

## INFORMATIVA E CONSENSO INFORMATO AL TEST DI SCREENING PRENATALE NON INVASIVO DI ANEUPLOIDIE, ALTERAZIONI CROMOSOMICHE STRUTTURALI E MALATTIE GENETICHE FETALI MEDIANTE ANALISI DEL DNA FETALE DAL SANGUE MATERNO

### Finalità del test PrenatalSAFE®

**PrenatalSAFE®** è un esame prenatale **non invasivo** che, analizzando il DNA fetale libero circolante isolato da un campione di sangue materno, valuta la presenza di aneuploidie fetali comuni in gravidanza, quali quelle relative al cromosoma **21 (Sindrome di Down)**, al cromosoma **18 (Sindrome di Edwards)**, al cromosoma **13 (Sindrome di Patau)** e dei cromosomi sessuali (**X e Y**), quali per esempio la **Sindrome di Turner** o Monosomia del cromosoma X. Il test prevede anche un livello di approfondimento che consente di valutare aneuploidie e alterazioni cromosomiche strutturali fetali a carico di ogni cromosoma, con risultati molto simili all'analisi del cariotipo fetale mediante tecniche invasive di diagnosi prenatale.

Il test **PrenatalSAFE® 3** valuta le aneuploidie dei cromosomi **21, 18, 13**, e comprende la determinazione del sesso fetale (opzionale).

Il test **PrenatalSAFE® 5** valuta le aneuploidie dei cromosomi **21, 18, 13** e dei cromosomi sessuali (**X e Y**), e comprende la determinazione del sesso fetale (opzionale).

Il test **PrenatalSAFE® Plus** valuta, oltre alle aneuploidie dei cromosomi **21, 18, 13** e dei cromosomi sessuali (**X e Y**), anche la **trisomia dei cromosomi 9 e 16** (opzionale) e consente di individuare la presenza nel feto di alterazioni cromosomiche **strutturali** submicroscopiche, quali alcune comuni sindromi da **microdelezione**. L'esame comprende inoltre la determinazione del sesso fetale (opzionale).

Il test **PrenatalSAFE® Karyo**, invece, consente di rilevare aneuploidie e alterazioni cromosomiche strutturali fetali a carico di **ogni cromosoma**, con risultati molto simili alla determinazione del **cariotipo fetale** eseguito con tecniche invasive di diagnosi prenatale. L'esame comprende la determinazione del sesso fetale (opzionale).

Il test **PrenatalSafe® Karyo Plus** rappresenta un'evoluzione del test **PrenatalSafe® Karyo**, e aggiunge alle potenzialità di **PrenatalSafe® Karyo** la possibilità di individuare la presenza nel feto di alterazioni cromosomiche **strutturali** submicroscopiche, quali alcune comuni sindromi da **microdelezione**. L'esame comprende la determinazione del sesso fetale (opzionale).

Il test **PrenatalSAFE® Complete** rappresenta un'evoluzione dei test di screening prenatale non invasivi e aggiunge alle potenzialità del **PrenatalSafe® Karyo** la possibilità di individuare nel feto **gravi malattie genetiche, a trasmissione ereditaria (es. Fibrosi Cistica, Beta Talassemia, etc.) o ad insorgenza de novo (es. Acondroplasia, Ipocondroplasia, Sindrome di Noonan, Craniosinostosi, etc.)**. Il test **PrenatalSAFE® Complete o PrenatalSAFE® Plus**, costituiti dall'unione del test **PrenatalSafe® Karyo o PrenatalSafe® Karyo Plus** con il test **GeneSAFE™ Complete**, forniscono il **più approfondito livello d'informazione** ottenibile in gravidanza mediante un test di screening prenatale non invasivo.

I test **PrenatalSAFE®** sono integrati gratuitamente con il test **RhSafe®**, un esame prenatale non invasivo che, analizzando il DNA fetale isolato da un campione di sangue della gestante, consente di determinare il Fattore Rh(D) fetale. Il test **RhSafe®** è opzionale, e viene eseguito (su richiesta) in gestanti Rh(D) negative, con partner maschile Rh(D) positivo.

### Aneuploidie cromosomiche valutate dal test PrenatalSAFE®

**TRISOMIA 21:** E' causata dalla presenza di una copia in più del cromosoma 21 ed è anche conosciuta come **Sindrome di Down**. E' la causa genetica più comune di ritardo mentale. Si stima che la trisomia 21 sia presente in 1/700 nati.

**TRISOMIA 18:** E' causata dalla presenza di una copia in più del cromosoma 18. Conosciuta anche come **Sindrome di Edwards**, si associa a una elevata abortività. E' causa di grave ritardo mentale. Neonati affetti da trisomia 18 hanno spesso difetti cardiaci congeniti, nonché altre condizioni patologiche che riducono la loro aspettativa di vita. Si stima che la trisomia 18 sia presente in 1/5.000 nati.

**TRISOMIA 13:** E' causata dalla presenza di una copia in più del cromosoma 13. Nota anche come Sindrome di Patau, si associa a elevata abortività. Neonati affetti da trisomia 13 hanno numerosi difetti cardiaci e altre condizioni patologiche. La sopravvivenza oltre l'anno di età è rara. Si stima che la trisomia 13 sia presente in 1/16.000 nati.

**Aneuploidie dei cromosomi sessuali: PrenatalSAFE®** analizza le sequenze dei cromosomi X e Y, fornendo informazioni in merito al sesso fetale e alle aneuploidie dei cromosomi X, Y. Le aneuploidie dei cromosomi sessuali riscontrabili con il test sono le seguenti:

**Sindrome di Turner o Monosomia X:** E' la più frequente aneuploidia dei cromosomi sessuali. Questa sindrome è causata dalla mancanza di una copia del cromosoma X. Ne sono affette solo le donne, che presentano una statura inferiore alla media. Alcune hanno difetti cardiaci o renali, problemi di udito, o difficoltà di apprendimento.

Altre aneuploidie dei cromosomi sessuali riscontrabili con l'esame sono: **Trisomia X (XXX); Sindrome di Klinefelter (XXY); Sindrome di Jacobs (XYY).**

**PrenatalSafe® Plus** è inoltre in grado di evidenziare la **trisomia dei cromosomi 9 e 16** (test opzionale), che nella forma completa è incompatibile con la vita ed esita generalmente in aborti spontanei. Le forme a mosaico possono generare sopravvivenza postnatale.

Il test **PrenatalSAFE® Karyo**, oltre alle aneuploidie cromosomiche comuni in gravidanza, consente di rilevare aneuploidie su tutti i cromosomi.

**Esempi di aneuploidie cromosomiche meno frequenti rilevabili con PrenatalSAFE® Karyo:**

- |                     |                       |
|---------------------|-----------------------|
| • <b>Trisomia 1</b> | • <b>Trisomia 9*</b>  |
| • <b>Trisomia 4</b> | • <b>Trisomia 12</b>  |
| • <b>Trisomia 5</b> | • <b>Trisomia 16*</b> |
| • <b>Trisomia 7</b> | • <b>Trisomia 22*</b> |

\* A maggiore incidenza tra le aneuploidie fetali meno frequenti.

