pathomuta

[pathologic mutations

2015 для genehack.ru

Проблема

- Отличие генома человека от референса миллионы полиморфизмов
- Изучать эти отличия «вручную» невозможно
- Нужны инструменты, позволяющие фокусироваться на значимых полиморфизмах

Схема процесса

VCF file

1.5 Gb



Clin Var annotation

1.5 Mb



Functional analysis

38 genes OMIM disease



Polymorphisms

Non-Coding 15084

Synonymous 27

Non-synonymous 77

Loss of function 4

Обработка данных

- Наша программа фильтрует и аннотирует VCF-файлы
- Происходит подготовка базы данных для оперативной работы специалиста

Проект запущен

http://srv6.crec.mipt.ru:8089/kappa/



Как с этим работать

Пациенты: data/vcfBeta-NA12881-200-37-ASM.vcf.bgrep.joined.out.nohead rs17279437 PLG rs73015965 TF rs1049296 CYP4V2,FLJ38576 rs1055138 Гены SLC6A20 rs17279437 SLC6A2013 CBS rs5742905 IL1B rs1143627 Тип OR2J3 rs3749977 PRRT2 rs76335820 missense intron мсм6 rs4988235 Болезни FGFR4 rs351855 rs12483377 COL18A1 Hyperglycinuria FMO3 rs1736557 Iminoglycinuria\x2c digenic PRODH rs450046 F4244 m204E022 Ссылки medgen 🗗 PubMed ☑ Clinvar 🗹 dbSNP C

Характеристики полиморфизмов

CLNORIGIN	1
CLNREVSTAT	single
CLNSIG	5
CLNSRC	OMIM_Allelic_Variant
CLNSRCID	124030.0007
COMMON	1
Count in processed	25
Frequency	0.3592
G5	1
	'
G5A	1
G5A GENEINFO	·
	1
GENEINFO	1 LOC102723722:102723722 CYP2D6:1565

Перспективы развития

Наш проект

Возможность анализа мутаций с неизвестным клиническим значением.

Анализ влияния каждой мутации на отдельные ткани и органы. Составление индивидуальной программы профилактики и диспансеризации.

Участники проекта

Алексей Капранов, Яндекс, Москва

Анна Ершова, НИИФ ХБ им. А.Н. Белозерского, МГУ

Дмитрий Никогосов , Atlas Biomed Group, Москва

Михаил Васильев, МФТИ

Наталия Никитина, ИПМИ Карельского Научного центра РАН

Софья Буянова, ФББ МГУ

Татьяна Мараховская, АБиБ ЮФУ, Ростов-на-Дону

Татьяна Дубровина, ФГБНУ РОНЦ им. Н.Н. Блохина