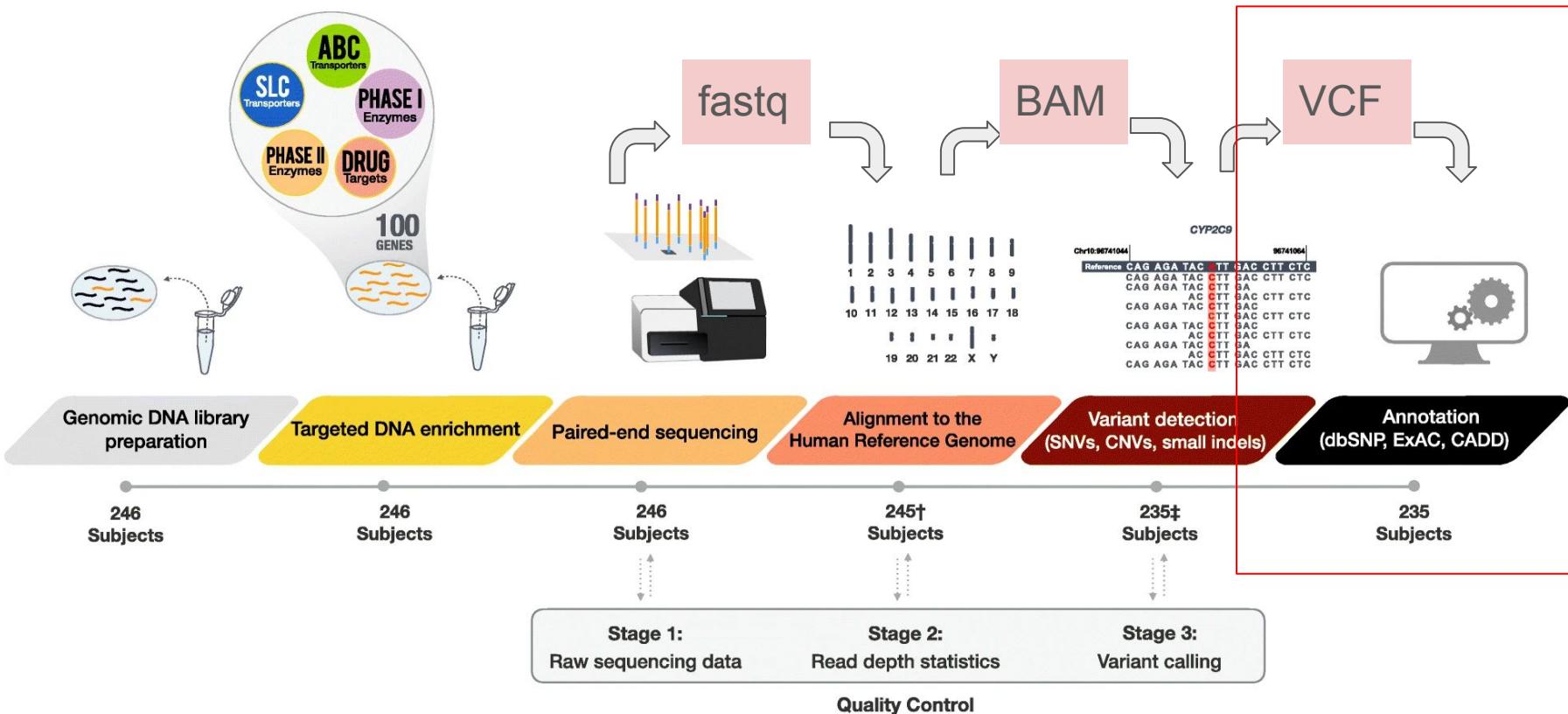




Llamado y anotación funcional de variantes

Evelin González F.
evefeliu@gmail.com

Flujo de trabajo “Targeting Sequencing”



Archivos de entrada y salida

				Approximate File Size (Average Coverage 160×)	
File Type	Full Name	Description	Exome	4800 Genes	
FASTQ	Files with consensus assessment of sequence and variation	Raw sequencing data after demultiplexing	50 GB	18 GB	
BAM	Binary version of sequence alignment/map	Sequencing data after alignment	16 GB	6 GB	
VCF	Variant call file	File containing variants called relative to the reference	9.3 GB	3.5 MB	

Abbreviations: GB, gigabytes; MB, megabytes.