#### Alterazioni cromosomiche strutturali (delezioni e duplicazioni segmentali) valutate dal test PrenatalSAFE® Karyo

Con il **PrenatalSAFE® Karyo** è possibile individuare anche **alterazioni di struttura** dei cromosomi (rilevabili su tutti i cromosomi).

Le **anomalie strutturali** originano dalla rottura di uno o più cromosomi e, poiché queste rotture possono teoricamente avvenire ovunque nel genoma, il numero di potenziali riarrangiamenti è praticamente infinito. Tali alterazioni provocano perdita/guadagno di materiale genetico, perciò vengono identificate in soggetti con fenotipo clinico. I principali tipi di anomalie strutturali sono:

- 1) Le **delezioni**, che consistono nella perdita di un segmento di un cromosoma, che può essere terminale o interstiziale. Di solito le sindromi da delezione interessano segmenti relativamente grandi di cromosoma (> 10 Mb = Megabasi).
- 2) Le **duplicazioni** consistono nella presenza di due copie di un segmento di cromosoma, e pertanto costituiscono delle trisomie parziali.
- 3) Le **traslocazioni sbilanciate**, originano dalla rottura di due o, raramente, di più cromosomi, con perdita o acquisizione di materiale cromosomico.

#### Sindromi da microdelezione valutate dal test PrenatalSAFE® Plus

**PrenatalSafe® Plus** prevede anche la possibilità (**opzionale**) di eseguire un approfondimento di secondo livello, che consente di individuare la presenza nel feto di **6** tra le più comuni **sindromi da microdelezione**.

Le **sindromi da microdelezione** sono anomalie cromosomiche caratterizzate dalla perdita (microdelezione) di un tratto cromosomico di piccole dimensioni e, di conseguenza, dei geni localizzati su quel frammento cromosomico. Queste alterazioni causano sindromi di importanza clinica variabile a seconda del cromosoma coinvolto, della regione cromosomica interessata e delle relative dimensioni. Le principali sindromi da microdelezione investigate comprendono:

- **Sindrome di Di George** (delezione 22q11.2): è una malattia dovuta ad una microdelezione nella regione cromosomica 22q11.2, ed è caratterizzata dall'insieme di diverse malformazioni: ipoplasia del timo e delle ghiandole paratiroidi, cardiopatia congenita e dimorfismi del viso caratteristici. L'incidenza mondiale è di 1/2.000-1/4.000 nati vivi.
- **Sindrome Cri-du-chat** (delezione 5p): è una malattia cromosomica dovuta alla delezione di una porzione variabile del braccio corto del cromosoma 5 (5p-). I segni clinici principali comprendono il pianto acuto monotono (da cui origina il nome della sindrome del 'miagolio del gatto'), la microcefalia, tratti caratteristici del volto e il grave ritardo psicomotorio e mentale. L'incidenza varia tra 1/15.000 e 1/50.000 nati vivi.

- **Sindrome di Prader-Willi/ Angelman** (delezione 15q11.2): queste due sindromi coinvolgono lo stesso tratto cromosomico (regione critica 15q11.2-q13), ma presentano manifestazioni differenti a seconda se il cromosoma interessato sia di origine materna o paterna.
  - La sindrome di **Prader-Willi** è una condizione caratterizzata principalmente da bassa statura, obesità, ipotonia muscolare, alterazioni endocrinologiche, dismorfismi del volto e ritardo di sviluppo psicomotorio. La malattia colpisce 1/25.000 nati.
  - La sindrome di **Angelman** è una malattia neurologica caratterizzata da grave ritardo mentale e dismorfismi facciali caratteristici. La sua prevalenza è stimata tra 1/10.000 e 1/20.000.
- **Sindrome da delezione 1p36**: è un'anomalia cromosomica causata da una delezione eterozigote parziale della parte distale del braccio corto del cromosoma 1, con punti di rottura tra 1p36.13 e 1p36.33, caratterizzata da dismorfismi facciali tipici, ipotonia, ritardo dello sviluppo, deficit cognitivo, convulsioni, cardiopatie, sordità e ritardo della crescita a esordio prenatale. È considerata una delle più comuni sindromi da delezione cromosomica, con un'incidenza di 1/5.000-10.000 nati vivi.
- La **Sindrome di Wolf-Hirschhorn** (delezione 4p): è una malattia dello sviluppo, determinata da una delezione del braccio corto del cromosoma 4 (regione 4p16.3), e caratterizzata da segni craniofacciali caratteristici, ritardo della crescita prenatale e postnatale, deficit cognitivo, grave ritardo dello sviluppo psicomotorio, convulsioni e ipotonia. La prevalenza è di 1:50.000 nati. Interessa più spesso le femmine rispetto ai maschi (2:1).

E' consigliabile ricorrere all'utilizzo del **PrenatalSafe® Plus solo in determinati contesti clinici** (esempio dubbi ecografici suggestivi di sindrome da microdelezione cromosomica) per i quali risulta giustificato un approfondimento diagnostico di secondo livello.

#### Sindromi da microdelezione valutate dal test PrenatalSAFE® Karyo Plus

**PrenatalSafe® Karyo Plus** consente di individuare la presenza nel feto di **9** tra le più comuni **sindromi da microdelezione**:

| Sindrome da microdelezione         | Regione cromosomica      | Prevalenza (alla nascita) |
|------------------------------------|--------------------------|---------------------------|
| <b>Sindrome di DiGeorge</b>        | delezione 22q11.2        | 1/2.000 - 1/4.000         |
| <b>Sindrome Cri-du-chat</b>        | delezione 5p15.3         | 1/15.000 - 1/50.000       |
| <b>Sindrome di Prader-Willi</b>    | delezione 15q11.2        | 1/25.000                  |
| <b>Sindrome Angelman</b>           | delezione 15q11.2        | 1/10.000 - 1/20.000       |
| <b>Sindrome da delezione 1p36</b>  | delezione 1p36           | 1/5.000 - 1/10.000        |
| <b>Sindrome di Wolf-Hirschhorn</b> | delezione 4p16.3         | 1/20.000 - 1/50.000       |
| <b>Sindrome di Jacobsen</b>        | delezione 11q23-q24.3    | 1/100.000                 |
| <b>Sindrome di Langer-Giedion</b>  | delezione 8q24.11-q24.13 | 1/200.000                 |
| <b>Sindrome di Smith-Magenis</b>   | delezione 17p11.2        | 1/15.000 - 1/25.000       |

