



Identyfikacja podłoża genetycznego CHORÓB PŁUC Z TORBIELOWATOŚCIĄ

IMIĘ: xxxxxx

NAZWISKO: xxxxxxxxxxxx

PESEL: xxxxxxxxxxxxxx

DATA URODZENIA: xxxxxxxxxxxx

PŁEĆ: K

ADRES: xxxxxxxxxxxxxx

DATA PRZYJĘCIA SKIEROWANIA: xxxxxxxxxxxx

ROZPOZNANIE: Pierwotna samoistna odma opłucnowa

DATA PRZYJĘCIA MATERIAŁU: xxxxxxxxxxxxxx

DATA WYNIKU: xxxxxxxxxxxxxx

RODZAJ MATERIAŁU: krew pełna

METODA ANALIZY: sekwencjonowanie całoeksomowe (WES, ang. Whole Exome Sequencing) poszerzone o analizę DNA mitochondrialnego oraz opisywanych zmian zlokalizowanych poza sekwencja kodującą (eksomem), z wykorzystaniem zestawu Twist BioSciences (Twist Exome 2.0 + Comprehensive Exome Spike-In + human mtDNA panel) oraz technologii Illumina.

Analiza bioinformatyczna obejmuje analizę zmian genetycznych w obrębie eksonów genów: *AARS2 ABCA3 ABCA6 ACVRL1 AFF4 ANKRD1 AP3B1 ARHGAP5 ARHGAP9 ATP13A3 BCLAF1 BLOC1S3 BLOC1S6 BMP1 BMPR1A BMPR1B BMPR2 CAV1 CCDC186 CDC27 CFTR CHD7 CNN2 COPA CPS1 CSF2RA CSF2RB CTBP2 DES DIPK1A DKC1 DNAH5 DSP DTNBP1 EFEMP1 EIF2AK4 ELMOD2 ENG ERF FAM111B FAM13A FARSA FARSB FBN1 FLCN FLG FLNA FOXF1 FRG1 GATA4 GDF2 GJB2 HCK HLA-DRB1 HPS1 HPS3 HPS4 HPS5 HPS6 HYDIN IL1RN INPP5E ITCH ITGA3 KCNA5 KCNK3 KIF15 LAMA3 LTBP4 MARS MMP1 MMP19 MUC5B NAF1 NF1 NKX2-1 NOTCH2 NOTCH3 NPC1 NPC2 NUP153 OAS1 PABPC1 PARN PHF6 PLAT PMS2 POT1 PSMC3 PTPN11 RPA1 RTEL1 SARS2 SDHA SERPINA1 SFTA3 SFTPA1 SFTPA2 SFTPB SFTPC SFTPD SLC34A2 SLC7A7 SMAD1 SMAD2 SMAD4 SMAD9 SOX17 STAT3 STRA6 TBX4 TERC TERT TINF2 TLR2 TLR3 TLR4 TLR9 TMEM173 TOLLIP TPM1 TSC1 TSC2 USH2A WRN ZCCHC8 SFTPA1 SFTPA2 MUC5B ZCCHC8*

Limit detekcji metody $\geq 5\%$ na poziomie ufności 99%.

Pokrycie dla całego panelu 99,28%, średnia głębokość dla całego panelu x 154

Pokrycie dla mitochondrialnego DNA: 99,99%, średnia głębokość dla mitochondrialnego DNA: x 539

WYNIK:

Stwierdzono następujące zmiany genetyczne (zapis zgodnie z rekomendacją American College of Medical Genetics and Genomics) :

NM_144997.7(FLCN):c.1511_1512del (p.Leu504fs)

HET

Patogenny

Wykryty wariant stanowi 50%, głębokość wykrytego wariantu: 199x

Nie stwierdzono zmian genetyczną w mitochondrialnym DNA.

Nie stwierdzono patogenicznych zmian genetycznych typu in/del.

Nie stwierdzono patogenicznych zmian genetycznych typu CNV.



