

**Nome:** Mariana Botelho Franco Apolinario**Sexo:** Feminino**Data de nascimento:** 02/04/2011**Solicitante:** Welida Salles Portela Cassa (CRM/ES – 10999)**Material:** DNA extraído de swab**Data de coleta:**

28/02/2024

**Entrada no laboratório:**

29/02/2024

**Liberação do resultado:**

08/05/2024

## SEQUENCIAMENTO COMPLETO DO EXOMA

### INFORMAÇÕES CLÍNICAS

Paciente com deficiência intelectual e luxação congênita de quadris.

### RESULTADO

**FOI IDENTIFICADA UMA VARIANTE QUE PODE ESTAR RELACIONADA AO FENÓTIPO RELATADO**

Gene/Transcrito	Localização	Variante	Zigosidade	Doença OMIM	Herança	Classificação da variante
<b>CREBBP</b> ENST00000262367.10	chr16:3729448 G>A	c.5599C>T p.Arg1867Trp	Heterozigose	MIM#618332 MIM#180849	AD	Patogênica

AD: Autossômica dominante.

Os resultados dos testes genéticos são relatados de acordo com as recomendações do *American College of Medical Genetics*.

### VARIAÇÕES NO NÚMERO DE CÓPIAS (CNVs)

Não foram identificadas CNVs significativas relacionadas ao fenótipo relatado.

### INTERPRETAÇÃO E CORRELAÇÃO CLÍNICA

#### VARIANTE 1 (gene **CREBBP**):

**Descrição da variante:** Foi identificada uma variante *missense*, em heterozigose, no exon 31 do gene **CREBBP** (**Profundidade: 158x**) que resulta na substituição do aminoácido Arginina por Triptofano no códon 1867 (**p.Arg1867Trp; rs398124148**). A variante não foi relatada em bancos de dados populacionais. Os preditores de patogenicidade *in silico* classificaram a variante como “deletéria” pelos algoritmos Revel, AlphaMissense, Eve, SIFT, MutationTaster, DANN, MetaLR, PrimateAI e BayesDel. Essa variante é descrita no ClinVar como “patogênica” ([ID: 871516](#)).

**Classificação ACMG:** Patogênica (PS4;PM2;PM5;PM1;PP3;PP2).

**Fenótipo OMIM:** A Síndrome de Menke-Hennekam 1 ([MIM#618332](#)) e a síndrome de Rubinstein-Taybi 1 ([OMIM#180849](#)) podem ser causadas por variantes patogênicas/provavelmente patogênicas, em

heterozigose, no gene *CREBBP* ([MIM\\*600140](#)). Variantes *missense*, patogênicas/provavelmente patogênicas, envolvendo os exons 30 e 31 deste gene estão associadas à Síndrome de Menke-Hennekam 1.

**O significado/classificação das variantes pode mudar com base em testes genéticos nos pais e outros membros da família.**

## ACHADOS ADICIONAIS

A tabela abaixo apresenta variante adicional significativa, mas pode não ser diretamente relevante para o fenótipo do paciente. A associação clínica pode ser evidenciada no futuro caso o fenótipo da doença evolua ou mais informações sejam acumuladas na literatura científica. Por favor, escreva para [laboratorio@singularmp.com.br](mailto:laboratorio@singularmp.com.br) caso precise de mais informações sobre essas variantes. A classificação dessa variante pode mudar ao longo do tempo.

Esta tabela não fornece uma lista completa de todas as possíveis variantes significativas detectadas. A correlação fenótipo-genótipo precisa ser interpretada e avaliada pelo clínico.

Gene/Transcrito	Localização	Variante	Zigosidade	Doença OMIM	Herança	Classificação da variante
<i>TNR</i> ENST00000367674.7	chr1:175403484 C>T	c.632G>A p.Arg211Gln	Heterozigose	MIM#619653	AR	Significado incerto
	chr1:175365273 C>T	c.2324G>A p.Arg775His	Heterozigose			Significado incerto

AR: Autossômica recessiva.