- La **Sindrome di Jacobsen** è causata da una delezione del braccio lungo del cromosoma 11 (11q23). È caratterizzata da ritardo dello sviluppo, facies caratteristica, malattie emorragiche e alcuni disturbi del comportamento. La prevalenza è di 1:100.000 nati. Nella maggior parte dei casi non è trasmessa per via ereditaria (de novo).
- La **Sindrome di Langer-Giedion** o sindrome tricinofalangeale tipo 2, è causata da una microdelezione del braccio lungo del cromosoma 8 (regione 8q24.11-q24.13), che porta alla perdita di almeno due geni: TRPS1 e EXT1.. È caratterizzata da deficit cognitivo, associato a varie anomalie, compresa la cute ridondante, le esostosi cartilaginee multiple, la facies caratteristica e le epifisi falangeali "a cono". Sono stati descritti anche ritardo di crescita, microcefalia, ipotonia e problemi uditivi. Si trasmette come carattere autosomico dominante, ma sono stati descritti soprattutto casi sporadici.
- La **Sindrome di Smith-Magenis** è una malattia genetica complessa con deficit cognitivo variabile, disturbi del sonno, anomalie craniofacciali e scheletriche, disturbi psichiatrici, ritardo motorio e del linguaggio. La prevalenza mondiale è di 1/15.000-25.000. Sono comuni il deficit cognitivo lieve-moderato, il ritardo significativo del linguaggio, la ridotta sensibilità al dolore, la neuropatia periferica, i disturbi del sonno (caratteristici) e i comportamenti disadattivi (capricci/scatti d'ira, ricerca costante dell'attenzione, aggressività, disobbedienza, distrazione e comportamenti autolesionistici). La SMS è una malattia sporadica da delezione 17p11.2 del gene RAI1 (retinoic acid-induced 1; 90%) o da mutazione del gene stesso (10%).

E' consigliabile ricorrere all'utilizzo del **PrenatalSafe® Karyo Plus solo in determinati contesti clinici** (esempio dubbi ecografici suggestivi di sindrome da microdelezione cromosomica) per i quali risulta giustificato un approfondimento diagnostico di secondo livello.

**Malattie genetiche indagate dal test GeneSAFE™ Complete**

Il test **GeneSAFE™ Complete**, effettua lo screening nel feto sia di **malattie genetiche a trasmissione ereditaria** che ad insorgenza *de novo*.

In particolare, Il test **GeneSAFE™ Complete** permette di individuare mutazioni su **4 geni** responsabili delle **4 malattie genetiche** a trasmissione ereditaria più frequentemente riscontrate nella popolazione Italiana, quali **Fibrosi Cistica**, **Anemia Falciforme**, **Beta Talassemia** e **Sordità Ereditaria**. I geni investigati dal test **GeneSAFE™ Inherited**, e le relative patologie genetiche, sono riportati nella tabella sottostante.

**Tabella: Lista delle malattie genetiche a trasmissione ereditaria indagate dal test GeneSAFE™ Complete**

| Malattie genetiche ereditarie individuate da GeneSAFE™ | Gene       |
|--|------------|
| Fibrosi Cistica  | CFTR       |
| Beta Talassemia  | HBB        |
| Anemia Falciforme                                      | HBB        |
| Sordità Ereditaria autosomica recessiva tipo 1A        | CX26(GJB2) |
| Sordità Ereditaria autosomica recessiva tipo 1B        | CX30(GJB6) |

Il test **GeneSAFE™ Complete** permette inoltre di rilevare mutazioni su **25 geni** in relazione a **44 malattie monogeniche** non ereditate dai genitori, ma comparse *de novo* nel feto. Le mutazioni individuate possono insorgere in modo casuale per la prima volta nel feto e in questi casi denominate *de novo*. Tali mutazioni non sono rilevabili con i test di screening pre-concezionali eseguiti sui genitori poiché a carattere non ereditario. Le suddette mutazioni *de novo* possono determinare nel bambino **displasie scheletriche**, **difetti cardiaci**, **anomalie congenite multiple**, e/o **deficit intellettivi**. I geni investigati dal test, e le relative patologie genetiche, sono riportati nella tabella sottostante.

**Tabella: Lista delle malattie genetiche ad insorgenza de novo indagate dal test GeneSAFE™ Complete**

| GENE   | MALATTIE SINDROMICHE   | GENE   | PATOLOGIE SCHELETRICHE  |
|--------|--|--------|---|
| JAG1   | Sindrome di Alagille   | COL2A1 | Acondrogenesi tipo 2  |
| CHD7   | Sindrome di CHARGE   |        | Acondroplasia   |
| HDAC8  | Sindrome di Cornelia de Lange tipo 5                                     |        | Sindrome CATSHL   |
| NIPBL  | Sindrome di Cornelia de Lange tipo 1                                     | FGFR3  | Sindromedi Crouzon con acanthosis nigricans                                       |
| MECP2  | Sindrome di Rett   |        | Ipocondroplasia   |
| NSD1   | Sindrome di Sotos tipo1  |        | Sindrome di Muenke  |
| ASXL1  | Sindrome di Bohring-Opitz  |        | Displasia tanatofora, tipo I  |
| SETBP1 | Sindrome di Schinzel-Giedion   |        | Displasia tanatofora, tipo II   |
|        | <b>SINDROME DI NOONAN</b>  |        | Sindrome di Ehlers-Danlos, classica   |
| BRAF   | Sindrome Cardio facio cutanea (CFS) tipo 1                               | COL1A1 | Sindrome di Ehlers-Danlos, tipo VIIA  |
| CBL    | Sindrome di Noonan-simile con o senza leucemia mielomonocitica giovanile |        | Osteogenesi imperfetta, tipo I  |
| KRAS   | Sindrome di Noonan /cancers  |        | Osteogenesi imperfetta, tipo II   |
| MAP2K1 | Sindrome Cardio facio cutanea (CFS) tipo e 3                             |        | Osteogenesi imperfetta, tipo III  |
| MAP2K2 | Sindrome Cardio facio cutanea (CFS) tipo 4                               |        | Osteogenesi imperfetta, tipo IV   |
| NRAS   | Sindrome di Noonan 6/cancers   |        | Sindrome di Ehlers-Danlos, forma cardiaco-valvolare                               |
| PTPN11 | Sindrome Noonan 1/ Sindrome di LEOPARD/cancers                           |        | Sindrome di Ehlers-Danlos, tipo VIIB  |
| PTPN11 | Leucemia mielomonocitica giovanile (JMML)                                | COL1A2 | Osteogenesi imperfetta, tipo II   |
| RAF1   | Sindrome di Noonan 5/Sindrome di LEOPARD 2                               |        | Osteogenesi imperfetta, tipo III  |
| RT1    | Sindrome di Noonan 8   |        | Osteogenesi imperfetta, tipo IV   |
| SHOC2  | Sindrome Noonan-simile con capelli caduchi in fase anagen                |        | <b>CRANIOSINOSTOSI</b>  |
| SOS1   | Sindrome di Noonan 4   |        | Sindrome di Antley-Bixler senza anomalie genitali o disordini della steroidognesi |
|        |  |        | Sindrome di Apert   |
|        |  |        | Sindrome di Crouzon   |
|        |  | FGFR2  | Sindromedi Jackson-Weiss  |
|        |  |        | Sindrome di Pfeiffer, tipo 1  |
|        |  |        | Sindrome di Pfeiffer, tipo 2  |
|        |  |        | Sindrome di Pfeiffer, tipo 3  |

La patologie indagate dal test **GeneSAFE™** spesso non sono rilavabili alle indagini ecografiche del primo trimestre (alcune sono rilevabili ecograficamente solo al secondo o al terzo trimestre) e sono indipendenti dall'età materna.

