-2,382,544)x1	14	83	DHRSX
	Xp11.1q11.1(58,504,082-61,882,314)x1	3.378	36	
	Xq28(147,313,168-147,328,155)x3	14	55	
	Xq26.3(134,848,793-134,891,198)x3	42	64	CT45A1, CT45A2, CT45A4, CT45A3
	Xq26.3(134,928,992-134,965,953)x3	37	100	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq26.3(136,638,059-136,667,227)x3	29	84	ZIC3
	1p21.1(106,019,095-106,086,980)x3	68	62	
	2p22.3(34,226,527-34,313,413)x1	87	56	
	4q13.2(69,435,888-69,484,096)x1	48	38	
	4p15.31(20,555,666-20,563,929)x1	8	36	SLIT2
	11p15.1(18,941,196-18,961,975)x3	21	60	MRGPRX1
	12p13.31(8,004,411-8,124,048)x1	120	96	SLC2A14, SLC2A3
5	14q32.33(106,270,453-106,728,149)x3	458	156	KIAA0125, ADAM6
6	16p13.3(5,446,977-5,510,566)x1	64	50	
	17q21.31(44,188,378-44,784,639)x3	596	106	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	22q12.2(31,101,645-31,126,178)x1	25	26	OSBP2
	Xp21.1(33,136,084-34,096,997)x3	961	1093	DMD
	Xp22.33(2,368,117-2,376,215)x1	8	48	DHRSX
	Xp22.33(2,390,927-2,395,532)x1	5	40	DHRSX
	Xq28(147,943,805-147,948,968)x1	5	40	AFF2
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
	2q11.2(97,900,817-98,162,176)x1	261	32	ANKRD36, LOC100506076, LOC100506123, ANKRD36B
5	6p25.3(254,253-315,197)x1	61	98	DUSP22
7	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	9p24.1(7,732,195-7,772,912)x1	41	48	
	11q11(55,402,800-55,442,305)x1	20	56	OR4P4, OR4S2, OR4C6

	12p13.2(11,219,929-11,256,413)x1	36	39	PRH1-PRR4, TAS2R43
	13q21.1(57,758,275-57,776,590)x1	18	32	
	14q32.33(106,072,250-106,952,842)x3	881	300	ELK2AP, KIAA0125, ADAM6, LINC00226, LINC00221
	17q21.31(44,187,491-44,292,742)x4	105	107	KANSL1, KANSL1-AS1
	19p13.2(6,951,982-7,022,142)x1	70	76	EMR4P, FLJ25758
	Xp22.12(20,035,125-20,080,248)x1	45	48	MAP7D2, MIR23C
	Xp22.33(532,444-565,908)x3	33	136	
	Xp22.33(2,372,667-2,376,636)x1	4	28	DHRSX
	Xq28(147,313,168-147,325,589)x3	12	52	
	Xq28(153,419,008-153,437,615)x1	19	36	OPN1LW
	1p36.33(2,194,635-2,292,591)x1	97.956	92	SKI, MORN1, LOC100129534
	1q44(248,674,598-248,795,277)x1	120.679	72	OR2G6, OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11
	1q21.3(152,761,925-152,773,905)x0	12	27	LCE1D
	2p16.3(50,545,590-50,558,980)x1	13	26	NRXN1
	4p16.3(830,272-852,484)x1	22.212	32	GAK
	4p16.3(947,401-971,072)x1	23.671	35	TMEM175, DGKQ
	5q35.3(180,414,280-180,478,331)x3	64.051	66	BTNL3, BTNL9
	5p15.33(1,519,149-1,559,341)x1	40.192	26	LPCAT1
	6p25.3(264,755-294,826)x1	30.071	72	DUSP22
5 8	7p22.3(120,260-130,225)x1	9.965	25	
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	139.855	76	ADAM5, ADAM3A
	9q31.1(107,363,819-107,376,941)x1	13.122	60	OR13C2
	9q34.3(139,102,773-139,121,244)x1	18.471	32	QSOX2
	9q21.11(72,098,584-72,116,806)x1	18.222	64	APBA1
	9p24.1(5,037,440-5,047,330)x1	10	28	JAK2
	10q26.3(135,357,401-135,427,143)x3	69.742	81	SYCE1, SPRNP1
	11p15.1(21,188,654-21,212,079)x1	23.425	50	NELL1
	11p15.5(1,251,324-1,304,641)x1	53.317	37	MUC5B, TOLLIP
	12q23.1(99,795,759-99,798,721)x1	2.962	28	ANKS1B
	14q32.33(106,246,785-106,728,149)x3	481.364	184	KIAA0125, ADAM6

---

14q21.2(45,809,195-46,015,713)x1	206.518	140	
14q11.2(22,930,978-22,941,347)x1	10.369	47	
16p13.3(914,542-1,007,394)x1	92.852	122	LMF1
16p13.3(2,124,776-2,237,833)x1	113.057	56	TSC2, PKD1, MIR1225, MIR4516, MIR3180-5, RAB26, SNORD60, TRAF7, CASKIN1
16p12.3(20,512,752-20,532,913)x1	20.161	32	
17q25.3(79,164,847-79,239,746)x1	74.899	44	AZI1, ENTHD2, C17orf89, SLC38A10
17q25.3(80,825,541-80,852,875)x1	27.334	28	TBCD
17q21.31(44,212,823-44,784,639)x3	571.816	72	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
18q23(77,301,709-77,348,219)x1	47	28	
18q23(77,467,190-77,478,394)x1	11.204	36	CTDP1
19p12(20,596,192-20,716,376)x1	120.184	84	ZNF826P
19q13.2(41,360,129-41,391,762)x1	31.633	41	CYP2A7
19p13.3(1,383,245-1,441,971)x1	58.726	55	NDUFS7, GAMT, DAZAP1, RPS15
19p13.3(2,891,099-3,126,855)x1	235.756	52	ZNF57, ZNF77, TLE6, TLE2, AES, GNA11
20q13.33(62,187,220-62,230,974)x1	43.754	32	C20orf195, HELZ2, GMEB2
21q22.3(45,731,469-45,745,293)x1	13.824	28	PFKL
22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	133.872	84	MIR650, IGLL5
22q11.23(23,577,100-23,592,011)x1	14.911	48	BCR
22q13.33(50,178,227-50,194,551)x1	16.324	25	BRD1
22q13.33(51,168,366-51,171,538)x1	3.172	32	SHANK3
22q13.1(40,040,655-40,055,721)x1	15.066	32	CACNA1I
Xp22.31(6,008,155-6,039,649)x1	31.494	68	NLGN4X
Xq21.33(96,775,578-97,057,548)x3	281.97	260	DIAPH2
Xq13.3(75,668,406-75,668,926)x1	1	32	
Xp21.2(29,319,579-29,342,203)x1	22.624	68	IL1RAPL1
Xp21.2(30,326,556-30,327,257)x1	1	25	NR0B1
Xp22.33(614,934-644,440)x3	29.506	56	SHOX
Xp22.33(986,336-995,033)x1	8.697	29	
Xp22.33(2,368,117-2,382,544)x3	14.427	84	DHRSX
Xq28(148,498,076-148,500,312)x1	2.236	40	

---

	Xq23(110,356,320-110,356,732)x1	0	28	PAK3
	Xq23(115,318,506-115,319,270)x1	1	26	
	1q44(248,674,598-248,795,277)x1	121	72	OR2G6, OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11
	1q31.3(196,827,841-196,877,037)x1	49	60	CFHR4
	2p16.3(50,545,326-50,558,980)x1	14	28	NRXN1
	2q22.2(143,741,169-144,051,898)x3	311	265	KYNU, ARHGAP15
	2q34(213,186,164-213,192,145)x1	6	30	ERBB4
	3p21.31(46,802,391-46,848,691)x1	46	39	
	3p21.1(53,031,722-53,039,204)x1	7	40	SFMBT1
	6p25.3(254,282-381,137)x1	127	227	DUSP22
	7q34(142,474,503-142,485,841)x1	11	28	PRSS3P2, PRSS2
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
	8q21.3(92,113,371-92,185,735)x1	72	76	LRRC69
	9p24.3(254,608-265,377)x1	11	45	DOCK8
	11p15.4(5,783,909-5,809,230)x1	25	48	OR52N5, OR52N1
5 9	12p12.3(19,467,158-19,567,874)x3	101	83	PLEKHA5
	14q32.33(106,072,250-106,227,154)x1	155	25	ELK2AP
	14q32.33(106,232,259-106,717,343)x3	485	179	KIAA0125, ADAM6
	14q11.2(22,676,928-22,688,302)x1	11	48	
	14q11.2(22,732,747-22,940,386)x1	208	288	
	16p13.11(14,927,408-15,053,870)x1	126	36	NOMO1, MIR3179-2, MIR3179-3, MIR3179-1, MIR3180-3, MIR3180-1, MIR3180-2, NPIPA1
	16p11.2(32,937,322-33,742,056)x1	805	25	TP53TG3C, TP53TG3B, TP53TG3, LOC390705, RNU6-76P
	17q21.31(44,212,823-44,784,639)x3	572	72	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	19q13.2(41,360,129-41,392,641)x1	33	44	CYP2A7
	20q11.21(29,436,788-29,578,144)x1	141	52	
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xq28(147,317,018-147,325,589)x1	9	44	
	Xq28(148,251,706-148,256,357)x1	5	36	
	Xq28(148,498,076-148,506,548)x1	8	68	
	Xq26.3(134,718,783-134,739,030)x1	20	72	

	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq24(120,009,890-120,090,575)x1	81	33	CT47A5, CT47A4, CT47A9, CT47A1, CT47A3, CT47A11, CT47A10, CT47A8, CT47A2, CT47A12, CT47A6, CT47A7
	Xq23(110,356,320-110,356,735)x1	0,5	29	PAK3
	Xp22.33(387,711-480,910)x3	93	62	
	Xp22.33(2,370,777-2,376,636)x1	6	32	DHRSX
<b>6 0</b>	3p21.31(46,802,231-46,848,691)x1	46	40	
	3q22.3(135,913,244-135,974,401)x1	61	60	MSL2, PCCB
	5q21.1(100,436,959-100,487,044)x1	50	26	PCDHA1, PCDHA2, PCDHA3, PCDHA4, PCDHA5, PCDHA6, PCDHA7, PCDHA8, PCDHA9, PCDHA10, PCDHA11
	5q31.3(140,218,725-140,254,105)x0	35	25	
	6p25.3(290,437-294,826)x1	4	28	DUSP22
	7p11.1q11.21(58,020,303-62,619,805)x3	4.600	78	
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
	13q21.1(56,179,479-56,324,143)x3	145	104	
	13q21.33(69,513,363-69,590,987)x1	78	99	
	14q32.33(106,258,855-106,777,331)x3	518	206	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
<b>6 1</b>	19q13.42(53,928,750-54,005,308)x1	77	104	TPM3P9, ZNF761, ZNF813
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
	Xq28(154,918,771-154,947,029)x0	28	35	
	Xq24(120,009,891-120,095,460)x1	86	35	CT47A5, CT47A4, CT47A9, CT47A1, CT47A3, CT47A11, CT47A10, CT47A8, CT47A2, CT47A12, CT47A6, CT47A7
	Xq23(110,356,320-110,357,527)x1	1	32	PAK3
	Xq13.3(75,668,406-75,668,926)x1	25	50	
	Xp22.33(1,793,380-1,818,776)x3	1	32	
	1p31.1(72,771,353-72,812,440)x1	41	26	
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
	2p22.3(35,932,261-35,997,473)x1	65	36	
<b>6 1</b>	3q29(195,460,464-195,973,026)x3	512.562	372	MUC20, MUC4, TNK2, SDHAP1, TFRC, LINC00885, ZDHHC19, SLC51A, PCYT1A
	3p11.1(89,394,609-89,420,218)x1	26	52	EPHA3
	4q24(104,199,891-104,244,735)x1	45	28	
	4p15.33(11,484,234-11,520,672)x1	36	52	

5p13.3(32,102,838-32,171,896)x3	69.058	66	PDZD2, GOLPH3
5q35.3(180,378,753-180,416,782)x1	38	28	BTNL3
6p25.3(254,282-294,826)x1	41	87	DUSP22
6p22.1(29,841,020-29,921,739)x1	81	32	HLA-H, HCG4B, HLA-A
8q22.1(95,396,444-95,422,291)x1	26	28	RAD54B
9q21.11(72,107,672-72,120,264)x3	12.592	57	APBA1
10p11.21(34,626,271-34,670,662)x1	44	42	PARD3
11p15.1(18,941,196-18,962,003)x1	21	61	MRGPRX1
13q31.1(84,101,177-84,155,985)x1	55	53	
14q32.33(106,329,183-106,728,149)x4	398.966	72	KIAA0125, ADAM6
16p11.2(32,538,292-32,872,263)x1	334	26	TP53TG3B, TP53TG3, TP53TG3C
17q21.31(44,187,491-44,784,639)x3	597.148	108	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
20q13.31(55,830,150-55,930,261)x1	100	66	BMP7, MIR4325, SPO11, MIR5095, RAE1
22q11.22(23,146,338-23,258,369)x3	112.031	76	MIR650, IGLL5
Xq28(148,498,076-148,501,355)x1	3	64	
Xq26.3(134,718,783-134,739,030)x1	20	72	
Xq26.3(134,928,992-134,947,817)x4	18.825	50	CT45A4, CT45A5
Xq24(120,009,891-120,090,575)x1	81	32	CT47A3, CT47A2, CT47A8, CT47A10, CT47A12, CT47A1, CT47A11, CT47A4, CT47A9, CT47A5, CT47A6, CT47A7
Xq23(110,356,320-110,356,732)x1	0,5	28	PAK3
Xp22.33(534,997-539,768)x3	4.771	56	
Xp22.33(614,934-644,440)x3	29.506	56	SHOX
Xp22.33(1,024,439-1,101,193)x1	77	56	
Xp22.33(1,793,059-1,818,776)x3	25.717	52	
3p11.1(89,394,609-89,419,367)x1	25	48	EPHA3
3q28(189,363,665-189,371,964)x1	8	32	TP63
5q15(97,043,560-97,093,707)x1	50	32	
6p22.1p21.33(30,392,203-30,434,901)x1	43	28	
7q34(142,820,792-142,891,708)x1	71	84	PIP, TAS2R39
11q25(134,824,873-134,881,293)x3	56	56	

	11q11(55,413,651-55,452,996)x1	39	60	OR4S2, OR4C6
	11q14.3(90,725,339-90,798,418)x1	73	52	
	12p12.2(21,017,196-21,037,783)x1	21	26	SLCO1B3
	12q23.1(99,791,778-99,803,227)x1	11	38	ANKS1B
	14q32.33(106,246,288-106,728,149)x3	482	186	KIAA0125, ADAM6
	14q11.2(22,566,185-22,606,165)x1	40	65	
	14q11.2(22,747,482-22,940,386)x1	193	260	
	15q24.3(76,891,727-76,906,427)x1	15	28	SCAPER
	16p13.3(2,130,808-2,237,833)x1	107	48	TSC2, PKD1, MIR1225, MIR4516, MIR3180-5, RAB26, SNORD60, TRAF7, CASKIN1
	16p11.2p11.1(34,466,678-34,755,816)x3	289	173	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	17q21.31(44,212,823-44,784,639)x3	572	72	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	18q23(77,969,284-78,014,123)x3	45	56	PARD6G
	22q13.33(51,104,037-51,107,076)x1	3	40	
	22q11.22(23,146,162-23,258,369)x3	112	78	MIR650, IGLL5
	Xq28(154,918,771-154,946,932)x1	28	32	
	Xq26.3(136,951,458-136,957,008)x3	6	55	
	Xq26.1(128,825,721-128,826,510)x1	1	25	
	Xq24(120,009,891-120,095,460)x1	86	35	CT47A3, CT47A2, CT47A8, CT47A10, CT47A12, CT47A1, CT47A11, CT47A4, CT47A9, CT47A5, CT47A6, CT47A7
	Xq23(110,356,320-110,357,527)x1	1	32	PAK3
	Xp22.33(1,024,439-1,101,193)x1	77	56	
	Xp22.33(1,850,605-1,867,084)x1	16	40	
<b>6 3</b>	1p13.3(111,376,206-111,393,284)x1	17	36	
	2p16.3(50,545,326-50,558,980)x1	14	28	NRXN1
	3q21.2(125,712,256-125,721,738)x1	9	30	
	3p11.1(89,394,609-89,420,218)x1	26	52	EPHA3
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	12p11.23(27,647,893-27,659,531)x1	12	25	SMCO2
	14q32.33(106,246,288-106,849,677)x3	603	222	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	14q21.2(44,501,799-44,532,098)x1	30	28	

