

## 3B-GENOME, Unaffected parents

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 / Female	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	Variant reported	Additional findings	No variant reported
Secondary findings	No variant reported	Carriership Findings	Variant reported
Requested gene(s) findings	No variant reported		

## 1차 결과 (PRIMARY FINDINGS)

## DETECTED

GAA 유전자에서 pathogenic 변이가 heterozygous로 발견되었습니다. GAA 유전자는 autosomal recessive 'Glycogen storage disease II (OMIM: 232300)'의 원인 유전자입니다. 한 개의 heterozygous 변이만이 발견되었기 때문에 검사대상자는 보인자입니다. 해당 질환은 가족력을 설명할 수 있을 것으로 보이지만, 임상적 상관관계를 확인 하는 것이 권장됩니다. 본 검사 결과는 의뢰된 표현형/증상을 설명할 수 있는, 임상적으로 유의미한 변이에 제한됩니다. 따라서, 검사 대상자는 의뢰된 표현형/증상과 상관 없는 질환에 대해 보인자일 수 있습니다.

## Glycogen storage disease II (OMIM: 232300)

Gene	Variant	Classification	
GAA	Genomic Position	17-80117016-G-C (GRCh38)	Pathogenic
	cDNA	NM_000152.5:c.2238G>C	
	Protein	NP_000143.2:p.Trp746Cys	
	Zygoty	Heterozygous	
	Inheritance	Unknown	

## 3B-GENOME, Unaffected parents

Unique ID: [Unique ID]

3billion ID: [3billion ID]

## 1차 결과 해석 (PRIMARY FINDINGS INTERPRETATION)

GAA NM_000152.5:c.2238G>C (NP_000143.2:p.Trp746Cys)	
Population Data	The variant is observed at an extremely low frequency in the gnomAD v4.1.0 dataset (total allele frequency: 0.048%).
Predicted Consequence / Location	Missense variant
Segregation Data	None
Computation and Functional Data	Functional studies provide supporting evidence of the variant having a damaging effect on the gene or gene product (PMID: 21757382, 23430493, 7981676). In silico tool predictions suggest damaging effect of the variant on gene or gene product [REVEL: 0.90 (>=0.6, sensitivity 0.68 and specificity 0.92); 3Cnet: 0.99 (> 0.75, sensitivity 0.96 and precision 0.92)].
Previously Reported Variant Data	The same nucleotide change resulting in the same amino acid change has been previously reported as pathogenic/likely pathogenic with strong evidence (ClinVar ID: VCV000265160 / PMID: 18458862). The variant has been reported to be in trans with a pathogenic variant as either compound heterozygous or homozygous in at least 4 similarly affected unrelated individuals (PMID: 21232767, 25093132, 25526786). Different missense changes at the same codon (p.Trp746Arg, p.Trp746Gly, p.Trp746Ser) have been reported as pathogenic/likely pathogenic with strong evidence (ClinVar ID: VCV000188484, VCV000499293, VCV000556431 / PMID: 18425781, 20080426, 23430493).
Disease Association	Glycogen storage disease II (OMIM: <a href="#">232300</a> )
Validation	Not performed as the variant was considered high-quality
Variant Classification	Pathogenic

## 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.

## 3B-GENOME, Unaffected parents

Unique ID: [Unique ID]

3billion ID: [3billion ID]

### 보인자 검사 결과 (CARRIERSHIP FINDINGS)

아래 표는 Primary Findings 에 보고된 변이 외에 분석 대상 2037개 유전자에서 확인된 보인자 연관 병원성 Pathogenic 변이 목록입니다. 그러나, 검사의 한 계로 인해 병원성 변이가 누락되었을 가능성은 완전히 배제할 수 없습니다 (권고 사항 #2, #7, #8 참조).

Gene	Variant	Zygoty	Inheritance	In silico	Allele frequency	Class	Disease
LZTR1	NM_006767 .4:c.295G>A (p.Asp99Asn)	Heterozygous	Unknown	REVEL: 0.30, 3Cnet: 0.00 SpliceAI: 0.02	gnomAD: 1 / 1461814	Pathogenic	Noonan syndrome 10(AD)

### 별도로 요청된 유전자 (REQUESTED GENE FINDINGS)

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

## 3B-GENOME, Unaffected parents

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-GENOME, Unaffected parents

Unique ID: [Unique ID]

3billion ID: [3billion ID]

