

Analyse af gener relevante ved mistanke om Marfan, Loeys-Dietz og lignende syndromer

Panelbeskrivelse

Navn: Analyse af gener relevante ved mistanke om Marfan, Loeys-Dietz og lignende syndromer

Antal gener: 31

version: 2.0

Ibrugtagningsdato: 2025-06-06

Metodebeskrivelse: Prøveforberedelse og sekventering: Der udføres helgenomsekventering (WGS) med Illumina PCR free library prep (tagmentation) og Illumina sekventering (NovaSeq). Middelsekventeringsdybden for analysen er minimum 30X og minimumsandelen af genomet, der er dækket minimum 15X, er 95 %. Middelsekventeringsdybden og andelen, der i gennemsnit er dækket minimum 15X, for de enkelte gener kan ses i nedenstående tabel.

Dataanalyse: Referencegenom: hg38. Alignment og variantkald foretages med hhv. BWA og GATK. Data analyseres for strukturelle varianter vha. Manta og GATK-gCNV. Der foretages *in silico* filtrering af data til relevante genregioner baseret på nedenstående tabel. Varianter med allelfrekvens mindre end 15% filtreres som udgangspunkt fra. For de anførte gener undersøges der for varianter i de proteinkodende regioner og de nærmeste 10 bp i de tilstødende ikke-proteinkodende regioner, samt varianter i ikke-proteinkodende regioner indberettet som sandsynlig patogene (C4) eller patogene (C5) i ClinVar. Varianter klassificeres iht. ACMGs klassifikationsguideline (PMID: 25741868), og hvis tilgængelig og relevant benyttes ClinGens genspecifikke guideline. Varianter af ukendt klinisk betydning (C3) anføres kun i svaret, hvis de vurderes relevante i forhold til sygdomsbilledet. Anlægsbærerstatus for recessiv sygdom rapporteres ikke nødvendigvis. Genomsekventering er en screeningsmetode, og ikke alle varianter kan med sikkerhed identificeres. Den udførte analyse har ikke samme sensitivitet som DNA-microarrayanalyse ift. strukturelle varianter.

Genliste

Gener, hvor middelsekventeringsdybden er < 30X, er markeret med¹. Gener, hvor andelen af de kodede regioner, der dækket minimum 15X, er < 95 % er markeret med². Gener, der derudover vides at være suboptimalt dækket, er markeret med³. Værdier er angivet med +/- standardafvigelse.

Gen	Middelsekventeringsdybde [x]	Andel >= 15x [%]	Andel >= 20x [%]	Andel >= 30x [%]
ADAMTSL4	47.81 +/- 8.71	100.0 +/- 0.0	99.82 +/- 0.5	95.91 +/- 7.97
BGN	37.85 +/- 15.02	99.66 +/- 0.88	88.43 +/- 18.41	60.15 +/- 42.59
CBS	52.89 +/- 8.54	100.0 +/- 0.0	99.8 +/- 0.65	98.07 +/- 4.61
COL11A1	53.88 +/- 7.22	100.0 +/- 0.0	99.95 +/- 0.22	99.2 +/- 1.94
COL11A2	47.48 +/- 8.61	100.0 +/- 0.0	99.72 +/- 1.12	95.79 +/- 8.64
COL1A1	49.25 +/- 8.22	100.0 +/- 0.0	99.92 +/- 0.45	97.55 +/- 7.02
COL1A2	53.66 +/- 7.23	100.0 +/- 0.0	100.0 +/- 0.0	99.26 +/- 2.37
COL2A1	50.27 +/- 8.25	100.0 +/- 0.0	99.9 +/- 0.48	97.93 +/- 6.53
COL3A1	53.72 +/- 7.26	100.0 +/- 0.0	100.0 +/- 0.01	99.45 +/- 1.5
COL5A1	53.24 +/- 8.25	100.0 +/- 0.0	99.9 +/- 0.38	98.25 +/- 4.49
COL5A2	55.4 +/- 7.5	100.0 +/- 0.0	99.99 +/- 0.07	99.5 +/- 1.49
COL9A1	53.77 +/- 7.9	100.0 +/- 0.0	100.0 +/- 0.0	99.4 +/- 1.82
COL9A2	49.41 +/- 8.2	99.98 +/- 0.12	99.56 +/- 1.88	95.51 +/- 8.47
COL9A3	52.14 +/- 8.66	100.0 +/- 0.0	99.84 +/- 0.59	97.26 +/- 5.17
EZH2	55.84 +/- 7.52	100.0 +/- 0.0	100.0 +/- 0.0	99.28 +/- 1.4
FBN1	55.21 +/- 7.75	100.0 +/- 0.0	100.0 +/- 0.0	99.42 +/- 1.72
FBN2	55.2 +/- 7.49	100.0 +/- 0.0	100.0 +/- 0.0	99.26 +/- 1.87
LOX	54.97 +/- 7.63	100.0 +/- 0.0	99.84 +/- 1.01	98.89 +/- 2.86
MED12	38.72 +/- 15.13	99.63 +/- 2.0	88.91 +/- 17.25	62.9 +/- 40.62
NOTCH3	51.43 +/- 8.1	100.0 +/- 0.0	99.65 +/- 0.94	97.14 +/- 5.29

Gen	Middelsekventeringsdybde [x]	Andel >= 15x [%]	Andel >= 20x [%]	Andel >= 30x [%]
<i>PIGN</i>	54.9 +/- 7.58	100.0 +/- 0.0	99.97 +/- 0.15	99.19 +/- 1.65
<i>PLOD1</i>	46.68 +/- 8.0	100.0 +/- 0.0	99.95 +/- 0.13	95.59 +/- 8.98
<i>SKI</i>	47.31 +/- 7.72	98.55 +/- 1.61	94.04 +/- 3.26	86.29 +/- 7.47
<i>SLC2A10</i>	53.47 +/- 8.85	100.0 +/- 0.0	99.97 +/- 0.13	98.91 +/- 3.98
<i>SMAD2</i>	54.45 +/- 7.27	100.0 +/- 0.02	99.91 +/- 0.22	98.98 +/- 1.59
<i>SMAD3</i>	51.59 +/- 8.16	100.0 +/- 0.0	99.62 +/- 0.93	96.5 +/- 4.34
<i>TGFB2</i>	52.64 +/- 7.09	100.0 +/- 0.0	99.96 +/- 0.17	98.75 +/- 2.65
<i>TGFB3</i>	51.27 +/- 8.32	100.0 +/- 0.0	99.99 +/- 0.05	98.79 +/- 4.24
<i>TGFBR1</i>	54.83 +/- 7.94	100.0 +/- 0.0	99.94 +/- 0.18	98.85 +/- 1.81
<i>TGFBR2</i>	53.77 +/- 7.56	100.0 +/- 0.0	100.0 +/- 0.03	99.28 +/- 2.33
<i>TNXB</i>	47.58 +/- 7.81	97.64 +/- 1.41	92.13 +/- 2.3	87.42 +/- 5.39

For supplerende oplysninger vedrørende analysen kan afdelingen kontaktes på mail: mol-dia@rn.dk. Rapport genereret: 09/10-2025