	16p13.11(15,050,134-15,054,346)x1	4	29	
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	22q11.22(22,899,276-23,258,369)x3	359	160	PRAME, LOC648691, POM121L1P, GGTLIC2, MIR650, IGLL5
	Xq28(149,866,798-149,870,035)x3	3	52	MTMR1
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq24(120,005,084-120,095,460)x1	90	39	CT47B1, CT47A3, CT47A2, CT47A8, CT47A10, CT47A12, CT47A1, CT47A11, CT47A4, CT47A9, CT47A5, CT47A6, CT47A7
	Xq23(114,864,717-114,874,987)x1	10	32	PLS3
	Xq13.3(75,668,406-75,668,926)x1	1	32	
	Xp22.33(1,459,623-1,523,407)x1	64	60	IL3RA, SLC25A6, ASMTL-AS1, ASMTL
<b>6 4</b>	1q24.2(167,675,707-167,705,358)x1	30	28	MPZL1
	2p24.1(21,429,748-21,717,323)x1	288	204	
	3q26.32(175,874,224-175,935,786)x1	62	32	
	3q22.3(135,913,244-135,974,357)x1	61	59	MSL2, PCCB
	4q13.2(69,435,966-69,485,827)x1	50	38	
	6p25.3(280,386-302,184)x1	22	38	DUSP22
	6p21.33(31,295,368-31,343,635)x1	48	72	HLA-B
	6q21(109,655,538-109,686,545)x1	31	42	
	6q12(66,399,523-66,407,197)x1	8	26	EYS
	10q22.3(81,446,577-81,464,341)x1	18	28	BEND3P3, NUTM2B
	11q11(55,312,896-55,431,051)x1	118	128	OR4C15, OR4C16, OR4C11, OR4P4, OR4S2
	11p15.4(5,788,078-5,809,230)x1	21	44	OR52N5, OR52N1
	11p15.4(7,813,026-7,837,358)x1	24	26	OR5P2
	12p13.33(2,252,689-2,260,012)x3	7	60	CACNA1C
	14q32.33(106,227,153-106,717,343)x3	490	180	KIAA0125, ADAM6
	14q11.2(22,799,790-22,940,138)x1	140	168	
	16p11.2p11.1(34,466,474-34,755,816)x3	289	174	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
	Xp22.33(1,024,439-1,101,193)x1	77	56	
	Xq21.32(91,903,183-91,983,289)x1	80	32	

	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
	Xp21.1(32,690,875-32,700,287)x1	9	59	DMD
	Xq26.2(132,434,060-132,440,801)x4	7	88	GPC4
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq24(120,009,891-120,090,575)x1	81	32	CT47A8, CT47A2, CT47A9, CT47A10, CT47A11, CT47A4, CT47A12, CT47A3, CT47A5, CT47A1, CT47A6, CT47A7
	Xq23(110,356,320-110,356,593)x1	0,5	26	PAK3
<b>6</b> <b>5</b>	1q21.3(152,761,994-152,773,905)x1	12	25	LCE1D
	2p16.3(50,545,326-50,558,980)x1	14	28	NRXN1
	3p21.31(47,480,356-47,547,935)x1	68	27	SCAP, ELP6
	6p22.1(29,864,577-29,936,041)x1	71	32	HCG4B, HLA-A
	8p22(18,851,747-18,866,227)x1	14	32	PSD3
	9p24.3(592,076-608,646)x1	17	56	KANK1
	11p11.12(49,710,691-49,746,642)x1	36	38	LOC440040
	13q33.2(106,223,312-106,307,516)x1	84	58	
	14q32.33(106,246,785-106,709,974)x3	463	168	KIAA0125, ADAM6
	16p13.11(14,927,408-15,053,870)x1	126	36	NOMO1, MIR3179-2, MIR3179-3, MIR3179-1, MIR3180-3, MIR3180-1, MIR3180-2, NPIPA1
	17q21.31(44,188,378-44,288,428)x3	100	101	KANSL1, KANSL1-AS1
	19q13.42(54,718,955-54,752,217)x1	33	30	LILRB3, LILRA6
	20q13.2(52,644,753-52,658,593)x1	14	36	BCAS1
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xp22.33(1,793,380-1,818,776)x3	25	50	
	Xp22.33(2,368,117-2,382,431)x3	14	80	DHRSX
	Xp21.2(30,326,556-30,327,257)x1	1	25	NR0B1
	Xq28(153,429,330-153,438,781)x1	9	28	
	Xq26.3(134,870,852-134,891,198)x4	20	52	CT45A2, CT45A4, CT45A3
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	37	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq24(120,009,891-120,090,575)x1	81	32	CT47A8, CT47A2, CT47A9, CT47A10, CT47A11, CT47A4, CT47A12, CT47A3, CT47A5, CT47A1, CT47A6, CT47A7
	Xq23(110,356,320-110,356,732)x1	0,5	28	PAK3
<b>6</b> <b>6</b>	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x0	12	28	LCE1D

	2p16.3(50,500,107-50,514,746)x1	15	34	NRXN1
	3p11.1(89,394,609-89,416,203)x1	22	44	EPHA3
	3q28(189,360,741-189,371,964)x1	11	36	TP63
	6p25.3(254,253-294,826)x1	41	88	DUSP22
	7q11.23(74,852,782-75,098,917)x1	246	43	GATSL2, SPDYE8P, PMS2L2, STAG3L1, TRIM74, TRIM73, NSUN5P1, POM121C
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
	8q12.1(57,050,251-57,099,159)x3	49	96	PLAG1
	10q11.22(46,966,534-48,298,893)x3	1.332	275	SYT15, GPRIN2, NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33, ANXA8, ANXA8L1, FAM25B, FAM25G, FAM25C, AGAP9, BMS1P6, BMS1P2, FAM35DP, ANXA8L2, FAM21B, CTS1P2
	11q11(55,402,800-55,452,996)x1	50	76	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12p13.2(11,217,136-11,251,861)x1	35	39	PRH1-PRR4, TAS2R43
	12q23.1(99,791,778-99,798,721)x1	7	32	ANKS1B
	12p13.33(1,454,197-1,463,049)x1	9	31	ERC1
	14q32.33(106,246,713-106,728,149)x3	481	185	KIAA0125, ADAM6
	14q11.2(22,677,261-22,696,969)x1	20	70	
	14q11.2(22,732,618-22,940,138)x1	208	286	
	15q11.2(23,620,191-23,676,512)x1	56	40	
	15q21.2(50,740,226-50,856,139)x3	116	114	USP8, USP50, TRPM7
	21q21.2(24,176,862-24,207,625)x1	31	26	
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
	Xp22.33(2,364,903-2,371,279)x3	6	51	DHRSX
	Xp21.2(29,316,508-29,347,247)x1	31	82	IL1RAPL1
	Xq26.3(134,748,665-134,848,809)x3	100	388	CT45A1
	Xq26.3(134,891,653-134,931,437)x3	40	136	CT45A4
	Yp11.2(5,543,024-5,624,223)x1	81	59	PCDH11Y
	1p36.33(904,626-1,028,633)x3	125	85	PLEKHN1, C1orf170, HES4, ISG15, AGRN, RNF223, C1orf159
<b>6</b>	1q32.2(207,707,664-207,748,696)x1	41	34	CR1
<b>7</b>	2q33.1q33.2(203,293,011-203,309,483)x1	16	88	BMPR2
	3p11.1(89,394,609-89,416,203)x1	22	44	EPHA3
	3q28(189,360,741-189,373,111)x1	12	52	TP63

5q35.2(175,438,045-175,638,617)x1	201	52	FAM153B, LOC100507387, LOC643201
7q22.1(103,328,668-103,348,617)x1	20	28	RELN
10p11.21(34,626,271-34,670,662)x1	44	42	PARD3
11p15.1(18,941,196-18,961,975)x4	21	60	MRGPRX1
11p15.5(1,983,086-2,041,008)x3	58	84	MRPL23-AS1, H19, MIR675
11p15.5(2,152,208-2,200,260)x3	48	52	INS-IGF2, IGF2, MIR483, IGF2-AS, INS, TH, MIR4686
12q23.1(99,791,778-99,798,721)x1	7	32	ANKS1B
12p13.33(2,230,011-2,260,012)x3	30	116	CACNA1C
14q32.33(106,246,288-106,777,331)x3	531	220	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
14q11.2(22,635,580-22,652,315)x1	17	28	
14q11.2(22,732,747-22,940,138)x1	207	284	
16p13.3(2,011,148-2,124,458)x3	113	92	NDUFB10, RPS2, SNORA10, SNORA64, SNHG9, SNORA78, RNF151, TBL3, NOXO1, GFER, SYNGR3, ZNF598, NPW, SLC9A3R2, NTHL1, TSC2
17q11.1(25,667,103-25,686,421)x3	19	57	
17q12(34,437,481-34,477,480)x4	40	62	
19p13.3(665,945-1,334,800)x3	667	124	FSTL3, PRSS57, PALM, MISP, PTBP1, MIR4745, LPPR3, MIR3187, AZU1, PRTN3, ELANE, CFD, MED16, R3HDM4, KISS1R, ARID3A, WDR18, GRIN3B, TMEM259, CNN2, ABCA7, HMHA1, POLR2E, GPX4, SBNO2, STK11, C19orf26, ATP5D, MIDN, CIRBP-AS1, CIRBP, C19orf24, EFNA2
19p13.3(1,439,028-1,676,446)x3	237	60	
22q11.22(23,063,020-23,210,365)x3	147	92	RPS15, APC2, C19orf25, PCSK4, REEP6, ADAMTS5, PLK5, MEX3D, MBD3, UQCR11, TCF3
Xp22.32(5,930,127-5,935,109)x1	5	25	MIR650
Xp22.33(390,150-514,139)x3	124	79	NLGN4X
Xp22.33(2,382,268-2,392,216)x1	10	82	
Xp22.33(2,449,605-2,452,285)x1	3	26	DHRSX
Xp22.33(2,461,364-2,469,328)x1	8	44	
Xp22.11(23,457,347-23,550,818)x1	93	48	
Xp22.31(6,607,094-6,614,029)x3	7	113	
Xp22.31(6,621,893-6,633,891)x3	12	56	
Xp22.31(6,696,274-6,699,133)x3	3	71	
Xp22.31(7,684,969-7,690,003)x1	5	28	
Xq13.3(75,662,990-75,669,271)x3	6	50	
Xq13.3(75,697,800-75,701,629)x3	4	56	ATP2B3
Xq28(147,317,018-147,325,589)x1	9	44	

	Xq28(152,804,538-152,829,492)x3	25	52	BCAP31, ABCD1
	Xq28(152,970,134-152,993,333)x3	23	54	AVPR2, ARHGAP4
	Xq28(153,163,441-153,189,112)x3	26	52	CT47A8, CT47A2, CT47A9, CT47A10, CT47A11, CT47A4, CT47A12, CT47A3, CT47A5, CT47A1, CT47A6, CT47A7
	Xq24(120,009,891-120,095,425)x1	86	34	PCDH11Y
	Yp11.2(5,543,024-5,624,223)x1	81	59	
	1q25.1(174,520,698-174,559,169)x1	38	62	RABGAP1L
	3q22.1(133,020,767-133,032,620)x1	12	40	TMEM108
	6p25.3(294,910-365,613)x3	71	104	DUSP22
	8p21.3(22,495,848-22,537,201)x1	41	25	BIN3, BIN3-IT1
	8p22(13,487,458-13,632,287)x1	145	114	
	8p11.22(39,250,165-39,386,952)x1	137	72	ADAM5, ADAM3A
	8p23.2(3,997,049-4,003,949)x1	7	36	CSMD1
	11q11(55,402,800-55,452,996)x1	50	76	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12p13.2(11,192,450-11,251,861)x1	59	85	PRH1-PRR4, TAS2R46, TAS2R43
	12p13.33(2,250,920-2,258,393)x3	7	81	CACNA1C
<b>6 8</b>	14q32.33(106,246,288-106,728,149)x3	482	186	KIAA0125, ADAM6
	15q21.1(47,099,023-47,119,936)x1	21	39	
	16q12.2(55,796,375-55,842,329)x1	46	48	CES1P1, CES1
	19p13.3(1,439,028-1,676,446)x3	237	60	RPS15, APC2, C19orf25, PCSK4, REEP6, ADAMTS5, PLK5, MEX3D, MBD3, UQCR11, TCF3
	19q13.42(53,928,750-54,016,460)x1	88	124	TPM3P9, ZNF761, ZNF813
	22q13.33(51,104,037-51,107,076)x1	3	40	
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
	Xp22.33(1,793,398-1,818,778)x3	25	51	
	Xp22.33(2,370,777-2,382,966)x1	12	60	DHRSX
	Xp22.31(6,743,420-6,827,831)x1	84	135	
	Xq13.3(75,697,800-75,701,629)x3	4	56	
	Xq28(147,317,018-147,321,242)x1	4	25	

---

	Xq28(148,497,905-148,506,548)x1	9	70	
	Xq28(148,875,827-149,028,747)x3	153	352	MAGEA8-AS1, MAGEA8
	Xq28(155,139,421-155,156,625)x1	17	27	VAMP7
	Xq27.1(139,484,147-139,498,732)x3	15	72	
	Xq27.1(139,683,885-139,686,298)x1	2	52	
	Xq24(119,027,350-119,057,524)x4	30	100	AKAP14
	Xq24(120,009,891-120,119,760)x1	110	50	CT47A8, CT47A2, CT47A9, CT47A10, CT47A11, CT47A4, CT47A12, CT47A3, CT47A5, CT47A1, CT47A6, CT47A7
	Yp11.2(5,543,024-5,629,594)x1	87	61	PCDH11Y
<b>7 0</b>	1q44(248,609,255-248,683,471)x1	74	48	OR2T2, OR2T3, OR2T5
	2q21.2(133,280,686-133,317,266)x3	37	52	GPR39
	2q11.1(96,111,868-96,182,305)x1	70	29	TRIM43B
	3p21.31(46,793,363-46,849,576)x1	56	47	
	4q13.2(69,435,888-69,558,258)x1	122	68	UGT2B15
	5p15.31(8,703,025-8,750,244)x1	47	48	
	6p25.3(254,253-294,826)x1	41	88	DUSP22
	8p11.22(39,250,165-39,386,952)x1	137	72	ADAM5, ADAM3A
	9p23(13,567,840-13,635,181)x1	67	61	
	11p15.4(5,786,044-5,809,230)x0	23	46	OR52N5, OR52N1
	11p15.5(2,141,997-2,174,854)x3	33	55	INS-IGF2, IGF2, MIR483, IGF2-AS
	12p13.2(11,219,929-11,256,413)x1	36	39	PRH1-PRR4, TAS2R43
	14q32.33(106,232,259-106,716,050)x3	484	177	KIAA0125, ADAM6
	22q13.33(51,103,691-51,107,076)x1	3	52	
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xp22.31(6,607,440-6,611,962)x3	5	80	
	Xp22.31(6,696,273-6,699,133)x3	3	72	
	Xp22.33(2,370,777-2,382,966)x1	12	60	DHRSX
	Xq27.1(138,652,646-138,654,649)x4	2	56	
	Xq27.1(139,493,805-139,504,489)x1	11	60	CT47A8, CT47A1, CT47A11, CT47A9, CT47A12, CT47A4, CT47A5, CT47A3, CT47A10, CT47A2, CT47A6, CT47A7
	Xq24(120,009,891-120,090,575)x1	81	32	