FASTQ

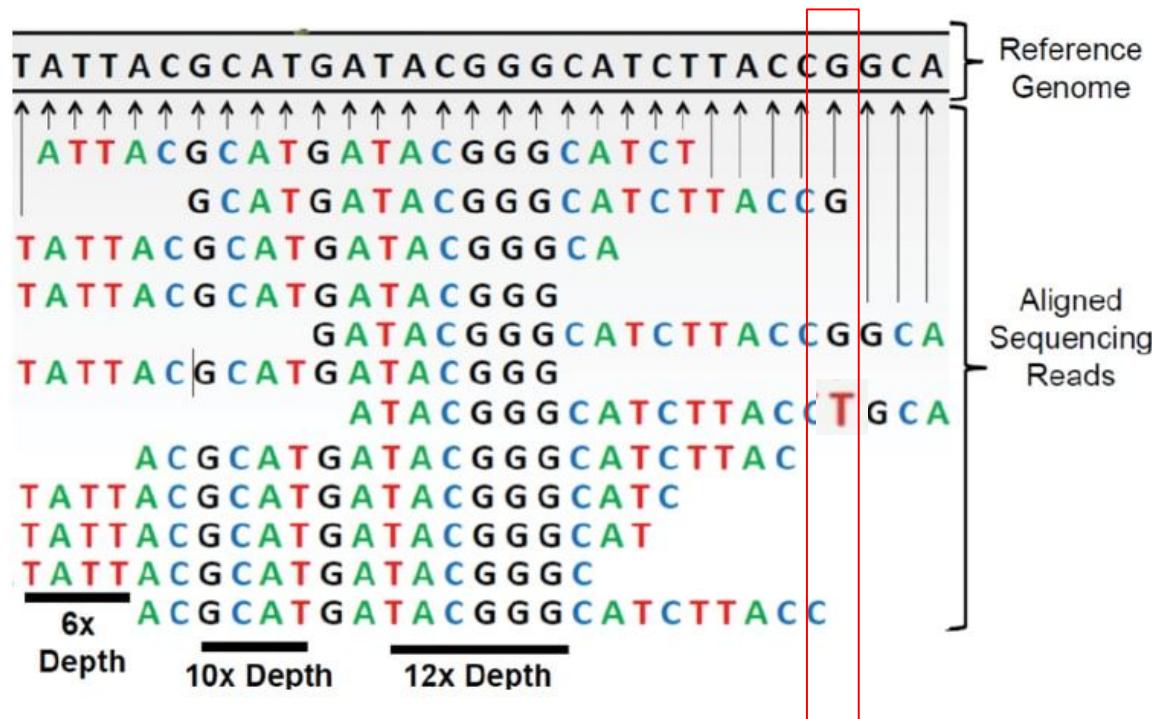


BAM



VCF (Variant Call File)

Archivos *.bam



BAM: Formato binario para el almacenamiento de datos de secuenciación.

La extensión de archivo (.bam) contiene información sobre lecturas de secuencias después de haber sido estas **alineadas contra un genoma de referencia**.

Utilizado para almacenar datos de secuenciación masiva.

Y si las lecturas presentan cambios con respecto a la referencia ??

Concepto de variante genética (SNPs, INDELS)

Substitution

original

C T G G **A** G



mutated

C T G G **G** G

Insertion

original

C T G G A G

C T G G **T** G G A G

mutated

Deletion

original

C T ~~G~~ G A G



mutated

C T A G

- **Sustitución (SNP):** Cambio de una base por otra en una posición específica (ej. A → T).
- **Inserción:** Adición de una o más bases en la secuencia de ADN.
- **Delección:** Pérdida de una o más bases en la secuencia de ADN.

Variant Call Format: VCF

A VCF example

```

##fileformat=VCFv4.1
##fileDate=20110413
##source=VCFtools
##reference=file:///refs/human_NCBI36.fasta
##contig=<ID=1,length=249250621,md5=1b22b98cdeb4a9304cb5d48026a85128,species="Homo Sapiens">
##contig=<ID=X,length=155270560,md5=7e0e2e580297b7764e31dbc80c2540dd,species="Homo Sapiens">
##INFO=<ID=AA,Number=1,Type=String,Description="Ancestral Allele">
##INFO=<ID=H2,Number=0,Type=Flag,Description="HapMap2 membership">
##FORMAT=<ID=GT,Number=1,Type=String,Description="Genotype">
##FORMAT=<ID=GQ,Number=1,Type=Integer,Description="Genotype Quality">
##FORMAT=<ID=DP,Number=1,Type=Integer,Description="Read Depth">
##ALT=<ID=DEL,Description="Deletion">
##INFO=<ID=SVTYPE,Number=1,Type=String,Description="Type of structural variant">
##INFO=<ID=END,Number=1,Type=Integer,Description="End position of the variant">
#CHROM POS ID REF ALT QUAL FILTER INFO FORMAT SAMPLE1 SAMPLE2
1 1 . ACG A,AT 40 PASS .
1 2 . C T,CT . PASS H2;AA=T GT 0|1 2/2
1 5 rs12 A G 67 PASS .
X 100 . T <DEL> . PASS SVTYPE=DEL;END=299 GT:GQ:DP 1:12:. 0/0:20:36

