

Integrated genomic and transcriptomic analysis improves disease classification and risk stratification of MDS with ring sideroblasts

SND-ID: 2023-148. **Version:** 1. **DOI:** <https://doi.org/10.48723/zt59-8x04>

Tillhörande dokumentation

readme.txt (1.58 KB)

Variable_list_metadata_RS.csv (5.51 KB)

Citering

Todisco, G., & Hellström-Lindberg, E. (2023) Integrated genomic and transcriptomic analysis improves disease classification and risk stratification of MDS with ring sideroblasts (Version 1) [Dataset]. Karolinska Institutet. Tillgänglig via: <https://doi.org/10.48723/zt59-8x04>

Skapare/primärforskare

[Gabriele Todisco](#) - Karolinska Institutet, Institutionen för medicin, Huddinge / Centrum för hematologi och regenerativ medicin (HERM)

[Eva Hellström-Lindberg](#) - Karolinska Institutet, Institutionen för medicin, Huddinge / Centrum för hematologi och regenerativ medicin (HERM)

Forskningshuvudman

[Karolinska Institutet](#) - Institutionen för medicin, Huddinge / Centrum för hematologi och regenerativ medicin (HERM)

Beskrivning

Heltranskriptom-sekvensering (RNA-seq) från CD34-uttryckande mononukleära benmärgsceller från patienter med myelodysplastisk syndrom med ringsideroblaster (MDS-RS). CD34-uttryckande celler isolerades från mononukleära benmärgsceller via instrumentet AUTO-MACS med dubbelseparation (Miltenyi Biotec, Germany). RNA extraherades från CD34-uttryckande celler via RNeasy Microkit (Qiagen, Hilden, Germany) och behandlades därefter med DNase i enlighet med tillverkarens instruktion. RNA integritetsnumret uppskattades sedan via Agilent RNA 6000 Pico (Agilent Technologies, Palo Alto, CA) och var högre än 6.5 i alla prover (median 8.2). RNA sekvenseringsbiblioteken sattes upp från allt RNA via SMARTer Stranded Total RNA-Seq Kit v2 Pico Input Mammalian med enzymatisk degradering av ribosomalt RNA (Takara Bio, Japan). RNA-biblioteken sekvenserades sedan på Novaseq 6000 med "paired-end 150bp" inställning. Slutligen kombinerade vi molekylära och kliniska data i syfte att hitta nya prognostiska markörer och förbättra karaktärisering av sjukdomen hos patienter med MDS.

Datasetet består av två filer:

- FASTQ_RS.tar.gz: komprimerad mapp innehållande 258 fastq-filer
- metadata_RS.xlsx

Datasetets totala storlek är ca 1 TB.

Data innefattar personuppgifter

Ja

Data innehåller känsliga personuppgifter

Ja

Typ av personuppgifter

Genetiska uppgifter, uppgifter om hälsa

Kodnyckel existerar

Ja

Språk

[Engelska](#)

Population

Patienter med myelodysplastisk syndrom med ringsideroblaster (MDS-RS)

Studiedesign

Observationsstudie

Urvalsmetod

We studied 129 MDS patients with ring sideroblasts within a population of 834 myeloid neoplasms evaluated at Karolinska University Hospital in Stockholm between February 2004 and August 2020.

CD34+ cells were isolated from the MNC using AUTO-MACS with double-separation option (Miltenyi Biotec, Germany) and submitted for RNA extraction for all cases and controls. The RNA-sequencing (RNA-seq) libraries were prepared from total RNA using SMARTer Stranded Total RNA-Seq Kit v2 Pico Input Mammalian with enzymatic ribosomal depletion (Takara Bio, Japan). Libraries were sequenced using the Novaseq 6000 with paired-end 150bp configuration.

Tidsperiod(er) som undersökts

2002 - 2022

Studie kopplad till biobank

Studien har använt befintliga prover/material från en vetenskaplig samling eller biobank

Namn på vetenskaplig samling/biobank: Karolinska MDS Biobank

Typ(er) av prov: Benmärgsceller; RNA

Antal individer/objekt

129

Dataformat / datastruktur

[Text](#)

[Övrigt](#)

Geografisk utbredning

Geografisk plats: [Sverige](#)

Ansvarig institution/enhet

Institutionen för medicin, Huddinge / Centrum för hematologi och regenerativ medicin (HERM)

Etikprövning

Stockholm - dnr 2017/1090-31/4

Forskningsområde

[Cancer och onkologi](#) (Standard för svensk indelning av forskningsämnen 2011)

Nyckelord

[Blodsjukdomar](#), [Myelodysplastiskt syndrom](#), [Myelodysplastiska-myeloproliferativa syndrom](#), [Människors hälsa och säkerhet](#), [Cancer](#), [Neoplasms](#), [Tumors](#)

Publikationer

Todisco G, Creignou M, Bernard E, Björklund AC, Moura PL, Tesi B, Mortera Blanco T, Sander B, Jansson M, Walldin G, Barbosa I, Reinsbach SE, Hofman IJ, Nilsson C, Yoshizato T, Dimitriou M, Chang D, Olafsdottir S, Venckute Larsson S, Tobiasson M, Malcovati L, Woll P, Jacobsen SW, Papaemmanuil E, Hellström-Lindberg E. Integrated genomic and transcriptomic analysis improves disease classification and risk stratification of MDS with ring sideroblasts. Clin Cancer Res. 2023 Jul 27:CCR-23-0538. doi: 10.1158/1078-0432.CCR-23-0538.

DOI: <https://doi.org/10.1158/1078-0432.CCR-23-0538>

Tillgänglighetsnivå

Åtkomst till data via SND

Tillgång till data är begränsad

Användning av data

[Att tänka på vid användning av data som delas via SND](#)

Licens

[CC BY-NC 4.0](#)

Versioner

Version 1. 2023-07-25

Kontakt för frågor om data

Eva Hellström-Lindberg

eva.hellstrom-lindberg@ki.se

Ladda ner metadata

[DataCite](#)

[DDI 2.5](#)

[DDI 3.3](#)

[DCAT-AP-SE 2.0](#)

[JSON-LD](#)

[PDF](#)

[Citation \(CSL\)](#)

Publicerad: 2023-07-25

Senast uppdaterad: 2023-09-21