#### Kariminejad-Najmabadi Pathology & Genetics Center

Page : 1 of 3 Section: Molecular Version: 00 Code: TE-MNX-FO-025



# Whole Evome Sequencing Panel consent form (Arabic Version)

	whole Exome	E Exome Sequencing Panel consent form (Arabic )			c vei
GC:					

NGS: .....

في هذا البانل التشخيصي، يتم فحص عدد ..... من الجينات المسؤولة عن مرض ............................ من خلال اختبار واحد فقط، وسيتم الإبلاغ عن الطفرات في هذه الجينات في حال تمّ الكشف عنها.

التقنية المستخدمة في هذا الاختبار هي تسلسل الإكسوم الكامل (Whole Exome Sequencing - WES)، وهو اختبار يُستخدم للكشف عن التغيرات الممرضة في جينوم الأفراد. في هذا الاختبار، يتم تحليل الجزء من الجينوم الذي يحتوي على المناطق المُرمِّزة للجينات (الإكسونات) بشكل متزامن. هذا التحليل يختلف عن الفحوصات الجينية الأخرى التي قد تكون أجريت لكم سابقاً. حيث يركّز هذا الاختبار على الجينات التي تمّ ربطها حتى الآن بمرضكم في قاعدة بيانات OMIM، وقد يكشف عن تغيّرات في جينات محددة مرتبطة بحالة المريض (البروباند) في العائلة، أو عن تغيّرات جديدة لم تكن معروفة سابقاً بارتباطها بهذا المرض.

لإجراء اختبار تسلسل الإكسوم الكامل (Whole Exome Sequencing)، يلزم جمع عينة دم بحجم يتراوح بين ۵ إلى ١٠ ملليلتر. سيتم استخراج الحمض النووي (DNA) من عينة الدم، ومن ثم إجراء عملية تسلسل الإكسوم. يتم مقارنة تسلسل الحمض النووي للفرد مع تسلسلات مرجعية تُعرف باسم "التسلسل المرجعي (Reference Genome)"، ويتم إعداد قائمة بأنواع الطفرات (الفاريانتات) في التسلسل التي يُحتمل أن تكون مسببة للمرض.

- نظرًا لتعقيد وأهمية مفاهيم هذا الاختبار، يجب تفسير النتائج التي سيتم تقديمها لكم من قبل الطبيب أو مستشار الوراثة المختص بكم. سيتم إعلامكم بنتائج التحليل بعد فترة تتراوح بين ٣ إلى ۴ أشهر.
- بالنسبة للعديد من الجينات، تتوفر وسائل فحص مخصصة وتوصيات طبية محددة. إنّ الكشف عن طفرة في أي من الجينات المسؤولة عن المرض يمكن أن يوفر معلومات إضافية تساعد في اتخاذ قرارات طبية دقيقة وتقديم إرشادات طبية مخصصة.
- وتجدر الإشارة إلى أنه في حال كانت نتيجة الاختبار إيجابية، فإن هذه النتائج الجينية قد تُساهم في إدارة الحالة المرضية، أو إجراء الفحوصات الاستباقية، أو اتخاذ التدابير الوقائية والعلاجية الداعمة للمرض إن وُجد.

## الكشف عن الطفرات غير المبلغ عنها سابقًا في الجينات المشمولة في البانل:

في حال تمّ الكشف عن طفرة جديدة مرتبطة بالفينوتيب (الصفة السريرية) لدى المريض، ولم يتم الإبلاغ عنها سابقًا في المقالات العلمية أو قواعد البيانات، فسيتم ذكرها في النتائج إذا كانت تفسّر السبب المحتمل للمرض لدى الحالة المؤشرة (البروباند). ومع ذلك، فإن إدراج هذه الطفرة لا يعني بالضرورة تأكيد قاطع على كونها ممرضة (مسببة للمرض).

## تصنيف نتائج اختبار التحليل الجزيئي الجيني كالتالي:

إيجابي (Positive): تم التعرف على طفرة واحدة أو أكثر ممرضة أو يُحتمل أن تكون ممرضة في الجين أو الجينات المرتبطة بمرض الحالة المؤشرة (البروباند) في العائلة.

