

## 3B-EXOME, Unaffected individual

Clinical use

Unique ID: [Unique ID]  
3billion ID: [3billion ID]

## 환자 기본 정보 (PATIENT INFORMATION)

Unique ID	[Unique ID]	담당의	[담당의]	샘플 타입	EDTA blood
3billion ID	[3billion ID]	분과	Pediatrics	샘플채취일	yyyy-mm-dd
생년월일 / 성별	yyyy-mm-dd / Male	의뢰기관	[의뢰기관]	검사등록일	yyyy-mm-dd
인종	East asian			샘플접수일	yyyy-mm-dd

## 임상 정보 (CLINICAL INFORMATION)

증상	Intellectual disability, Atrial septal defect, Cryptorchidism (추가 정보에 기재한 임상 정보는 변이를 해석하는데 활용이 되며 '검사방법 (METHODS)' 섹션에서 해당 정보를 확인할 수 있습니다.)
----	--

## 결과 요약 (RESULT SUMMARY)

Primary findings	No variant reported	Additional findings	No variant reported
Secondary findings	No variant reported	Carriership Findings	No variant reported
Requested gene(s) findings	No variant reported		

## 1차 결과 (PRIMARY FINDINGS)

## NOT DETECTED

이전 임신 또는 가족력에 동반된 증상을 설명할 수 있는 상염색체 열성 질환 유전자를 검토하였으나, 임상적으로 유의미한 변이가 확인되지 않았습니다.

## 1차 결과 해석 (PRIMARY FINDINGS INTERPRETATION)

본 검사 결과는 의뢰된 표현형/증상을 설명할 수 있는, 임상적으로 유의미한 변이에 제한됩니다. 음성 결과는, 제공된 증상을 일으킬 수 있는 질환 유전자에 대해, 검사 대상자가 보인자일 가능성이 낮다는 것을 의미하지만, 검사 기술의 한계 및/또는 유전자형-표현형과 관련된 지식의 한계성으로 인해, 질병을 유발하는 변이가 누락되었을 가능성을 완전히 배제하지 못합니다 (아래 권장사항 #2, #3, #5 참조).

잠재적으로 관련성있는 변이는 다음 페이지에서 확인할 수 있습니다. >

## 3B-EXOME, Unaffected individual

Clinical use

Unique ID: [Unique ID]  
3billion ID: [3billion ID]

## 잠재적으로 관련성이 있는 변이 (ADDITIONAL FINDINGS)

환자의 증상을 설명할 수 있으나 변이의 병원성을 입증할 만한 evidence가 부족하여 primary findings 으로 보고하기 어려운 variants of uncertain significance (VUS), 알려진 질병의 유전 방식 (mode-of-inheritance)과 관계 없이 환자의 증상을 부분적으로 설명할 수 있는 유전자-질병에서 pathogenic/likely pathogenic 변이 또는 VUS, 또한 환자의 증상과 상관 없이 의료진이 제공한 가족력에 관련된 변이를 포함한 추가 변이는 확인되지 않았습니다. (환자용 보고서에는 “잠재적으로 관련성이 있는 변이”는 포함되어 있지 않습니다.)

## 2차 발견 결과 (SECONDARY FINDINGS)

American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG)에서 발행한 가이드라인에서 권장하는 의학적으로 조치 가능한 84개의 '2차 발견 유전자 (Secondary Finding)' 목록에서 임상적으로 관련된 의미있는 변이가 확인되지 않았습니다. 그러나 검사의 기술적 한계나 현재까지 밝혀지지 않은 의학적 정보의 부재 등으로 유전 변이가 발견되지 않았을 가능성도 있습니다.

## 보인자 검사 결과 (CARRIERSHIP FINDINGS)

Primary Findings에 보고된 변이 외에, 분석된 1개의 유전자에서 보인자 여부 (carrier status)와 관련된 병원성(Pathogenic/Likely Pathogenic) 변이는 검출되지 않았습니다. 그러나 검사의 한계로 인해 질병 유발 변이가 누락되었을 가능성은 완전히 배제할 수 없습니다 (권고 사항 #2, #7, #8 참조).