```

B SNP

Alignment
1234
ACGT
ATGT
^

VCF representation

POS	REF	ALT
2	C	T

C Insertion

12345	POS	REF	ALT
AC-GT	2	C	CT
	^		

D Deletion

1234	POS	REF	ALT
ACGT	1	ACG	A
	^-T	^	

E Replacement

1234	POS	REF	ALT
ACGT	1	ACG	AT
	^		

VCF

##fileformat=VCFv4.2															
##contig=<ID=2,length=51304566>															
##INFO=<ID=AC,Number=A>Type=Integer,Description="Allele count in genotypes">															
##INFO=<ID=AN,Number=1>Type=Integer,Description="Total number of alleles in called genotypes">															
##FORMAT=<ID=GT,Number=1>Type=String,Description="Genotype">															
##FORMAT=<ID=DP,Number=1>Type=Integer,Description="Read Depth">															
##FORMAT=<ID=GQ,Number=1>Type=Integer,Description="Genotype Quality">															
CHROM	POS	ID	REF	ALT	QUAL	FILTER	INFO	FORMAT	SAMPLE1	SAMPLE2	SAMPLE3	SAMPLE4	SAMPLE5	SAMPLE6	SAMPLE7
2	81170	.	C	T	.	.	AC=9;AN=7424	GT:DP:GQ	0/0:4:12	0/0:3:9	0/1:1:3	0/1:9:24	1/0:4:12	0/0:5:15	0/0:4:12
2	81171	.	G	A	.	.	AC=6;AN=7446	GT:DP:GQ	0/1:4:12	0/0:3:9	0/0:1:3	0/0:9:24	0/1:4:12	0/1:5:15	0/0:4:12
2	81182	.	A	G	.	.	AC=5;AN=7506	GT:DP:GQ	0/0:5:15	0/0:4:12	0/0:5:15	0/0:9:24	0/0:4:12	0/0:4:12	0/0:4:12
2	81204	.	T	G	.	.	AC=2;AN=7542	GT:DP:GQ	1/0:5:15	0/0:9:27	0/0:10:30	0/0:15:39	0/0:9:27	1/0:13:39	0/1:14:42

- **CHROM:** Cromosoma de la variante.
- **POS:** Posición de la variante.
- **REF:** Base de referencia.
- **ALT:** Base alternativa.
- **QUAL:** Calidad de la llamada.
- **INFO:** Información adicional (por ejemplo, profundidad de cobertura y frecuencia alélica).

¿Qué es la Anotación de Variantes?

La anotación de variantes es el proceso de agregar información biológica, clínica y funcional a variantes genéticas identificadas mediante secuenciación.

Tipos de Información Anotada:

- **Frecuencia alélica** : Bases de datos poblacionales como gnomAD.
- **Impacto funcional**: Predicciones de efectos en proteínas: REVEL, SIFT, PolyPhen.
- **Relevancia clínica**: Clasificación patogénica: ClinVar, OncoKB.
- **Información genómica**: Posición en genes, exones/intrones: ANNOVAR.

Clasificación de variantes

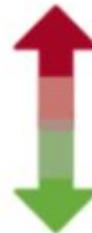
AATCGTGTACGTAC
GTA~~GTT~~CATCTTCA
GCTGCATTGGATT



Anotación



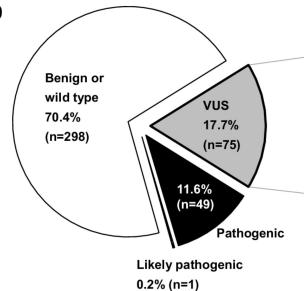
Clasificación



- Patogénica
- Probablemente patogénica
- Variante de significado incierto (VUS)
- Probablemente benigna
- Benigna

● Patogénica

- Evidencia de que **afecta la función de la proteína/gen**
- Reportada en bases clínicas (ClinVar, OncoKB, literatura)
- Asociada a enfermedad
- No siempre explica por sí sola el fenotipo



● VUS

- Impacto funcional incierto
- Evidencia insuficiente o contradictoria
- No se usa para decisiones clínicas

● Benigna

- No altera la función proteica
- Frecuente en población general
- Sin asociación con enfermedad