A differenza dei NIPT tradizionali, che individuano anomalie fetali associate ad età materna avanzata (es. sindrome di Down), il test **GeneSAFE™** identifica malattie genetiche associate ad **età paterna avanzata** (es. Acondroplasia, sindrome di Pfeiffer, di Apert, di Crouzon, Osteogenesis Imperfecta, etc.), causate da errori genetici che insorgono durante il processo di spermatogenesi, fornendo alle coppie meno giovani la possibilità di utilizzare un test di screening più completo.

### Chi può sottoporsi al test PrenatalSAFE®

Tutte le donne in gravidanza con un'età gestazionale di almeno **10 settimane**. Il test può essere eseguito sia in caso di gravidanze singole che gemellari, ottenute sia mediante concepimento naturale che con tecniche di procreazione medicalmente assistita, omologhe o eterologhe.

### Come viene effettuato il test PrenatalSAFE®

Durante la gravidanza, alcuni frammenti del Dna del feto circolano nel sangue materno. Il DNA fetale è rilevabile a partire dalla 5° settimana di gestazione. La sua concentrazione aumenta nelle settimane successive e scompare subito dopo il parto. La quantità di DNA fetale circolante dalla 9°-10° settimana di gestazione è sufficiente per garantire l'elevata specificità e sensibilità del test. Il test viene eseguito mediante il prelievo di un campione ematico della gestante con un'età gestazionale di almeno **10 settimane**. Tramite un'analisi complessa di laboratorio, il DNA fetale libero circolante è isolato dalla componente plasmatica del sangue materno. Successivamente, attraverso un processo tecnologico avanzato, le **regioni cromosomiche del DNA fetale** circolante vengono sequenziate a elevata profondità di lettura (da 30 a 60 milioni di sequenze in relazione al livello di indagine), mediante l'innovativa tecnologia di **sequenziamento massivo parallelo (MPS) dell'intero genoma fetale**, utilizzando sequenziatori *Next Generation Sequencing (NGS) ILLUMINA*. Le sequenze cromosomiche vengono quindi quantificate attraverso un'**avanzata analisi bioinformatica**, per determinare la presenza di eventuali aneuploidie cromosomiche fetali, identificate da un sovrannumero di sequenze allineabili a uno specifico cromosoma. Similmente si procede all'analisi per rilevare le varianti patologiche causa di malattie genetiche ereditare o de novo nel feto.

### Risultati ottenibili con il test PrenatalSAFE®

**“POSITIVO” – Aneuploidia o alterazione cromosomica strutturale rilevata:** indica che il test ha prodotto un risultato compatibile con una aneuploidia o un'alterazione cromosomica strutturale fetale, a livello di uno (o più) dei cromosomi investigati. L'affidabilità del risultato viene riportato nella sezione “Risultati” del referto e nella sezione “Accuratezza del test” della relazione tecnica. Tale risultato indica che il feto presenta una delle condizioni cromosomiche indicate, ma non assicura che il feto abbia tale condizione. Il *follow-up* consigliato è un test di diagnosi prenatale invasiva, come il prelievo dei villi coriali (Villocentesi) o l'Amniocentesi. Il nostro genetista (o in generale uno specialista in genetica), in sede di consulenza genetica, vi spiegherà in maniera dettagliata il risultato del test e vi consiglierà di confermare il risultato mediante diagnosi prenatale invasiva. In nessun modo è possibile avvalersi della Legge 194/78 sulla interruzione volontaria della gravidanza senza prima aver confermato il risultato del test mediante amniocentesi o villocentesi.

**“NEGATIVO” - Aneuploidia o alterazione cromosomica strutturale non rilevata:** indica che il test non ha rilevato aneuploidie o alterazioni cromosomiche strutturali a livello dei cromosomi esaminati. L'affidabilità del risultato viene riportato nella sezione “Risultati” del referto e nella sezione “Accuratezza del test” della relazione tecnica. Tale risultato, tuttavia, non assicura che il feto sia sano per tali anomalie. Infatti, a causa della fisiologia placentare, il risultato ottenuto potrebbe non riflettere un reale stato di normalità del feto.

In alcuni casi (circa l'1%) il test potrebbe produrre un **risultato non ottimale o non conclusivo**. In tali evenienze verrà richiesto alla gestante il prelievo di un nuovo campione ematico al fine di ripetere l'esame. Anche dopo la ripetizione, il test potrebbe non produrre un risultato conclusivo. In questi casi, è consigliato di ricorrere a metodi di diagnosi prenatale alternativi, quali per esempio l'amniocentesi o la villocentesi, in quanto in letteratura scientifica è stato riportato un aumento dell'incidenza di aneuploidie fetali nei campioni con risultato non conclusivo, per esempio a causa di bassa frazione fetale.

In altri casi l'esame potrebbe fornire un risultato che indica un **sospetto** di aneuploidia cromosomica fetale (**risultato borderline**). In tale evenienza verrà consigliato di confermare il risultato mediante diagnosi prenatale invasiva, così come per il risultato positivo. Nel caso in cui venga richiesta anche l'analisi del **sex** del feto, può essere fornito anche questo risultato.

Nelle gravidanze gemellari, verrà riportato un unico risultato per entrambi i feti. Il sesso fetale, in queste gravidanze, viene indicato come maschile o femminile, basandosi sulla presenza o assenza del cromosoma Y.

### Risultati ottenibili con il test GeneSAFE™ Complete

**“POSITIVO”:** indica che il test **ha rilevato** una o più mutazioni a livello di uno (o più) geni investigati. Tale risultato è compatibile con un **alto rischio per una specifica malattia genetica**. L'affidabilità del risultato viene riportato nella sezione “Risultati” del referto e nella sezione “Accuratezza del test” della relazione tecnica. Tale risultato indica che il feto presenta un elevato rischio per la specifica malattia indicata, ma non assicura che il feto abbia tale condizione. Il follow-up consigliato è un test di diagnosi prenatale invasiva, come il prelievo dei villi coriali (Villocentesi) o l'Amniocentesi. Il genetista di Genoma Group (o in generale uno specialista in genetica), in sede di consulenza genetica, spiegherà in maniera dettagliata il risultato del test e consiglierà di

confermare il risultato mediante diagnosi prenatale invasiva. In nessun modo è possibile avvalersi della Legge 194/78 sull'interruzione volontaria della gravidanza senza prima aver confermato il risultato del test mediante amniocentesi o villocentesi. Il test **GeneSAFE™** identifica esclusivamente mutazioni **con significato patologico noto**. Il test non ricerca **varianti con significato benigno**, cioè quelle riscontrabili in individui normali e sono prive di significato patologico, e **varianti con significato clinico incerto**, cioè quelle non ancora note o caratterizzate dalla comunità medico-scientifica.