## 별도로 요청된 유전자 (REQUESTED GENE FINDINGS)

요청된 유전자들에서 임상적으로 유의미한 변이가 확인 되지 않았습니다. 요청된 10개 유전자의 protein-coding exon은 충분히 시퀀싱 되었습니다.

## 3B-EXOME, Unaffected individual

Clinical use

Unique ID: [Unique ID]  
3billion ID: [3billion ID]

## 참고 데이터베이스 (RESOURCES)

- Online Mendelian Inheritance in Man®: This report contains information from the Online Mendelian Inheritance in Man® (OMIM®) database, which has been obtained under a license from Johns Hopkins University. This report does not represent the entire, unmodified OMIM® database, which is available in its entirety at <http://omim.org/downloads>.
- gnomAD (genome Aggregation Database): [gnomad.broadinstitute.org](http://gnomad.broadinstitute.org)
- ClinVar (National Center for Biotechnology Information ClinVar Database): [ncbi.nlm.nih.gov/clinvar](http://ncbi.nlm.nih.gov/clinvar)
- HGVS (Human Genome Variation Society): [varnomen.hgvs.org](http://varnomen.hgvs.org)
- HGMD (The Human Gene Mutation Database) Professional
- MITOMAP (A human mitochondrial genome database): <https://www.mitomap.org/MITOMAP>

## 참고문헌 (REFERENCES)

1. Richards S et al. ACMG Laboratory Quality Assurance Committee. Standards and guidelines for the interpretation of sequence variants: a joint consensus recommendation of the American College of Medical Genetics and Genomics and the Association for Molecular Pathology. *Genet Med.* 2015 May;17(5):405-24. PMID: 25741868.
2. Erin R et al. Technical standards for the interpretation and reporting of constitutional copy-number variants: a joint consensus recommendation of the American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG) and the Clinical Genome Resource (ClinGen). *Genet Med.* 2020 Feb;22(2):245-257.
3. Elizabeth M et al. Specifications of the ACMG/AMP standards and guidelines for mitochondrial DNA variant interpretation. *Hum Mutat.* 2020 Dec;41(12):2028-2057.
4. Seo GH et al. Diagnostic yield and clinical utility of whole exome sequencing using an automated variant prioritization system, EVIDENCE. *Clin Genet.* 2020 Dec;98(6):562-570. PMID: 32901917.
5. Lee, K., Abul-Husn, N.S., Amendola, L.M. et al. ACMG SF v3.3 list for reporting of secondary findings in clinical exome and genome sequencing: A policy statement of the American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG). *Genet Med.* 2025 un 23;27(8):101454 PMID 40568962.
6. Dhong-Gun Won et al. 3Cnet: pathogenicity prediction of human variants using multitask learning with evolutionary constraints. *Bioinformatics.* 2021 Jul 16;btab529. PMID: 34270679.
7. McKenna A, Hanna M, Banks E, Sivachenko A. et al. The Genome Analysis Toolkit: a MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data. *Genome Res.* 2010 Sep;20(9):1297-303. PMID: 20644199
8. Xiaoyu Chen, Ole Schulz-Trieglaff, Richard Shaw, et al. Manta v1.6.0: rapid detection of structural variants and indels for germline and cancer sequencing applications. *Bioinformatics.* 2016 Apr 15;32(8):1220-2. PMID: 26647377
9. Dolzhenko E, Deshpande V, Schlesinger F, et al. ExpansionHunter: a sequence-graph-based tool to analyze variation in short tandem repeat regions. *Bioinformatics.* 2019 Nov 15;35(22):4754-6. PMID: 31134279
10. Gardner EJ, Lam VK, Harris DN, et al. The Mobile Element Locator Tool (MELT): population-scale mobile element discovery and biology. *Genome Res.* 2017 Nov;27(11):1916-29. PMID: 28855259
11. Quinodoz M, Peter VG, Bedoni N, et al. AutoMap is a high performance homozygosity mapping tool using next-generation sequencing data. *Nat Commun.* 2021 Jan 22;12(1):518. PMID: 33483490

## 3B-EXOME, Unaffected individual

Clinical use

Unique ID: [Unique ID]  
3billion ID: [3billion ID]

## 참고사항 (NOTES)

- 결과 요약: 결과는 Detected 그리고 Not detected 두 가지로 분류됩니다.