Priorización de variantes

Variant quality metrics: (i.e., variant allele fraction ≥ 0.05 , depth ≥ 100)

Variant type: missense, nonsense, frameshift, in-frame, splice

Population databases (gnomAD, 1000 genomes):
 $\leq 0.01\text{-}1\%$ population allele frequency

Cancer databases (COSMIC, cBioPortal)

In-silico predictions (SIFT, Polyphen-2,
Mutation assessor)

ClinVar evidence (inherited)

Previous
classification by lab

Literature/other
resources

- Filtra variantes comunes y benignas.
- Prioriza variantes potencialmente patogénicas.
- Reduce el número de variantes a revisar.
- Enfoca el análisis en variantes relevantes para el cáncer

ClinVar

The screenshot shows the ClinVar homepage. At the top, there's a navigation bar with links for 'Secure', 'Resources', 'How To', 'Sign in to NCBI', 'ClinVar' (highlighted), 'Advanced', and search fields. Below the header is a menu with 'Home', 'About', 'Access', 'Help', 'Submit', 'Statistics', 'FTP'. A large DNA sequence is displayed: ACTGATGGTATGGGCCAAGAGATAATCTCAGGTACGGCTGTATCACTTAGACCTCACACGGCTGGCATAAAGTCAGGCAGAGCCATGGTGATCTGACTCTCTGAGGAGAAGTGGAGTTGTTATCAAGGTTACAGACAGGTGGCACTGACTCTCTCTGCCTATTGGTCTAT. Below the sequence, a dark banner reads 'ClinVar aggregates information about genomic variation and its relationship to human health.' On the left, a sidebar titled 'Using ClinVar' lists links like 'About ClinVar', 'Data Dictionary', 'Downloads/FTP site', 'FAQ', 'Contact Us', 'RSS feed/What's new?', and 'Factsheet'. In the center, under 'Tools', are links for 'ACMG Recommendations for Reporting of Incidental Findings', 'ClinVar Submission Portal', 'Submissions', 'Variation Viewer', 'Clinical Remapping - Between assemblies and RefSeqGenes', and 'RefSeqGene/LRG'. On the right, under 'Related Sites', are links for 'ClinGen', 'GeneReviews®', 'GTR®', 'MedGen', 'OMIM®', and 'Variation'.

How to search ClinVar

<https://www.youtube.com/watch?v=A8G3ej83ZgU>

Base de datos pública que proporciona información sobre la relación entre las **variaciones genéticas** y la **salud humana**, específicamente en el contexto de diversas enfermedades, **incluido el cáncer**.

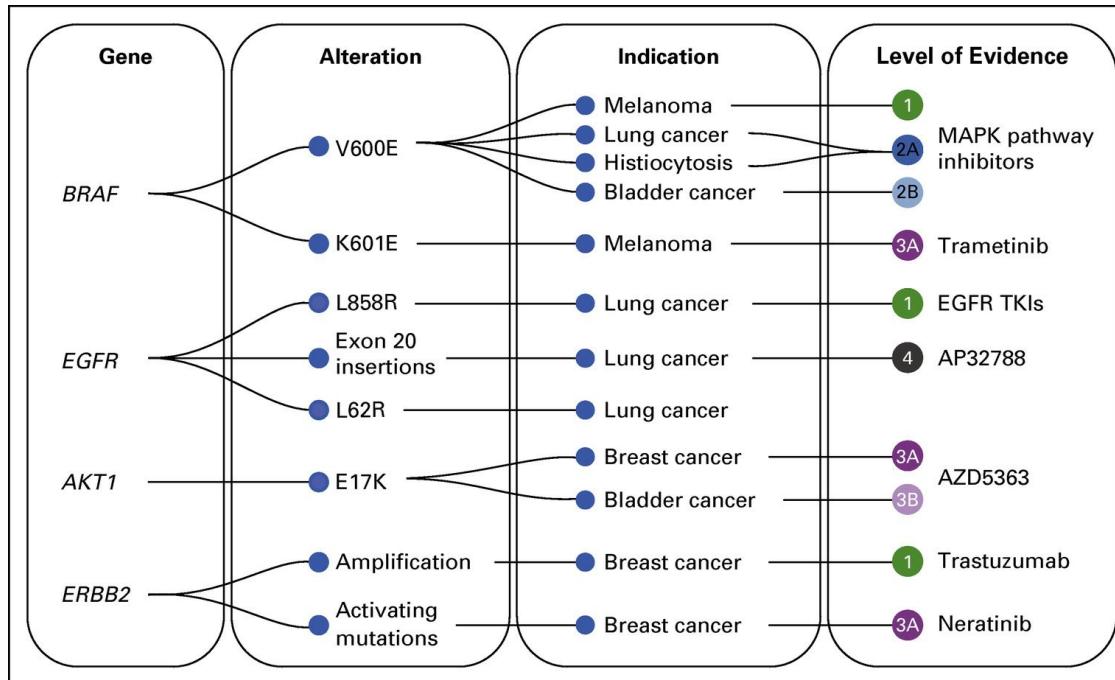
ClinVar clasifica las variantes en categorías como "**patogénica**", "**probablemente patogénica**", "**de significado incierto**", "**probablemente benigna**" y "**benigna**", lo que ayuda a los clínicos y a los investigadores a interpretar los hallazgos genéticos en relación con el cáncer.

