

仕様書

1. 件名：ヒト疾患および体質個人差に関する遺伝子変異・多型及び症例の病状、体質、生活習慣の情報の入力

2. 概要：

ヒト遺伝子疾患変異研究会データベース作成委員会では、遺伝子疾患データベース *MutationView* を開発しインターネットで公開してきた (<http://mutview.dmb.med.keio.ac.jp>)。本業務は、*MutationView* のデータ拡充を図り、ヒト疾患および体質個人差に関するゲノム多様性情報の統合データベース(HGV-DB)を作成するために、ヒト疾患および体質個人差に関する遺伝子変異・多型、遺伝子の表現型、疾患の症状と変異の相関などのデータ入力を行うものである。

3. 数量：1340 件

4. 作業内容

4.1. 提供データ

請負業者には、キュレーターがヒト遺伝子に関する情報を記載した図表や医学論文から、変異に関する記述と、症例の症状、体質、生活習慣に関する記述を抽出し Excel シート等に転記したデータを提供する。

(1) 変異に関する記述

- ・ 変異名
- ・ ゲノム上および cDNA 上での変異・多型の位置
- ・ DNA の変化の実体
- など

(2) 症状、体質、生活習慣に関する記述

- ・ その変異を保持する症例 / 個体の疾患名あるいは個人差のタイプ
- ・ 症状 / 個人差の内容記
- ・ 年齢・性別・人種等の情報
- など

4.2. *MutationView* データの入力

(1) 変異基本情報の作成作業

請負業者は、提供データ「4.1.(1) 変異に関する記述」に対して *MutationView* データ変換プログラム (既存のプログラム) を実行するものとする。このプログラム実行過程で、以下の変異基本情報が作成される (テキストファイルとして出力される)。

・ 変異種別

種別	記号
Nonsense	N
Missense	M
Deletion	D
Frameshift Deletion	FD
Large Deletion	LD
Insertion	I
Frameshift Insertion	FI
Large Insertion	LI
Indel	ID
Frameshift Indel	FID

種別	記号
Large Indel	LID
Duplication	DU
Triplet Repeat	TR
Translocation	TL
Splicing	S
Regulation	R
Promoter	PR
Polymorphism	P
Complex	C
SNP	SNP

- ・ 変異位置
- ・ 欠失する塩基数 (塩基置換の場合は、置換する塩基数)
- ・ 挿入する塩基 (塩基置換の場合は、変化後の塩基)
- ・ *MutationView* 規定変異名 の例

1) DNA 変化に基づく変異名の命名

Substitution

c.512A>G

c. [変異位置] [変異前の塩基] > [変異後の塩基]

Deletion

c.535delG

c. [欠失開始位置の塩基番号] _ [欠失終了位置の塩基番号] del [欠失塩基]

欠失塩基が 5bp 以上の場合塩基数。欠失塩基が 1bp の場合、欠失終了位置の塩基番号は省略。

Insertion

c.124_125insCC

c. [挿入される位置の前の塩基番号] _ [挿入される位置の後の塩基番号] ins [挿入塩基]

挿入塩基が 5bp 以上の場合は塩基数。

Indel

c.168_169delinsGGT

[欠失開始位置の塩基番号] _ [欠失終了位置の塩基番号] delins [挿入塩基]

挿入塩基が 5bp 以上の場合は塩基数。欠失塩基が 1bp の場合は、欠失終了位置の塩基番号は省略

Polymorphism、SNP

c.1041T>C

c. [変異位置] [変異前の塩基] > [変異後の塩基]

Large Deletion

DelEx3-4

DelEx3

nomenclature では、塩基位置で Deletion (上述) と同様に記述することとしているが、現在の MutationView データでは、削除範囲の明瞭化のために、エキソン記述による表現法を用いている。

Splicing

c.607+1G>A

c. [変異位置] [変異前の塩基] > [変異後の塩基]

ここでは塩基置換型を挙げる。Deletion 等によるものは、該当の記述法に従う。

2) アミノ酸変化に基づく変異名命名

Missense/Nonsense

p.Gln368X

p. [変異前のアミノ酸] [コドン番号] [変異後のアミノ酸]

Deletion

p.Gln8del

p. [変異前のアミノ酸][コドン番号] del

Frameshift Deletion

p.Arg8GlyfsX16

p. [変異前のアミノ酸][コドン番号][変異後のアミノ酸] fsX [停止コドンとなるアミノ酸の相対位置]

・ 変異の結果 の例

Missense

AGC-CGC at ntd 2362 -> Ser-Arg at codon 788

Nonsense

CGA-TGA at ntd 2413 -> Arg-Stop at codon 805

Splicing

G-T at ntd 902-1(IVS9)

G-T at ntd 5971(Ex42)

Deletion

6-bp del GAGACA at ntd 8710

Frameshift Deletion

4-bp del AAAG at ntd 1024-> frameshift at codon 343

Insertion

3-bp ins GAA at ntd 1021

Frameshift Insertion

4-bp ins GACA at ntd 1142 -> frameshift at codon 381

Indel

GAA-CCC at ntd 7793

Frameshift Indel

GAAA-AT at ntd 8978 -> frameshift at codon 2993

- ・ 国際学会規定変異名 (<http://www.hgvs.org/mutnomen/> 参照)

(2) データ入力作業

請負業者は、(1)の処理で得られた変異基本情報を、提供データ「4.1.(2)症状に関する記述」と併せて、変異や多型を有する症例(個体)あるいは家系ごとに、*MutationView* 既定の様式の表に入力するものとする。この際、入力データの不備、矛盾及び国際学会規定に準じているか等を確認し、不明点があれば、キュレーターに照会するものとする。なお、1症例(あるいは1家系)の情報を1件として数えるものとする。

5. 納入期限

発注後五ヶ月以内とする。

6. 納入場所

慶應義塾大学

7. 納入方法

CD-ROM等の記憶媒体により納品すること。

8. 検収

MutationView テストサーバにデータをアップロードし、*MutationView* アプレット上に入力データを表示し、表示の遺伝子構造上で位置情報が正しく入力されていることを確認した上で業務完了とする。

9. その他

(1) 応札条件

本業務の受け入れは、ヒト遺伝学・ゲノム科学の基礎知識を有するスタッフを擁し、上記作業内容、特にヒトの遺伝子変異・多型の記載に関する国際学会での推奨ルールをよく理解でき、支障なくデータ入力可能な業者に限定することとする。それを証明するために、以下の業務実績を提出すること。

- ・ バイオインフォマティクスの業務実績
- ・ 遺伝子疾患データベースデータ入力業務実績

- ・ 遺伝子疾患に関連する学会（日本人類遺伝学会、日本遺伝子診療学会、日本遺伝子治療学会、日本分子生物学会等）における遺伝子疾患データベースに関する発表実績
- ・ 業務担当者は医学・薬学・生物学等の大学院修士以上の学歴を持ち遺伝学・分子生物学の基礎知識を持つこと。

（２）特記

- ・ 入力したデータの著作権は当塾に帰属することとする。
- ・ 提供したデータの、他の目的での使用、無断公開、第三者への提供を行わないこと。
- ・ 提供したデータ及び入力したデータはセキュリティ措置を講じ、情報漏えい、不正アクセスから保護すること。

以上