

Zentrum für Humangenetik Tübingen | Paul-Ehrlich-Str. 23 | D-72076 Tübingen

Frau
Dr. med. Erika Muster
Paul-Ehrlich-Straße 23
72076 Tübingen

Patient	XXX, XX
ID #	weiblich (*TT.MM.JJJJ)
Probeneingang	xxx
Material	EDTA-Blut
Befunddatum	xxx
Befund-ID	R#

Molekulargenetischer Befund – XXX, XX (*TT.MM.JJJJ)

Indikation V. a. genetisch bedingte Epilepsie mit myoklonischen Anfällen; atypische Absencen, tonisch-klonische Anfälle, mittelgradige Intelligenzminderung, Motorik sowie Sprache verzögert, faziale Dysmorphien

Auftrag Molekulargenetische Diagnostik: *GABRA1, GABRB3, SCN1A, SLC2A1, SYNGAP1, NEXMIF* (Exomanreicherung)

Ergebnis: Auffälliger Befund

- **Nachweis einer pathogenen Variante im Gen *NEXMIF*, die mit einem Intelligenzminderungssyndrom (XLID98) assoziiert und mit der Symptomatik Ihrer Patientin vereinbar ist.**
- Es wurden keine genomischen Zugewinne oder Verluste gefunden, die nach derzeitigem Kenntnisstand für die Erkrankung Ihrer Patientin ursächlich sind.

Gen	Variante	Zygotie	Erbgang	MAF (%)	Bewertung
<i>NEXMIF</i>	c.1882C>T; p.Arg628* chrX:73962510 G>A	het.	XL	-	pathogen

Informationen zur Interpretation dieser Tabelle können im Abschnitt *Ergänzenden Informationen* eingesehen werden.

Empfehlung

Um festzustellen, ob die Variante im Gen *NEXMIF* *de novo* entstanden ist, empfehlen wir die Untersuchung der Eltern der Patientin hinsichtlich dieser Veränderung.

Humangenetische Relevanz

Die Patientin ist heterozygote Trägerin einer pathogenen Variante im Gen *NEXMIF*, die für die Familienplanung und auch für Verwandte relevant sein kann. Wir weisen darauf hin, dass formalgenetisch diese Variante im Gen *NEXMIF* mit einer Wahrscheinlichkeit von jeweils 50 % weitervererbt werden kann. Es besteht ein Risiko von jeweils 50 % für Söhne von der Erkrankung betroffen zu sein. Töchter sind mit 50 % Wahrscheinlichkeit ebenfalls Trägerinnen der Variante und zeigen in der Regel ebenfalls klinische Zeichen der Erkrankung in unterschiedlicher Ausprägung.

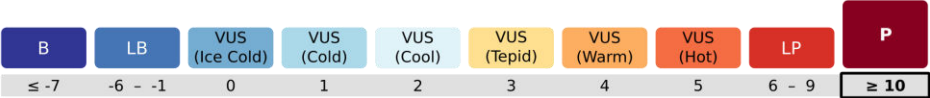
Klinische Information und Varianten-Interpretation

NEXMIF, NM_001008537.3

OMIM / Referenz	Phänotyp	Erbgang
300912	Intellektuelle Entwicklungsstörung, X-chromosomal 98 (XLID98)	XL

Das Gen **NEXMIF** (*KIAA2022*) kodiert für ein Protein, welches eine zentrale Rolle bei der neuronalen Morphogenese spielt (Gilbert und Man, 2016, PMID: 27822498). Die **NEXMIF**-assoziierte Entwicklungsstörung folgt einem X-chromosomal dominanten Erbgang, wobei weibliche Trägerinnen in seltenen Fällen z.B. aufgrund einer ungleichen, protektiven X-Inaktivierung auch nicht betroffen sein können. Grundsätzlich ist die Schwere der Erkrankung bei weiblichen Betroffenen wesentlich variabler als bei männlichen. Klinisch bestehen neben einer verzögerten psychomotorischen Entwicklung und Intelligenzminderung oft auch eine therapierefraktäre Epilepsie, eine Sprachentwicklungsstörung, Verhaltensstörungen, Strabismus, eine postnatale Wachstumsretardierung sowie Bewegungsstörungen. Bisher sind ausschließlich Veränderungen als pathogen beschrieben, die mutmaßlich zu einem Funktionsverlust des Proteins führen. Typischerweise entstehen pathogene Varianten *de novo* (u.a. de Lange et al., 2016, PMID: 27358180; Stamberger et al. 2021, PMID: 3314468).