---

	1p13.3(111,376,206-111,393,284)x1	17	36	
	4q13.2(69,367,485-69,540,420)x1	173	49	UGT2B17, UGT2B15
	11q11(55,409,348-55,452,996)x1	44	64	OR4S2, OR4C6
	12p13.2(11,219,929-11,256,831)x1	37	43	PRH1-PRR4, TAS2R43
	12p11.21(31,265,150-31,411,201)x3	146	59	
	14q32.33(106,227,153-106,536,858)x3	310	148	KIAA0125, ADAM6
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
7 1	17q11.2(26,828,333-26,851,501)x1	23	28	FOXN1
	22q13.33(51,103,691-51,107,076)x1	3	52	
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xq22.2(103,190,392-103,305,297)x3	115	120	MIR1256, TMSB15B, H2BFXP, H2BFWT, H2BFM
	Xq26.3(134,872,281-134,885,380)x1	13	28	CT45A2, CT45A4, CT45A3
	Xq26.3(134,931,784-134,964,494)x1	33	76	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq26.1(129,667,395-129,668,195)x1	1	25	
	Xq27.1(139,493,373-139,499,121)x3	6	60	CT47A8, CT47A1, CT47A11, CT47A9, CT47A12, CT47A4, CT47A5, CT47A3, CT47A10, CT47A2, CT47A6, CT47A7
	Xq24(120,009,891-120,122,287)x1	112	52	
	Yp11.2(5,543,024-5,624,279)x1	81	60	PCDH11Y
7 2	1p21.1(106,163,026-106,211,846)x1	0	28	
	2p22.3(35,926,022-35,997,473)x1	71	40	
	6q12(66,098,085-66,166,861)x3	69	104	EYS
	7p22.1(6,814,087-6,914,519)x3	100	54	RSPH10B, RSPH10B2, CCZ1B
	8p11.22(39,213,948-39,386,952)x1	173	92	ADAM5, ADAM3A
	10q11.22(47,059,391-47,090,302)x1	31	52	NPY4R
	11p15.1(18,940,856-18,961,975)x3	21	63	MRGPRX1
	12p13.33(2,252,689-2,259,954)x3	7	56	CACNA1C
	14q32.33(106,246,288-106,950,429)x4	704	270	KIAA0125, ADAM6, LINC00226, LINC00221
	14q11.2(22,930,848-22,940,138)x1	9	40	
	16p13.3(2,057,213-2,122,281)x3	65	52	ZNF598, NPW, SLC9A3R2, NTHL1, TSC2
	16q23.1(78,341,921-78,538,964)x1	197	404	WWOX

	19q13.2(42,415,091-42,424,585)x1	9	36	
	19p13.3(1,439,028-1,676,446)x3	237	60	RPS15, APC2, C19orf25, PCSK4, REEP6, ADAMTSL5, PLK5, MEX3D, MBD3, UQCR11, TCF3
	20p11.1(25,603,974-25,645,271)x3	41	58	NANP
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x4	14	56	IL1RAPL1
	Xp22.31(6,607,268-6,613,509)x3	6	92	
	Xp22.31(6,696,279-6,698,671)x3	2	53	
	Xq26.3(133,642,080-133,654,684)x1	13	30	
	Xq26.1(129,375,241-129,383,117)x1	8	32	ZNF280C
	Xq27.2(140,362,999-140,526,885)x3	164	92	
	Xq27.1(139,059,289-139,060,224)x0	1	26	
	Yq11.21(14,959,743-14,996,799)x1	37	52	USP9Y
	Yp11.2(5,543,024-5,624,279)x1	81	60	PCDH11Y
7 3	1q44(248,609,255-248,794,396)x1	185	112	OR2T2, OR2T3, OR2T5, OR2G6, OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11
	1p12p11.2(120,553,551-120,606,931)x1	54	80	
	4q34.3(180,575,719-180,639,279)x1	64	40	NOTCH2
	7p14.1(38,294,087-38,349,129)x1	55	69	
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	TARP
	8p23.2(3,997,049-4,003,949)x1	7	36	ADAM5, ADAM3A
	11p15.4(5,788,078-5,809,230)x1	21	44	CSMD1
	11p15.5(2,152,208-2,200,260)x3	48	52	OR52N5, OR52N1
	12p13.2(11,216,816-11,251,861)x1	35	41	INS-IGF2, IGF2, MIR483, IGF2-AS, INS, TH, MIR4686
	12p11.23(27,647,966-27,675,537)x1	28	40	PRH1-PRR4, TAS2R43
	13q21.1(57,758,275-57,775,319)x1	17	30	SMCO2
	14q32.33(106,044,262-106,328,303)x3	284	136	ELK2AP
	14q32.33(106,342,422-106,948,691)x3	606	150	
	14q32.33(107,150,443-107,179,594)x3	29	64	KIAA0125, ADAM6, LINC00226, LINC00221
	14q11.2(22,599,355-22,940,138)x1	341	564	
	15q15.3(43,890,380-43,992,948)x3	103	72	
	16p13.3(254,058-293,577)x3	40	84	RNU6-28P, CKMT1B, STRC, CATSPER2, CKMT1A

	17q12(36,283,806-36,410,559)x1	127	32	LUC7L, ITFG3
	22q13.33(51,104,037-51,107,076)x1	3	40	TBC1D3F, TBC1D3, LOC440434
	22q11.22(23,124,497-23,210,365)x3	86	80	
	22q11.23(24,045,212-24,065,191)x1	20	36	MIR650
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	GUSBP11
	Xq22.3(107,851,158-107,872,276)x1	21	54	IL1RAPL1
	Xp21.1(32,690,918-32,703,871)x1	13	68	COL4A5
	Xp21.1(32,742,109-32,743,344)x1	1	32	DMD
	Xp22.33(1,794,893-1,818,776)x1	24	44	DMD
	Xq26.3(134,931,784-134,957,417)x1	26	56	
	Xq27.1(139,493,805-139,500,375)x1	7	57	CT45A4, CT45A5
	Yq11.21(14,959,743-14,996,799)x1	37	52	
	Yq11.23(27,601,813-27,656,926)x1	55	52	USP9Y
	Yp11.2(4,072,227-4,437,842)x1	366	95	GOLGA2P3Y, GOLGA2P2Y, CSPG4P1Y
	Yp11.2(5,309,306-5,471,287)x1	162	80	
	Yp11.2(5,543,024-5,864,691)x1	322	136	PCDH11Y PCDH11Y
7 4	1p13.3(111,378,977-111,393,284)x1	14.307	33	
	3p21.1(53,031,722-53,038,931)x1	7.209	36	SFMBT1
	5p13.3(32,109,541-32,170,613)x4	61.072	60	PDZD2, GOLPH3
	6p25.3(257,048-294,826)x1	37.778	86	DUSP22
	6p25.3(294,910-380,993)x3	86.083	136	DUSP22
	6p12.2(52,623,105-52,664,469)x1	41.364	54	GSTA2, GSTA1
	6q12(67,002,433-67,048,629)x1	46.196	31	
	7p22.2(3,602,347-3,614,788)x1	12.441	28	SDK1
	7q34(142,827,953-142,891,708)x1	63.755	82	PIP, TAS2R39
	8p11.22(39,226,335-39,386,952)x1	160.617	80	ADAM5, ADAM3A
	10p12.31(22,143,812-22,177,475)x1	33.663	37	DNAJC1
	11q24.1(123,096,868-123,128,285)x1	31.417	26	
	11p11.12(49,712,522-49,746,642)x1	34.12	34	LOC440040

	12p13.2(11,216,816-11,251,861)x1	35.045	41	PRH1-PRR4, TAS2R43
	12q23.1(99,791,778-99,798,721)x1	6.943	32	ANKS1B
	13q21.1(57,749,212-57,789,996)x1	40.784	52	
	14q32.33(106,246,785-106,693,670)x3	446.885	162	KIAA0125, ADAM6
	19p12(20,582,949-20,720,705)x1	137.756	91	ZNF826P
	20q12(41,243,486-41,269,321)x1	25.835	48	PTPRT
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	133.872	84	MIR650, IGLL5
	Xq22.1(99,899,938-99,906,086)x3	6.148	56	SRPX2
	Xp22.33(534,996-539,660)x4	4.664	53	
	Xp22.33(562,074-565,817)x1	3.743	30	
	Xq28(147,317,018-147,325,589)x1	8.571	44	
	Xq27.1(138,418,635-138,440,623)x3	21.988	100	
	Xq27.1(139,797,048-139,797,823)x1	0.775	34	
	2p22.3(35,932,261-35,997,473)x1	65	36	
	5q21.1(99,324,715-99,442,355)x1	118	61	
	5q35.2(175,460,087-175,638,617)x1	179	48	FAM153B, LOC100507387, LOC643201
	6p25.3(290,437-294,826)x1	4	28	DUSP22
	7q34(142,471,256-142,486,484)x1	15	38	PRSS3P2, PRSS2
	7p14.1(38,292,662-38,377,925)x1	85	90	TARP
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
7	9q31.1(107,363,819-107,366,496)x1	3	28	
5	11q11(55,374,018-55,452,996)x0	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	14q32.33(106,160,629-106,849,677)x3	689	232	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	14q11.2(22,616,371-22,634,808)x1	18	58	
	14q11.2(22,677,485-22,940,386)x1	263	412	
	17q11.2(26,843,187-26,852,355)x1	9	26	FOXN1
	22q11.22(23,121,367-23,258,369)x3	137	88	MIR650, IGLL5
	Xp22.32(5,871,585-5,889,224)x1	18	48	NLGN4X
	Xp21.1(32,742,190-32,743,344)x1	1	28	DMD
	Xp21.2(29,316,508-29,342,203)x1	26	76	IL1RAPL1

	Xp22.33(534,997-539,660)x3	5	52	
	Xp22.33(1,787,488-1,818,776)x3	31	60	
	Xp22.33(2,295,258-2,302,145)x1	7	32	DHRSX
	Xq28(149,577,738-149,579,081)x1	1	32	MAMLD1
	Xq24(120,009,891-120,119,745)x1	110	49	CT47A8, CT47A1, CT47A11, CT47A9, CT47A12, CT47A4, CT47A5, CT47A3, CT47A10, CT47A2, CT47A6, CT47A7
	Yp11.2(3,406,872-3,701,738)x1	295	64	TGIF2LY
	Yp11.2(5,543,024-5,793,215)x1	150	115	PCDH11Y
7 6	1q44(248,688,586-248,795,277)x1	107	60	OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11
	3q26.1(161,874,299-161,966,857)x3	93	74	
	3p21.1(53,031,722-53,038,931)x1	7	36	SFMBT1
	3q28(189,363,665-189,364,627)x1	1	30	TP63
	4q13.3(73,813,058-74,048,508)x3	235	200	COX18, ANKRD17
	5q23.1(115,586,765-115,625,174)x1	38	54	COMMD10
	6p25.3(290,437-294,826)x1	4	28	DUSP22
	6p12.3(48,533,768-48,595,199)x1	61	32	
	6q14.1(78,969,091-79,041,720)x1	73	26	
	7q34(142,474,503-142,485,841)x1	11	28	PRSS3P2, PRSS2
	7p14.1(38,325,440-38,387,020)x1	62	82	LOC100506776
	10q26.3(135,252,897-135,377,257)x3	124	231	LOC619207, CYP2E1, SYCE1
	11p15.1(18,941,196-18,961,975)x4	21	60	MRGPRX1
	11p15.4(5,786,007-5,809,325)x1	23	48	OR52N5, OR52N1
	14q32.33(106,227,153-106,777,210)x3	550	220	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	14q11.2(22,616,042-22,940,138)x1	324	532	
	17p11.2(19,494,988-19,543,360)x1	48	40	
	22q13.33(51,104,037-51,107,072)x1	3	39	
	22q11.22(23,121,367-23,258,369)x3	137	88	MIR650, IGLL5
	22q11.23q12.1(25,656,237-25,922,334)x1	266	72	IGLL3P, LRP5L, CRYBB2P1
	Xq22.2(103,260,662-103,312,921)x2	52	68	MIR1256, H2BFWT, H2BFM
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
7	1q44(248,753,332-248,795,277)x1	42	56	OR2T10, OR2T11

7	1p21.3(95,125,963-95,152,018)x1	26	31	
	3q21.2(125,712,549-125,721,738)x1	9	28	
	3p21.31(46,802,406-46,849,576)x1	47	42	
	5q35.3(180,378,874-180,430,789)x1	52	34	BTNL3
	7q21.2(92,599,597-92,656,278)x1	57	118	
	7p22.3(154,720-158,615)x1	4	28	
	7q36.3(157,731,922-157,801,751)x3	70	82	PTPRN2
	11q11(55,374,174-55,452,996)x1	79	97	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.5(2,152,208-2,209,397)x3	57	56	INS-IGF2, IGF2, MIR483, IGF2-AS, INS, TH, MIR4686
	14q32.33(106,160,629-106,736,911)x3	576	200	KIAA0125, ADAM6
	18p11.32(1,905,134-1,980,668)x1	76	76	
	19p13.3(1,210,592-1,334,800)x3	124	52	STK11, C19orf26, ATP5D, MIDN, CIRBP-AS1, CIRBP, C19orf24, EFNA2
	22q13.33(51,104,037-51,107,071)x1	3	38	
	22q13.33(51,165,499-51,171,538)x3	6	76	SHANK3
	22q11.22(23,004,886-23,258,369)x3	253	100	MIR650, IGLL5
	Xp21.3(29,160,655-29,177,633)x1	17	62	IL1RAPL1
	Xq21.1(76,296,380-76,368,537)x1	72	28	
	Xp22.31(8,180,046-8,199,659)x1	20	56	
	Xp21.2(29,318,639-29,337,254)x1	19	60	IL1RAPL1
	Xp22.33(452,188-491,934)x1	40	32	
	Xq28(147,317,018-147,321,242)x1	4	25	
	Xq26.2(132,434,060-132,440,801)x4	7	88	GPC4
	Xq24(120,009,891-120,090,575)x1	81	32	CT47A8, CT47A1, CT47A11, CT47A9, CT47A12, CT47A4, CT47A5, CT47A3, CT47A10, CT47A2, CT47A6, CT47A7
	Yq11.23(27,601,813-27,656,895)x1	55	51	GOLGA2P3Y, GOLGA2P2Y, CSPG4P1Y
	Yp11.2(3,864,690-4,089,239)x1	225	72	
	Yp11.2(4,381,034-4,674,962)x1	294	74	
7	1p36.33(1,627,905-1,672,591)x1	45	36	CDK11B, MMP23A, CDK11A, SLC35E2
8	1q44(246,366,571-246,384,914)x1	18	26	SMYD3
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D

	6p25.3(265,130-294,826)x1	30	64	DUSP22
	10q22.1(73,197,579-73,250,461)x3	53	72	CDH23
	12p13.2(11,219,929-11,251,705)x1	32	36	PRH1-PRR4, TAS2R43
	13q31.3(91,412,279-91,457,259)x1	45	28	
	14q32.33(106,232,259-106,931,309)x3	699	263	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	14q32.33(107,150,443-107,179,594)x3	29	64	
	16p13.3(2,011,148-2,131,075)x3	120	108	NDUFB10, RPS2, SNORA10, SNORA64, SNHG9, SNORA78, RNF151, TBL3, NOXO1, GFER, SYNGR3, ZNF598, NPW, SLC9A3R2, NTHL1, TSC2
	16p11.2p11.1(34,466,474-34,755,816)x3	289	174	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	17q21.31(44,212,823-44,784,639)x4	572	72	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	20p12.3(8,489,779-8,565,782)x1	76	90	PLCB1
	22q13.33(51,106,757-51,115,526)x1	9	32	SHANK3
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
	Xp22.33 or Yp11.32(1,378,439-1,460,944 or 1	83	88	CSF2RA, MIR3690, IL3RA
9 0	1p36.33(1,559,465-1,688,045)x1	129	50	MIB2, MMP23B, MMP23A, CDK11B, SLC35E2B, CDK11A, SLC35E2, NADK
	1p36.33(2,205,580-2,292,591)x1	87	88	SKI, MORN1, LOC100129534
	1p13.3(111,377,002-111,393,284)x1	16	35	
	3p26.1(4,043,017-4,098,164)x1	55	36	
	5p15.31(8,703,025-8,750,244)x1	47	48	
	5q14.3(90,686,875-90,850,277)x1	163	108	ARRDC3-AS1
	5q35.3(180,378,753-180,416,782)x1	38	28	BTNL3
	6p21.33(31,384,079-31,456,073)x3	72	108	HCP5, HCG26
	6p12.2(52,630,925-52,664,469)x1	34	36	GSTA1
	7p22.3(120,260-130,362)x1	10	26	
	7p15.2(27,211,651-27,245,528)x1	34	32	HOXA10-HOXA9, HOXA10, HOXA11, HOXA11-AS, HOXA13, HOTTIP
	8q24.23(137,682,551-137,862,435)x1	180	118	
	9p23(9,957,129-10,002,354)x1	45	100	PTPRD
	10q21.3(68,077,578-68,122,519)x1	45	56	CTNNA3
	11q11(55,374,018-55,452,996)x1	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.1(18,606,135-18,621,674)x1	16	26	UEVLD, SPTY2D1-AS1

