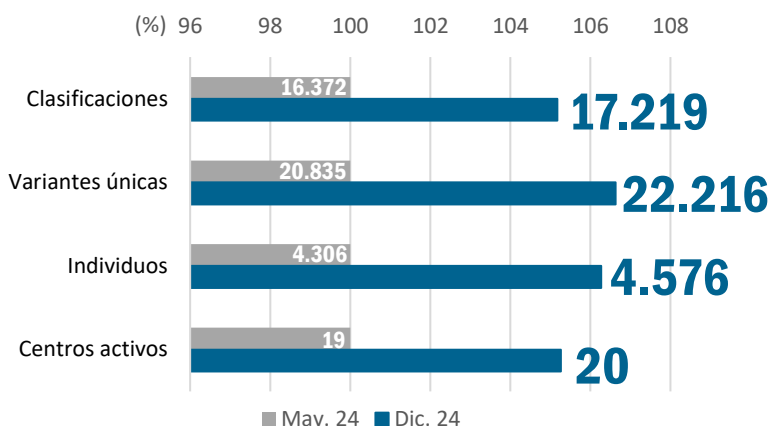


SPANish variant DAtabase for Hereditary Cancer

Recientemente, el registro nacional de variantes genéticas relacionadas con cáncer hereditario (SpadaHC) ha publicado su primer manuscrito y aprobado el primer proyecto de investigación, coordinado e iniciado la colaboración con otras iniciativas alineadas con el objetivo de la compartición de datos como vía de mejora en la clasificación de variantes en cáncer hereditario.

Evolución datos registrados en SpadaHC



Publicación manuscrito SpadaHC



Moreno-Cabrera, J. et al. **"SpadaHC: a database to improve the classification of variants in hereditary cancer genes in the Spanish population."** *Database : the journal of biological databases and curation* vol. 2024 baae055. doi:10.1093/database/baae055

¡Novedad! Envío datos ClinVar

Los investigadores registrados podrán decidir si quieren transferir de modo semiautomático sus clasificaciones a ClinVar vía SpadaHC. La atribución será por centro y se deberá incluir los argumentos en inglés y/o los códigos de puntuación ACMG.

Colaboración CRECE-SEOM

CRECE es un registro clínico para casos de cáncer hereditario. Dada la complementariedad con SpadaHC y con espíritu colaborativo os animamos a proponer nuevos proyectos de investigación que requieran de la coordinación de ambas bases de datos.

Proyectos aprobados

"Estrategia colaborativa multicéntrica nacional para mejorar la clasificación de variantes en genes de reparación de apareamientos erróneos del DNA"

Objetivos: transferir hasta 255 clasificaciones consensuadas a SpadaHC y refinar la clasificación de variantes recurrentes en SpadaHC de los genes MMR.

¿Te interesa participar?

Escríbenos a spada.hc@ciberonc.es

¡Recuerda!

1

Si aún no estás registrado y te interesa colaborar con SpadaHC, escríbenos.

2

Si ya estás registrado, se recomienda continuar con la transferencia de datos de manera periódica cada 3 o 6 meses.