CeGaT

CeGaT GmbH | Paul-Ehrlich-Str. 23 | D-72076 Tübingen | Germany

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

Patient	XXX, XX
ID#	männlich (*TT.MM.JJJJ)
Probeneingang	xxx
Material	DNA
Externe ID	#
Befunddatum	xxx
Befund-ID	R#

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

Indikation	Hypogonadotroper Hypogonadismus, Kryptorchismus, intakter Geruchssinn
Auftrag	Panel-Diagnostik: Hypogonadotroper Hypogonadismus mit oder ohne Anosmie (Exomanreicherung)

Ergebnis: Auffälliger Befund

- **Nachweis einer pathogenen Variante im Gen *ANOS1*, die ursächlich für einen hypogonadotropen Hypogonadismus 1 bei Ihrem Patienten ist.**
- Es wurden keine genomischen Zugewinne oder Verluste gefunden, die nach derzeitigem Kenntnisstand für die Erkrankung Ihres Patienten ursächlich sind.

Gen	Variante	Zygotie	Erbgang	MAF (%)	Bewertung
ANOS1	**c.67_92dup; p.Ala32Trp*fs***32** **chrX:8699994_8700019dup**	**hemi.**	**XL**	**-**	**pathogen**

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

Empfehlung

Wir empfehlen eine weiterführende klinische Diagnostik und Versorgung entsprechend dem aktuellen Protokoll für hypogonadotropen Hypogonadismus (Balasubramanian und Crowley, aktualisiert 2022, PMID: 20301509, GeneReviews).
Um festzustellen, ob die Variante im Gen *ANOS1 de novo* entstanden ist oder vererbt wurde, empfehlen wir die Untersuchung der Mutter des Patienten hinsichtlich dieser Veränderung.

Humangenetische Relevanz

Der Patient ist hemizygoter Träger einer pathogenen Variante im Gen *ANOS1*, die für die Familienplanung und auch für Verwandte relevant sein kann.

Wir weisen darauf hin, dass das veränderte *ANOS1*-Allel an jeden weiblichen Nachkommen vererbt wird. Töchter sind daher Überträgerinnen und können selbst klinische Zeichen der Erkrankung zeigen. Männliche Nachkommen erben dieses Allel hingegen nicht.

Klinische Information und Varianten-Interpretation

ANOS1, NM_000216.4

OMIM / Referenz	Phänotyp	Erbgang
308700	Hypogonadotroper Hypogonadismus mit oder ohne Anosmie (Kallmann Syndrom 1)	XL

Das ***ANOS1***-Gen codiert das Anosmin-1 Protein, welches eine wichtige Rolle bei der Migration von GnRH-Neuronen und olfaktorischen Nerven zum Hypothalamus spielt. Pathogene Varianten in *ANOS1* verursachen den hypogonadotropen Hypogonadismus 1 mit oder ohne Anosmie (Kallmann-Syndrom 1), der charakterisiert ist durch fehlende oder unvollständige sexuelle Reifung mit dem Erreichen des Erwachsenenalters in Verbindung mit niedrigen Spiegeln zirkulierender Gonadotropinen und Testosteron ohne weitere Abnormalitäten der Hypothalamus- Hypophysen-Achse. Die Mehrzahl der Patienten werden während der Pubertät aufgrund des Fehlens der sexuellen Reifung diagnostiziert. Beide Geschlechter können einen teilweisen oder vollständigen Verlust des Geruchssinns (Anosmie) aufweisen, jedoch sind vom Kallmann-Syndrom hauptsächlich männliche Patienten betroffen, bei denen zudem auch ein Kryptorchismus, Mikropenis oder eine Azoospermie vorliegen können. Weibliche Patienten können eine primäre Amenorrhoe aufweisen.

ANOS1, c.67_92dup; p.Ala32Trp*fs**32 (hemi.)

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 *ANOS1*-assoziierte Erkrankung.
PM2	+2	Die Variante ist nicht in der Populationsdatenbank gnomAD gelistet.
ACMG/ACGS Klassifizierung: Pathogen	+10	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) | **P (≥ 10)**

Für jede genetische Diagnostik wird eine genetische Beratung empfohlen, insbesondere wenn eine genetische Erkrankung diagnostiziert wurde.

Befund erstellt von: XXX

Geprüft durch: XXX

Validiert durch: XXX

Mit freundlichen Grüßen

Dr. med. Dr. rer. nat. Saskia Biskup

Fachärztin für Humangenetik

Ergänzende Informationen

Untersuchte Regionen

Für den oben genannten Patienten wurde eine Exom-Sequenzierung durchgeführt. Die Analyse wurde auf die folgenden Regionen beschränkt:

AMH, ***AMHR2***, ***ANOS1***, ***CHD7***, ***CPE***, ***DUSP6***, ***FEZF1***, ***FGF17***, ***FGF8***, ***FGFR1***, ***FLRT3***, ***FSHB***, ***GNRH1***, ***GNRHR***, ***HAMP***, ***HESX1***, ***HFE***, ***HS6ST1***, ***HSD3B2***, ***IGSF10***, ***IL17RD***, ***KISS1R***, ***LAS1L***, ***LHB***, ***LHCGR***, ***NDNF***, ***NR0B1***, ***NSMF***, ***PROK2***, ***PROKR2***, ***PRORP***, ***SEMA3A***, ***SLC40A1***, ***SOX10***, ***SOX2***, ***SOX3***, ***SPRY4***, ***TAC3***, ***TACR3***, ***TCF12***, ***TFR2***, ***WDR11*** (Hypogonadotroper Hypogonadismus mit oder ohne Anosmie)

Allgemeine Hinweise

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 Mosaike 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.

Information zur Interpretation der Tabellen

Erbgang: AD – autosomal dominant; AR – autosomal rezessiv; XL – X-chromosomal; mito – mitochondrial

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).

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 *Very Strong* (+ 8), *Strong* (+/- 4), *Moderate* (+/- 2), sowie *Supporting* (+/- 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 *hot*, *warm*, *tepid*, *cool*, *cold* und *ice cold* 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.

Die chromosomalen Positionen der im Befund aufgeführten Varianten beziehen sich auf das humane Referenzgenom hg19.

Methoden

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.

NGS basiertes CNV-Calling: CNVs (*copy number variations*) wurden auf Basis von Sequenzen, die eindeutig einer genomischen Position zugeordnet werden konnten, unter Verwendung einer intern entwickelten Methode basierend 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 Mosaike 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 Sequenziertiefe 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 Sequenziertiefe von min. 30X für 97,73 % 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. Synonyme Varianten in mitochondrial kodierten Genen werden als benigne bewertet. 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.