	11p15.4(5,783,909-5,809,230)x1	25	48	OR52N5, OR52N1
	11q13.3(69,481,376-69,502,852)x1	21	44	ORAOV1
	12p11.21(31,355,860-31,411,051)x3	55	56	
	12q13.13(52,845,923-52,864,756)x1	19	32	KRT6C
	12q23.1(99,791,778-99,798,721)x1	7	32	ANKS1B
	14q32.33(106,246,288-106,717,343)x3	471	178	KIAA0125, ADAM6
	16p13.3(945,326-991,872)x1	47	56	LMF1
	16p13.3(2,130,808-2,237,833)x1	107	48	TSC2, PKD1, MIR1225, MIR4516, MIR3180-5, RAB26, SNORD60, TRAF7, CASKIN1
	22q13.33(51,106,757-51,107,233)x1	0,5	31	
	22q13.33(51,168,366-51,171,538)x1	3	32	SHANK3
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xp21.2(30,326,535-30,327,257)x1	1	27	NR0B1
	Xp22.33(532,444-539,768)x3	7	64	
	Xp22.33(1,734,397-1,786,771)x3	52	60	ASMT
	Xp22.33(2,370,777-2,376,636)x1	6	32	DHRSX
	Xq26.3(134,754,596-134,803,375)x3	49	161	
<b>9 1</b>	1p36.22(10,367,196-10,382,157)x1	15	31	KIF1B
	1q44(247,824,375-248,287,776)x3	463	580	OR13G1, OR6F1, OR1C1, OR14A16, OR11L1, TRIM58, OR2W3, OR2T8, OR2L13, OR2L8, OR2AK2, OR2L1P, OR2L5, OR2L2, OR2L3, OR2M1P
	1q42.2(231,915,594-231,956,521)x3	41	97	TSNAX-DISC1, DISC1, DISC2
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
	1p13.3(111,376,206-111,393,284)x1	17	36	
	1p36.11(25,573,433-25,760,095)x1	187	52	C1orf63, RHD, TMEM50A, RHCE, TMEM57
	2p25.3(185,234-224,086)x3	39	88	SH3YL1
	2p24.3(15,310,500-15,418,924)x1	108	150	NBAS
	4q28.3(137,315,943-137,701,826)x1	386	269	
	4q28.1(126,583,893-126,673,730)x1	90	48	
	7p12.1p11.2(53,773,221-54,226,614)x1	453	312	FLJ45974
	7q11.21(66,695,094-66,787,601)x1	93	49	TYW1, PMS2P4, STAG3L4
	7p14.1(38,292,662-38,387,020)x1	94	100	TARP, LOC100506776
	8q24.23(137,677,895-137,862,435)x1	185	120	

	11q11(55,376,497-55,452,996)x1	76	92	
	12q13.2(55,703,374-55,722,545)x1	19	44	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	13q21.1(57,758,275-57,778,367)x1	20	36	OR6C1
	14q32.33(106,227,153-106,728,149)x3	501	188	
	14q11.2(22,526,880-22,959,555)x1	433	680	KIAA0125, ADAM6
	15q21.3(57,878,810-57,906,693)x1	28	32	
	17q21.2(40,757,685-40,810,507)x1	53	33	MYZAP, GCOM1
	17q12(34,440,784-34,477,480)x3	37	58	FAM134C, TUBG1
	17q21.31(44,212,823-44,292,742)x3	80	71	
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	KANSL1, KANSL1-AS1
	Xp22.33 or Yp11.32(532,444-539,660 or 482,4	7	60	MIR650, IGLL5
	Xp22.33 or Yp11.32(1,024,439-1,101,191 or 9	77	54	
<b>9</b>	1q44(248,688,586-248,795,277)x1	107	60	OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11
	1q21.1(145,624,379-145,829,474)x3	205	150	LOC100288142, NBPF10, RNF115, CD160, PDZK1, GPR89A
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x0	12	28	LCE1D
	4q13.2(69,435,888-69,485,827)x1	50	40	
	6q14.1(78,962,225-79,027,502)x1	65	26	
	11q11(55,402,800-55,452,996)x1	50	76	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.4(5,783,781-5,809,325)x1	26	50	OR52N5, OR52N1
	12p11.23(27,645,972-27,659,531)x1	14	31	SMCO2
	14q32.33(106,232,259-106,709,975)x3	478	172	KIAA0125, ADAM6
	19p12(20,588,836-20,726,622)x1	138	100	ZNF826P, ZNF737
<b>2</b>	21q21.1(20,593,830-20,665,442)x3	72	52	
	21q21.1(22,414,950-22,450,956)x1	36	50	NCAM2
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
	Xp22.32(5,286,648-5,323,655)x1	37	28	
	Xp22.33(1,024,439-1,101,193)x1	77	56	
	Xq28(152,937,072-152,984,572)x3	48	58	PNCK, SLC6A8, BCAP31
	Xq24(120,009,891-120,095,498)x1	86	36	CT47A5, CT47A2, CT47A4, CT47A9, CT47A1, CT47A8, CT47A12, CT47A3, CT47A11, CT47A10, CT47A6,

	Xq23(115,133,388-115,156,164)x1	23	36	CT47A7
<b>9 3</b>	1q21.3(152,756,773-152,773,905)x0	17	31	LCE1E, LCE1D
	1p36.11(25,573,433-25,760,095)x1	187	52	C1orf63, RHD, TMEM50A, RHCE, TMEM57
	1p36.11(25,892,386-26,107,499)x3	215	264	LDLRAP1, MAN1C1
	3q22.3(135,913,244-135,974,401)x1	61	60	MSL2, PCCB
	4q13.2(69,435,888-69,541,963)x3	106	52	UGT2B15
	6p25.3(254,253-294,826)x1	41	88	DUSP22
	8p11.22(39,226,335-39,386,952)x1	161	80	ADAM5, ADAM3A
	8q21.2(85,257,553-85,268,668)x1	11	28	RALYL
	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.4(5,783,909-5,809,230)x1	25	48	OR52N5, OR52N1
	12p11.23(27,646,150-27,659,531)x1	13	28	SMCO2
	13q31.1(85,273,271-85,435,556)x3	162	124	
	14q32.33(106,246,288-106,530,460)x3	284	144	KIAA0125, ADAM6
	16p13.11(16,391,088-16,514,368)x1	123	30	MIR3179-1, MIR3179-3, MIR3179-2, MIR3180-3, MIR3180-1, MIR3180-2, PKD1P1
	16p13.3(2,130,808-2,161,049)x1	30	30	TSC2, PKD1, MIR1225
	16p11.2(32,937,322-33,742,056)x1	805	25	TP53TG3C, TP53TG3, TP53TG3B, LOC390705, RNU6-76P
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
	Xp21.1(32,681,483-32,703,871)x1	22	100	DMD
	Xp21.1(32,741,394-32,743,393)x1	2	40	DMD
	Xp21.2(29,319,579-29,347,245)x1	28	72	IL1RAPL1
	Xq27.1(139,493,805-139,501,109)x1	7	59	
	Xq24(118,865,056-118,867,390)x4	2	50	
	Xq25(128,659,903-128,665,979)x1	6	60	
<b>9 4</b>	1q44(248,688,586-248,828,223)x1	140	62	OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11, OR2T35, OR2T27
	1q42.2(231,911,281-231,956,481)x3	45	116	TSNAX-DISC1, DISC1, DISC2
	1q41(217,679,883-217,731,856)x3	52	52	GPATCH2

	1p33(48,820,431-48,907,600)x3	87	92	SPATA6
	2p25.3(203,523-219,580)x3	16	50	SH3YL1
	2q34(213,181,314-213,191,406)x1	10	28	ERBB4
	3p11.1(89,386,933-89,416,203)x1	29	48	EPHA3
	3p21.1(53,031,722-53,038,786)x1	7	32	SFMBT1
	5q35.2(174,147,093-174,188,004)x3	41	92	MSX2, MIR4634
	8p22(18,851,526-18,866,227)x1	15	36	PSD3
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	12q23.1(99,795,759-99,798,721)x1	3	28	ANKS1B
	14q32.33(106,246,713-106,709,974)x3	463	169	KIAA0125, ADAM6
	17q11.2(26,828,852-26,844,960)x1	16	25	
	17q12(36,243,780-36,404,104)x1	160	31	LOC284100, TBC1D3F, TBC1D3, LOC440434
	17q25.1(71,814,070-72,706,604)x3	892	682	LINC00469, RPL38, MGC16275, TTYH2, DNAI2, KIF19, BTBD17, GPR142, GPRC5C, CD300A, CD300LB, CD300C, CD300LD, C17orf77, CD300E, RAB37, CD300LF
	17q21.31(44,187,491-44,288,442)x3	101	104	KANSL1, KANSL1-AS1
	19q12(30,081,674-30,096,563)x1	15	29	
	22q13.33(51,106,757-51,115,526)x1	9	32	SHANK3
	Xp22.31(7,684,969-7,696,029)x1	11	48	
	Xp11.4(41,708,925-41,717,798)x1	9	27	CASK
	Xp21.2(29,336,719-29,347,338)x1	11	25	IL1RAPL1
	Xp22.33(372,029-514,139)x3	142	103	
	Xq28(148,689,932-148,738,714)x3	49	98	TMEM185A
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
<b>9</b> <b>5</b>	2q32.3(193,945,823-194,083,660)x3	138	64	
	3p21.1(53,031,722-53,039,204)x1	7	40	SFMBT1
	4p15.2(21,334,284-21,353,205)x1	19	29	KCNIP4
	5p15.31(8,703,025-8,750,244)x1	47	48	
	5q33.2(155,471,683-155,590,271)x1	119	60	
	5p15.33(676,767-908,649)x1	232	51	TPPP, ZDHHC11, BRD9, TRIP13
	6p25.3(254,282-314,934)x1	61	95	DUSP22

	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	11p11.12(49,703,272-49,746,642)x1	43	43	LOC440040
	11p15.4(5,783,909-5,809,230)x1	25	48	OR52N5, OR52N1
	12q23.1(99,795,759-99,798,721)x1	3	28	ANKS1B
	12p13.33(2,251,867-2,258,092)x3	6	60	CACNA1C
	14q32.33(106,246,713-106,728,149)x3	481	185	KIAA0125, ADAM6
	15q13.3(32,011,475-32,444,044)x3	433	570	CHRNA7
	17p11.2(19,494,988-19,538,745)x1	44	36	
	17q21.31(44,212,823-44,292,742)x3	80	71	KANSL1, KANSL1-AS1
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xq21.32(91,853,285-91,923,930)x1	71	46	PCDH11X
	Xp22.33(1,024,439-1,101,193)x1	77	56	
	Xq28(147,317,018-147,325,589)x1	9	44	
	Xq28(153,429,330-153,524,109)x1	95	30	OPN1MW2, OPN1MW, TEX28, TKTL1
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq26.1(129,667,395-129,673,099)x1	6	26	
	2q32.3(193,945,823-194,083,660)x3	138	64	
	3p21.1(53,031,722-53,039,204)x1	7	40	SFMBT1
	4p15.2(21,334,284-21,353,205)x1	19	29	KCNIP4
	5p15.31(8,703,025-8,750,244)x1	47	48	
	5q33.2(155,471,683-155,590,271)x1	119	60	
	5p15.33(676,767-908,649)x1	232	51	TPPP, ZDHHC11, BRD9, TRIP13
9	6p25.3(254,282-314,934)x1	61	95	DUSP22
6	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	11p11.12(49,703,272-49,746,642)x1	43	43	LOC440040
	11p15.4(5,783,909-5,809,230)x1	25	48	OR52N5, OR52N1
	12q23.1(99,795,759-99,798,721)x1	3	28	ANKS1B
	12p13.33(2,251,867-2,258,092)x3	6	60	CACNA1C
	14q32.33(106,246,713-106,728,149)x3	481	185	KIAA0125, ADAM6
	15q13.3(32,011,475-32,444,044)x3	433	570	CHRNA7

	17p11.2(19,494,988-19,538,745)x1	44	36	
	17q21.31(44,212,823-44,292,742)x3	80	71	KANSL1, KANSL1-AS1
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xq21.32(91,853,285-91,923,930)x1	71	46	PCDH11X
	Xp22.33(1,024,439-1,101,193)x1	77	56	
	Xq28(147,317,018-147,325,589)x1	9	44	
	Xq28(153,429,330-153,524,109)x1	95	30	OPN1MW2, OPN1MW, TEX28, TKTL1
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq26.1(129,667,395-129,673,099)x1	6	26	
<b>9</b> <b>7</b>	1p13.3(111,379,051-111,393,284)x1	14	32	
	3p22.3(34,451,464-34,622,921)x3	171	92	
	4q13.2(69,435,888-69,541,894)x3	106	50	UGT2B15
	5p15.31(8,703,025-8,750,244)x1	47	48	
	5q35.3(178,284,135-178,353,341)x1	70	60	ZNF354B, ZFP2
	6p25.3(280,386-294,824)x1	14	34	DUSP22
	6p21.32(32,687,328-32,701,999)x1	15	48	
	8q13.2(68,547,546-68,561,954)x1	14	28	CPA6
	10q11.22(47,078,812-47,132,184)x3	53	80	NPY4R, LINC00842
	11q11(55,402,800-55,452,996)x1	50	76	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	13q31.1(84,101,177-84,161,251)x1	60	55	
	14q32.33(106,207,204-106,536,858)x3	330	150	KIAA0125, ADAM6
	Xp21.3(29,221,527-29,232,409)x1	11	40	IL1RAPL1
	Xp11.4(38,386,611-38,405,024)x1	18	28	
	Xp21.2(29,425,448-29,470,535)x3	45	56	IL1RAPL1
	Xp22.33(1,024,439-1,101,193)x1	77	56	
	Xp22.33(1,787,488-1,801,571)x0	14	38	
	Xp22.33(2,295,258-2,302,145)x1	7	32	DHRSX
	Xq26.3(134,870,852-134,891,198)x4	20	52	CT45A2, CT45A4, CT45A3
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
<b>9</b>	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D

<b>8</b>	3p11.1(89,394,609-89,419,367)x1	25	48	EPHA3
	3p24.3(22,686,952-22,758,871)x3	72	50	
	6q12(67,006,993-67,048,629)x1	42	29	
	7p21.3(8,824,416-8,865,997)x1	42	40	
	8p23.2(3,756,823-3,823,639)x3	67	110	CSMD1
	9p24.3(517,445-526,874)x1	10	25	KANK1
	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.4(5,786,044-5,809,230)x0	23	46	OR52N5, OR52N1
	12p13.2(11,219,929-11,251,705)x1	32	36	PRH1-PRR4, TAS2R43
	14q32.33(106,227,153-106,536,858)x3	310	148	KIAA0125, ADAM6
	14q32.33(107,150,443-107,179,594)x3	29	64	
	17q21.31(44,212,823-44,276,618)x4	64	64	KANSL1, KANSL1-AS1
	18q22.3(72,415,230-72,422,497)x1	7	32	ZNF407
	22q11.22(23,124,497-23,201,435)x3	77	69	MIR650
	Xp21.3(29,114,199-29,117,749)x1	4	28	IL1RAPL1
	Xp22.33(532,444-539,660)x3	7	60	
	Xp22.33(1,024,439-1,101,193)x1	77	56	
	Xq27.1(139,059,289-139,066,966)x1	8	52	
	Xq23(110,356,320-110,356,732)x1	0,5	28	PAK3
<b>9</b>	2q21.2(133,280,686-133,317,266)x3	37	52	GPR39
	5q35.3(180,378,753-180,416,782)x1	38	28	BTNL3
	6p25.3(294,273-316,401)x1	22	28	DUSP22
	7q31.1(111,048,578-111,083,053)x1	34	30	IMMP2L
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	9p24.3(1,495,010-1,524,963)x1	30	40	
	10p11.21(34,626,271-34,670,662)x1	44	42	PARD3
	11p14.3(25,608,307-25,642,676)x1	34	26	
	11q11(55,376,497-55,452,996)x1	76	92	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.4(5,788,078-5,809,230)x1	21	44	OR52N5, OR52N1

