

ФИО

Пол: **Жен**
Дата рождения: **27.06.1980**
Возраст: **45 лет**
ИНЗ: 999999999
Дата взятия образца: 24.11.2025 07:00
Дата поступления образца: 24.11.2025 13:34
Врач: 26.11.2025 14:21
Дата печати результата: 26.11.2025

Исследование	Результат	Комментарий
Определение мутаций в генах BRCA1, BRCA2		
Обнаружение вариантов в гене BRCA1	см.комм.	Не обнаружено патогенных и условно патогенных вариантов, а также вариантов неопределенного значения в 24 экзонах гена BRCA1
Обнаружение вариантов в гене BRCA2	см.комм.	Не обнаружено патогенных и условно патогенных вариантов , а также вариантов неопределенного значения в 27 экзонах гена BRCA2
Генетическое заключение	см.комм.	Патогенных вариантов, вероятно патогенных вариантов в генах BRCA1, BRCA2 обнаружено не было Результат прилагается на отдельном бланке
Исполнитель Пешкова Н.Г., врач клинической лабораторной диагностики		

Комментарии к заявке:
Локализация: биопсия ткани

Внимание! В электронном экземпляре бланка название исследования содержит ссылку на страницу сайта с описанием исследования. www.invitro.ru
Результаты исследований не являются диагнозом, необходима консультация специалиста.

М.П. / Подпись врача

Техническое заключение

Развернутое генетическое заключение

ФИО:	...
Метод исследования:	Диагностическое NGS
Исследуемые гены:	BRCA1, BRCA2
Референсный геном:	GRCh38
Среднее покрытие:	1053x
Равномерность покрытия:	95%
Материал:	Фиксированные в формалине парафинизированные образцы
Номер гистологического блока:	8841 II

Найденные патогенные и вероятно патогенные варианты:

Патогенных и вероятно патогенных вариантов обнаружено не было.

Ген	Положение в геноме	Положение в кДНК	Аминокислотная замена	Аллельная частота*	dbSNP	Покрывтие	Содержание аллеля в образце**
BRCA1	-	-	-	-	-	-	-
BRCA2	-	-	-	-	-	-	-

Найденные варианты неопределенного значения:

Вариантов неопределенного значения обнаружено не было.

Ген	Положение в геноме	Положение в кДНК	Аминокислотная замена	Аллельная частота*	dbSNP	Покрывтие	Содержание аллеля в образце**
BRCA1	-	-	-	-	-	-	-
BRCA2	-	-	-	-	-	-	-

* Аллельная частота приведена по базе данных Genome Aggregation Database (gnomAD) (н/д - нет данных)

** В случае обнаружения патогенного или вероятно патогенного варианта для определения его типа (герминальный или соматический) рекомендовано повторить исследование из материала цельной крови.

Результаты данного исследования могут быть правильно интерпретированы только врачом-генетиком

Анализ ДНК пациента проведен на секвенаторе нового поколения (MiSeq, Illumina) методом парно-концевого чтения (2x151 п.н.) со средним покрытием не менее 70—100х. Для пробоподготовки была использована методика таргетного обогащения генов BRCA1, BRCA2. Для названия выявленных вариантов использовалась номенклатура сообщества HGVS [1]. Качество полученных прочтений оценивалось с помощью FastQC^[2]. Было проведено выравнивание на референсную последовательность генома человека версии GRCh38 с помощью BWA^[3], после чего были использованы инструменты GATK 4.1.5.0^[4] для маркировки дубликатов, сортировки и рекалибровки базовой оценки качества. Обнаружение мононуклеотидных вариантов, коротких вставок и делеций было выполнено с использованием алгоритма DeepVariant^[5]. Эффекты найденных вариантов определялись при помощи Ensembl Variant Effect Predictor^[6] и ANNOVAR^[7] с использованием аннотаций по всем известным транскриптам каждого гена из базы RefSeq^[8] с применением ряда методов предсказания патогенности замен (PolyPhen-2^[9], SIFT^[10], MutationTaster2^[11], MutationAssessor^[12], PROVEAN^[13], и др.), а также методов оценки эволюционной консервативности (PhyloP^[14], PhastCons^[15]). Для оценки популяционных частот выявленных вариантов использованы выборки проектов «1000 геномов»^[16], ESP6500^[17] и Genome Aggregation Database^[18]. Для оценки клинической релевантности выявленных вариантов использованы база данных OMIM^[19], специализированные базы данных и литературные данные. В заключение включены только варианты, имеющие возможное отношение к клиническим проявлениям у пациента. Метод не позволяет выявлять инсерции и делеции длиной более 10 п.н., мутации в интронных областях (за исключением канонических сайтов сплайсинга +/-10 нуклеотидов), вариации длины повторов (в том числе экспансии триплетов), а также мутации в генах, у которых в геноме существует близкий по последовательности паралог (псевдоген). Метод не предназначен для определения цис-, трансположения пар гетерозиготных мутаций, а также для оценки уровня метилирования, выявления хромосомных перестроек, полиплоидии, выявления мутаций в состоянии мозаицизма.