



臨床ゲノム解析を支援する

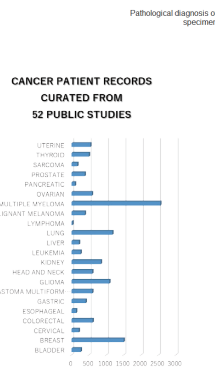
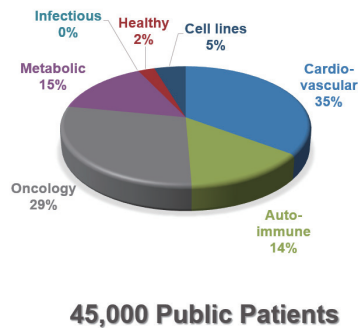
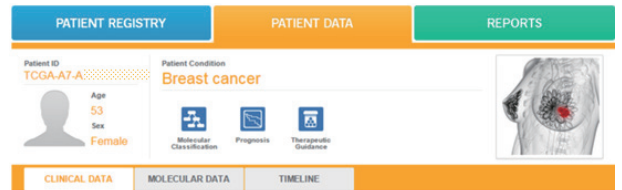
臨床・創薬研究者のためのビッグデータプラットフォーム

# BaseSpace Cohort Analyzer

## Personal Patient Genome & Clinical Information

### Cohort Analyzerのコンテンツ

臨床ゲノム情報を直接検索 & 解析できる最新のプラットフォームです。膨大な数の患者サンプルから得られた臨床ゲノムで情報には個々の患者の臨床診断、既往歴など属性情報や治療履歴などの詳細情報と、分子レベルのOMICS解析情報が含まれています。



Section	Key Information
Pathological diagnosis of specimen	Year of initial pathologic diagnosis: 2011; Tumor type: Primary tumor; Hx diagnosis: Hx diagnosis
Sample procurement and histological diagnosis	Time to initial pathologic diagnosis (days): 0; Initial pathologic diagnosis method: Core needle biopsy; Time to sample procurement (days): 34; Method of sample procurement: Modified radical mastectomy
Patient history	Prior malignancy diagnosis: Yes
Tumor molecular characteristics	ER status: % positive by IHC: 90-99; PR status: % positive by IHC: 90-99; HER2 status (IHC): % positive by IHC: 3+
Specimen histological notes	Percent tumor cells: Top slide: 95.0; Percent normal cells: Top slide: 0.0; Percent stromal cells: Top slide: 1.0; Percent tumor nuclei: Top slide: 80.0
Medications/Radiotherapy	Chemotherapy: Carboplatin (Days to therapy start: 118, Days to therapy end: 161, Route of administration: Intravenous (IV), Prescribed drug dose: 810 mg, Regimen number: 1, Number of cycles: 3.0, Total drug doses: 2430 mg, Therapy ongoing (medication): No); Cisplatin (Days to therapy start: 57, Days to therapy end: 97)

### 情報のデータソース

主要な国際プロジェクトに収集された各種の癌、リウマチ・クローン病などの自己免疫疾患、心不全や糖尿病など数万人の患者情報と数千サンプルのCell Lineから構成されています。

これらのデータは全てHIPAAコンプライアンスに準拠しています。

### 分子レベルの解析情報 (OMICSデータ)

マイクロアレイと次世代シーケンサー(RNA-Seqデータ等)から得られたRNA Expression、Somatic Mutation、CNV解析データ等のトランスクリプトーム、Methylation解析などのエピトーム解析データが含まれています。

### Referenceの設定

特定癌患者サンプルの遺伝子変動の特異性を解析するために、従来法による健常者との比較と並行して疾患サンプル全体の平均値との比較を選択することができます。

### Correlation Engineとの関係

分子レベルの解析データはCorrelation Engineにシームレスに接続して詳しく分析を行うことができます。

**RNA Expression Inspector**

Symbol	log <sub>2</sub> FC value	Patient RPM	Reference RPM
RCC1	2.2788	15.289	6.7323
MGAT5	-1.0502227972831	11.5624	12.1981
ARHGAP27	-1.0111	0.1992	0.1951

**Copy number variation Inspector**

Sequence Region	Gene	Log2 Ratio	CopyNumberChange	ProbesCount
chr17: 31222365...32282916	ASB2	0.065	0.09	1011
chr17: 32255417...32387805	ASB2	0.346	0.54	177
chr22: 25165308...26423351	ACRBE2	0.11	0.16	
chr8: 41666355...42073548	ANK1	-0.17	-0.22	
chr10: 59150819...61949798	ANK1	0.348	0.55	
chr4: 94592596...95724887	EMPR1B	0.222	0.33	
chr4: 95795140...115172701	EMPR1B	0.204	0.3	
chr2: 201857690...203293913	EMPR2	0.337	0.53	
chr2: 203293992...203312202	EMPR2	-0.183	-0.24	
chr19: 12914286...13571435	CACNA1A	0.605	1.04	
chr12: 1744428...2252511	CACNA1C	0.605	1.04	
chr12: 2252704...2254510	CACNA1C	0.0882	0.13	