Dodatkowo wykryto zmiany o nieznanym znaczeniu klinicznym (VUS, ang. Variant Uncertain Significance)*

*lista wszystkich wariantów VUS jest dostępna w Konto pacjenta - wszystkie zmiany VUS są reanalizowane co 6 miesięcy.

INTERPRETACJA:

Zmiany genie *FLCN* są korelowane z Zespołem Birta, Hogg i Dubego 1, BHD1 (MIM # 135150, Birt-Hogg-Dube syndrome-1) o dziedziczeniu autosomalnym dominującym oraz Pierwotną samoistną odmą opłucnową, PSP (MIM # 173600) o dziedziczeniu autosomalnym dominującym.

OPRACOWANO NA PODSTAWIE:

1. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/variation/425683/>
2. <https://www.omim.org/entry/178600>

Konsultował:

dr Łukasz Madej

specjalista laboratoryjnej genetyki medycznej

12835

KOMENTARZ:

Konieczna jest konsultacja lekarska i omówienie wyniku badania z lekarzem specjalistą genetyki klinicznej lub/i lekarzem kierującym

Zgodnie z algorytmem diagnostycznym zaleca się potwierdzenie obecności wytypowanego wariantu metodą sekwencjonowania Sangera z drugiego niezależnego pobrania oraz badanie kosegregacyjne, również dla zmian o charakterze VUS.

Wyniki analizy genetycznej są interpretowane w kontekście dostarczonych danych klinicznych, wywiadu rodzinnego oraz wyników innych badań dodatkowych.

Geny z problemami mapowania dla genomu referencyjnego GRCh37/hg19, geny niekodujące białek związane z chorobami, około 0,2 Mb regionów genomowych, które są trudne do sekwencjonowania za pomocą obecnej technologii wzbogacania i nie mają udowodnionego znaczenia dla zaburzeń monogenowych, są wyłączone z tej analizy. Zmiany genetyczne, takie jak inwersje, translokacje i mutacje dynamiczne, nie są analizowane w tym badaniu. Ze względu na ograniczenia technologiczne, niektóre regiony mogą być słabo pokryte lub w ogóle nie pokryte. W tych regionach i innych obejmujących sekwencje powtarzalne, o wysokiej homologii (takie jak homologia pseudogenów) i sekwencje bogate w GC, niektóre istotne warianty mogą zostać pominięte. Zakłada się, że zmiany o niskim pokryciu (homo/hemizygotyczne lub heterozygotyczne z mniej niż trzema lub czterema odczytami, odpowiednio) będą artefaktami opartymi na naszych obszernych walidacjach i w konsekwencji nie są brane pod uwagę podczas analizy. Heterozygotyczne CNV obejmujące mniej niż trzy eksony nie mogą być niezawodnie wykryte, dlatego są wykluczone z rutynowej analizy i będą sprawdzane i zgłaszane tylko na podstawie wskazań medycznych lub technicznych. Czulość wykrywania CNV jest zmniejszona w przypadku regionów powtarzalnych i homologicznych, takich jak pseudogeny. Warianty mitochondrialne z poziomem heteroplazmii poniżej 15% mogą nie zostać wykryte. Oczekuje się, że próbki o niższej jakości (prenatalne, produkty poczęcia, krew od pacjentów z zaburzeniami hematologicznymi i wysoce zdegradowane DNA) mogą generować dane NGS o niższej jakości; w takich przypadkach analiza CNV i / lub analiza genomu mitochondrialnego może nie być możliwa do wykonania. Potencjalny nieprawidłowy splicing jest oceniany za pomocą narzędzi do przewidywania splicingu. Warianty intronowe, które znajdują się poza 10 nukleotydami od granic ekson-intron, nie są brane pod uwagę w analizie nieprawidłowego splicingu, z wyjątkiem znanych patogennych wariantów splicingowych potwierdzonych przez źródła zewnętrzne.

Pulmogenetyka.pl jest własnością Instytutu Diagnostyki Molekularnej Diagmol sp. z o.o. ul. Chodkiewicza 5b/2, 25-122 Kielce