	12p13.31(8,004,411-8,124,048)x1	120	96	SLC2A14, SLC2A3
	14q32.33(106,227,153-106,536,858)x3	310	148	KIAA0125, ADAM6
	14q32.33(106,693,441-106,876,355)x3	183	72	LINC00226
	14q32.33(106,880,555-106,927,555)x1	47	26	
	14q22.1(52,433,296-52,460,146)x1	27	40	GNG2, C14orf166
	17q21.31(44,212,823-44,279,760)x3	67	65	KANSL1, KANSL1-AS1
	19q13.42(56,225,502-56,263,011)x3	38	50	NLRP9
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
	Xp11.4(40,461,558-40,475,187)x1	14	66	ATP6AP2
	Xp21.1(32,683,887-32,690,930)x1	7	28	DMD
	Xp22.33(553,069-571,065)x3	18	57	
	Xp22.33(1,024,439-1,101,398)x1	77	58	
	Xp22.33(2,386,598-2,398,162)x3	12	75	DHRSX
	Xq28(147,311,653-147,325,590)x3	14	56	
	Xq28(152,937,373-152,984,572)x3	47	56	PNCK, SLC6A8, BCAP31
	Xq26.1(129,375,241-129,376,465)x1	1	28	ZNF280C
	Xq27.1(139,493,805-139,504,489)x1	11	60	
	Xq24(119,028,442-119,057,524)x4	29	88	AKAP14
	Xq24(120,009,891-120,090,575)x1	81	32	CT47A5, CT47A2, CT47A4, CT47A9, CT47A1, CT47A8, CT47A12, CT47A3, CT47A11, CT47A10, CT47A6, CT47A7
	Xq23(115,137,991-115,156,164)x1	18	34	
	Yp11.2(5,543,024-5,624,279)x1	81	60	PCDH11Y
	1q44(248,688,586-248,795,277)x1	107	60	OR2T29, OR2T34, OR2T10, OR2T11
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
1	1q31.3(196,716,412-196,877,037)x3	161	66	CFH, CFHR3, CFHR1, CFHR4
0	3q21.2(125,712,256-125,721,738)x1	9	30	
0	4q12(55,103,916-55,139,069)x3	35	76	PDGFRA
	7p14.3(34,673,682-34,720,673)x1	47	36	NPSR1-AS1, NPSR1
	8p22(14,507,012-14,517,248)x1	10	36	SGCZ

	8p23.2(3,997,049-4,003,949)x1	7	36	CSMD1
	10q11.22(46,966,533-47,692,945)x3	726	250	SYT15, GPRIN2, NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33, ANXA8, ANXA8L1, FAM25C, FAM25G, FAM25B, AGAP9, BMS1P6, BMS1P2, FAM35DP
	13q31.1(84,101,177-84,155,985)x1	54	53	
	14q32.33(106,232,259-106,560,963)x3	329	160	KIAA0125, ADAM6
	14q32.33(106,667,034-106,750,867)x1	84	39	LINC00226
	14q21.2(45,173,898-45,226,859)x1	53	40	
	16q12.2(55,796,375-55,842,329)x1	46	48	CES1P1, CES1
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
	Xp22.31(8,180,046-8,189,966)x1	10	36	
	Xq21.32(91,853,285-92,009,244)x1	156	78	PCDH11X
	Xq23(115,133,388-115,156,164)x1	23	36	
<b>1</b> <b>0</b> <b>1</b>	1q42.2(231,912,795-231,956,481)x3	44	100	TSNAX-DISC1, DISC1, DISC2
	1q21.1(145,622,530-145,792,051)x3	170	142	LOC100288142, NBPF10, RNF115, CD160, PDZK1, GPR89A
	2p14(67,625,478-67,705,358)x1	80	84	ETAA1
	3q29(196,520,209-196,552,147)x3	32	56	PAK2
	3p21.1(53,031,722-53,039,204)x1	7	40	SFMBT1
	5q35.3(180,378,753-180,430,789)x1	52	36	BTNL3
	5q35.2(174,147,093-174,179,950)x3	33	60	MSX2, MIR4634
	6p25.3(254,282-302,293)x1	48	93	DUSP22
	6p21.31(34,575,330-34,891,721)x3	316	292	C6orf106, SNRPC, UHRF1BP1, TAF11, ANKS1A
	7p11.1q11.21(58,020,303-62,619,805)x3	4,600	78	
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	8p23.2(3,748,437-3,789,985)x0	42	64	CSMD1
	11q11(54,965,374-55,039,244)x1	74	54	TRIM48
	11p15.4(5,783,909-5,809,230)x1	25	48	OR52N5, OR52N1
	12q24.33(131,726,193-131,814,934)x1	89	25	
	12p13.33(2,251,867-2,258,394)x3	7	62	CACNA1C
	13q31.1(84,101,177-84,161,251)x1	60	55	
	14q32.33(106,227,153-106,876,355)x3	649	236	KIAA0125, ADAM6, LINC00226

	16p11.2(32,937,322-33,774,616)x1	837	56	TP53TG3C, TP53TG3, TP53TG3B, LOC390705, RNU6-76P
	17q21.31(44,212,823-44,292,742)x4	80	71	KANSL1, KANSL1-AS1
	18q23(77,301,709-77,422,142)x1	120	66	
	18q23(77,472,974-77,496,150)x1	23	44	CTDP1
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xp22.33(390,150-513,354)x4	123	76	
	Xq28(147,115,311-147,117,362)x1	2	32	
	Xq26.3(134,868,190-134,905,939)x3	38	105	CT45A2, CT45A4, CT45A3
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq26.1(128,825,721-128,826,510)x1	1	25	
	Yp11.2(5,354,663-5,471,591)x1	117	60	PCDH11Y
	1q42.2(231,911,570-231,956,271)x3	45	110	TSNAX-DISC1, DISC1, DISC2
	2p25.3(192,362-230,442)x3	38	76	SH3YL1
	3q29(196,511,016-196,552,147)x3	41	88	PAK2
	3q25.1(151,513,063-151,549,014)x1	36	28	MIR548H2, AADAC
	4q13.2(69,435,888-69,541,894)x3	106	50	UGT2B15
	5q15(98,065,481-98,101,664)x1	36	28	
	5q35.2(174,146,726-174,188,004)x3	41	100	MSX2, MIR4634
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
1	10p11.21(34,626,271-34,670,662)x1	44	42	PARD3
0	10q24.1(97,666,907-97,688,492)x1	22	28	ENTPD1-AS1, C10orf131
2	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.4(5,786,044-5,809,230)x0	23	46	OR52N5, OR52N1
	12p11.23(27,647,727-27,659,531)x1	12	27	SMCO2
	14q32.33(106,246,288-106,876,355)x3	630	234	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	Xq21.32(91,880,420-92,007,741)x1	127	48	
	Xp22.33(168,546-321,849)x3	153	116	PLCXD1, GTPBP6, LINC00685, PPP2R3B
	Xp22.33(354,464-401,509)x3	47	64	
	Xp22.33(553,069-570,991)x3	18	55	

	Xp22.33(1,038,812-1,101,193)x1	62	52	
	Xp22.33(1,793,064-1,818,776)x4	26	51	
	Xp11.1q11.1(58,504,116-61,877,279)x1	3,373	28	
	Xq26.3(134,718,783-134,739,030)x1	20	72	
	Xq27.1(139,493,805-139,504,489)x1	11	60	
	Xq24(119,344,488-119,345,090)x1	1	28	
	Xq24(120,009,891-120,095,460)x1	86	35	CT47A4, CT47A9, CT47A1, CT47A2, CT47A12, CT47A11, CT47A8, CT47A5, CT47A10, CT47A3, CT47A6, CT47A7
	Xq23(115,137,991-115,156,166)x0	18	36	
<b>1 0 3</b>	2p16.2(53,014,351-53,057,254)x1	43	48	
	3q21.2(125,712,256-125,721,738)x1	9	30	
	3q28(189,360,741-189,371,964)x1	11	36	TP63
	3q26.31(173,239,852-173,300,180)x3	60	52	NLGN1
	5p13.3(32,109,575-32,170,613)x3	61	59	PDZD2, GOLPH3
	5q35.3(180,378,753-180,416,782)x1	38	28	BTNL3
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	9q31.1(107,363,819-107,366,508)x1	3	30	
	11q11(55,402,800-55,442,305)x1	40	56	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12p11.21(31,357,101-31,411,051)x3	54	51	
	12p11.21(31,999,646-32,063,002)x3	63	58	
	12p13.33(2,251,867-2,260,012)x3	8	68	CACNA1C
	14q32.33(106,227,153-106,849,677)x3	623	224	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	15q12(27,000,740-27,012,141)x1	11	26	GABRB3
	16p13.11(14,927,408-15,053,870)x1	126	36	NOMO1, MIR3179-2, MIR3179-1, MIR3179-3, MIR3180-3, MIR3180-1, MIR3180-2, NPIPA1
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	17q12(34,450,350-34,477,480)x1	27	44	
	17q21.31(44,187,491-44,784,639)x3	597	108	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	22q11.22(23,146,338-23,258,369)x3	112	76	MIR650, IGLL5
	Xp21.1(31,527,032-31,536,878)x0	10	52	DMD
	Xp21.1(33,138,214-33,140,059)x0	2	40	DMD

	Xp21.2(29,341,336-29,371,359)x0	30	96	IL1RAPL1
	Yq11.223(25,501,749-25,608,967)x2	107	128	
	Yq11.223q11.23(25,848,006-26,311,128)x2	463	264	TTTY3, TTTY3B, CDY1B, CDY1
	Yq11.23(27,656,940-28,118,020)x2	461	208	CDY1B, CDY1, TTTY3, TTTY3B
	Yq11.23(28,354,259-28,665,435)x2	311	220	
	1q44(248,609,255-248,638,613)x1	29	30	OR2T2, OR2T3
	1q44(248,753,332-248,832,116)x4	79	61	OR2T10, OR2T11, OR2T35, OR2T27
	1p31.1(73,854,146-74,044,918)x3	191	148	
	3p21.31(46,793,071-46,849,166)x0	56	46	
	4q12(55,103,427-55,140,862)x3	37	96	PDGFRA
	5p15.33(1,256,058-1,267,416)x3	11	60	TERT
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
	9p21.2(27,180,812-27,232,588)x3	52	72	TEK
	9p21.2(27,234,306-27,296,595)x3	62	80	LINC00032, EQTN
	10p11.21(34,626,271-34,672,541)x1	46	43	PARD3
	10q23.31(89,629,309-89,679,074)x3	50	104	PTEN
1	11q25(134,386,724-134,725,897)x3	339	422	
0	11q11(55,374,018-55,452,996)x0	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
4	11p15.5(2,152,208-2,200,260)x3	48	52	INS-IGF2, IGF2, MIR483, IGF2-AS, INS, TH, MIR4686
	12q24.31(122,320,321-122,365,382)x3	45	60	HPD, PSMD9, WDR66
	12p12.3(19,467,158-19,576,282)x3	109	87	PLEKHA5
	12p12.2(20,934,449-20,986,691)x3	52	56	SLCO1B3
	12p13.33(2,235,940-2,260,012)x3	24	100	CACNA1C
	14q32.33(106,246,288-106,849,677)x4	603	222	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	14q32.33(107,150,443-107,179,594)x3	29	64	
	14q11.2(22,930,848-22,938,299)x1	7	34	
	17q11.1(25,598,630-25,626,155)x3	28	84	MIR4522, WSB1
	17q11.2(26,843,187-26,852,354)x1	9	25	FOXN1
	17q21.31(44,188,450-44,288,428)x3	100	100	KANSL1, KANSL1-AS1
	19q13.42(54,717,956-54,753,503)x1	36	39	LILRB3, LILRA6

	20q13.12(44,348,548-44,381,615)x1	33	48	SPINT4
	20p11.1(25,610,901-25,662,545)x3	52	119	ZNF337
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	Xp11.3(44,787,189-44,791,186)x1	4	28	KDM6A
	Xq21.33(94,334,825-94,413,841)x3	79	52	
	Xp22.11(21,964,077-21,977,221)x1	13	76	SMS
	Xp22.33(1,793,059-1,818,776)x3	26	52	
	Xq26.3(134,802,981-134,809,953)x1	7	40	
	Xq26.3(134,947,242-134,957,417)x1	10	26	CT45A5
	Xq27.2(140,641,814-140,783,042)x3	141	120	SPANXA2-OT1, SPANXA2, SPANXA1
	Xq27.1(139,803,243-139,808,475)x1	5	50	
	Yq11.21(14,959,039-14,996,799)x1	38	56	USP9Y
	Yp11.2(5,309,306-5,623,561)x1	314	194	PCDH11Y
	1q44(248,753,183-248,795,277)x1	42	58	OR2T10, OR2T11
	3p21.31(46,801,803-46,849,576)x1	48	46	
	3q27.3(186,412,847-186,422,122)x1	9	28	
	4p15.31(20,555,666-20,563,929)x1	8	36	SLIT2
	6p25.3(254,282-294,826)x1	41	87	DUSP22
	6q27(168,333,307-168,605,743)x3	272	274	MLLT4, HGC6.3, KIF25, FRMD1
	6q12(67,002,188-67,048,629)x1	46	32	
1	7q34(142,827,953-142,891,708)x1	64	82	PIP, TAS2R39
0	10q22.3(81,446,577-81,464,341)x1	18	28	BEND3P3, NUTM2B
6	11q24.2(125,075,287-125,088,314)x1	13	40	PKNOX2
	11p15.4(5,787,560-5,809,230)x1	22	45	OR52N5, OR52N1
	12p11.21(31,356,048-31,411,201)x3	55	56	
	12p13.33(2,235,940-2,257,908)x1	22	88	CACNA1C
	13q21.1(57,671,885-57,693,095)x1	21	26	
	14q32.33(106,206,397-106,530,460)x3	324	150	KIAA0125, ADAM6
	16p13.11(16,513,077-16,527,476)x3	14	81	
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5

	Xp21.3(24,984,867-24,986,237)x1	1	28	POLA1
	Xp22.31(7,303,312-7,329,173)x3	26	64	
	Xp22.33(562,074-565,906)x1	4	31	
	Xp22.33(1,597,720-1,599,859)x1	2	28	P2RY8
	Xp22.33(1,717,092-1,801,571)x4	85	121	AKAP17A, ASMT
	Xq28(147,574,234-147,587,965)x3	14	96	AFF2
	Xq28(154,009,349-154,030,436)x3	21	80	MPP1
	Xq26.3(134,718,783-134,739,030)x1	20	72	
	Xq26.3(134,870,852-134,891,198)x4	20	52	CT45A2, CT45A4, CT45A3
	Xq26.3(134,907,043-134,966,528)x4	59	168	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq26.3(135,884,787-135,887,035)x1	2	26	
	Xq26.3(136,774,256-136,784,885)x3	11	66	
	Xq27.1(138,829,026-138,839,449)x3	10	80	ATP11C
	1q21.3(152,761,941-152,773,905)x0	12	26	LCE1D
	3p21.31(46,801,803-46,849,576)x1	48	46	
	3p22.2(38,733,245-38,752,935)x1	20	35	SCN10A
	4q31.21(144,806,558-145,049,408)x3	243	60	GYPE, GYPB, GYPA
	5q35.3(180,378,753-180,430,789)x1	52	36	BTNL3
	6p25.3(257,048-294,826)x1	38	86	DUSP22
	6p25.3(294,910-380,993)x3	86	136	DUSP22
1	7q31.31(119,299,625-119,348,416)x1	49	26	
0	8p22(15,400,911-15,413,345)x1	12	25	TUSC3
7	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	10p11.21(34,626,725-34,670,662)x1	44	41	PARD3
	11p15.1(18,941,196-18,961,975)x1	21	60	MRGPRX1
	14q32.33(106,246,288-106,536,858)x3	291	146	KIAA0125, ADAM6
	14q32.33(107,150,443-107,179,546)x3	29	63	
	Xp22.33 or Yp11.32(532,444-539,768 or 482,4	7	64	
	Xp22.33 or Yp11.32(980,845-1,038,828 or 930	58	84	
	Xp22.33 or Yp11.32(2,388,353-2,396,540 or 2	8	60	DHRSX