NEXMIF, c.1882C>T; p.Arg628* (het.)

ACMG/ACGS Kriterium	Punkte	Erklärung
PVS1	+8	Die Veränderung führt wahrscheinlich zum Verlust (oder Trunkierung) des Proteins und entspricht somit dem bekannten Pathomechanismus für eine NEXMIF assoziierte Erkrankung.
PS4 (moderate)	+2	Die Prävalenz der Variante bei betroffenen Personen ist im Vergleich zur Prävalenz bei Kontrollpersonen deutlich erhöht. <small>Athanasakis et al, 2014, PMID: 24307393</small>
PM2	+2	Die Variante wurde bisher nicht in der Populationsdatenbank gnomAD nachgewiesen.
PM6	+2	Die Variante wurde bereits <i>de novo</i> bei einem Patienten mit der Erkrankung ohne positive Familienanamnese detektiert. Die Anzahl der <i>de novo</i> Fälle und weitere Faktoren wie bestätigte Elternschaft beeinflussen die Evidenzstärke. <small>Stamberger et al, 2021, PMID: 33144681</small>
ACMG/ACGS Klassifizierung: Pathogen	+14	 <p>The scale shows the following categories and their corresponding point values: B (≤ -7), LB (-6 - -1), VUS (Ice Cold) (0), VUS (Cold) (1), VUS (Cool) (2), VUS (Tepid) (3), VUS (Warm) (4), VUS (Hot) (5), LP (6 - 9), and P (≥ 10). The total score of +14 is highlighted in a red box.</p>

Nach § 10 GenDG soll jede diagnostische genetische Untersuchung mit dem Angebot einer genetischen Beratung einhergehen. Bei gesicherter Diagnose einer genetischen Erkrankung ist eine genetische Beratung anzubieten.