Category	Explanation
Detected	<ul style="list-style-type: none"> <li>가족력에 맞는 질환의 원인 유전자에서 임상적으로 유의미할 가능성이 있는 변이가 (P/LP/VUS) 확인되는 경우</li> </ul>
Not Detected	<ul style="list-style-type: none"> <li>가족력에 맞는 질환의 원인 유전자들에서 임상적으로 관련된 의미있는 변이가 확인되지 않는 경우</li> </ul>

- 변이 분류 (Variant Classification): ACMG guideline (PMID 25741868)에서 제시한 evidence type [population data, computational and predictive data, functional data, segregation data, de novo data, allelic data] 별로 각 evidence의 강도 [very strong (VS), strong (S), moderate (M), supporting (P)]를 결정하여 각 변이를 판독하고 분류 (classify)합니다.

## 권장사항 (RECOMMENDATIONS)

- 검사 결과에 대한 유전 상담이 필요합니다.
- 이 검사는 단백질을 코딩하는 대부분의 엑손 영역 내의 단일염기서열 변이 (single nucleotide variant), 작은 삽입/결실 변이 (small INDEL(<50bp)), 그리고 미토콘드리아 지놈 변이 (mitochondrial genome variant)를 높은 정확도로 검출할 수 있습니다. 역위 (inversion), 전위 (translocation)와 같은 변이가 의심되는 경우, 해당 유형의 변이를 검출하도록 설계된 다른 검사를 수행하는 것을 권장 합니다. 가성 유전자 (pseudogenes)와 같이 염기서열 유사성이 높은 지역의 (highly homologous regions)에 있는 변이는 검출이 어렵거나 정확도가 떨어질 수 있습니다. 코딩 엑손 외의 영역에 있는 인트론 (intronic) 변이, 후성유전학적 변이 (epigenetic factors)나 regulatory region에 있는 변이 또한 검출이 어렵거나 정확도가 떨어질 수 있고 판독이 불가할 수 있습니다.
- 본 검사 결과는 제공된 검사대상자의 임상 정보와 가족력을 기반으로 한 전장유전체 분석에 대한 해석입니다. 제공된 검사대상자에 대한 임상 정보가 부정확하거나 불충분한 경우 신뢰성 있는 결과를 제공하지 못 할 수도 있습니다. 본 검사 결과가 검사대상자의 임상 정보와 상관 관계가 약한 경우, 주치의의 판단에 따라 추가 검사가 필요할 수 있습니다. 변이의 segregation을 확인하기 위해서 다른 가족 구성원에 대한 전체엑솜시퀀싱 또는 생어 시퀀싱 검사를 하는 것이 권장됩니다. 복제수변이(CNV)를 포함한 구조적 변이 (SV)의 경우, 정확한 breakpoint가 확인된 변이만 생어 시퀀싱으로 검사할 수 있습니다. 미토콘드리아 지놈 변이의 경우, 저수준 (low heteroplasmic level, <20%) 변이는 생어 시퀀싱으로 검사할 수 없습니다.
- 본 검사는 유전 변이의 분류를 위해서, 결과 보고 당시 공개된 임상의학 전문 데이터베이스와 관련 문헌을 참조하기 때문에, 새로운 의학적/과학적 후속 연구 결과가 추가될 경우, 참조된 데이터들이 유전 상담시에는 최신 정보가 아닐 수 있습니다.
- 본 검사 결과에서 의미있는 변이가 보고되지 않았을 경우, 유전 질환이 없다는 것을 의미하는 것이 아니며, 새로운 정보가 추가됨에 따라, 변이 분류 및 진단이 변경될 수 있습니다. 재분석이 요청된 경우, 새로운 정보를 사용하여 재분석을 시행하고, 재분석 결과지를 발행합니다. 담당의는 환자에게 새롭게 나타난 증상 정보를 추가하여 재분석에 사용되도록 할 수도 있습니다.
- Primary Findings 및/또는 Secondary Findings에 포함되지 않은 변이는 Sanger sequencing으로 validation 되지 않습니다. 따라서 엄격한 quality 기준을 충족하는 변이만 보고됩니다.
- Carrier Status Findings는 상염색체 열성 또는 X-연관 유전 질환과 연관된, 사전에 정의된 유전자 목록 내의 병원성(Pathogenic) 또는 가능병원성(Likely Pathogenic) 변이로 제한됩니다. Inversion 및 translocation의 경우, 해당 변이의 절단점(breakpoint)이 목록에 포함된 유전자 내에 위치한 경우에 한해 보고됩니다. 상염색체 우성, 미토콘드리아, 모자이크 변이 및 불확실성 변이(Variant of Uncertain Significance, VUS)는 본 분석에서 제외됩니다. 본 분석은 보인자 선별 검사(carrier screening test)가 아니며, 진단을 목적으로 하지 않습니다.