**Correlation Engine**

QuickView for RCC1 (gene)

**Body Atlas**

Most Correlated Tissues

- B lymphocyte (light memory) of spleen
- Plasma cell of spleen
- Macrophage of peripheral blood
- B lymphocyte (naive) of spleen
- Testis seminiferous tubule

**Disease Atlas**

Most Correlated Diseases

- Idiopathic thrombocytopenic purpura
- Toxic nephropathy
- Shedding
- Placental insufficiency
- Passing by drug AND/OR medicinal substance



### 患者サンプルのグルーピングとフィルタリング

Patient情報の選択は各種のフィルターを利用して個人または集団として解析することができます。フィルターには臨床診断に用いられる各種の属性や治療履歴など多くの項目と各種分子解析結果の条件が利用できます。

### バイオマーカー解析への応用

Cohort Analyzerは対象サンプルの臨床データと分子診断データを利用してサンプル特有の変異や症状を特定しバイオマーカーを推定します。サンプル集団を選んでバイオマーカーの予想を行えば、既知の疾患のパターンに見られない対象サンプル集団に特化したバイオマーカーを見つけ出すことができます。

Molecular Classification Biomarkers

For research use only

Report	Biomarker	Interpretation	Evidence Status	Gene(s)	Biomarker Type
	ESR1-Overexpressed	Luminal subtype	Experimental	ESR1	RNA Expression
	MYC-Amplified	ER-negative PR-negative Medullary subtype Higher tumor grade Higher IAI Ductal subtype Higher tumor size Node-positive Resistance to chemotherapy Hormone receptor-negative tumor HER2-positive tumor	Experimental	MYC	CNV
	FLT4-Amplified	Inflammatory carcinoma	Experimental	FLT4	CNV
	ESR1-Amplified	T34 Node positive	Experimental	ESR1	CNV

### 治療方法の予測

選ばれたバイオマーカー情報を用いてCohort Analyzerはその疾患に関して効果のある薬剤や治療方法の提供を行います。

APPROVED THERAPIES

Summary Report

Filter Report by Gene or SNP

Approved Biomarker Based Therapy

For research use only

Report	Biomarker	Therapy	Interpretation	Evidence Status	Gene(s)	Biomarker Type
	ERBB2-Amplified	Trastuzumab	Improved response to trastuzumab	Companion Test	ERBB2	CNV
	ERBB2-Amplified	Perituzumab	Improved response to perituzumab	Companion Test	ERBB2	CNV
	ERBB2-Amplified	Ado-trastuzumab	Improved response to ado-trastuzumab	Companion Test	ERBB2	CNV

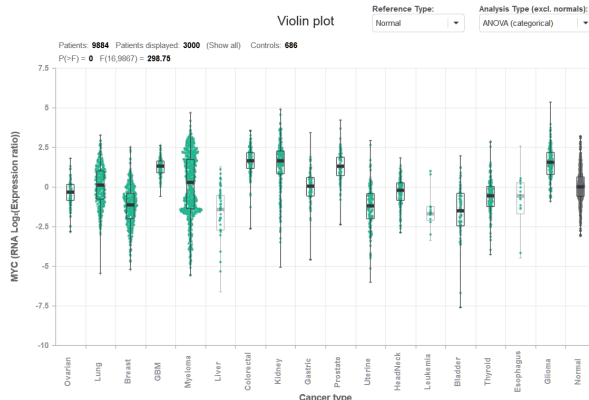
Prognosis Biomarkers

For research use only

Report	Biomarker	Interpretation	Evidence Status	Gene(s)	Biomarker Type
	HSD17B1-Amplified	Reduced overall survival, ER-positive patients treated with tamoxifen	Experimental	HSD17B1	CNV
	MYC-Amplified	Reduced overall survival, ER-negative breast ductal carcinoma patients Reduced overall survival Reduced relapse-free survival Reduced recurrence-free survival Reduced metastasis-free survival	Experimental	MYC	CNV
	ESR1-Amplified	Reduced overall survival Reduced progression-free survival Reduced disease-free survival Reduced disease-free survival, stage II patients Reduced disease-free survival, ER-negative stage I-II patients Reduced disease-free survival, ER-negative postmenopausal patients Reduced overall survival	Experimental	ESR1	CNV

### 遺伝子の特異性解析

Cohort Analyzerは全てのPatient情報を用いて、任意の発現遺伝子についてその他の疾患における発現状況（頻度・強度）を確認することができます。発現強度の高い遺伝子以外にも突然変異、メチル化等様々な要素を用いて遺伝子のバイオマーカーとしての優位性を調べることができます。



## セレスバイオサイエンス株式会社

〒336-0022 埼玉県さいたま市南区白幡3-6-7-203  
 TEL 048-789-6561 / FAX 048-789-6562  
 e-mail : sales@ceresbio.co.jp  
 HP : http://www.ceresbio.co.jp/