



## A IMPORTÂNCIA DOS TESTES GENÉTICOS NO DIAGNÓSTICO DE PACIENTES ATENDIDOS EM UM SERVIÇO DE REFERÊNCIA DE DOENÇAS RARAS

<sup>1;2</sup>Aline Rocha Anibal; <sup>1;2</sup>Irlânia Pereira dos Santos; <sup>2</sup>Paula Brito Correa; <sup>1;2;3</sup>Angelina Xavier Acosta

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Medicina e Saúde da Universidade Federal da Bahia (UFBA); <sup>2</sup>Serviço de Genética Médica do Hospital Universitário Professor Edgard Santos (HUPES), Salvador/BA; <sup>3</sup>Departamento de Pediatria da Faculdade de Medicina da Bahia da UFBA, Salvador/BA.

## INTRODUÇÃO E OBJETIVOS

As doenças raras (DR) de origem genética podem ser diagnosticadas a partir de critérios clínicos, porém frequentemente exigem testes genéticos (TG) diversos para confirmação diagnóstica, tendo em vista a complexidade etiológica e diversidade de condições com enorme variabilidade clínica. Além disso, essa definição etiológica poder ser útil para otimização do manejo e orientação de risco para a família.

Este estudo visa avaliar a contribuição de TG no diagnóstico de pacientes com DR de origem genética atendidos no Serviço de Referência de Doenças Raras (SRDR) do HUPES/UFBA, abrangendo cariótipo, SNP-array, painel, exoma e genoma, bem como outros exames utilizados, como PCR, MLPA e FISH.

#### **METODOLOGIA**



### **RESULTADOS E DISCUSSÃO**



Figura 2: Caracterização dos TG realizados na investigação diagnóstica dos pacientes com DR de origem genética.

A amostra foi composta, em sua maioria, por pacientes do sexo feminino (55,5%), com mediana de idade de 14 anos (IIQ 7-23), predominantemente naturais da Região Metropolitana de Salvador (35%), com ensino fundamental incompleto (35,9%) e pertencentes à classe D/E (49,3%) segundo a ABEP.

Na amostra estudada, a elevada proporção de casos em que os exames confirmaram (42,3%)ou modificaram (46,2%)hipótese clínica evidencia papel fundamental dos TG na definição diagnóstica. resolutividade sequenciamento do genoma foi de 50,5%, valor ligeiramente acima do descrito na literatura médica  $(27,6 \text{ a } 41,5\%)^1$ .

Fatores que podem contribuir para o aumento do número de testes moleculares realizados incluem a disponibilidade do sequenciamento de genoma em contexto de pesquisa e a elevada frequência de doenças gênicas na amostra: displasias esqueléticas (24%), erros inatos do metabolismo (19,5%) e doenças neurogenéticas (19,5%). Esses dados e a diversidade de técnicas utilizadas reforçam a importância do acesso a um SRDR, da infraestrutura do serviço e de seguir diretrizes que orientem a escolha dos testes, otimizando recursos e encurtando a jornada diagnóstica.

### **CONCLUSÃO**

Embora algumas DR possam ser diagnosticadas por critérios clínicos e/ou exames complementares, a crescente incorporação de TG evidencia seu papel central na elucidação diagnóstica, considerando a complexidade envolvida nesse processo. Apesar de essenciais para o diagnóstico dos pacientes, esses testes ainda apresentam limitações, desta forma, reforçamos o uso racional e direcionado dos TG no diagnóstico das DR.

# **REFERÊNCIAS**

1. PANDEY, R.; et al. A meta-analysis of diagnostic yield and clinical utility of genome and exome sequencing in pediatric rare and undiagnosed genetic diseases. Genetics in Medicine, v. 27, n. 6, p. 101398, 2025. doi: 10.1016/j.gim.2025.101398.

#### **AGRADECIMENTOS**

Equipe da REDE NACIONAL DE DOENÇAS RARAS e do Serviço de genética médica (SGM) do COM-HUPES

**CONTATO**: aline.rocha89@outlook.com