“**NEGATIVO**”: indica che il test **non ha rilevato** nel feto alcuna mutazione, *de novo* o ereditata dai genitori, a significato patologico noto nei geni esaminati o mutazioni in eterozigosi composta o omozigosi, in caso di malattie genetiche a trasmissione ereditaria. Tale risultato è compatibile con un basso rischio per una specifica malattia genetica. L'affidabilità del risultato viene riportato nella sezione “Risultati” del referto e nella sezione “Accuratezza del test” della relazione tecnica. Tale risultato, tuttavia, riduce notevolmente le possibilità che il feto abbia le malattie genetiche esaminate, ma non può garantire che il feto sia sano. In alcuni casi (circa l'1%) il test potrebbe produrre un **risultato non ottimale o non conclusivo**. In tali evenienze verrà richiesto alla gestante il prelievo di un nuovo campione ematico al fine di ripetere l'esame. In altri casi, al fine di una interpretazione ottimale dei risultati, potrebbe essere necessario esaminare anche un campione ematico paterno. Per quest'ultimo esame non è prevista una specifica refertazione.

#### Accuratezza del test PrenatalSAFE®

L'esame ha dimostrato, in studi di validazione preclinica, un'attendibilità superiore al **99%** nel rilevare le aneuploidie cromosomiche comuni in gravidanza (**trisomia 21, trisomia 18, trisomia 13, aneuploidie dei cromosomi sessuali**), con percentuali di falsi positivi **<0.1%**. Sebbene l'errore del test sia basso, tuttavia non è escludibile. Di seguito si riportano le performance del test **PrenatalSAFE®** nella **casistica clinica**, ed i dati di validazione preclinica e clinica del test **PrenatalSAFE® Karyo**:

**Dati validazione PrenatalSAFE® Karyo** (Fiorentino et al., EJHG conference 2016)

|                         | Trisomia 21<br>(n=1419)       | Trisomia 18<br>(n=1419)       | Trisomia 13<br>(n=1419)       | SCA<br>(n=1419)                | CNV<br>(n=1419)                |
|-------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|
| Veri positivi           | 100                           | 31                            | 14                            | 36                             | 37                             |
| Falsi positivi          | 0                             | 0                             | 0                             | 0                              | 0                              |
| Veri negativi           | 1319                          | 1388                          | 1405                          | 1383                           | 1382                           |
| Falsi negativi          | 0                             | 0                             | 0                             | 0                              | 0                              |
| Sensibilità<br>(95% CI) | 100,00%<br>(96.38% - 100.00%) | 100,00%<br>(88.78% - 100.00%) | 100,00%<br>(76.84% - 100.00%) | 100,00%<br>(90.26% to 100.00%) | 100,00%<br>(90.51% to 100.00%) |
| Specificità<br>(95% CI) | 100,00%<br>(99.72% - 100.00%) | 100,00%<br>(99.73% - 100.00%) | 100,00%<br>(99.74% - 100.00%) | 100,00%<br>(99.73% to 100.00%) | 100,00%<br>(99.73% to 100.00%) |
| PPV<br>(95% CI)         | 100,00%<br>(96.38% - 100.00%) | 100,00%<br>(88.78% - 100.00%) | 100,00%<br>(76.84% - 100.00%) | 100,00%<br>(90.26% to 100.00%) | 100,00%<br>(90.51% to 100.00%) |
| NPV<br>(95% CI)         | 100,00%<br>(99.72% - 100.00%) | 100,00%<br>(99.73% - 100.00%) | 100,00%<br>(99.74% - 100.00%) | 100,00%<br>(99.73% to 100.00%) | 100,00%<br>(99.73% to 100.00%) |

PPV: Valore Predittivo Positivo; NPV: Valore Predittivo Negativo; SCA: aneuploidie dei cromosomi sessuali; CNV: Copy Number Variation (alterazioni cromosomiche strutturali o trisomie non comuni)

#### Performance PrenatalSAFE® Karyo: Casistica Clinica con Follow-up (aggiornamento Dicembre 2017)

|                         | Trisomia 21<br>(n=37804)      | Trisomia 18<br>(n=37804)      | Trisomia 13<br>(n=37804)      | SCA<br>(n=37804)              | Trisomie Rare<br>(n=37804)  | CNV<br>(n=37804)            |
|-------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-----------------------------|-----------------------------|
| Veri positivi           | 295                           | 62                            | 31                            | 143                           | 22                          | 22                          |
| Falsi positivi          | 3                             | 3                             | 4                             | 26                            | 11                          | 10                          |
| Veri negativi           | 37506                         | 37739                         | 37769                         | 37635                         | 37771                       | 37772                       |
| Falsi negativi          | 0                             | 0                             | 0                             | 0                             | 0                           | 0                           |
| Sensibilità<br>(95% CI) | 100.00%<br>(98.76% - 100.00%) | 100.00%<br>(94.22% - 100.00%) | 100.00%<br>(88.78% - 100.00%) | 100.00%<br>(97.45% - 100.00%) | 100.00%<br>(84.56% - 100%)  | 100.00%<br>(84.56% - 100%)  |
| Specificità<br>(95% CI) | 99.99%<br>(99.98% - 100.00%)  | 99.99%<br>(99.98% - 100.00%)  | 99.99%<br>(99.97% - 100.00%)  | 99.93%<br>(99.90% - 99.95%)   | 99.97%<br>(99.95% - 99.99%) | 99.97%<br>(99.95% - 99.99%) |
| PPV<br>(95% CI)         | 98.99%<br>(96.94% - 99.67%)   | 95.38%<br>(86.95% - 98.46%)   | 88.57%<br>(74.42% - 95.38%)   | 84.62%<br>(78.93% - 88.98%)   | 66.67%<br>(52.55% - 78.31%) | 68.75%<br>(54.21% - 80.35%) |
| NPV<br>(95% CI)         | 100.00%<br>(99.98% - 100.00%) | 100.00%<br>(99.98% - 100.00%) | 100.00%<br>(99.97% - 100.00%) | 100.00%<br>(99.90% - 100.00%) | 100%<br>(99.95% - 100.00%)  | 100%<br>(99.95% - 100%)     |

PPV: Valore Predittivo Positivo; NPV: Valore Predittivo Negativo; SCA: aneuploidie dei cromosomi sessuali; CNV: Copy Number Variation (alterazioni cromosomiche strutturali). Dati aggiornati da Fiorentino et al., Prenat Diagn 2017;37:593-601.