## 참고사항 (NOTES)

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

Category	Explanation
Detected	• 가족력에 맞는 질환의 원인 유전자에서 임상적으로 유의미할 가능성이 있는 변이가 (P/LP/VUS) 확인되는 경우
Not Detected	• 가족력에 맞는 질환의 원인 유전자 들에서 임상적으로 관련된 의미있는 변이가 확인되지 않는 경우

2. 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)

1. 검사 결과에 대한 유전 상담이 필요합니다.
2. 이 검사는 대부분의 유전체 영역에서 단일염기서열 변이 (single nucleotide variant)와 작은 삽입/결실 변이 (small INDEL (<50bp)), 복제수변이 (CNV), 역위 (inversion), 전위 (translocation)를 포함한 구조적 변이(SV), 미토콘드리아 지놈 변이 (mitochondrial genome variant)를 높은 정확도로 검출할 수 있습니다. 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, 그리고 균형 구조변이 (balanced SV)의 경우 판독이 불가할 수 있습니다. 상염색체와 성염색체에서의 저수준 모자이크 (low level mosaicism, <20%) 변이 또는 균형 구조변이 (balanced SV)가 의심되는 경우, 해당 유형의 변이를 검출하도록 설계된 다른 검사를 수행하는 것을 권장 합니다.
3. 본 검사 결과는 제공된 검사대상자의 임상 정보와 가족력을 기반으로 한 전장유전체 분석에 대한 해석입니다. 제공된 검사대상자에 대한 임상 정보가 부정확 하거나 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 생물학적 부모 또는 다른 가족 구성원에 대한 전장유전체시퀀싱 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.
4. 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.
5. 본 검사 결과에서 의미있는 변이가 보고되지 않았을 경우, 유전 질환이 없다는 것을 의미하는 것이 아니며, 새로운 정보가 추가됨에 따라, 변이 분류 및 진단 이 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.
6. Primary Findings 및/또는 Secondary Findings에 포함되지 않은 변이는 Sanger sequencing으로 validation 되지 않습니다. 따라서 엄격한 quality 기준을 충족하는 변이만 보고됩니다.
7. 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-GENOME, Unaffected parents

Unique ID: [Unique ID]

3billion ID: [3billion ID]

### METHODS

Genomic DNA was extracted from DBS specimen using standard protocol. Exome capture was performed using xGen Exome Research Panel v2, supplemented with xGen human mtDNA panel and xGen Custom Hyb Panel v1 (Integrated DNA Technologies, Coralville, Iowa, USA). Sequencing was performed using NovaSeq X (Illumina, San Diego, CA, USA). In total, 11,458,836,111 bases of sequence were generated and uniquely aligned to a modified version of the Genome Reference Consortium Human Build 38 (GRCh38), in which falsely duplicated regions of chromosome 21 were masked to N's based on the masking file developed in collaboration with the GRC (Genome Reference Consortium) (Nat Biotechnol. 2022;40:672-680) and Revised Cambridge Reference Sequence (rCRS) of the mitochondrial genome, generating 168.58 mean depth-of-coverage within the 34,212,647 bases of the captured region, which is approximately 99.3% of the RefSeq protein coding region. Approximately 99.40% of the targeted bases were covered to a depth of  $\geq 20x$ . Despite the insufficient coverage across 0.60% of the bases (see below for details), these metrics are consistent with high quality exome sequencing data and deemed adequate for analysis. Gene or exon level depth-of-coverage (DOC) information is available upon request. In total, 65,500 single nucleotide variants (SNV) and 12,080 small insertions and deletions (INDEL) were identified. Sequencing data analysis and variant interpretation were performed using 3billion's proprietary system, EVIDENCE v4.2 (Clin Genet. 2020;98:562-570). EVIDENCE incorporates bioinformatics pipeline for calling SNV/INDEL based on the GATK best practices (GATK v3.8, Genome Res. 2010;20:1297-303) and Manta (Bioinformatics. 2016;32:1220-2) for calling CNV (copy number variants) based on paired-end information and 3bCNV v23.0818, an internally developed tool, for calling CNV (copy number variants) including aneuploidy based on the DOC information. It also incorporates Mutect2 (Genome Res. 2010;20:1297-303) for calling lower level heteroplasmic SNV/INDEL in the mitochondrial genome, ExpansionHunter v5.0.0 (Bioinformatics. 2019;35:4754-6) for calling repeat expansion variants, MELT v2.2.2 (Genome Res. 2017;27:1916-29) for calling mobile element insertion variants, AutoMap v1.2 (Nat Commun. 2021;12:518) for detecting regions of homozygosity (ROH). Variant Effect Predictor v104.2 (VEP, Ensembl, Genome Biology 2016;17:122) is used for variant annotation. Variants were prioritized based on the guideline recommended by the American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG) and the Association for Molecular Pathology (AMP) (Genet Med. 2015;17:405-424, Genet Med. 2020;22:245-257, and Hum Mutat. 2020;41:2028-2057) in the context of the patient's phenotype, relevant family history and previous test results provided by the ordering physician. Only variants deemed clinically significant and relevant to the patient's clinical indications at the time of variant interpretation are reported. Based on internal studies validating the accuracy of the variants called with high quality scores, only low quality variants are confirmed by Sanger sequencing. The raw data files including FASTQ files, VCF files and/or annotated small variant lists are available upon request.