سلبي (Negative): لم يتم الكشف عن أي طفرات ممرضة في الجينات التي تم تحليلها.

احتمال مرضى غير محدد (VUS - Variant of Uncertain Significance): تم الكشف عن طفرة واحدة أو أكثر ذات دلالة مرضية غير مؤكدة في الجين أو الجينات المرتبطة بمرضكم.

غير واضح (Unclear): تم الكشف عن طفرة أو أكثر قد تكون مرتبطة بشكل جزئي أو غير مؤكد بالحالة السريرية أو الوراثية، ويتطلب تفسيرها المزيد من التحاليل السريرية والجينية لاتخاذ قرار نهائي بشأن احتمال كونها ممرضة.



#### Kariminejad-Najmabadi Pathology & Genetics Center

Page: 2 of 3 Section: Molecular Version: 00 Code: TE-MNX-FO-025

#### Whole Exome Sequencing Panel consent form (Arabic Version)

	Ç	

، في جينات أخرى مرتبطة بالجينة أو الجينات المسؤولة عن مرضكم، هل ترغبون في الاطلاع على هذه النتائج؟	تم الكشف عن تغيّرات	فی حال :
	□ ⅓	نعم □

يرجي ملاحظة أنه نظرًا للتطور المستمر في برامج التحليل المعلوماتي الحيوي (Bioinformatics)، والمقالات العلمية، والإرشادات الطبية العالمية، فإن تصنيف (classification) الطفرات من حيث احتمال المرضية قد يتغيّر مع مرور الوقت. لذلك، نوصي بشدة بمراجعة المركز في حال التخطيط لحمل جديد، من أجل إعادة التقييم والتأكيد على تصنيف الطفرات التي تم الكشف عنها مسبقًا.

### النتائج الثانوية (Secondary Findings):

أثناء تحليل البيانات الناتجة من اختبار تسلسل الإكسوم الكامل (WES)، قد يتم اكتشاف طفرات غير مرتبطة بالمرض الحالى بشكل عرضي. إذا تم الكشف عن طفرات ممرضة أو يُحتمل أن تكون ممرضة في الجينات المعتمدة ضمن إرشادات ACMG SF V3.2 (٢٠٢٣)، فسيتم الإبلاغ عنها على أنها نتائج ثانوية. تُدرج قائمة هذه الجينات أدناه. والهدف من الإبلاغ عن هذه النتائج هو الكشف المبكر وإدارة خطر الإصابة بأمراض وراثية ذات نفوذ عال ( High Penetrance Genetic Conditions)، والتي يمكن التخفيف من مضاعفاتها أو الوقاية منها أو تقليل معدل الوفيات المرتبطة بها من خلال تدخلات طبية معروفة.

ACTA2, ACTC1, ACVRL1, APC, APOB, ATP7B, BAG3, BMPR1A, BRCA1, BRCA2, BTD, CACNA1S, CALM1, CALM2, CALM3, CASQ2, COL3A1, DES, DSC2, DSG2, DSP, ENG, FBN1, FLNC, GAA,GLA, HFE, HNF1A, KCNH2, KCNQ1, LDLR, LMNA, MAX, TMEM127, MEN1, MLH1, MSH2, MSH6, MUTYH, MYBPC3, MYH11, MYH7, MYL2, MYL3, NF2, OTC, PALB2, PCSK9, PKP2, PMS2, PRKAG2, PTEN, RB1, RBM20, RET, RPE65, RYR1, RYR2, SCN5A, SDHAF2, SDHB, SDHC, SDHD, SMAD3, SMAD4, STK11, TGFBR1, TGFBR2, TMEM43, TNNC1, TNNI3, TNNT2, TP53, TPM1, TRDN, TSC1, TSC2, TTN, TTR, VHL, WT1