**Performance PrenatalSAFE® (Protocollo FAST\*): Casistica con follow-up (aggiornamento Dicembre 2017)**

|                                 | Trisomia 21<br>(n=78.542)       | Trisomia 18<br>(n=78.542)       | Trisomia 13<br>(n=78.542)      | Monosomia X<br>(n=78.542)       | XXX<br>(n=78.542)               | XXY<br>(n=78.542)               | XYY<br>(n=78.542)          | SCA<br>(n=78.542)                |
|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|--------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|----------------------------|----------------------------------|
| <b>Veri positivi</b>            | 628                             | 136                             | 101                            | 86                              | 40                              | 79                              | 14                         | 219                              |
| <b>Falsi positivi</b>           | 5                               | 4                               | 7                              | 34                              | 4                               | 10                              | 0                          | 48                               |
| <b>Veri negativi</b>            | 77912                           | 78402                           | 78434                          | 78422                           | 78498                           | 78453                           | 78528                      | 78275                            |
| <b>Falsi negativi</b>           | 0                               | 0                               | 0                              | 0                               | 0                               | 0                               | 0                          | 0                                |
| <b>Sensibilità<br/>(95% CI)</b> | 100%<br>(99.41% -<br>100.00%)   | 100%<br>(97.32% -<br>100.00%)   | 100%<br>(96.41% -<br>100.00%)  | 100%<br>(95.80% -<br>100.00%)   | 100%<br>(91.19% -<br>100.00%)   | 100%<br>(95.44% -<br>100.00%)   | 100%<br>(76.84% -<br>100%) | 100,00%<br>(98.33% -<br>100.00%) |
| <b>Specificità<br/>(95% CI)</b> | 99.99%<br>(99.99% -<br>100.00%) | 99.99%<br>(99.99% -<br>100.00%) | 99.9%<br>(99.98% -<br>100.00%) | 99.96%<br>(99.94% -<br>100.00%) | 99.99%<br>(99.99% -<br>100.00%) | 99.99%<br>(99.98% -<br>100.00%) | 100%<br>(99.99% -<br>100%) | 99,94%<br>(99.92% -<br>99.95%)   |
| <b>PPV<br/>(95% CI)</b>         | 99.21%<br>(98.12% -<br>99.67%)  | 97.14%<br>(92.73% -<br>98.91%)  | 93.52%<br>(87.30% -<br>96.80%) | 71.67%<br>(64.38% -<br>77.97%)  | 90.91%<br>(78.96% -<br>96.38%)  | 88.76%<br>(80.96% -<br>93.62%)  | 100%<br>(73.23% -<br>100%) | 82,02%<br>(77.47% -<br>85.22%)   |
| <b>NPV<br/>(95% CI)</b>         | 100%<br>(99.98% to<br>100%)     | 100%<br>(99.98% to<br>100%)     | 100%<br>(99.98% to<br>100%)    | 100%<br>(99.98% -<br>100%)      | 100%<br>(99.98% -<br>100%)      | 100%<br>(99.98% -<br>100%)      | 100%<br>(99.99% -<br>100%) | 100,00%<br>(99.98% -<br>100.00%) |

PPV: Valore Predittivo Positivo; NPV: Valore Predittivo Negativo; SCA: aneuploidie dei cromosomi sessuali (sono stati esclusi dal calcolo i casi con mosaicismo materno). \* *In uso da Settembre 2014*. Dati aggiornati da Fiorentino et al., *Prenat Diagn* 2016 Apr;36(4):304-11

**Accuratezza del test GeneSafe™**

L'esame ha dimostrato, in studi di validazione preclinica, una sensibilità >99% nel rilevare le mutazioni nei geni investigati, con percentuali di falsi positivi <1%. Sebbene l'errore del test sia basso, tuttavia non è escludibile.

**Limiti del test PrenatalSAFE®**

L'esame prenatale non invasivo che analizza il DNA fetale libero circolante isolato da un campione di sangue materno è un **test di screening** e non è un test diagnostico. Benché questo test sia molto accurato, **i risultati non sono diagnostici** e devono essere valutati nel contesto del quadro clinico della gestante e della anamnesi familiare. Inoltre, l'esame non è sostitutivo della diagnosi prenatale invasiva (Villocentesi o Amniocentesi).

Il test è stato validato su gravidanze singole o gemellari, monozigotiche o dizigotiche, con almeno 10 settimane di gestazione.

Il test non può escludere la presenza di tutte le anomalie cromosomiche fetali. **PrenatalSAFE® 3** valuta solo le aneuploidie a carico dei cromosomi 13, 18, 21, **PrenatalSAFE® 5** valuta anche le aneuploidie dei cromosomi sessuali (X e Y); le aneuploidie di altri cromosomi sono identificabili solo con il test **PrenatalSAFE® Karyo**.

Il test **PrenatalSAFE® Karyo** evidenzia il 92,6% delle anomalie cromosomiche fetali rilevabili in epoca prenatale e il 96.2% di quelle riscontrate alla nascita.

Il test **PrenatalSAFE® Karyo Plus** evidenzia il **95,5%** delle anomalie cromosomiche fetali rilevabili in epoca prenatale e il **99.1%** di quelle riscontrate alla nascita.

Il test **PrenatalSAFE®** non è in grado di evidenziare riarrangiamenti cromosomici bilanciati, mosaicismi cromosomici fetali e/o placentari (cioè la presenza di due linee cellulari con differente assetto cromosomico), mutazioni puntiformi, difetti di metilazione, poliploidie. Il test non evidenzia altre malformazioni o difetti non specificamente ricercati. In particolare, l'esame non evidenzia la presenza di malattie genetiche ereditarie a trasmissione mendeliana.

Le alterazioni parziali dei cromosomi analizzati e le alterazioni cromosomiche strutturali possono essere evidenziate solo con i test **PrenatalSAFE® Karyo**. Il limite di risoluzione stimato del test è sovrapponibile a quello del cariotipo citogenetico (tradizionale) a 400 bande (circa 7-10 Mb). Il test **PrenatalSAFE® Karyo Plus** evidenzia alterazioni cromosomiche strutturali ad una risoluzione di circa 3 Mb, a livello delle regioni cromosomiche associate alle sindromi da microdelezione investigate.

Nelle **gravidanze gemellari Dizigotiche** non è possibile distinguere la condizione del singolo feto, né di valutare le aneuploidie dei cromosomi sessuali. E' tuttavia possibile riscontrare la presenza/assenza del cromosoma Y. Nel caso in cui venga individuata la presenza del cromosoma Y, non è possibile discernere se solo uno o entrambi i feti siano di sesso maschile. Nelle gravidanze che sono iniziate come gemellari o plurime, seguite dall'aborto spontaneo di uno o più feti con riassorbimento della camera gestazionale (**vanishing twin**), potrebbe essere presente nel sangue materno anche il DNA fetale libero del feto abortito. Ciò potrebbe interferire nella qualità dei risultati, determinando falsi positivi nel caso in cui la causa dell'aborto fosse dovuta alla presenza nel suddetto feto di aneuploidie cromosomiche a carico di uno dei cromosomi investigati. Similmente, potrebbe determinarsi una incongruenza nei risultati del sesso (es. diagnosi di sesso maschile, in cui la presenza del cromosoma Y è originata dal DNA feto abortito).

L'esistenza di una condizione tumorale (**metastasi**) nella gestante potrebbe determinare risultati del test falsi positivi.