### ADDITIONAL MEMO

Ginecoid lipid distribution, microorchidea, normal male karyotype (46, XY), high sexual hormone-binding globulin 23.7nmol/L (normal range 72-220nmom/L), high Bioavailable testosterone 26.5 (0.2 - 3.4), high Free testosterone 2.35pg (0.15-0.6pg), HbA1c: 6.1%

## 3B-GENOME, Unaffected parents

Unique ID: [Unique ID]

3billion ID: [3billion ID]

## 면책조항 (DISCLAIMER)

본 검사는 대부분의 유전체 영역에서, 단일염기서열 변이 (single nucleotide variant, SNV) 및 작은 삽입/결실 변이 (small insertion and deletion, small INDEL)과 구조적 변이 (structural variant)를 검출하기 위해 쓰리빌리언에서 개발되었습니다. Repeat expansion 변이의 검출은 45개 유전자로 제한되며 별 표(\*) 유전자의 경우 repeat expansion number 가 과소평가 될 수 있습니다. ((AFF2\*, AR, ARX, ATN1, ATXN1, ATXN2, ATXN3, ATXN7, ATXN8OS\*, ATXN10\*, BEAN1\*, C9ORF72, CACNA1A, CNBP, COMP, DAB1, DIP2B\*, DMPK\*, FGF14, FMR1\*, FOXL2, FXN, GIPC1\*, GLS\*, HOXD13, HTT, JPH3, LRP12\*, MARCHF6\*, NOP56, NOTCH2NLC, NUTM2B-AS1\*, PABPN1, PHOX2B, PPP2R2B, PRDM12, RAGGEF2\*, RFC1\*, RILPL1\*, SAMD12\*, STARD7\*, TBP, TCF4, XYLT1\*, ZIC2). 그리고 미토콘드리아 지놈내에서 SNV/INDEL은 >10% heteroplasmy level만 검출됩니다. 본 검사실은 College of American Pathologists (CAP#:8750906)와 Clinical Laboratory Improvement Amendments (CLIA#: 99D2274041)로부터 고난이도 임상검사를 수행할 수 있는 자격을 인증 받았습니다. 검사방법의 분석적 유효성과 임상적 유효성 검증은 한국 유전자 검사 평가원, 미국 의학 유전학 및 유전체학회 (ACMG)의 기술표준 및 가이드라인 섹션 G (<https://www.acmg.net/PDFLibrary/Standards-Guidelines-Clinical-Molecular-Genetics.pdf>) 및 CAP 차세대 염기서열분석(NGS) 워크시트(Santani A et al. J Mol Diagn. 2019 May;21(3):369-374; <https://www.cap.org/member-resources/precision-medicine/next-generation-sequencing-ngs-worksheets>) 에 따라 수행되었습니다. 저수준 모자이크 변이 (low level mosaicism)가 의심되거나 증폭, 시퀀싱 및 정렬의 기술적 어려움으로 인해 불완전하게 시퀀싱된 되는 영역 내 변이가 의심되는 경우, 대체 검사를 수행할 것을 권장합니다. 이 보고서의 일부를 복사하거나 복제할 수 없습니다. 이 보고서는 진단 참고용 보고서이며, 검사 결과를 진단에 활용하기 위해서는 반드시 임상 표현형과의 상관관계 확인 등의 추가적인 검증이 필요합니다.

## ACCREDITATIONS AND CERTIFICATIONS

## CAP License #

8750906, AU-ID# 2052626

## CLIA ID #

99D2274041

이 레포트는 의사, 유전학자, 정보학자로 구성된 임상팀이 종합적으로 검토했습니다.

