

Next Generation Sequencing: Links zu Datenbanken und Studien

Zur Interpretation der Mutationen verwenden wir folgende Datenbanken:

dsSNP (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/SNP/>)

ClinVar (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/>)

Weitere zur Verfügung stehende Datenbanken (adaptiert von Richards et al. Genetics in Medicine 2015):

Exome Aggregation Consortium (<http://exac.broadinstitute.org/>)

Exome Variant Server (<http://evs.gs.washington.edu/EVS>)

1000 Genomes Project (<http://browser.1000genomes.org>)

dbVar (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbvar>)

Locus/disease/ethnic/other-specific databases Human Genome Variation Society
(<http://www.hgvs.org/content/databases-tools>)

NCBI Genome Source of full human genome reference sequences
(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome>)

Um klinisch relevante Daten zu detektierten Mutationen zu erhalten, stehen folgende Datenbanken zur Verfügung:

Studien/Dateninterpretation:

MyCancerGenome (<http://www.mycancergenome.org/>)