Ejemplo: Variantes Patogénicas y VUS en Pacientes con Cáncer de Mama

Tumor_SampleBarcode	Hugo_Symbol	Variant Classification	aaChange	CLNSIG	REVEL
77	BRCA1	Frame_Shift_Ins	p.L655Ffs*10	Pathogenic	.
62	BRCA2	Missense_Mutation	p.T703A	Uncertain_significance	0.085
47	BRCA2	Missense_Mutation	p.K797Q	Uncertain_significance	0.281
61	BRCA2	Missense_Mutation	p.N991S	.	0.029
78	BRCA2	Missense_Mutation	p.D1737V	Uncertain_significance	0.244
59	BRCA2	Missense_Mutation	p.R2502C	Conflicting_interpretations_of_pathogenicity	0.519
75	BRCA2	Missense_Mutation	p.I2718T	Conflicting_interpretations_of_pathogenicity	0.357
59	BRCA2	Missense_Mutation	p.I2718T	Conflicting_interpretations_of_pathogenicity	0.357
87	BRCA2	Missense_Mutation	p.I2718T	Conflicting_interpretations_of_pathogenicity	0.357

En este ejemplo de pacientes con cáncer de mama se observan variantes patogénicas y variantes de significado incierto (VUS) reportadas en ClinVar. La variante en **BRCA1** corresponde a una inserción con cambio de marco de lectura (*frameshift*), clasificada como **patogénica**, lo que sugiere un impacto funcional claro sobre la proteína. En contraste, varias variantes *missense* en **BRCA2** se clasifican como **VUS**, ya que no existe suficiente evidencia clínica o funcional para determinar su efecto. El score **REVEL**, un predictor in silico del impacto funcional de variantes missense, puede ayudar a priorizar estas variantes: por ejemplo, una variante con **REVEL > 0.5** sugiere mayor probabilidad de efecto dañino, aunque esto por sí solo no es suficiente para reclasificarla como patogénica. Este tipo de resultados ilustra cómo la interpretación de variantes integra evidencia clínica, poblacional y computacional para su clasificación final.