Report electronically signed by:



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

Chief Medical Officer &amp; Laboratory Director

## 3B-GENOME, Unaffected parents

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

## 1차 결과 (PRIMARY FINDINGS)

## DETECTED

GAA 유전자에서 pathogenic 변이가 heterozygous로 발견되었습니다. GAA 유전자는 autosomal recessive 'Glycogen storage disease II (OMIM: 232300)'의 원인 유전자입니다. 한 개의 heterozygous 변이만이 발견되었기 때문에 검사대상자는 보인자입니다. 해당 질환은 가족력을 설명할 수 있을 것으로 보이지만, 임상적 상관관계를 확인 하는 것이 권장됩니다. 본 검사 결과는 의뢰된 표현형/증상을 설명할 수 있는, 임상적으로 유의미한 변이에 제한됩니다. 따라서, 검사 대상자는 의뢰된 표현형/증상과 상관 없는 질환에 대해 보인자일 수 있습니다.

## Glycogen storage disease II (OMIM: 232300)

Gene	Variant	Classification	
GAA	Genomic Position	17-80117016-G-C (GRCh38)	Pathogenic
	cDNA	NM_000152.5:c.2238G>C	
	Protein	NP_000143.2:p.Trp746Cys	
	Zygoty	Heterozygous	
	Inheritance	Unknown	

## 3B-GENOME, Unaffected parents

Unique ID: [Unique ID]

3billion ID: [3billion ID]

## 1차 결과 해석 (PRIMARY FINDINGS INTERPRETATION)

GAA NM_000152.5:c.2238G>C (NP_000143.2:p.Trp746Cys)	
Population Data	The variant is observed at an extremely low frequency in the gnomAD v4.1.0 dataset (total allele frequency: 0.048%).
Predicted Consequence / Location	Missense variant
Segregation Data	None
Computation and Functional Data	Functional studies provide supporting evidence of the variant having a damaging effect on the gene or gene product (PMID: 21757382, 23430493, 7981676). In silico tool predictions suggest damaging effect of the variant on gene or gene product [REVEL: 0.90 (>=0.6, sensitivity 0.68 and specificity 0.92); 3Cnet: 0.99 (> 0.75, sensitivity 0.96 and precision 0.92)].
Previously Reported Variant Data	The same nucleotide change resulting in the same amino acid change has been previously reported as pathogenic/likely pathogenic with strong evidence (ClinVar ID: VCV000265160 / PMID: 18458862). The variant has been reported to be in trans with a pathogenic variant as either compound heterozygous or homozygous in at least 4 similarly affected unrelated individuals (PMID: 21232767, 25093132, 25526786). Different missense changes at the same codon (p.Trp746Arg, p.Trp746Gly, p.Trp746Ser) have been reported as pathogenic/likely pathogenic with strong evidence (ClinVar ID: VCV000188484, VCV000499293, VCV000556431 / PMID: 18425781, 20080426, 23430493).
Disease Association	Glycogen storage disease II (OMIM: <a href="#">232300</a> )
Validation	Not performed as the variant was considered high-quality
Variant Classification	Pathogenic

## 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.

## 3B-GENOME, Unaffected parents

Unique ID: [Unique ID]

3billion ID: [3billion ID]

### 보인자 검사 결과 (CARRIERSHIP FINDINGS)

아래 표는 Primary Findings 에 보고된 변이 외에 분석 대상 2037개 유전자에서 확인된 보인자 연관 병원성 Pathogenic 변이 목록입니다. 그러나, 검사의 한계로 인해 병원성 변이가 누락되었을 가능성은 완전히 배제할 수 없습니다 (권고 사항 #2, #7, #8 참조).

Gene	Variant	Zygoty	Inheritance	In silico	Allele frequency	Class	Disease
LZTR1	NM_006767 .4:c.295G>A (p.Asp99Asn)	Heterozygous	Unknown	REVEL: 0.30, 3Cnet: 0.00 SpliceAI: 0.02	gnomAD: 1 / 1461814	Pathogenic	Noonan syndrome 10(AD)

### 별도로 요청된 유전자 (REQUESTED GENE FINDINGS)

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

## 3B-GENOME, Unaffected parents

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-GENOME, Unaffected parents

Unique ID: [Unique ID]

3billion ID: [3billion ID]