**Estas variantes no gene *TNR*, podem estar em heterozigose composta.**

## RECOMENDAÇÕES

**Aconselhamento genético é recomendado.**

Se os resultados obtidos não corresponderem aos achados clínicos, testes adicionais devem ser considerados conforme as recomendações do médico assistente.

## ISENÇÃO DE RESPONSABILIDADE

Fica esclarecido que os relatórios gerados a partir dos testes não fornecem nenhum diagnóstico ou opinião ou recomendam qualquer forma de conduta. Este relatório foi realizado com base no conhecimento atual, isto é, nas informações disponíveis no momento da elaboração dele. A classificação das variantes pode mudar com o tempo e a Singular Medicina de Precisão não pode ser responsabilizada por isso. A Singular Medicina de Precisão recomenda que o paciente e/ou seus responsáveis, conforme o caso, procurem o médico assistente ou um médico geneticista, para interpretar os relatórios gerados. A Singular Medicina de Precisão, por meio deste documento, se isenta de qualquer responsabilidade decorrente da conduta médica relacionada à interpretação dos resultados. A Singular Medicina de Precisão tem como parceiros laboratórios com certificação de alto padrão de qualidade para a realização das análises genéticas.

## METODOLOGIA

O DNA extraído foi usado para realizar a captura de genes direcionados usando um kit de captura personalizado. As bibliotecas foram sequenciadas para obter cobertura > 80-100X na plataforma de sequenciamento Illumina/MedGenome. Seguimos a estrutura de boas práticas do GATK para identificação de variantes na amostra usando o Sentieon (v201808.07). As sequências obtidas foram alinhadas ao **genoma de referência humano (GRCh38.p13)** usando o alinhador Sentieon (PMID:20080505) e foram analisadas utilizando o Sentieon para remover duplicatas, recalibração e realinhamento de indels. O Sentieon haplotypcaller foi usado para identificar variantes relevantes para a suspeita clínica. A anotação genética das variantes é realizada usando o programa VEP (PMID: 20562413) contra o modelo de gene humano do Ensemble release 99 (PMID: 29155950).

Além dos SNVs e pequenos Indels, as variantes do número de cópias (CNVs) são detectadas a partir dos dados da sequência alvo, usando o método ExomeDepth (PMID: 22942019). Esse algoritmo detecta CNVs raras com base na comparação das profundidades de leitura dos dados de teste com o conjunto de dados de referência agregado correspondente.

Mutações clinicamente relevantes foram anotadas usando variantes publicadas na literatura e um conjunto de bancos de dados de doenças - ClinVar, OMIM, HGMD, LOVD, DECIPHER (population CNV) e SwissVar (PMID: [26582918](#), [18842627](#), [28349240](#), [21520333](#), [19344873](#), [20106818](#)). As variantes comuns são filtradas com base na frequência do alelo no 1000Genome Phase 3, gnomAD (v3.1), TOPMed Bravo e o Arquivo Brasileiro Online de Mutações (ABraOM) [PMID: [26432245](#), [32461654](#), [33568819](#), [35246524](#)]. O efeito de variantes não sinônimos é calculado usando vários algoritmos, como Revel, MutationTaster, DANN, BayesDel, MetaLR e SIFT. Apenas variantes não sinônimas e do sítio de *splicing* encontradas nas regiões codificantes foram utilizadas para interpretação clínica. Não foram relatadas variantes silenciosas que não resultam na troca de aminoácidos em regiões codificantes.

Tabela - Parâmetros de qualidade de sequenciamento

<b>Total de dados gerados (Gb)</b>	11,31
<b>Total de sequências alinhadas (%)</b>	99,77
<b>Sequências com bom alinhamento (%)</b>	90,06
<b>Dados Q30 (%)</b>	98,08



**Dr Leandro Benevides**  
Biomédico Geneticista  
CRBM-BA 12025



**Dra. Aline Rocha**  
Médica Geneticista  
CRM-BA 31780