Il test è basato sulla quantificazione dei frammenti di DNA fetale libero circolante nel sangue materno, che sono di origine placentare. Pertanto, a causa di condizioni di **mosaicismo cromosomico** (frequenza: 1-2%) potrebbero esservi discordanze nei risultati (falsi positivi o falsi negativi) che giustificano la sensibilità e specificità del test <100%. In particolare, il test potrebbe produrre un risultato positivo (aneuploidia rilevata), ma tale anomalia cromosomica potrebbe essere confinata alla placenta a causa

del mosaicismo cromosomico, e quindi il feto potrebbe infine risultare con cariotipo normale al controllo in diagnosi prenatale invasiva (falso positivo). Viceversa, il test potrebbe produrre un risultato negativo (aneuploidia non rilevata), ma a causa del mosaicismo cromosomico il DNA fetale privo di aneuploidia potrebbe essere confinato alla placenta, e quindi il feto potrebbe infine risultare con cariotipo aneuploide al controllo in diagnosi prenatale invasiva (falso negativo).

Il sesso fetale viene indicato come maschile o femminile, basandosi sulla presenza o assenza del cromosoma Y, ma non dà informazioni sulla presenza o assenza del gene SRY.

Le gravidanze con riscontri ecografici suggestivi di patologia fetale dovrebbero essere studiate con altri tipi di indagini prenatali, quali il cariotipo fetale molecolare su villi coriali o liquido amniotico, in considerazione del maggiore *detection rate*.

Esiste la possibilità d'identificare con questo test, anomalie dei cromosomi sessuali presenti nella madre (omogenee o a mosaico) che possono interferire con l'accuratezza dei risultati riguardanti i cromosomi sessuali fetali.

Un risultato “**NEGATIVO - Aneuploidia o alterazione cromosomica strutturale non rilevata**” riduce notevolmente le possibilità che il feto abbia una aneuploidia o un'alterazione cromosomica strutturale a livello dei cromosomi esaminati, ma non può garantire che i cromosomi siano effettivamente normali o che il feto sia sano.

Non è possibile eseguire questo test a donne portatrici esse stesse di aneuploidie.

Per i limiti sopra esposti, in caso di risultato positivo si raccomanda di eseguire un colloquio con un genetista e la conferma del risultato attraverso l'analisi del cariotipo su liquido amniotico.

### Limiti del test GeneSafe™

Questo esame valuta solo le malattie genetiche ed i geni elencati nelle Tabelle precedenti. Il test non evidenzia altre malattie genetiche o geni non specificamente investigati.

L'esame inoltre non è in grado di evidenziare:

- mutazioni localizzate nelle regioni introniche oltre  $\pm 5$  nucleotidi dai breakpoints;
- delezioni, inversioni o duplicazioni maggiori di 20 bp;
- mosaicismi.

**GeneSAFE™** è un **test di screening** e non è un test diagnostico. Benché questo test sia molto accurato, **i risultati non sono diagnostici** e devono essere valutati nel contesto del quadro clinico della gestante e dell'anamnesi familiare. Inoltre, l'esame non è sostitutivo della diagnosi prenatale invasiva (Villocentesi o Amniocentesi).

Il test è stato validato su gravidanze singole o gemellari, monozigotiche o dizigotiche, con almeno 10 settimane di gestazione.

Nelle **gravidanze gemellari** non è possibile distinguere la condizione del singolo feto. Nelle gravidanze che sono iniziate come gemellari o plurime, seguite dall'aborto spontaneo di uno o più feti con riassorbimento della camera gestazionale (**vanishing twin**), potrebbe essere presente nel sangue materno anche il DNA fetale libero del feto abortito. Ciò potrebbe interferire nella qualità dei risultati, determinando falsi positivi.

L'esistenza di una condizione tumorale (**metastasi**) nella gestante potrebbe determinare risultati del test falsi positivi dovuti a mutazioni del DNA tumorale circolante (ctDNA) a livello di geni coinvolti nel processo di cancerogenesi (es. BRAF, KRAS, NRAS).

Un risultato “**NEGATIVO - Basso rischio per malattia genetica**” riduce notevolmente le possibilità che il feto abbia le malattie genetiche esaminate, ma non può garantire che il feto sia sano.

Il test **GeneSAFE™** identifica esclusivamente mutazioni **con significato patologico noto**. Il test non ricerca **varianti con significato benigno**, cioè quelle riscontrabili in individui normali e sono prive di significato patologico, e **varianti con significato clinico incerto**, cioè quelle non ancora note o caratterizzate dalla comunità medico-scientifica. L'interpretazione delle varianti genetiche si basa sulle più recenti conoscenze disponibili al momento dell'analisi. Tale interpretazione potrebbe cambiare in futuro con l'acquisizione di nuove informazioni scientifiche e mediche sulla struttura del genoma ed influire sulla valutazione stessa delle varianti.

Per i limiti sopra esposti, in caso di risultato positivo si raccomanda di eseguire un colloquio con un genetista e la conferma del risultato attraverso l'analisi genetica su liquido amniotico o villi coriali.

### PrenatalSAFE®: Tempi di Refertazione

I tempi stimati di refertazione sono di circa **3-7 giorni** lavorativi, a seconda del tipo di procedura richiesta:

| Tipo di esame                      | Procedura FAST         | Procedura STANDARD     |
|------------------------------------|------------------------|------------------------|
| <b>PrenatalSAFE® 3</b>             | <b>3 gg.</b>           | <b>3 gg.</b>           |
| <b>PrenatalSAFE® 5</b>             | <b>3 gg.</b>           | <b>3 gg.</b>           |
| <b>PrenatalSAFE® Plus</b>          | <b>5 gg.</b>           | <b>7 gg.</b>           |
| <b>PrenatalSAFE® Karyo</b>         | <b>4 gg.</b>           | <b>5 gg.</b>           |
| <b>PrenatalSAFE® Karyo Plus</b>    | <b>5 gg.</b>           | <b>7 gg.</b>           |
| <b>PrenatalSAFE® COMPLETE</b>      | <b>4(10-15) gg.***</b> | <b>5(10-15) gg.***</b> |
| <b>PrenatalSAFE® COMPLETE Plus</b> | <b>5(10-15) gg.***</b> | <b>7(10-15) gg.***</b> |
| <b>GeneSAFE™</b>                   |                        | <b>10 gg/15gg</b>      |

\*\*\* Il referto del test **PrenatalSAFE® COMPLETE** si compone di due diversi referti: il primo riferito all'analisi non invasiva del cariotipo fetale che verrà fornito in 4 gg lavorativi, e il secondo relativo alle patologie genetiche ereditarie e/o ad insorgenza de novo che sarà disponibile tra i 10 e i 15 gg lavorativi.



I tempi di refertazione sopra indicati, tuttavia, non sono perentori e potrebbero prolungarsi in caso di ripetizioni dell'esame, risultati non ottimali, approfondimenti dell'esame o dubbi interpretativi.