OncoKB: Relevancia Clínica de Variantes Oncológicas

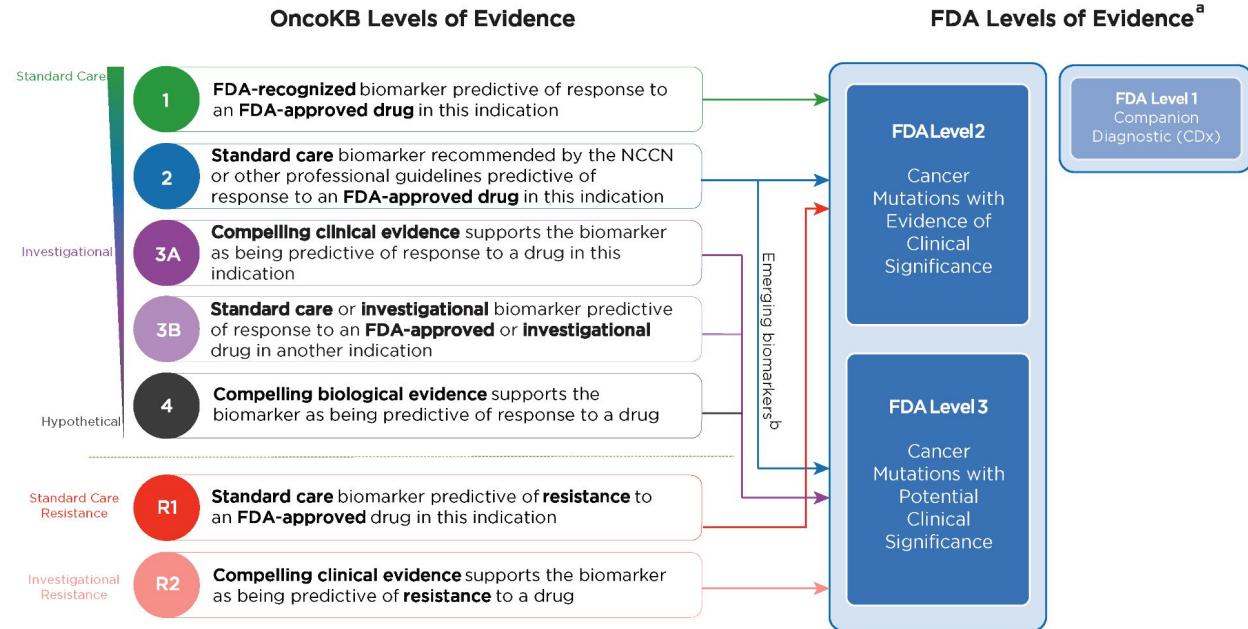


¿Qué es OncoKB?

OncoKB es una base de datos de conocimiento clínico que proporciona anotaciones precisas sobre variantes genéticas en cáncer y su relevancia clínica, incluyendo **información sobre terapias dirigidas y ensayos clínicos**.

OncoKB ayuda a determinar si una variante genética es relevante para el tratamiento, mejorando la toma de decisiones clínicas y personalizadas para los pacientes con cáncer.

Mapeo entre los Niveles de Evidencia de OncoKB™ y los Niveles de Evidencia de la FDA



Footnotes

^a The FDA levels of evidence presented here are modified from the FDA white paper titled "CDRH's approach to tumor profiling next-generation sequencing tests".

^b **Emerging biomarkers** are defined as those alterations listed as a NCCN guideline category 2A biomarker based on limited clinical data, for example early Phase I and Phase II clinical studies with limited patient data/responses. They qualify as OncoKB Level 2, but map to FDA Level 3.

^c Since OncoKB does not include any companion diagnostic claims prescriptive for a specific therapeutic product, by definition, no variants in OncoKB are considered FDA Level 1.

FDA-Approved Oncology Therapies

Content current as of 10/21/2024

The following US Food and Drug Administration (FDA)-approved oncology drugs post June 1998 are categorized by drug class and mechanism of action. Each drug is further classified as to whether it qualifies as a targeted therapy or precision oncology therapy based on [Suehnholz et al., Cancer Discovery 2023](#) (definitions below).

Show definitions ⓘ

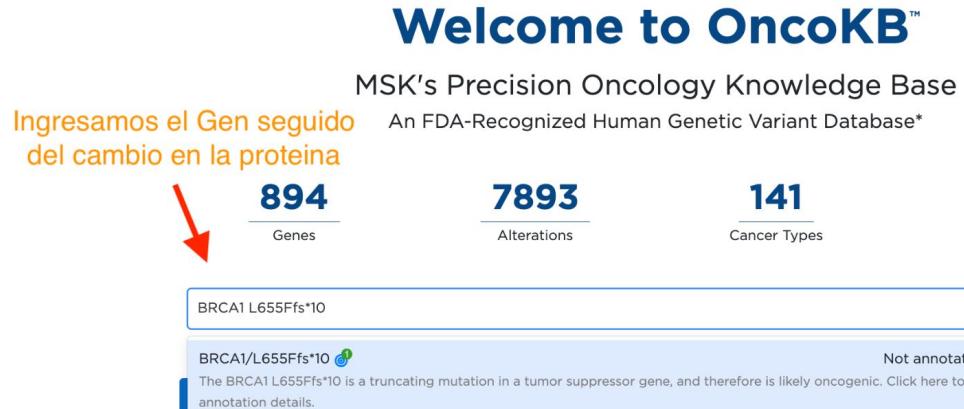
FDA-Approved Precision Oncology Therapies 103 therapies		FDA-Approved Targeted Therapies 193 therapies		FDA-Approved Oncology Therapies 228 therapies			
Select drug(s)	Select class of agent(s)	Select mechanism of action	Search biomarker				
Showing 103 therapies: (102 Targeted therapies, 103 Precision oncology therapies, 83 therapies with a biomarker that can be identified by a DNA/NGS-based detection method) ⓘ							
Download Table							
Year of drug's first FDA-approval	FDA-approved drug(s)	FDA drug label listed biomarker(s) ⓘ	Class of agent(s) ⓘ	Mechanism of action or drug target ⓘ	Targeted therapy	Precision oncology therapy	Can a DNA/NGS-based method be used for biomarker detection? ⓘ
2024	Zolbetuximab	HER2- and CLDN18.2+	Monoclonal antibody	CLDN18.2-directed cytolytic antibody	✓	✓	N
2024	Adagrasib + Cetuximab	KRAS G12C	Small molecule inhibitor and monoclonal antibody combination	KRAS G12C inhibitor + Anti-EGFR antibody	✓	✓	Y
2024	Inavolisib + Fulvestrant + Palbociclib	PIK3CA Oncogenic Mutations, HR+/HER2-	Small molecule inhibitor and hormone therapy combination	α-specific PI3K inhibitor + selective estrogen receptor degrader + CDK4/6 inhibitor	✓	✓	Y
2024	Lazertinib + Amivantamab	EGFR L858R, Exon 19 Deletions	Small molecule kinase inhibitor and monoclonal antibody combination	EGFR tyrosine kinase inhibitor + EGFR-MET bispecific antibody	✓	✓	Y
2024	Vorasidenib	IDH1 R132H/C/G/S/L, IDH2 R172K/M/W/S/G	Small molecule inhibitor	IDH1/IDH2 inhibitor	✓	✓	Y
2024	Afamitresgene autoleucel	HLA-A*02:01P, -A*02:02P, -A*02:03P, or -A*02:06P positive and MAGE-A4 antigen positive	T cell receptor (TCR)	MAGE-A4-directed TCR therapy	✓	✓	N