حال تم الكشف عن تغيّرات في هذه الجينات، هل ترغبون في الاطلاع على هذه النتائج؟	فی
---	----

نعم □

#### القيود التقنية للاختبار

- يتم إجراء اختبار تسلسل الإكسوم الكامل (Whole Exome Sequencing) باستخدام تقنية التسلسل الجيني من الجيل التالي (Whole Exome Sequencing) Sequencing - NGS). تحتوي هذه التقنية على نسبة خطأ تتراوح بين ۵ إلى ١٠٪، ولذلك يجب تأكيد جميع الطفرات المحتملة باستخدام طريقة تحليلية ثانوية.
- تقنية NGS لا تستطيع تسلسل المناطق التكرارية في الجينوم بدقة، ما يعني أنها غير قادرة على الكشف عن توسعات التكرار (Repeat Expansions) التي تسبب أمراضًا مثل متلازمة الكروموسوم X الهش، داء هنتنغتون، والضمور العضلي الميوتوني.
- على الرغم من أن هذا التحليل مصمم للكشف عن الطفرات القابلة للكشف في الجينات المذكورة ضمن البانل، إلا أن هناك أنواعًا من التغيرات مثل الحذف أو الإضافة الكبيرة (CNVs) أو الطفرات الموجودة في المناطق الداخلية غير المشفّرة (Intronic Regions) أو المناطق التنظيمية قد لا يتم الكشف عنها بواسطة تقنية تسلسل الإكسوم. بالإضافة إلى ذلك، قد تكون هناك جينات أخرى غير مشمولة في هذا البانل أو لم يتم التعرف عليها حتى الأن، وهي التي تكون مسؤولة عن المرض.

#### القيود المتعلقة بالمختبرات التشخيصية القياسية

- قد تحدث نتائج غير دقيقة لأسباب متعددة، منها:
  - انخفاض جودهٔ العينه،
  - عدم توفر عينات من بعض أفراد العائلة،
- الإبلاغ غير الدقيق عن العلاقات العائلية أو شجرة العائلة،
- معلومات طبية غير دقيقة أو مضللة عن الحالة السريرية للمريض أو أحد أقربائه،
  - أو وجود مشكلات تقنية أثناء إجراء التحليل.

## Kariminejad-Najmabadi Pathology & Genetics Center

Page: 3 of 3 | Section: Molecular | Version: 00 | Code: TE-MNX-FO-025



## Whole Exome Sequencing Panel consent form (Arabic Version)

تم توضيح أنّه قد يتم استخدام النتائج الفنية للاختبار الذى تم إجراؤه لأغراض علمية وبحثية، مع الحفاظ الكامل على سرية المعلومات الشخصية، وقد أبديت /أبدينا موافقتى اموافقتى الموافقتنا الصريحة على ذلك. كما تم توضيح أن المختبر ملزم بتقديم المعلومات الفنية إلى الجهات المختصة فى حال طلبها، وذلك وفقًا للوائح المعتمدة من قبل وزارة الصحة. أنا/نحن الموقع (ون) على هذه الموافقة، وبعد قراءة جميع البنود المذكورة فى استمارة الموافقة وتلقّى التوضيحات اللازمة، والحصول على الوقت الكافى لطرح الأسئلة والاستفسارات، أوقع /نوقع هذه الاستمارة عن وعى تام، ودون أى ضغط أو إكراه، ومع فهم كامل لاحتمالات الاختبار المذكور والتأثيرات النفسية والجسدية المحتملة له، وأطلب/نطلب من المركز إجراء هذا الاختبار. أنا، بصفتى المريض أو الممثل القانونى للمريض، أعطى الإذن باستخدام عينة الدم لهذا البائل. من المعلوم أنه لا يمكن إلغاء الاختبار بعد قبول العينة.

L   انا اوافق على إجراء الاختبار الجينى الجزيئى.	
اسم المريض:	التوقيع والتاريخ:
اسم الوصى أو الممثل القانوني (مع العلاقة):	التوقيع والتاريخ:
اسم الشاهد:	التوقيع والتاريخ: