

Repeatanalyse ved mistanke om spinocerebellar ataksi

Analysebeskrivelse

Navn: Repeatanalyse ved mistanke om spinocerebellar ataksi

Antal gener: 10

version: 1.0

Ibrugtagningsdato: 2025-02-24

Metodebeskrivelse: Der undersøges for tandem-repeat ekspansioner ved brug af long-read sekventering (PacBio Revio platform).

Prøveforberedelse og sekventering: Til biblioteks fremstilling udføres targetering ved brug af clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR)-associated protein-9 nuklease (Cas9) system, som en del af PureTarget Repeat Expansion Targeting kit (cat#103-234-700, Pacific Bioscience). Middelsekventeringsdybden for analysen er minimum 50X.

Dataanalyse: Referencegenom: hg38. Alignment foretages med pbmm2 (PacificBiosciences). Data analyseres for repeatekspansioner samt haplotyping vha Tandem repeat genotyper tool (TRGT) software (PacificBiosciences).

Genliste

I nedenstående tabel er de patogene motifs i de enkelte gener, der undersøges angivet. For hvert motif er antallet af det maksimale repeats, som ikke betegnes som en ekspansion angivet [GeneReviews #NBK535148]. Detekteres et større antal repeats end cutoffværdien, vil genet blive rapporteret som ekspanderet.

Gen	Motif	Benign cutoff [repeats]
<i>ATN1</i>	CAG	35
<i>ATN1</i>	CAA	35
<i>ATXN1</i>	CAG	35
<i>ATXN10</i>	ATTCT	32
<i>ATXN2</i>	CAG	31
<i>ATXN3</i>	CAG	44
<i>ATXN7</i>	CAG	27
<i>ATXN8OS</i>	(CTA) _n (CTG) _n	50
<i>CACNA1A</i>	CAG(CTG)	18
<i>PPP2R2B</i>	CAG	31
<i>TBP</i>	CAG	40

For supplerende oplysninger vedrørende analysen kan afdelingen kontaktes på mail: mol-dia@rn.dk. Rapport genereret: 28/10-2025