OncoKB: FDA-Approved Oncology Therapies

<https://www.oncokb.org/oncology-therapies>

Búsqueda de variantes accionables

OncoKB™ Levels of Evidence Actionable Genes Oncology Therapies CDx Cancer Genes API / License About News FAQ Account Memorial Sloan Kettering Cancer Center



① Level 1
FDA-approved drugs
53 Genes

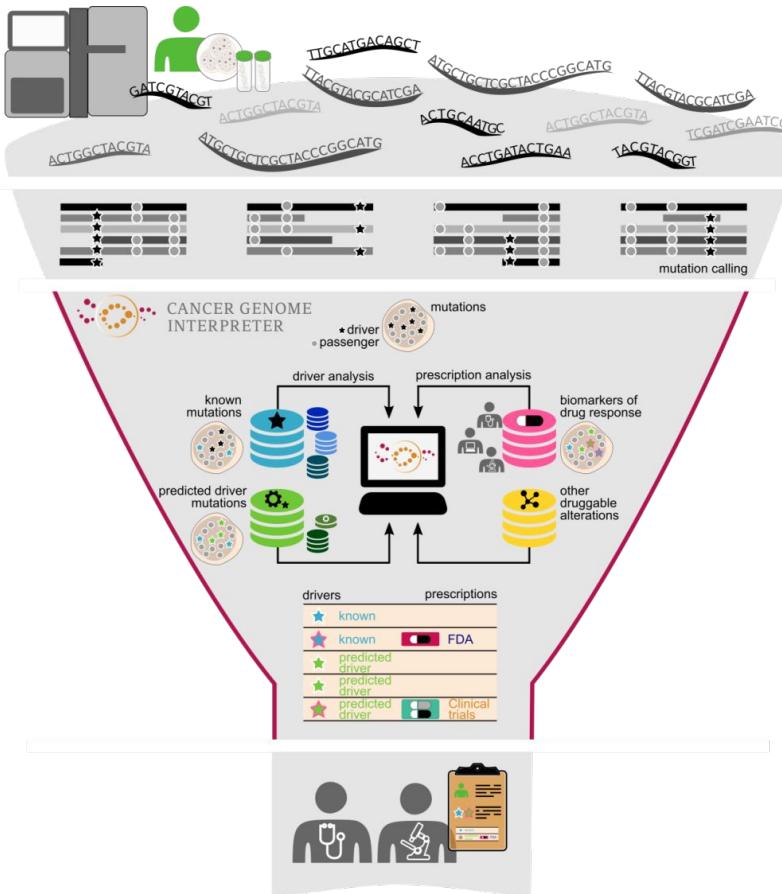
② Level 2
Standard care
29 Genes

③ Level 3
Clinical evidence
36 Genes

④ Level 4
Biological evidence
29 Genes

⑤ Level R1/R2
Resistance
12 Genes

Cancer Genome Interpreter (CGI)



¿Qué es CGI?

Cancer Genome Interpreter (CGI) está diseñado para apoyar la identificación de **alteraciones tumorales** que impulsan la enfermedad y/o que pueden ser **accionables terapéuticamente**. CGI se basa en métodos computacionales, como la mutagénesis de saturación in silico de genes cancerígenos (BoostDM y OncodriveMut), así como en el conocimiento recopilado del dominio público para anotar las alteraciones en un tumor según varios niveles de evidencia.