## 참고사항 (NOTES)

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

Category	Explanation
Detected	• 가족력에 맞는 질환의 원인 유전자에서 임상적으로 유의미할 가능성이 있는 변이가 (P/LP/VUS) 확인되는 경우
Not Detected	• 가족력에 맞는 질환의 원인 유전자 들에서 임상적으로 관련된 의미있는 변이가 확인되지 않는 경우

2. 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)

1. 검사 결과에 대한 유전 상담이 필요합니다.
2. 이 검사는 대부분의 유전체 영역에서 단일염기서열 변이 (single nucleotide variant)와 작은 삽입/결실 변이 (small INDEL (<50bp)), 복제수변이 (CNV), 역위 (inversion), 전위 (translocation)를 포함한 구조적 변이(SV), 미토콘드리아 지놈 변이 (mitochondrial genome variant)를 높은 정확도로 검출할 수 있습니다. 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, 그리고 균형 구조변이 (balanced SV)의 경우 판독이 불가할 수 있습니다. 상염색체와 성염색체에서의 저수준 모자이크 (low level mosaicism, <20%) 변이 또는 균형 구조변이 (balanced SV)가 의심되는 경우, 해당 유형의 변이를 검출하도록 설계된 다른 검사를 수행하는 것을 권장 합니다.
3. 본 검사 결과는 제공된 검사대상자의 임상 정보와 가족력을 기반으로 한 전장유전체 분석에 대한 해석입니다. 제공된 검사대상자에 대한 임상 정보가 부정확 하거나 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 생물학적 부모 또는 다른 가족 구성원에 대한 전장유전체시퀀싱 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.
4. 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.
5. 본 검사 결과에서 의미있는 변이가 보고되지 않았을 경우, 유전 질환이 없다는 것을 의미하는 것이 아니며, 새로운 정보가 추가됨에 따라, 변이 분류 및 진단 이 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.
6. Primary Findings 및/또는 Secondary Findings에 포함되지 않은 변이는 Sanger sequencing으로 validation 되지 않습니다. 따라서 엄격한 quality 기준을 충족하는 변이만 보고됩니다.
7. 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-GENOME, Unaffected parents

Unique ID: [Unique ID]

3billion ID: [3billion ID]

### METHODS

Genomic DNA was extracted from DBS specimen using standard protocol. Exome capture was performed using xGen Exome Research Panel v2, supplemented with xGen human mtDNA panel and xGen Custom Hyb Panel v1 (Integrated DNA Technologies, Coralville, Iowa, USA). Sequencing was performed using NovaSeq X (Illumina, San Diego, CA, USA). In total, 11,458,836,111 bases of sequence were generated and uniquely aligned to a modified version of the Genome Reference Consortium Human Build 38 (GRCh38), in which falsely duplicated regions of chromosome 21 were masked to N's based on the masking file developed in collaboration with the GRC (Genome Reference Consortium) (Nat Biotechnol. 2022;40:672-680) and Revised Cambridge Reference Sequence (rCRS) of the mitochondrial genome, generating 168.58 mean depth-of-coverage within the 34,212,647 bases of the captured region, which is approximately 99.3% of the RefSeq protein coding region. Approximately 99.40% of the targeted bases were covered to a depth of  $\geq 20x$ . Despite the insufficient coverage across 0.60% of the bases (see below for details), these metrics are consistent with high quality exome sequencing data and deemed adequate for analysis. Gene or exon level depth-of-coverage (DOC) information is available upon request. In total, 65,500 single nucleotide variants (SNV) and 12,080 small insertions and deletions (INDEL) were identified. Sequencing data analysis and variant interpretation were performed using 3billion's proprietary system, EVIDENCE v4.2 (Clin Genet. 2020;98:562-570). EVIDENCE incorporates bioinformatics pipeline for calling SNV/INDEL based on the GATK best practices (GATK v3.8, Genome Res. 2010;20:1297-303) and Manta (Bioinformatics. 2016;32:1220-2) for calling CNV (copy number variants) based on paired-end information and 3bCNV v23.0818, an internally developed tool, for calling CNV (copy number variants) including aneuploidy based on the DOC information. It also incorporates Mutect2 (Genome Res. 2010;20:1297-303) for calling lower level heteroplasmic SNV/INDEL in the mitochondrial genome, ExpansionHunter v5.0.0 (Bioinformatics. 2019;35:4754-6) for calling repeat expansion variants, MELT v2.2.2 (Genome Res. 2017;27:1916-29) for calling mobile element insertion variants, AutoMap v1.2 (Nat Commun. 2021;12:518) for detecting regions of homozygosity (ROH). Variant Effect Predictor v104.2 (VEP, Ensembl, Genome Biology 2016;17:122) is used for variant annotation. Variants were prioritized based on the guideline recommended by the American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG) and the Association for Molecular Pathology (AMP) (Genet Med. 2015;17:405-424, Genet Med. 2020;22:245-257, and Hum Mutat. 2020;41:2028-2057) in the context of the patient's phenotype, relevant family history and previous test results provided by the ordering physician. Only variants deemed clinically significant and relevant to the patient's clinical indications at the time of variant interpretation are reported. Based on internal studies validating the accuracy of the variants called with high quality scores, only low quality variants are confirmed by Sanger sequencing. The raw data files including FASTQ files, VCF files and/or annotated small variant lists are available upon request.