## 3B-EXOME, Unaffected individual

Clinical use

Unique ID: [Unique ID]  
3billion ID: [3billion ID]

## 검사방법 (METHODS)

표준작업지침서에 따라 EDTA blood를 사용하여 채취된 전혈 샘플에서 genomic DNA를 추출했습니다. TruSeq DNA PCR-Free kit (Illumina, San Diego, CA, USA)를 사용하여 sequencing library를 제작하였고, NovaSeq X system (Illumina, San Diego, CA, USA)을 사용하여 sequencing을 수행했습니다. 생성된 총 145,786,689,891개의 염기 서열 데이터는 masking 파일이 적용된 Genome Reference Consortium Human Build 38 (GRCh38)과 인간미토 콘드리아 DNA의 Revised Cambridge Reference Sequence (rCRS)에 align되었습니다. Masking 파일이 적용된 GRCh38은 Genome Reference Consortium (GRC)와의 협업을 통해 염색체 21번의 잘못 중복된 영역을 N으로 치환한 버전입니다 (Nat Biotechnol. 2022;40:672-680). 전장 유전체는 41.62x mean depth-of-coverage로 시퀀싱 되었습니다. 전장유전체의 약 97.95% (전체 상염색체의 98.74%)가 20x 이상으로 시퀀싱 되었습니다. 특정 유전체 영역에 대한 depth-of-coverage (DOC) 정보는 요청 시 제공됩니다. 총 3,950,004개의 단일염기서열 변이 (SNV)와 1,021,332개의 작은 삽입 및 결실 변이 (small INDEL)이 확인되었습니다. 시퀀싱 데이터 분석 및 변이 해석은 쓰리빌리언에서 개발된 자동변이 해석 시스템인 EVIDENCE v4.5 (Clin Genet. 2020;98:562-570)을 사용하여 수행하였습니다. EVIDENCE는 SNV/small INDEL 검출을 위해 GATK best practices (GATK v4.4.0, Genome Res. 2010;20:1297-303)를 사용하고, copy number variant (CNV)를 포함한 structural variant (SV)와 aneuploidy 검출을 위해, DOC 정보를 기반으로 자체 개발한 프로그램인 3bCNV v2.1과 Manta v1.6.0 (Bioinformatics. 2016;32:1220-2)을 통합하여 사용하였습니다. 그리고 mitochondrial genome에 low level heteroplasmic SNV/INDEL 검출을 위해 Mutect2 v4.4.0 (Genome Res. 2010;20:1297-303), repeat expansion 변이 검출을 위해 ExpansionHunter v5.0.0 (Bioinformatics. 2019;35:4754-6)를 사용하였으며, mobile element insertion 검출을 위해 MELT v2.2.2 (Genome Res. 2017;27:1916-29)를 사용하였습니다. 또한, regions of homozygosity (ROH) 영역 검출을 위해 AutoMap v1.3 (Nat Commun. 2021;12:518)를 사용하였으며, 변이 주석을 위해서는 Variant Effect Predictor v112.0 (VEP, Ensembl, Genome Biology 2016;17:122.)가 사용되었습니다. 유전 변이의 선별 및 분류는 American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG) 및 Association for Molecular Pathology (AMP)에서 권장하는 지침 (Genet Med. 2015;17:405-424, Genet Med. 2020;22:245-257, Hum Mutat. 2020;41:2028-2057)에 따라, 환자의 표현형, 가족력, 그리고 이전에 시행되었던 검사 결과를 기반으로 수행되었습니다. 변이 해석 시점에 임상적으로 유의미하고 환자의 표현형과 관련이 있다고 간주되는 변이만 보고됩니다. 전장유전체검사의 변이 검출 정확도를 검증하는 내부 연구에 근거하여, 신뢰도가 낮은 SNV, small INDEL, 그리고 breakpoint가 보이는 SV 변이만 생어 시퀀싱을 통해 확인합니다. 요청 시, FASTQ 파일, VCF 파일, 또는 주석이 달린 small variant 목록을 제공합니다.

