



RECIFE, PE - SEPTEMBER 24-27, 2025 BGN



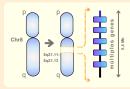




Caracterização clínica e molecular de Microdeleção 8q21.11-q21.13 sem envolvimento de ZFHX4: Um relato de caso

Bruna Terezinha Magnabosco Ferreira da Cruz¹; Elaine Lustosa Mendes²; Tamara Borgonovo²; Antônio Alves Duarte²; Daniel Pacheco Bruschi¹ ¹Universidade Federal do Paraná (UFPR); ²Complexo do Hospital de Clínicas da UFPR (CHC-UFPR)

INTRODUÇÃO



Variações no número de cópias (CNVs) são importantes causas de doenças genéticas. O diagnóstico preciso é crucial para o manejo clínico, prognóstico e aconselhamento genético. Nesse trabalho, relatamos um caso de microdeleção rara em 8q21.11-q21.13 em uma paciente brasileira, oferecendo insights sobre CNVs com fenótipos variáveis e o provável efeito cumulativo de múltiplos genes, um aspecto-chave dessas doenças.

RELATO DO CASO

Paciente de 16 anos com quadro de atraso global do desenvolvimento, epilepsia, transtorno de ansiedade e dismorfismos faciais.

Os achados clínicos incluem hipoplasia de face média, orelhas de implantação baixa, ponta nasal larga e anormalidades esqueléticas.

O histórico familiar inclui um meio-irmão materno

A análise citogenética de cariótipo foi normal (46,XX). No entanto, um CGH Array identificou uma microdeleção patogênica de 5,4 Mb (del(8) (q21.11q21.13)), classificada de acordo com os critérios ACMG. A deleção é rara, pois está ausente nas principais bases de dados populacionais.









FIGURA 1. Documentação fotográfica da paciente sob investigação, em diferentes vistas anatômicas e posicionamentos. (A) Vista anterior da face; (B) Vista lateral da face; (C) Vista palmar das mãos apoiadas; (D) Vista anterior em posição anatômica (corpo inteiro); (E) Vista lateral (corpo inteiro, perfil).

DISCUSSÃO

A deleção identificada abrange 22 genes codificadores, incluindo IMPA1, IL7 e PEX2. Embora a haploinsuficiência de um único gene possa não ser o principal mecanismo patogênico, os escores de sensibilidade à dose (HI score) baixos a moderados sugerem um efeito cumulativo da perda de múltiplos genes. Notavelmente, esta deleção é mais distal do que a maioria das síndromes de microdeleção 8q21.13-21.3, que geralmente incluem o gene ZFHX4. Aqui, o gene HEY1 surge como um forte candidato. Comparações com casos semelhantes e sobrepostos na base de dados DECIPHER confirmam o alinhamento fenotípico com os sintomas da paciente, incluindo atraso no desenvolvimento e dismorfismos craniofaciais. O diagnóstico provável é Síndrome da Microdeleção 8q21.11.

CONCLUSÕES

O caso ressalta a complexidade de síndromes associadas a CNVs e a necessidade de uma abordagem multidisciplinar para diagnóstico e manejo. Para AG, a identificação permite uma atuação mais direcionada, com tratamento baseado em terapia sintomática e de suporte. Ainda não foi possível investigar a condição nos demais familiares.

AGRADECIMENTOS



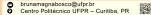








CONTATO





DESTAQUES