

Найденные патогенные и вероятно патогенные варианты:

Ген	Положение в геноме	Генотип	Положение в кДНК	Аминокислотная замена	Аллельная частота*	dbSNP	Покрытие	Тип наследования**
BRCA1	-	-	-	-	-	-	-	-
BRCA2	-	-	-	-	-	-	-	-
ATM	NC_000011.10: g.108312424G>T	G / T	NM_000051.4: c.5932G>T	NP_000042.3: p.Glu1978Ter	0.00001692	rs587779852	226x	АД
PALB2	-	-	-	-	-	-	-	-
CHEK2	-	-	-	-	-	-	-	-

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

** Тип наследования представлен для гена по базе данных Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM), тип наследования генетического варианта должен определяться врачом-генетиком с учетом предполагаемой нозологии и фенотипа (АД – аутосомно-доминантный, АР – аутосомно-рецессивный, МФ – мультифакториальный тип наследования)

.....