- CGI puede identificar variantes germinales que afectan genes relacionados con el cáncer y proporcionar información sobre su impacto clínico.
- Incluye variantes en genes como **BRCA1**, **BRCA2**, **TP53**, y otros genes asociados con el riesgo hereditario de cáncer.



CANCER GENOME INTERPRETER

- > point mutations and indels
- > CNAs
- > translocations
- > cancer type



tumor(s)
input data



Preprocessing



format recognition
remapping
standardisation

Identification of potentially oncogenic alterations



Compendium of Cancer Genes

Compilation of evidences of cancer genes in different cancer types



Validated Oncogenic Mutations

Annotations of cancer mutations from our own database and others (OncoKB, ClinVar)



BoostDM

Machine learning approach to identify driver mutations



OncodriveMUT

Rule based approach to identify driver mutations

Predicted oncogenic alterations
and annotations from databases

driver

passenger

Annotations



Identification of genomic biomarkers of drug response



Cancer Biomarker Databases

Annotation of cancer biomarkers form our own database and others (OncoKB, CIVIC)
Annotated according to different levels of evidence



Annotated effect and level of evidence of
genomic biomarkers of drug response

Responsive

Resistant

A Clinical guidelines

B Clinical evidence

C Early trials or case reports

D Pre-clinical evidences

ClinVar
OncoKB
CGI

Plataforma Web: ¿Cómo Utilizar Cancer Genome Interpreter (CGI)?

This resource is intended for purely research purposes. It should not be used for medical or professional advice. [Understand](#)

CANCER GENOME INTERPRETER

HOME ANALYSIS ABOUT FAQ CONTACT evefeliu@gmail.com

Alterations [?](#)
Insert one mutation per line, use the same format for all the mutations.
View CGI example results

Add file +

Cargamos archivo VCF

Cancer type [?](#)
Search [Q](#)
(CANCER) Any cancer type
(HEMATO) Hematologic malignancies
(SOLID) Solid tumors
(TX) Thorax
(BRCA) Breast adenocarcinoma
(L) Lung
(MESO) Mesothelioma
(PL) Pleura
(US) Urinary system

Seleccionamos tipo de cáncer ->BRCA

Reference genome hg38 hg19 [?](#)
Genoma de referencia hg38

Click en Run

Run [Q](#)

⚠ Warning! Max file size is 32MB. If your file exceeds this limit, try compressing it into a ".gz" file.

CGI para la predicción de mutaciones conductoras



CANCER GENOME
INTERPRETER

HOME ANALYSIS ABOUT FAQ CONTACT

evefeliu@gmail.com

This analysis will be removed after 6 months

ANALYSIS (3145)

Status **Done**
Cancer Type: **BRCA**
Date: **2024-11-11 00:36:22**

Reference genome: **hg38**
Number of samples: **1**
Total mutations: **50**
Driver mutations: **2**

Samples without drivers: **0**
Biomarkers of the tumor: **13**
Biomarkers in other tumors: **68**

Download results Remove this job and all the data Share the job

License:

Details

ALTERATIONS PRESCRIPTIONS

Mutations

Show entries with: Mutations identified as **drivers** Mutations with oncogenic **annotations** Other mutations

Sample ID	Gene	Protein Change	Oncogenicity	Mutation	Consequence	Oncogenic annotation	Transcript
Search here...							
input01	BRCA2	A2951T	driver	chr13:32379413 G>A	missense variant		ENST00000380152
input01	BRCA1	L702FX	driver	chr17:43093425-43093426 >A	frameshift variant		ENST00000471181
input01	BRCA2	N289H	passenger	chr13:32332343 A>C	missense variant		ENST00000380152
input01	BRCA2	N372H	passenger	chr13:32332592 A>C	missense variant		ENST00000380152
input01	BRCA2	K797Q	passenger	chr13:32336744 A>C	missense variant		ENST00000380152
input01	BRCA2	N991D	passenger	chr13:32337326 A>G	missense variant		ENST00000380152
input01	BRCA2	T1915M	passenger	chr13:32340099 C>T	missense variant		ENST00000380152
input01	BRCA2	R2108H	passenger	chr13:32340678 G>A	missense variant		ENST00000380152
input01	BRCA2	V2466A	passenger	chr13:32355250 T>C	missense variant		ENST00000380152
input01	BRCA2	I2490T	passenger	chr13:32356461 T>C	missense variant		ENST00000380152
input01	BRCA1	S1634G	passenger	chr17:43071077 T>C	missense variant		ENST00000471181