### ADDITIONAL MEMO

Ginecoid lipid distribution, microorchidea, normal male karyotype (46, XY), high sexual hormone-binding globulin 23.7nmol/L (normal range 72-220nmom/L), high Bioavailable testosterone 26.5 (0.2 - 3.4), high Free testosterone 2.35pg (0.15-0.6pg), HbA1c: 6.1%

## 3B-GENOME, Unaffected parents

Unique ID: [Unique ID]

3billion ID: [3billion ID]

## 면책조항 (DISCLAIMER)

본 검사는 대부분의 유전체 영역에서, 단일염기서열 변이 (single nucleotide variant, SNV) 및 작은 삽입/결실 변이 (small insertion and deletion, small INDEL)과 구조적 변이 (structural variant)를 검출하기 위해 쓰리빌리언에서 개발되었습니다. Repeat expansion 변이의 검출은 45개 유전자로 제한되며 별 표(\*) 유전자의 경우 repeat expansion number 가 과소평가 될 수 있습니다. ((AFF2\*, AR, ARX, ATN1, ATXN1, ATXN2, ATXN3, ATXN7, ATXN8OS\*, ATXN10\*, BEAN1\*, C9ORF72, CACNA1A, CNBP, COMP, DAB1, DIP2B\*, DMPK\*, FGF14, FMR1\*, FOXL2, FXN, GIPC1\*, GLS\*, HOXD13, HTT, JPH3, LRP12\*, MARCHF6\*, NOP56, NOTCH2NLC, NUTM2B-AS1\*, PABPN1, PHOX2B, PPP2R2B, PRDM12, RAGGEF2\*, RFC1\*, RILPL1\*, SAMD12\*, STARD7\*, TBP, TCF4, XYLT1\*, ZIC2). 그리고 미토콘드리아 지놈내에서 SNV/INDEL은 >10% heteroplasmy level만 검출됩니다. 본 검사실은 College of American Pathologists (CAP#:8750906)와 Clinical Laboratory Improvement Amendments (CLIA#: 99D2274041)로부터 고난이도 임상검사를 수행할 수 있는 자격을 인증 받았습니다. 검사방법의 분석적 유효성과 임상적 유효성 검증은 한국 유전자 검사 평가원, 미국 의학 유전학 및 유전체학회 (ACMG)의 기술표준 및 가이드라인 섹션 G (<https://www.acmg.net/PDFLibrary/Standards-Guidelines-Clinical-Molecular-Genetics.pdf>) 및 CAP 차세대 염기서열분석(NGS) 워크시트(Santani A et al. J Mol Diagn. 2019 May;21(3):369-374; <https://www.cap.org/member-resources/precision-medicine/next-generation-sequencing-ngs-worksheets>) 에 따라 수행되었습니다. 저수준 모자이크 변이 (low level mosaicism)가 의심되거나 증폭, 시퀀싱 및 정렬의 기술적 어려움으로 인해 불완전하게 시퀀싱된 되는 영역 내 변이가 의심되는 경우, 대체 검사를 수행할 것을 권장합니다. 이 보고서의 일부를 복사하거나 복제할 수 없습니다. 이 보고서는 진단 참고용 보고서이며, 검사 결과를 진단에 활용하기 위해서는 반드시 임상 표현형과의 상관관계 확인 등의 추가적인 검증이 필요합니다.

## ACCREDITATIONS AND CERTIFICATIONS

## CAP License #

8750906, AU-ID# 2052626

## CLIA ID #

99D2274041

이 레포트는 의사, 유전학자, 정보학자로 구성된 임상팀이 종합적으로 검토했습니다.

Report electronically signed by:



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

Chief Medical Officer & Laboratory Director