	Xq26.3(134,718,783-134,739,030)x0	20	72	
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	3q26.1(165,037,280-165,085,386)x1	48	30	
	3p21.1(53,031,722-53,038,931)x1	7	36	SFMBT1
	5p13.1p12(42,486,051-42,705,697)x3	220	296	GHR
	7q21.11(78,801,754-78,857,007)x1	55	40	MAGI2
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.4(5,788,078-5,809,325)x1	21	45	OR52N5, OR52N1
1	13q31.1(81,925,911-81,982,979)x1	57	36	
0	14q32.33(106,206,397-106,777,210)x3	571	224	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
9	16p13.11(16,507,780-16,529,801)x3	22	100	
	17q21.31(44,190,670-44,784,639)x4	594	104	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5
	22q11.23q12.1(25,649,258-25,910,555)x3	261	80	IGLL3P, LRP5L, CRYBB2P1
	Xq27.1(139,059,289-139,060,154)x1	1	25	
	Xp22.33(1,793,055-1,818,776)x3	26	56	
	Xp22.33(2,368,250-2,382,544)x3	14	80	DHRSX
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
	Xp11.23(47,882,969-48,001,282)x3	118	94	ZNF630, SSX6, SPACA5, SPACA5B
	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x1	12	28	LCE1D
	1q31.3(196,827,841-196,877,037)x1	49	60	CFHR4
	3p21.1(53,031,722-53,038,931)x1	7	36	SFMBT1
1	5q35.2(174,164,662-174,180,445)x3	16	57	MIR4634
1	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
0	11p15.4(5,783,909-5,809,325)x1	25	49	OR52N5, OR52N1
	14q32.33(106,206,397-106,950,429)x3	744	276	KIAA0125, ADAM6, LINC00226, LINC00221
	14q23.3(67,050,176-67,084,602)x1	34	48	GPHN
	15q26.3(102,332,112-102,345,434)x4	13	55	
	15q26.3(102,351,998-102,368,156)x4	16	72	OR4F15

	17q12(36,243,780-36,404,136)x1	160	32	LOC284100, TBC1D3F, TBC1D3, LOC440434
	17q21.31(44,188,297-44,784,639)x3	596	107	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	22q11.22(23,124,497-23,221,865)x3	97	83	MIR650
	Xq27.1(139,059,289-139,060,224)x0	1	26	
	Xp22.33(1,460,237-1,525,741)x3	66	60	IL3RA, SLC25A6, ASMTL-AS1, ASMTL
	Xp22.31(7,037,574-7,058,341)x0	21	56	HDHD1
	Xq12(65,652,308-65,703,524)x1	51	36	
<b>1</b>	1p31.1(73,007,961-73,086,201)x1	78	54	
	1q31.3(196,838,922-196,913,251)x1	74	56	CFHR4, CFHR2
	3q12.2(100,340,054-100,442,497)x3	102	108	GPR128, TFG
	6q14.1(78,962,292-79,035,172)x0	73	27	
	7p14.1(38,319,295-38,391,352)x1	72	94	LOC100506776
	8q24.3(146,213,444-146,295,771)x3	82	68	ZNF252P, TMED10P1, ZNF252P-AS1, C8orf33
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	8p23.2(3,997,049-4,003,949)x1	7	36	CSMD1
	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12q23.1(99,795,759-99,798,721)x1	3	28	ANKS1B
	12p13.31(7,975,693-8,124,048)x3	148	100	SLC2A14, SLC2A3
	13q12.2(28,512,040-28,524,161)x3	12	52	ATP5EP2
	14q32.33(106,246,288-106,777,210)x3	531	218	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	14q11.2(22,505,306-22,940,138)x1	435	664	
	16q12.2(55,796,561-55,822,431)x1	26	30	CES1P1
	16p11.1q11.2(34,784,371-46,463,769)x3	11.679	380	RNA5SP411, FLJ26245
	17q21.31(44,212,823-44,784,639)x3	572	72	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
	Xq26.3(134,928,992-134,969,243)x4	40	106	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq22.3(107,110,721-107,148,750)x3	38	64	MID2
	Xp21.1(32,685,839-32,700,010)x1	14	56	DMD
	Xp21.2(29,319,579-29,347,245)x1	28	72	IL1RAPL1
<b>1</b>	2p25.3(193,990-224,086)x3	30	56	SH3YL1

<b>1</b>	3p11.1(89,394,609-89,419,363)x1	25	47	EPHA3
<b>3</b>	3p24.3(22,552,392-22,571,835)x1	19	25	
	3q21.2(125,708,696-125,721,738)x1	13	32	
	5q35.3(180,378,753-180,414,940)x1	36	27	
	5q35.3(180,416,781-180,483,095)x3	66	69	BTNL3, BTNL9
	5q35.2(174,164,615-174,188,004)x3	23	87	MIR4634
	6p11.2(57,232,790-58,145,220)x3	912	450	PRIM2
	6q14.1(78,962,580-79,035,161)x1	73	25	
	9p22.2(17,810,982-17,903,009)x1	92	80	
	11q11(55,374,018-55,452,996)x1	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12p13.2(11,217,009-11,251,920)x1	35	41	PRH1-PRR4, TAS2R43
	13q21.1(57,758,376-57,778,367)x1	20	32	
	14q32.33(106,246,288-106,728,149)x3	482	186	KIAA0125, ADAM6
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,553)x3	284	170	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	17q21.31(44,212,823-44,784,639)x4	572	72	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	22q11.22(23,063,020-23,204,989)x3	142	88	MIR650
	Xq28(153,334,715-153,342,757)x3	8	91	MECP2
	Xq26.1(129,375,241-129,376,465)x1	1	28	ZNF280C
	Xq25(128,552,847-128,566,325)x1	13	35	
	Xp22.33(1,024,439-1,101,193)x1	77	56	
	Xp22.33(2,370,777-2,382,544)x1	12	56	DHRSX
	Xq22.3(107,110,721-107,148,750)x3	38	64	MID2
<b>1</b>	3p21.1(53,031,722-53,039,204)x1	7	40	SFMBT1
	4q35.1(185,075,932-185,276,785)x1	201	156	ENPP6, LOC728175
	6p25.3(279,694-294,826)x1	15	40	DUSP22
	6p25.1(6,965,330-6,997,665)x1	32	40	
<b>1</b>	7q31.1(111,939,547-111,963,555)x1	24	28	ZNF277
<b>1</b>	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
<b>4</b>	11p15.1(18,941,196-18,961,975)x3	21	60	MRGPRX1
	12q23.1(99,791,800-99,798,721)x1	7	31	ANKS1B

	14q32.33(106,246,785-106,777,331)x3	531	218	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	16p13.11(16,509,230-16,529,801)x3	21	95	
	16p11.2p11.1(34,471,297-34,755,816)x3	285	172	LOC283914, LOC146481, LOC100130700
	17q12(34,440,082-34,477,480)x3	37	60	
	17q21.31(44,190,670-44,784,639)x4	594	104	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	Xq28(153,334,710-153,344,890)x3	10	96	MECP2
	Xq26.1(128,822,766-128,826,510)x1	4	56	
	Xp11.4(41,708,911-41,717,798)x1	9	37	CASK
	1p21.3(95,126,548-95,152,018)x1	25	30	
	1q44(248,753,183-248,794,396)x1	41	54	OR2T10, OR2T11
	1q42.2(233,722,456-233,754,237)x1	32	32	KCNK1
	3p21.31(46,801,803-46,849,576)x1	48	46	
	3q13.31(113,564,242-113,614,340)x1	50	48	GRAMD1C
	3p24.3(22,552,274-22,576,404)x1	24	28	
	5q33.1(150,205,040-150,231,489)x1	26	36	IRGM
	6p25.3(254,253-294,911)x1	41	89	DUSP22
	6q14.1(78,962,225-79,035,172)x1	73	28	
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
1	9p23(11,967,010-12,014,184)x1	47	30	
1	10p11.21(34,626,271-34,670,662)x1	44	42	PARD3
5	10q22.3(81,446,577-81,464,341)x1	18	28	BEND3P3, NUTM2B
	12p11.21(31,356,048-31,410,821)x3	55	54	
	12q23.1(99,795,723-99,798,721)x1	3	29	ANKS1B
	14q32.33(106,206,397-106,728,149)x3	522	192	KIAA0125, ADAM6
	14q21.2(44,501,160-44,532,098)x1	31	30	
	16q12.2(55,796,561-55,822,431)x1	26	30	CES1P1
	17q21.31(44,212,823-44,784,639)x3	572	72	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
	22q11.22(23,063,020-23,262,943)x3	200	100	MIR650, IGLL5
	Xp22.31(6,647,160-6,662,016)x0	15	84	
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1

	Xp11.4(40,461,558-40,475,174)x0	14	61	ATP6AP2
	Xp21.1(32,742,109-32,743,344)x0	1	32	DMD
	Xp21.1(33,138,214-33,140,059)x0	2	40	DMD
	Xp22.33 or Yp11.32(1,597,720-1,600,439 or 1	3	36	P2RY8
	Xq27.1(139,493,805-139,504,489)x0	11	60	
<b>1</b> <b>1</b> <b>6</b>	1p13.3(111,376,206-111,393,284)x1	17	36	
	1q21.3(152,761,941-152,773,905)x0	12	26	LCE1D
	2p22.1(40,323,863-40,453,794)x3	130	164	SLC8A1-AS1, SLC8A1
	3q26.1(161,874,299-161,953,125)x3	79	64	
	4q13.2(69,362,572-69,485,827)x1	123	50	TMPRSS11E, UGT2B17
	6q26(163,068,059-163,099,484)x1	31	36	PARK2
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	9p21.2(26,079,174-26,256,207)x3	177	101	LOC100506422
	10p11.21(34,626,271-34,672,541)x1	46	43	PARD3
	11p15.4(5,786,007-5,809,477)x1	23	50	OR52N5, OR52N1
	14q32.33(106,246,713-106,717,343)x3	471	177	KIAA0125, ADAM6
	17q21.31(44,188,450-44,288,442)x3	100	101	KANSL1, KANSL1-AS1
	22q11.22(23,063,020-23,210,365)x3	147	92	MIR650
<b>1</b> <b>1</b> <b>7</b>	Xp22.31(7,684,969-7,696,029)x0	11	48	
	Xp22.33 or Yp11.32(528,521-535,760 or 478,5	7	60	
	Xp22.33 or Yp11.32(1,024,439-1,101,193 or 9	77	56	
	Xp22.33 or Yp11.32(2,390,402-2,392,216 or 2	2	28	DHRSX
	1p13.3(111,377,002-111,393,284)x1	16	35	
	3q26.31(173,239,852-173,300,180)x3	60	52	NLGN1
	3p21.1(53,031,722-53,038,931)x0	7	36	SFMBT1
	4p16.3(3,912,676-4,089,256)x1	177	68	FAM86EP
	4q32.3(164,657,344-164,679,674)x1	22	26	MARCH1
	5p13.3(32,109,541-32,171,896)x3	62	64	PDZD2, GOLPH3
	5q35.3(180,378,753-180,430,789)x1	52	36	BTNL3
	5q35.2(174,164,684-174,179,950)x3	15	52	MIR4634

---

	6p25.3(290,437-380,808)x3	90	162	DUSP22
	6q12(67,004,972-67,051,189)x1	46	32	
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	9p23(11,934,221-12,004,346)x1	70	39	
	11q11(54,965,374-55,037,828)x1	72	52	TRIM48
	13q21.1(57,750,940-57,778,238)x1	27	38	
	14q32.33(106,206,397-106,536,858)x3	330	152	KIAA0125, ADAM6
	17q12(34,440,088-34,477,480)x3	37	59	
	20q13.2(52,644,753-52,658,593)x1	14	36	BCAS1
	22q11.22(23,124,497-23,262,943)x3	138	88	MIR650, IGLL5
	Xp21.1(32,742,109-32,745,390)x1	3	44	DMD
	Xp22.33(517,225-535,225)x1	18	78	
	Xp22.33(980,845-995,025)x1	14	31	
	Xp22.33(2,389,776-2,392,216)x1	2	31	DHRSX
	Xq28(154,908,921-154,946,935)x1	38	37	
	Xq26.3(134,931,784-134,962,487)x1	31	64	CT45A4, CT45A5
	Xq26.1(129,375,241-129,376,465)x1	1	28	ZNF280C
	Xq27.1(139,797,048-139,799,439)x1	2	36	
<b>1</b> <b>1</b> <b>8</b>	1q44(248,753,332-248,795,277)x1	42	56	OR2T10, OR2T11
	1q21.3(152,761,994-152,773,905)x1	12	25	LCE1D
	2q32.3(194,908,560-194,987,880)x1	79	44	
	3p21.31(46,783,174-46,849,576)x1	66	60	PRSS45
	7p21.3(8,824,416-8,865,997)x1	42	40	
	8q24.23(137,682,551-137,862,435)x1	180	118	
	8p22(18,851,526-18,866,227)x1	15	36	PSD3
	11q25(134,344,842-134,719,069)x3	374	460	LOC283177
	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	14q32.33(106,251,082-106,746,713)x3	495	190	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	15q25.1(79,548,180-79,553,834)x1	6	26	LOC729911
	16q12.2(55,796,375-55,822,431)x1	27	32	CES1P1

	18q23(77,713,438-77,843,643)x3	130	130	HSBP1L1, TXNL4A, RBFA, RBFADN
	19p13.12(15,780,040-15,833,442)x3	53	64	CYP4F12
	Xp22.31(8,189,822-8,189,966)x1	0,5	25	
	Xp21.3(29,114,200-29,118,737)x1	5	35	IL1RAPL1
	Xq13.3(75,668,406-75,668,939)x1	1	33	
	Xp21.2(29,318,639-29,342,203)x1	24	72	IL1RAPL1
	Xp22.33(168,546-170,421)x1	2	28	
	Xp22.33(287,730-491,934)x3	204	260	PPP2R3B
	Xp22.33(553,069-565,815)x1	13	32	
	Xp22.33(1,597,720-1,599,901)x1	2	32	P2RY8
	Xp22.33(2,464,819-2,469,294)x1	4	26	
	Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x4	38	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
	Xq26.1(129,375,241-129,376,465)x1	1	28	ZNF280C
	1p21.1(106,168,464-106,211,846)x1	43	26	
	5p15.2(9,897,966-9,926,275)x1	28	36	LOC285692
	5p15.2(13,790,599-14,180,370)x3	390	489	DNAH5, TRIO
	6q14.1(78,962,225-79,035,161)x1	73	27	
	7p21.1(20,457,973-20,544,056)x1	86	60	
	8q22.1(95,398,025-95,424,814)x1	27	28	RAD54B
	10q26.3(135,357,401-135,427,143)x3	70	81	SYCE1, SPRNP1
1	11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
1	11p15.4(5,786,007-5,809,230)x1	23	47	OR52N5, OR52N1
9	12q23.1(99,795,759-99,798,721)x1	3	28	ANKS1B
	12p13.33(2,246,085-2,257,908)x1	12	82	CACNA1C
	13q21.33(70,922,262-70,977,819)x3	56	72	
	14q32.33(106,206,397-106,890,795)x3	684	243	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
	16p13.11(15,986,121-16,025,096)x3	39	84	
	17q21.31(44,190,670-44,288,442)x3	98	100	KANSL1, KANSL1-AS1
	18p11.32(993,636-1,048,983)x1	55	48	
	22q11.22(23,124,497-23,258,369)x3	134	84	MIR650, IGLL5

	Xq26.2(132,432,998-132,440,801)x4	8	97	GPC4
	Xq26.3(134,940,202-134,966,528)x4	26	76	CT45A5, CT45A6
	Xq27.1(139,493,805-139,504,489)x1	11	60	
	1p36.33(1,627,905-1,688,045)x1	60	44	CDK11B, MMP23A, CDK11A, SLC35E2, NADK
	1p11.2(121,137,161-121,339,317)x3	202	144	EMBP1
	1p36.11(25,573,433-25,760,095)x1	287	52	C1orf63, RHD, TMEM50A, RHCE, TMEM57
	2p25.3(189,980-224,470)x3	34	76	SH3YL1
	3p21.31(46,802,231-46,849,576)x1	47	44	
	3q22.3(135,913,244-135,974,401)x1	61	60	MSL2, PCCB
	5q35.3(180,378,753-180,430,789)x1	52	36	BTNL3
	5q35.2(174,170,077-174,180,445)x3	10	53	MIR4634
	7p22.3(120,260-158,615)x1	38	68	
	7p15.2(27,211,651-27,249,665)x1	38	36	HOXA10-HOXA9, HOXA10, HOXA11, HOXA11-AS, HOXA13, HOTTIP
1	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x0	140	76	ADAM5, ADAM3A
2	9p23(11,712,854-11,806,965)x1	94	64	
1	9p23(12,101,639-12,180,567)x1	79	49	
	10q11.21(42,966,713-42,987,904)x1	21	28	LINC00839
	14q32.33(106,251,082-106,536,858)x3	286	142	KIAA0125, ADAM6
	14q32.33(106,560,962-106,948,691)x3	388	108	LINC00226, LINC00221
	16p13.3(2,130,808-2,237,833)x1	107	48	TSC2, PKD1, MIR1225, MIR4516, MIR3180-5, RAB26, SNORD60, TRAF7, CASKIN1
	22q13.33(51,168,366-51,171,538)x1	3	32	SHANK3
	22q11.23q12.1(25,656,237-25,925,641)x1	269	76	IGLL3P, LRP5L, CRYBB2P1
	Xp22.31(7,124,020-7,144,534)x3	21	52	STS
	Xp11.4(41,772,919-41,774,176)x1	1	25	CASK
	Xp22.33(614,925-650,434)x3	36	87	SHOX
	Xp22.33(2,370,149-2,382,544)x1	12	60	DHRSX
	Xq23(115,133,388-115,156,164)x1	23	36	
1	1q21.3(152,762,032-152,778,861)x1	17	28	LCE1D, LCE1C
2	3p25.2(12,629,885-12,803,254)x3	173	432	RAF1, TMEM40