Befund erstellt von: XXX

Geprüft durch: XXX

Validiert durch: XXX

Mit freundlichen Grüßen

Saskia Biskup

Saskia Biskup

Fachärztin für Humangenetik

Ergänzende Informationen

Untersuchte Regionen	<p>Für die oben genannte Patientin wurde eine Exom-Sequenzierung durchgeführt.</p> <p>GABRA1 (NM_000806.5), GABRB3 (NM_000814.6), SCN1A (NM_001165963.4), SLC2A1 (NM_006516.4), SYNGAP1 (NM_006772.3), NEXMIF (NM_001008537.3)</p> <p>Folgende (Differential-)Diagnosen wurden ebenfalls im Rahmen der Auswertung unserer Sequenzierdaten berücksichtigt: Epileptische Enzephalopathie</p>
Allgemeine Hinweise	<p>Varianten in nicht untersuchten Bereichen der analysierten Gene (z.B. Introns, untranslatierte Regionen (UTRs), Promotor oder Enhancer), in Bereichen mit multiplen Kopien hoher Sequenzhomologie, Repeat-Expansionen sowie Kopienzahlveränderungen einzelner Exons oder eines gesamten Gens können nicht sicher erfasst und somit nicht ausgeschlossen werden. Des Weiteren können Mosaik mit geringem Frequenzanteil nicht sicher erfasst und somit ebenfalls nicht ausgeschlossen werden. Aufgrund neuer Erkenntnisse oder verbessertem wissenschaftlichen Verständnis kann sich die Einschätzung von Varianten zu einem späteren Zeitpunkt verändern.</p>
Information zur Interpretation der Tabellen	<p>Erbgang: AD – autosomal dominant; AR – autosomal rezessiv; XL – X-chromosomal; mito – mitochondrial</p> <p>MAF: Die minor allele frequency gibt Auskunft über die Seltenheit einer Variante in der Bevölkerung. Für Varianten, die auf der mitochondrialen DNA kodiert sind, wird die Frequenz homoplasmatischer Träger in einer Referenzpopulation angegeben (gnomAD).</p> <p>Bewertung: Die Klassifizierung von Varianten basiert auf den Richtlinien der ACMG, der ACGS-2020v4.01 sowie der ClinGen SVI WG (Richards et al., 2015, PMID: 25741868; Ellard et al., 2020, Association for Clinical Genomic Science; https://clinicalgenome.org/working-groups/sequence-variant-interpretation/). Die Gewichtung der Kriterien bzw. deren Modifikation erfolgt nach den aktuellen Empfehlungen der ACGS in den Stärken <i>Very Strong</i> (+ 8), <i>Strong</i> (+/- 4), <i>Moderate</i> (+/- 2), sowie <i>Supporting</i> (+/- 1). Entsprechend der jeweiligen Kategorie (pathogen, benigne) und Kriteriumsstärke werden oben genannte positive oder negative Punkte vergeben (Tavtigian et al., 2020, PMID: 32720330). Varianten unklarer Signifikanz (VUS) werden nach ihrer Wahrscheinlichkeit zukünftig eine pathogene Klassifikation zu erreichen einem Temperaturgradienten folgend in <i>hot</i>, <i>warm</i>, <i>tepid</i>, <i>cool</i>, <i>cold</i> und <i>ice cold</i> VUS subkategorisiert. Die A-posteriori-Wahrscheinlichkeit nimmt in dieser Reihenfolge von 90 % bis 10 % ab (Ellard et al., 2020, Association for Clinical Genomic Science). Erreicht eine Variante die Klasse pathogen werden, nach Prüfung aller benignen Kriterien, nicht zwingend alle weiteren anwendbaren Kriterien aufgeführt.</p> <p>Die chromosomalen Positionen der im Befund aufgeführten Varianten beziehen sich auf das humane Referenzgenom hg19.</p>
Methoden	<p>Sequenzierung: Die kodierenden Bereiche sowie die angrenzenden Intronbereiche und weitere nicht kodierende, krankheitsrelevante Regionen wurden mittels in-solution-hybridization Technologie angereichert und anschließend mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung auf dem Illumina NovaSeq 6000/NovaSeq X Plus System analysiert.</p> <p>NGS basiertes CNV-Calling: CNVs (<i>copy number variations</i>) wurden auf Basis von Sequenzen, die eindeutig einer genomischen Position zugeordnet werden konnten, unter Verwendung einer intern entwickelten Methode basierend</p>

auf der Sequenzierungstiefe berechnet (nicht anwendbar auf das mitochondriale Genom). Es wurden Referenzproben verwendet, um ein Modell der erwarteten Abdeckung zu erstellen, das sowohl mögliche Abweichungen im Laborprozess als auch Variation zwischen Proben generell widerspiegelt. Das *CNV-Calling* wurde durchgeführt, indem die normalisierte Abdeckung jeder Probe und deren Abweichung von der erwarteten Abdeckung berechnet wurden. Genomische Regionen werden als Variante bezeichnet, wenn sie signifikant von der erwarteten Abdeckung abweichen. Die Bezeichnung der nachgewiesenen Kopienzahlveränderungen erfolgt nach den Richtlinien der aktuellen ISCN. Balancierte Translokationen, uniparentale Disomien, sowie niedrigprozentige Mosaiken können mit dieser Methode nicht erkannt werden. Regionen auf dem Y-Chromosom sowie die pseudoautosomalen Regionen können nicht mit hoher Genauigkeit erfasst werden. Das NGS-basierte CNV-Calling erlaubt keine Aussage über den Integrationsort von Duplikationen.