## 3B-EXOME, Unaffected individual

Clinical use

Unique ID: [Unique ID]  
3billion ID: [3billion ID]

## DISCLAIMER

This test was developed by 3billion in the purpose of identifying single nucleotide variants (SNV), small insertions/deletions (INDEL, <50 bp), large (>=3 consecutive exons) copy number variants, mobile element insertion variants and repeat expansion variants within the targeted genomic regions. Repeat expansion detection is possible for the following 18 genes. Repeat expansion number may be underestimated for the starred (\*) gene with compromised sensitivity ({AR, ARX, ATN1, ATXN1, ATXN2, ATXN3, ATXN7, ATXN8OS\*, CACNA1A, COMP, FOXL2, HOXD13, HTT, PABPN1, PHOX2B, PRDM12, TBP, ZIC2}). Only SNV/INDEL (>10% heteroplasmic level) are called within the mitochondrial genome. This laboratory is certified under the College of American Pathologists (CAP#:8750906) and Clinical Laboratory Improvement Amendments (CLIA#: 99D2274041) as qualified to perform high complexity clinical laboratory testing. Assay validation and clinical validation were performed following the Korea Institute of Genetic Testing Evaluation and the American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG) Technical Standards and Guidelines Section G (<https://www.acmg.net/PDFLibrary/Standards-Guidelines-Clinical-Molecular-Genetics.pdf>). The test was performed following the standard operation procedure and quality control measures developed for the clinical testing. If other types of variants such as translocation, inversion, low-level mosaicism, low heteroplasmic level mitochondrial genome variants, and mitochondrial genome large deletion/duplication are suspected, it is recommended to perform appropriate testing that are designed to detect those types of variants. Also, there are certain exonic regions that are incompletely sequenced due to technical difficulties with amplification, sequencing and alignment. If variants within these regions are suspected, it is recommended to perform alternate testing that are designed to sequence those regions/genes adequately. This report may not be copied or reproduced, except in its totality.

## ACCREDITATIONS AND CERTIFICATIONS

## CAP License #

8750906, AU-ID# 2052626

## CLIA ID #

99D2274041

This case has been comprehensively reviewed by our clinical team of physicians, geneticists and informaticists.

Report electronically signed by:



Go Hun Seo, M.D, Ph.D.

Chief Medical Officer &amp; Laboratory Director