3p11.1(89,387,087-89,416,364)x1	29	47	EPHA3
3p21.31(46,801,991-46,849,576)x1	48	45	
3p21.1(53,031,722-53,039,204)x1	7	40	SFMBT1
5p13.3(32,109,541-32,170,613)x3	61	60	PDZD2, GOLPH3
6q16.1(95,489,305-95,584,484)x1	95	65	
7q31.33(123,817,629-123,983,686)x1	166	123	
7q31.33(125,591,654-125,913,114)x1	321	228	
9p23(11,988,677-12,038,050)x1	49	32	
10q11.21(45,215,161-45,366,907)x3	152	111	TMEM72-AS1
12q23.1(99,795,759-99,798,721)x1	3	28	ANKS1B
13q31.1(84,101,177-84,155,572)x1	54	52	
13q13.3(38,070,015-38,113,107)x1	43	52	LINC00547
14q32.33(106,227,153-106,968,521)x3	741	284	KIAA0125, ADAM6, LINC00226, LINC00221
14q32.33(107,150,443-107,179,594)x3	29	64	
17q12(36,243,780-36,404,136)x1	160	32	LOC284100, TBC1D3F, TBC1D3, LOC440434
17q21.31(44,190,670-44,292,742)x3	102	103	KANSL1, KANSL1-AS1
19p12(20,829,412-20,973,420)x3	144	128	ZNF626
Xp21.1(31,527,032-31,527,375)x1	0,5	26	DMD
Xp21.1(32,547,454-32,553,753)x1	6	40	DMD
Xp21.2(29,319,579-29,347,245)x1	28	72	IL1RAPL1
Xp22.33(911,215-1,262,195)x3	351	376	
Xp22.33(1,787,488-1,795,199)x0	8	34	
Xq28(147,313,168-147,325,589)x3	12	52	
Xq24(120,009,891-120,090,575)x1	81	32	CT47A4, CT47A1, CT47A5, CT47A11, CT47A3, CT47A9, CT47A2, CT47A12, CT47A8, CT47A10, CT47A6, CT47A7
1q44(247,824,375-248,287,776)x3	463	580	OR13G1, OR6F1, OR1C1, OR14A16, OR11L1, TRIM58, OR2W3, OR2T8, OR2L13, OR2L8, OR2AK2, OR2L1P, OR2L5, OR2L2, OR2L3, OR2M1P
1q44(248,753,332-248,794,396)x1	41	52	OR2T10, OR2T11
1q42.2(231,924,087-231,956,727)x3	33	56	TSNAX-DISC1, DISC1, DISC2
1q21.3(152,761,910-152,773,905)x0	12	28	LCE1D
1p36.11(25,573,433-25,760,095)x1	187	52	C1orf63, RHD, TMEM50A, RHCE, TMEM57

1  
2  
3

1q31.3(196,827,841-196,877,037)x1	49	60	CFHR4
2p25.3(189,980-224,086)x3	34	72	SH3YL1
2q31.1(177,111,961-177,135,544)x1	24	28	MTX2
3q26.1(165,041,534-165,085,386)x1	44	28	
3q26.31(173,239,852-173,300,180)x3	60	52	NLGN1
4q13.2(69,366,692-69,540,427)x3	174	57	UGT2B17, UGT2B15
5q35.3(180,378,753-180,430,789)x1	52	36	BTNL3
5q35.2(174,146,726-174,180,445)x3	34	72	MSX2, MIR4634
5q33.1(150,203,406-150,218,591)x1	15	25	
6p25.3(254,175-302,184)x1	48	91	DUSP22
6q14.1(78,969,091-79,041,633)x1	73	25	
8q24.23(137,682,509-137,862,435)x1	180	119	
8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
11q25(134,348,703-134,719,852)x3	371	460	LOC283177
11p15.1(18,941,196-18,961,600)x3	20	56	MRGPRX1
11p15.4(5,787,560-5,809,230)x1	22	45	OR52N5, OR52N1
11p15.4(7,809,665-7,837,000)x1	27	25	OR5P2
12p13.2(11,216,816-11,251,920)x1	35	42	PRH1-PRR4, TAS2R43
12q24.12q24.13(112,185,842-112,314,199)x3	128	125	ACAD10, ALDH2, MAPKAPK5-AS1, MAPKAPK5
13q21.1(57,758,376-57,776,590)x1	18	28	
14q32.33(106,251,486-106,777,331)x3	526	214	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
15q11.2(23,033,660-23,042,167)x1	9	30	NIPA2
16p12.3(20,464,518-20,488,107)x1	24	32	ACSM2A
16p13.11(14,927,408-15,053,870)x1	126	36	NOMO1, MIR3179-3, MIR3179-2, MIR3179-1, MIR3180-3, MIR3180-1, MIR3180-2, NPIPA1
16p11.2(33,596,761-33,745,404)x1	149	26	
22q11.22(23,147,142-23,258,369)x3	111	74	MIR650, IGLL5
Xp21.3(29,275,904-29,279,673)x1	4	28	IL1RAPL1
Xp21.1(31,527,032-31,539,682)x1	13	60	DMD
Xp22.33(1,024,439-1,103,492)x1	79	72	
Xq28(147,115,311-147,115,814)x1	1	28	

	Xq28(148,251,706-148,256,358)x1	5	37	
	Xq26.1(129,369,014-129,376,402)x1	7	44	ZNF280C
	Xq27.1(138,385,937-138,399,057)x1	13	76	
	Xq27.1(139,059,289-139,066,455)x1	7	51	
	Xq24(120,005,084-120,090,575)x1	85	36	CT47B1, CT47A4, CT47A1, CT47A5, CT47A11, CT47A3, CT47A9, CT47A2, CT47A12, CT47A8, CT47A10, CT47A6, CT47A7
	Xq25(123,063,566-123,081,985)x1	18	48	
	2q21.1(130,761,943-130,820,823)x1	59	34	LOC440905
	3q21.2(125,712,256-125,721,738)x1	9	30	
	3q27.3(186,406,316-186,417,775)x1	11	25	
	7q36.3(158,198,277-158,626,229)x3	428	444	PTPRN2, MIR595, MIR5707, NCAPG2, ESYT2
	8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	140	76	ADAM5, ADAM3A
	11q11(55,374,018-55,452,996)x0	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	12q12(38,921,383-38,923,617)x1	2	28	
	12p13.33(2,235,940-2,257,908)x1	22	88	CACNA1C
1	14q32.33(106,251,147-106,849,677)x3	599	217	KIAA0125, ADAM6, LINC00226
2	14q32.33(107,150,443-107,184,184)x3	34	66	
4	15q11.2(23,290,862-23,682,708)x1	392	48	HERC2P2, HERC2P7, GOLGA8EP, LOC440243, GOLGA8S
	17q21.31(44,190,670-44,292,319)x3	102	101	KANSL1, KANSL1-AS1
	22q11.22(23,063,020-23,258,369)x3	195	96	MIR650, IGLL5
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
	Xp22.33 or Yp11.32(1,422,849-1,506,597 or 1	84	41	CSF2RA, IL3RA, SLC25A6
	Xp22.33 or Yp11.32(2,365,822-2,370,108 or 2	4	28	DHRSX
	Xp22.33 or Yp11.32(2,370,149-2,376,488 or 2	6	32	DHRSX
	Xq28(148,251,249-148,256,357)x0	5	40	
	Xq26.3(134,754,597-134,802,928)x2	48	156	
1	2p16.1(58,467,605-58,576,019)x1	108	68	FANCL
2	3p21.31(46,793,071-46,849,576)x0	57	48	
5	4q21.21(79,276,975-79,326,031)x1	49	60	FRAS1
	5q35.3(180,378,753-180,430,789)x1	52	36	BTNL3

	5q35.1(169,346,803-169,400,124)x3	53	68	DOCK2, FAM196B
	6p22.1(29,839,321-29,921,739)x1	82	33	HLA-H, HCG4B, HLA-A
	10q21.3(69,361,490-69,453,675)x3	92	78	CTNNA3
	10q23.31(92,836,762-92,868,734)x1	32	26	
	11q11(55,374,018-55,452,996)x1	79	100	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.4(5,788,078-5,809,230)x1	21	44	OR52N5, OR52N1
	12p13.2(11,503,224-11,578,400)x1	75	28	PRB1, PRB2
	12p11.23(27,646,150-27,659,531)x1	13	28	SMCO2
	12q23.1(99,795,454-99,798,721)x1	3	30	ANKS1B
	13q21.1(57,758,275-57,778,238)x0	20	34	
	14q32.33(106,258,855-106,709,974)x3	451	156	KIAA0125, ADAM6
	Xq26.3(134,870,852-134,891,198)x2	20	52	CT45A2, CT45A4, CT45A3
	Xq24(119,035,143-119,057,524)x2	22	84	AKAP14
	Xp22.31(7,685,332-7,696,029)x0	11	46	
	Xp21.3(29,160,655-29,174,711)x0	14	56	IL1RAPL1
	Xp22.33 or Yp11.32(354,464-480,910 or 304,4	126	112	
	Xp22.33 or Yp11.32(1,793,055-1,801,365 or 1	8	32	
	3p21.31(46,792,648-46,849,576)x0	57	50	
	4q21.21(79,276,975-79,326,031)x1	49	60	FRAS1 (607830)
	6p22.1(29,864,508-29,899,737)x1	35	25	
	8p23.2(3,997,049-4,003,949)x1	7	36	CSMD1 (608397)
1	12p11.23(27,647,844-27,659,531)x1	12	26	
2	12p13.33(2,235,940-2,257,908)x1	22	88	CACNA1C (114205)
6	13q21.1(57,758,275-57,775,204)x1	17	29	
	13q31.1(84,101,177-84,155,572)x1	54	52	
	14q32.33(106,246,288-106,530,460)x3	284	144	
	Xp22.32(4,718,199-4,819,652)x3	101	66	
	Xq28(148,498,076-148,501,355)x1	3	64	
	Xq28(152,389,835-152,559,823)x3	170	363	MAGEA1 (300016)

	Xq26.3(136,774,357-136,784,834)x3	10	60	
	Xq27.1(139,059,289-139,066,966)x1	8	52	
	Xp22.33(354,464-401,509)x3	47	64	
	Xp22.33(2,300,002-2,302,256)x1	2	36	
	Xp22.33(2,880,340-2,893,170)x1	13	32	ARSE (300180)
1 2 7	1q21.3(152,761,910-152,773,905)x0	12	28	LCE1D
	3q29(197,212,659-197,314,810)x1	102	76	BDH1
	4q13.2(69,435,888-69,540,420)x1	105	48	UGT2B15
	7q34(142,470,489-142,485,273)x1	15	32	PRSS3P2, PRSS2
	10q11.22(46,996,611-47,149,411)x1	153	192	GPRIN2, NPY4R, LINC00842, HNRNPA1P33
	11q11(55,402,800-55,452,996)x1	50	76	OR4P4, OR4S2, OR4C6
	11p15.4(5,788,078-5,809,230)x1	21	44	OR52N5, OR52N1
	14q32.33(106,227,153-106,536,858)x3	310	148	KIAA0125, ADAM6
	14q32.33(107,150,443-107,179,594)x3	29	64	
	16p13.11(14,927,408-15,053,870)x1	126	36	NOMO1, MIR3179-1, MIR3179-3, MIR3179-2, MIR3180-1, MIR3180-3, MIR3180-2, NPIPA1
	17q21.31(44,212,823-44,276,618)x3	64	64	KANSL1, KANSL1-AS1
	18p11.32(1,905,134-1,980,668)x1	76	76	
	22q11.21(18,649,189-19,004,772)x3	356	52	USP18, GGT3P, DGCR6, PRODH, DGCR5
	Xq27.1(139,493,373-139,504,489)x1	11	76	
	Xq24(120,009,891-120,121,829)x1	112	51	CT47A10, CT47A5, CT47A3, CT47A4, CT47A8, CT47A11, CT47A1, CT47A2, CT47A9, CT47A12, CT47A6, CT47A7
1 2 8	Xq25(125,090,339-125,292,296)x1	202	120	
	Xq11.2q12(64,404,338-64,613,511)x1	209	76	
	Xq12(65,078,305-65,192,012)x1	114	36	
	Xp21.1(32,683,887-32,690,930)x1	7	28	DMD
	Xp21.1(32,742,109-32,743,393)x1	1	36	DMD
	Xp21.2(29,319,446-29,342,200)x1	23	69	IL1RAPL1
	Yp11.2(5,543,024-5,670,611)x1	128	71	PCDH11Y
	1q42.2(231,911,570-231,966,784)x3	55	124	TSNAX-DISC1, DISC1, DISC2
	3p11.1(89,394,609-89,419,908)x1	25	51	EPHA3

---

3p21.31(47,478,496-47,549,370)x1	71	33	SCAP, ELP6
3p24.3(22,686,952-22,758,871)x3	72	50	
5q35.3(180,378,753-180,414,940)x1	36	27	
5q35.2(174,147,093-174,181,588)x3	34	68	MSX2, MIR4634
6q12(67,004,972-67,051,189)x1	46	32	
7p21.3(8,824,416-8,865,997)x1	42	40	
8p23.2(3,756,823-3,820,250)x3	63	108	CSMD1
9p24.3(517,445-526,980)x1	10	26	KANK1
10q26.3(133,960,156-134,011,477)x3	51	52	JAKMIP3, DPYSL4
11q11(55,374,175-55,452,996)x1	79	96	OR4P4, OR4S2, OR4C6
11p15.4(5,788,078-5,809,230)x0	21	44	OR52N5, OR52N1
12p13.2(11,216,816-11,251,920)x1	35	42	PRH1-PRR4, TAS2R43
12p13.2(11,496,807-11,564,511)x1	68	28	PRB1, PRB2
14q32.33(106,246,288-106,536,858)x3	291	146	KIAA0125, ADAM6
14q32.33(106,667,114-106,849,677)x3	183	62	LINC00226
14q32.33(107,150,443-107,179,594)x3	29	64	
15q11.2(23,033,660-23,042,109)x1	8	28	NIPA2
15q13.1(28,325,565-28,334,969)x1	9	32	OCA2
17q12(36,243,780-36,404,136)x1	160	32	LOC284100, TBC1D3F, TBC1D3, LOC440434
17q21.31(43,569,656-43,655,331)x1	86	26	LRRC37A4P
17q21.31(44,212,823-44,784,639)x4	572	72	KANSL1, KANSL1-AS1, LRRC37A, ARL17A, ARL17B, NSFP1, LRRC37A2, NSF
18q22.3(72,414,491-72,422,497)x1	8	36	ZNF407
22q13.33(50,506,472-50,535,100)x1	29	32	MLC1, MOV10L1
22q11.22(23,146,338-23,258,369)x3	112	76	MIR650, IGLL5
Xq28(147,317,018-147,325,589)x1	9	44	
Xq27.1(139,059,289-139,066,966)x1	8	52	
Xq24(120,005,084-120,090,575)x1	85	36	CT47B1, CT47A10, CT47A5, CT47A3, CT47A4, CT47A8, CT47A11, CT47A1, CT47A2, CT47A9, CT47A12, CT47A6, CT47A7
Xq23(110,356,320-110,356,593)x1	0,5	26	PAK3
Xp21.3(29,275,904-29,279,673)x1	4	28	IL1RAPL1
Xp22.33(470,197-516,865)x3	47	60	