Bitte beachten Sie, dass die auf *Next-Generation Sequencing* basierende Detektion von Kopienanzahlveränderungen eine geringere Sensitivität/Spezifität aufweist als beispielsweise eine MLPA. Kopienzahlneutrale strukturelle Aberrationen können mit der durchgeführten Methode nicht detektiert werden (z.B. balancierte Translokationen und balancierte Inversionen). Sämtliche befundeten CNVs wurden, wenn möglich, mit Hilfe einer zweiten Methode validiert. Im Rahmen des Befundes nicht berichtete CNVs garantieren letztlich nicht das generelle Fehlen von CNVs.

Bioinformatik: Die Sequenzierdaten wurden mit Illumina bcl2fastq2 aufbereitet. Mitsequenzierte Adaptersequenzen wurden mit Skewer entfernt und die so erhaltenen Sequenzen durch den Burrows Wheeler Aligner gegen das humane Referenzgenom (hg19) aligniert. Sequenzen, die nicht eindeutig einer genomischen Position zugeordnet werden konnten, wurden entfernt, ebenso Sequenzduplikate, die wahrscheinlich auf die Amplifikation zurückzuführen sind. Anhand der verbleibenden Sequenzen hoher Qualität wurden Sequenzvarianten (Einzelnukleotidaustausche und kurze Insertionen/Deletionen) bestimmt. Diese wurden mit verschiedenen internen und externen Datenbanken annotiert.

Genetische Datenauswertung: Die Klassifizierung von Varianten basiert auf den ACMG/ACGS-2020v4.01 Richtlinien (Richards et al., 2015, PMID: 25741868, <https://www.acgs.uk.com/quality/best-practice-guidelines/>).

Bewertet werden nur Varianten (SNVs/Small Indels) mit einer Populationsfrequenz (MAF) < 1,5 % innerhalb der kodierenden Regionen sowie in flankierenden intronischen Regionen (± 8 bp). Bekannte krankheitsauslösende Varianten (laut HGMD) werden in flankierenden Regionen bis zu ± 30 bp und bis zu einer MAF < 5 % bewertet. Populationsfrequenzen werden anhand öffentlicher Datenbanken (z.B. gnomAD) sowie einer internen Datenbank ermittelt. Unsere Qualitätskriterien erfordern bei Nichterreichen einer informativen Sequenzierungstiefe mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung eine lokale Re-Sequenzierung mittels herkömmlicher Sanger-Technologie. Sämtliche für den gegebenen Fall relevanten und nach obigem Vorgehen identifizierten CNVs werden manuell evaluiert. Potenziell pathogene Ergebnisse werden ggf. mit einer zweiten diagnostischen Methode, wie beispielsweise MLPA, validiert.

Im vorliegenden Fall wurde mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung eine Sequenzierungstiefe von min. 30X für xx % der kodierenden Bereiche erreicht. **Für die Beurteilung der Varianten wurden die klinischen Informationen herangezogen, die uns zum Zeitpunkt der Auswertung vorlagen.** Befundet werden nur Varianten, die entsprechend der aktuellen Datenlage nicht als benigne oder wahrscheinlich benigne eingestuft wurden. Zur *in silico*-Vorhersage wurden die Programme MetaLR (Dong et al., 2015, PMID: 25552646), PrimateAI (Sundaram et al., 2018, PMID: 30038395) sowie SpliceAI (Jaganathan et al., 2019, PMID: 30661751) verwendet. In Einzelfällen kann diese Prädiktion durch zusätzliche *in silico*-Vorhersagen ergänzt werden.

Die Nomenklatur gefundener Varianten erfolgt nach den Richtlinien der HGVS, jedoch ohne Berücksichtigung der allelischen Zuordnung einzelner Varianten, da diese meist nicht bekannt ist.

Die Probe hat die bei uns geltenden Qualitätskriterien nach Probeneingang und den jeweiligen analytischen Bearbeitungsschritten im Labor eingehalten.

Bei dem oben beschriebenen Verfahren handelt es sich um einen inhouse entwickelten und validierten Test (Laboratory developed test; LDT).

Bezüglich Mitteilung, Weitergabe und wissenschaftlicher Verwendung dieses Befundes gelten die Bestimmungen des GenDG.