---

---

Xp22.33(534,997-539,660)x4	5	52	
Xp22.33(1,024,439-1,101,193)x1	77	56	
Xp11.1q11.1(58,504,116-61,877,279)x1	3.373	28	
1q42.2(231,911,361-231,966,784)x3	55	126	TSNAX-DISC1, DISC1, DISC2
2p25.3(185,234-252,254)x3	67	140	SH3YL1
2p25.1(7,584,481-7,657,607)x3	73	62	LOC100506274
3q11.2(96,625,317-96,682,429)x1	57	52	EPHA6
3q12.2(100,340,054-100,448,183)x3	08	116	GPR128, TFG
5q35.2(174,144,014-174,177,347)x3	33	60	MSX2
8p11.22(39,247,097-39,386,952)x1	40	76	ADAM5, ADAM3A
10p15.3(514,137-572,906)x3	59	82	DIP2C
10q22.3(81,446,577-81,464,341)x1	18	28	BEND3P3, NUTM2B
11q11(55,032,006-55,045,842)x1	14	32	TRIM48
11p15.4(5,788,078-5,809,230)x1	21	44	OR52N5, OR52N1
14q32.33(106,258,811-106,728,149)x3	69	173	KIAA0125, ADAM6
15q11.2(25,420,014-25,430,243)x1	10	28	SNORD115-3, SNORD115-4, SNORD115-5, SNORD115-10, SNORD115-9, SNORD115-12, SNORD115-6, SNORD115-7, SNORD115-8
16p13.3(2,130,808-2,161,281)x1	30	32	TSC2, PKD1, MIR1225
17q21.31(44,212,823-44,276,618)x3	64	64	KANSL1, KANSL1-AS1
18p11.21(14,071,521-14,236,845)x1	65	92	ZNF519, ANKRD20A5P
19p12(20,598,429-20,720,705)x1	22	84	ZNF826P
19q11(28,294,465-28,317,527)x1	23	61	
Xq27.3(146,839,392-146,849,243)x0	10	48	
Xq28(148,874,915-149,028,747)x2	54	362	MAGEA8-AS1, MAGEA8
Xq28(153,325,529-153,335,831)x2	10	52	MECP2
Xq26.3(134,928,992-134,966,528)x3	37	104	CT45A4, CT45A5, CT45A6
Xq24(118,864,978-118,878,073)x2	13	72	
Xp22.33 or Yp11.32(614,934-644,456 or 564,9	30	57	SHOX
Xp22.33 or Yp11.32(1,240,318-1,411,818 or 1	71	124	
Yq11.223(22,230,610-22,355,769)x0	25	36	CRLF2, CSF2RA

---

		36	
	1q44(248,753,202-248,828,223)x1	75	59
	1q42.2(231,911,281-231,966,834)x3	56	130
	2p25.3(189,980-224,192)x3	34	74
	3q28(189,363,665-189,364,627)x1	1	30
	3q22.3(135,913,244-135,974,401)x1	61	60
	5q22.2(112,664,851-112,819,027)x1	154	212
	5q35.2(174,144,014-174,180,445)x3	36	76
	5p15.33(1,268,506-1,274,439)x1	6	28
	6p25.3(254,282-346,085)x1	92	135
	6p22.1(29,839,321-29,899,737)x1	60	27
	9q33.2(125,177,343-125,362,301)x3	185	200
	11q11(55,376,497-55,452,996)x1	76	92
1	11p15.1(18,941,196-18,961,600)x3	20	56
3	11p15.1(21,191,288-21,211,973)x1	21	46
0	12p13.2(11,496,807-11,564,511)x1	68	28
	13q31.1(84,101,177-84,155,572)x1	54	52
	14q32.33(106,251,082-106,728,149)x3	477	182
	14q11.2(22,682,055-22,938,720)x1	257	385
	15q11.2(23,033,660-23,042,109)x1	8	28
	15q13.1(28,325,565-28,334,969)x1	9	32
	15q13.1(28,534,308-28,709,715)x1	175	34
	16p13.11(14,927,408-15,053,868)x1	126	34
	16p11.2(32,588,891-32,878,322)x1	289	27
	16p11.2(33,596,761-33,774,616)x1	178	52
	19q13.2(41,356,459-41,385,370)x1	29	43
	22q13.33(51,106,757-51,120,077)x1	13	34
	22q13.33(51,150,918-51,156,890)x3	6	68
	22q11.22(23,146,338-23,258,369)x3	112	76
	Xq28(153,322,172-153,335,310)x3	13	68

---

Xq24(120,005,084-120,090,579)x1	85	37	CT47B1, CT47A10, CT47A5, CT47A3, CT47A4, CT47A8, CT47A11, CT47A1, CT47A2, CT47A9, CT47A12, CT47A6, CT47A7
Xq23(110,356,320-110,356,592)x1	0,5	25	PAK3
Xp22.2(12,913,940-12,953,048)x1	39	44	TLR8-AS1, TLR8
Xp22.31(6,607,094-6,611,469)x1	4	76	
Xp21.3(29,275,904-29,279,673)x1	4	28	IL1RAPL1
Xp11.23(48,871,673-48,883,857)x1	12	28	
Xp21.1(32,683,880-32,690,930)x1	7	29	DMD
Xp21.1(33,287,430-33,293,929)x1	6	28	DMD
Xp21.1(35,714,100-35,822,212)x1	108	88	MAGEB16
Xp22.33(629,993-665,434)x3	35	89	

---



## Apêndice 2. Aceite do comitê de ética.

 <p>CEP, 24/11/09. (Grupo III)</p> <p><b>PARECER CEP:</b> N° 920/2007 (Este n° deve ser citado nas correspondências referente a este projeto) <b>CAAE:</b> 0669.0.146.000-07</p> <p><b>I - IDENTIFICAÇÃO:</b></p> <p><b>PROJETO:</b> "DETERMINAÇÃO DE MARCADORES SÉRICOS E DO LÍQUOR ASSOCIADOS A ALTERAÇÕES ESTRUTURAIS E FUNCIONAIS DO SISTEMA NERVOSO CENTRAL NO LÚPUS ERITEMATOSO SISTÊMICO" (ADENDO).</p> <p><b>PESQUISADOR RESPONSÁVEL:</b> Simone Appenzeller  <b>INSTITUIÇÃO:</b> Hospital das Clínicas/UNICAMP  <b>APRESENTAÇÃO AO CEP:</b> 04/12/2007  <b>APRESENTAR RELATÓRIO EM:</b> 24/11/10 (O formulário encontra-se no site acima)</p> <p><b>II - OBJETIVOS</b></p> <p>Determinar marcadores sanguíneos e de líquor que possam predizer alterações na ressonância magnética (RM) em pacientes com lúpus eritematoso sistêmico (LES) neuropsiquiátrico adulto e de inicio na infância, e correlacionar os achados com manifestações clínicas, laboratoriais e de tratamento. Avaliar a presença de síndrome metabólica. Verificar a prevalência dos autoanticorpos e sua associação com manifestações do SNC e alterações de ressonância magnética no LES adulto. Determinar a associação de agentes infecciosos e as manifestações do SNC e comparar com dados de outros países.</p> <p><b>III - SUMÁRIO</b></p> <p>Trata-se de um estudo prospectivo, aberto e com dois grupos controle. Serão selecionados 100 pacientes consecutivos com LES acompanhados no ambulatório de Reumatologia. O diagnóstico para inclusão será realizado com base nos critérios estabelecidos pelo ACR(54). Serão excluídos os pacientes que não têm diagnóstico de LES, apresentam contra-indicações para realização dos exames e pacientes com claustrofobia. O grupo controle será constituído por 50 voluntários saudáveis com idade e distribuição de gênero semelhante ao grupo experimental. Serão excluídos os voluntários com hipertensão arterial sistêmica, diabetes mellitus, AVC prévio e pessoas com qualquer outra patologia que possa dificultar a interpretação adequada dos resultados. Um segundo grupo controle será constituído por familiares de primeiro grau dos pacientes. Serão realizados os seguintes exames: ressonância magnética (de modo geral, uma vez por ano), coleta de sangue (a cada visita) e de líquor (este, no caso de necessidade de indicação clínica). Também serão consultados os prentuários dos pacientes. O paciente será avaliado na consulta de diagnóstico e a cada 4 meses, nos retornos. Para a avaliação metabólica serão realizadas as medidas de circunferência abdominal e de quadril, peso, altura, colesterol e frações, glicemia (dados de prentuário). Serão aplicados questionários durante a espera para consulta e/ou ressonância. Em adultos serão: i. Qualidade de vida: associado o Questionário de Qualidade de Vida em Lúpus Eritematoso Sistêmico; ii. Atividade de doença: associado à Versão Portuguesa</p>	<p>FACULDADE DE CIÊNCIAS MÉDICAS COMITÉ DE ÉTICA EM PESQUISA</p> <p><a href="http://www.fcm.unicamp.br/pesquisa/etica/index.html">www.fcm.unicamp.br/pesquisa/etica/index.html</a></p>
--	--

---

Comitê de Ética em Pesquisa - UNICAMP  
Rua: Tenente Vieira de Carvalho, 126  
Caixa Postal 6111  
13084-971 Campinas - SP

TEL: (19) 3521-8936  
FAX: (19) 3521-7187  
cep@fcm.unicamp.br

- 1 -



**FACULDADE DE CIÊNCIAS MÉDICAS  
COMITÉ DE ÉTICA EM PESQUISA**

[www.fcm.unicamp.br/pesquisa/etica/index.html](http://www.fcm.unicamp.br/pesquisa/etica/index.html)

do Systemic Lupus Erythematosus Symptom Checklist (SSC); iii. Sexualidade: Short Personal Experiences Questionnaire (SPEQ) validado para o português; iv. Sono: Índice de qualidade de sono de Pittsburg; v. Ansiedade: Escala de ansiedade de Beck no lugar do Hospital anxiety and depression scale; vi. Fadiga: Escala de Severidade da Fadiga (FSS); vii. Stress: Inventário de Sintomas de Stress para adultos de Lipp (ISSL); viii. Imagem corporal: Questionário de evitação da imagem corporal; ix. Aderência corporal: Questionário elaborado especificamente para este fim; x. Estigma: uma escala elaborada especificamente para este fim; xi. Critérios de padrão de classificação econômica Brasil/2008 pela ABEP. Em Crianças (preenchido com auxílio dos pais e adolescentes): i. Qualidade de vida: associado o Questionário de Qualidade de vida em Lupus Eritematoso Sistêmico juvenil (SMILEY) e Questionário pediátrico sobre qualidade de vida; ii. Atividade de doença: associado à Versão Portuguesa do Systemic Lupus Erythematosus Symptom Checklist (SSC); iii. Sexualidade (somente para adolescentes): Short Personal Experiences Questionnaire (SPEQ) validado para português; iv. Sono: Índice de qualidade de sono Pittsburg; v. Ansiedade: Escala de ansiedade de Beck no lugar do Hospital anxiety and depression scale; vi. Depressão: Inventário de Depressão Infantil (CDI); vii. Fadiga: Escala de Severidade da Fadiga infantil (FSSk); viii. Stress: Inventário de Sintomas de Stress infantil; ix. Imagem corporal: Questionário de evitação da imagem corporal; x. Aderência medicamentosa: questionário elaborado especificamente para este fim; xi. Estigma: uma escala elaborada especificamente para este fim; xii. Critérios de padrão de classificação econômica Brasil/2008 pela ABEP. Os testes modificados na avaliação cognitiva: Inventário de Preferência Lateral de Edimburgo; Escala de Inteligência Wechsler para Crianças; Figura Complexa de Rey; Boston Naming Test - BNT; Fluência Verbal - FAZ Phonemic Verbal Fluency; Trail Making Test - TMT; vii. Stroop Test - SNST. Será realizada a dosagem de uma série de autoanticorpos que será feito no exterior.

#### IV - COMENTÁRIOS DOS RELATORES

Trata-se de um projeto que originalmente seria completamente realizado na instituição, mas a pesquisadora foi selecionada para um estágio de curta duração no exterior e com isso foi possível realizar a análise de uma série de autoanticorpos que não são realizados na instituição. Consta nos objetivos do projeto a implementação dessas dosagens aqui na instituição. As variáveis serão adequadamente avaliadas. Os pacientes serão selecionados nos ambulatório de Reumatologia do HC/Unicamp, bem como um dos grupos controle. A maioria dos procedimentos do projeto faz parte da rotina diagnóstica. Será complementado com a ressonância magnética e coleta de sangue. A coleta de líquor será realizada apenas nos casos de indicação clínica para tal (meningite, etc). Os riscos associados a cada procedimento foram relatados no Termo de Consentimento Livre e Esclarecido. O Termo de Consentimento Livre e Esclarecido é completo e inclui consulta sobre a autorização de armazenagem do material biológico no Laboratório de Reumatologia da FCM. É informado ao participante do estudo que as informações obtidas poderão ser compartilhadas com outros pesquisadores da área sem qualquer identificação. O projeto é financiado pela Fapesp. O projeto trará benefícios com o estudo de marcadores que dispensassem biópsia.

---

Comitê de Ética em Pesquisa - UNICAMP  
Rua Tessólio Vieira de Carvalho, 126  
Caixa Postal 6111  
13084-971 Campinas - SP

FONE: (19) 3821-8936  
FAX: (19) 3821-7987  
[cep@fcm.unicamp.br](mailto:cep@fcm.unicamp.br)



**FACULDADE DE CIÊNCIAS MÉDICAS  
COMITÉ DE ÉTICA EM PESQUISA**

© [www.fcm.unicamp.br/pesquisa/etica/index.html](http://www.fcm.unicamp.br/pesquisa/etica/index.html)

**V - PARECER DO CEP**

O Comitê de Ética em Pesquisa da Faculdade de Ciências Médicas da UNICAMP, após escutar os pareceres dos membros-relatores previamente designados para o presente caso e atendendo todos os dispositivos das Resoluções 196/96 e complementares, resolve aprovar sem restrições o Protocolo de Pesquisa, bem como ter aprovado o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido, assim como todos os anexos incluídos na Pesquisa supracitada. O conteúdo e as conclusões aqui apresentados são de responsabilidade exclusiva do CEP/FCM/UNICAMP e não representam a opinião da Universidade Estadual de Campinas nem a comprometem.

**VI - INFORMAÇÕES COMPLEMENTARES**

O sujeito da pesquisa tem a liberdade de recusar-se a participar ou de retirar seu consentimento em qualquer fase da pesquisa, sem penalização alguma e sem prejuízo ao seu cuidado (Res. CNS 196/96 – Item IV.1.f) e deve receber uma cópia do Termo de Consentimento Livre e Esclarecido, na íntegra, por ele assinado (Item IV.2.d).

Pesquisador deve desenvolver a pesquisa conforme delineada no protocolo aprovado e descontinuar o estudo somente após análise das razões da descontinuidade pelo CEP que o aprovou (Res. CNS Item III.1.z), exceto quando perceber risco ou dano não previsto ao sujeito participante ou quando constatar a superioridade do regime oferecido a um dos grupos de pesquisa (Item V.3.).

O CEP deve ser informado de todos os efeitos adversos ou fatos relevantes que alterem o curso normal do estudo (Res. CNS Item V.4.). É papel do pesquisador assegurar medidas imediatas adequadas frente a evento adverso grave ocorrido (mesmo que tenha sido em outro centro) e enviar notificação ao CEP e à Agência Nacional de Vigilância Sanitária – ANVISA – junto com seu posicionamento.

Eventuais modificações ou emendas ao protocolo devem ser apresentadas ao CEP de forma clara e sucinta, identificando a parte do protocolo a ser modificada e suas justificativas. Em caso de projeto do Grupo I ou II apresentados anteriormente à ANVISA, o pesquisador ou patrocinador deve enviá-las também à mesma junto com o parecer aprovatório do CEP, para serem juntadas ao protocolo inicial (Res. 251/97, Item III.2.e).

Relatórios parciais e final devem ser apresentados ao CEP, de acordo com os prazos estabelecidos na Resolução CNS-MS 196/96.

**VI - DATA DA REUNIÃO**

Homologado na XI Reunião Ordinária do CEP/FCM, em 24 de novembro de 2009.

*Steiner*  
**Prof. Dr. Carlos Eduardo Steiner**  
 PRESIDENTE do COMITÉ DE ÉTICA EM PESQUISA  
 FCM / UNICAMP

Comitê de Ética em Pesquisa - UNICAMP  
 Rua: Trindade Vieira de Carvalho, 126  
 Caixa Postal 6111  
 13084-971 - Campinas - SP

PHONE: (19) 3521-8936  
 FAX: (19) 3521-7187  
[cep@fcm.unicamp.br](mailto:cep@fcm.unicamp.br)