### Alternative al test PrenatalSAFE®: la diagnosi prenatale invasiva

L'esame prenatale non invasivo che analizza il DNA fetale presente nel sangue materno, è solo una delle opzioni per la gestante per determinare la presenza di patologie cromosomiche durante la gravidanza.

Esistono diversi altri esami effettuabili in questo periodo gestazionale. In particolare, un'indagine citogenetica (cariotipo fetale tradizionale) o molecolare (cariotipo fetale molecolare) più approfondita può essere ottenuta mediante "diagnosi prenatale invasiva", che può essere eseguita su villi coriali o liquido amniotico. Il prelievo dei villi coriali (tessuto placentare che, pur essendo separato dal feto, ne contiene lo stesso DNA), o villocentesi, è effettuato tra la 11<sup>a</sup> e la 12<sup>a</sup> settimana di gestazione e consiste nel prelievo, sotto controllo ecografico, di un piccolo campione di villi coriali mediante una puntura attraverso l'addome materno. Tale prelievo comporta un rischio di aborto inferiore al 2%. Il cariotipo fetale viene condotto sulle cellule fetali (o dal DNA estratto da queste cellule) contenute nei villi coriali. Il prelievo del liquido amniotico o amniocentesi viene eseguito mediante puntura transaddominale ecoguidata tra la 16<sup>a</sup> e la 18<sup>a</sup> settimana di gravidanza e comporta un rischio di aborto inferiore all'1%. In questo caso, il cariotipo fetale viene condotto sulle cellule fetali (o dal DNA estratto da queste cellule) presenti nel liquido amniotico. Le suddette indagini possono inoltre fornire un'analisi cromosomica completa del feto e sono fortemente raccomandate, in particolar modo, alle gestanti con età superiore ai 35 anni.

### Confronto del *detection rate* tra PrenatalSAFE® e cariotipo fetale

Il test PrenatalSAFE® 3 e 5 permettono di evidenziare, rispettivamente, il 71% e l'83.1% delle anomalie cromosomiche riscontrabili in gravidanza. Con test PrenatalSAFE® Plus il *detection rate* diviene l'86%. Il PrenatalSAFE® Karyo, invece, consente di rilevare il 92.6% delle anomalie cromosomiche evidenziabili in gravidanza ed il 96.2% di quelle riscontrate alla nascita. Il test PrenatalSAFE® Karyo Plus evidenzia il 95,5% delle anomalie cromosomiche fetali rilevabili in epoca prenatale e il 99.1% di quelle riscontrate alla nascita, raggiungendo un livello di *detection rate* molto simile a quello del **cariotipo fetale tradizionale (96.9%)**, ottenuto mediante tecniche di diagnosi prenatale invasiva. Il **cariotipo fetale molecolare** – array-CGH (l'esame prenatale considerato il *gold standard*) eseguito su cellule fetali prelevate con amniocentesi o villocentesi, permette di rilevare il 99.8% delle anomalie cromosomiche riscontrabili in gravidanza. (Wellesley, D, et al., 2012; Wapner et al., 2012; Fiorentino et al., 2011; 2013).

### Il test GeneSafe™ come integrazione al test PrenatalSafe™

Il test GeneSAFE™ fornisce informazioni in merito al rischio di malattie genetiche riscontrabili nel feto, ma non fornisce alcuna informazione rispetto alle aneuploidie fetali, né rispetto alle anomalie cromosomiche strutturali.

Al fine di ottenere la maggiore quantità di informazione possibile, mediante tecniche di screening prenatale non invasive, è utile abbinare il test GeneSAFE™ al test PrenatalSAFE™ Karyo. Quest'ultimo test è in grado di individuare aneuploidie e anomalie strutturali cromosomiche su tutto il cariotipo fetale, fornendo un'informazione molto simile a quella ottenibile mediante analisi prenatale invasiva.

### Altre analisi integrative al test PrenatalSafe™

Su specifica richiesta è possibile associare al test PrenatalSAFE® anche il test RhSafe®, solo in gravidanze con gestante Rh(D) negativa e partner maschile Rh(D) positivo.

### RhSafe®

Il test RhSafe®, un esame prenatale non invasivo che, analizzando il DNA fetale isolato da un campione di sangue della gestante, consente di determinare il Fattore Rh(D) fetale. Il test si applica in gravidanze con gestanti Rh (D) negativo e partner Rh (D) positivo.

### Il Fattore Rhesus (Rh)

I globuli rossi umani presentano sulla loro superficie gli antigeni responsabili dei gruppi sanguigni ABO e gli antigeni che costituiscono il **Fattore Rhesus (Rh)**. Tra gli antigeni del fattore Rh, il D è il più importante dal punto di vista clinico. Si definiscono **Rh positivi** i soggetti che presentano l'antigene D sulla superficie dei globuli rossi, sono **Rh negativi** i soggetti che non lo presentano (circa il 15% della popolazione caucasica).

L'RhD svolge un ruolo fondamentale in quella che viene chiamata **incompatibilità materno-fetale**. Se il feto è **Rh(D) positivo (Rh+)** e la gestante **Rh(D) negativa (Rh-)** è probabile che i globuli rossi del feto con l'antigene Rh entrino nel circolo sanguigno materno. In assenza di opportune precauzioni durante la gravidanza, c'è il rischio che la gestante sviluppi una reazione immunitaria producendo anticorpi contro i globuli rossi del feto (**sensibilizzazione** o **alloimmunizzazione**), che rimarranno presenti nel suo sangue.

In caso di una seconda gravidanza con un feto Rh(D) positivo, gli anticorpi materni diretti contro gli antigeni eritrocitari del feto possono passare attraverso la placenta e aggredire i globuli rossi fetali, che verranno poi distrutti in quanto riconosciuti come "estranei". Si determina quindi la cosiddetta **malattia emolitica del feto e del neonato (HDFN)**.

L'incompatibilità materno-fetale non si presenta quando entrambi i genitori sono Rh negativi, oppure se la madre è Rh positiva e il padre Rh negativo.

### Come evitare il rischio di sensibilizzazione

Per prevenire la sensibilizzazione, la gestante può sottoporsi a immunoprofilassi con **immunoglobuline anti-D**, durante la gravidanza e dopo il parto.

L'utilizzo dell'immunoprofilassi anti – D non è di per se privo di rischi, in quanto le immunoglobuline anti-D sono emoderivati di origine umana ottenuti da donazioni di sangue. Nonostante il rischio di trasmissione di infezioni virali sia molto basso, ciò tuttavia non può essere completamente escluso.

#### **I vantaggi del test RhSafe®?**

Il test per la determinazione precoce **non invasiva** del **fattore Rh (D) fetale**, mediante l'analisi del DNA fetale libero nel sangue materno, è un esame affidabile e utile, divenuto ormai una routine della gestione delle gravidanze caratterizzate dall'incompatibilità materno-fetale.

Il test consente di **identificare le gravidanze a rischio** per la malattia emolitica del feto e del neonato, e quindi di ridurre il ricorso alla profilassi anti-D nei casi in cui il feto risulti Rh(D) negativo come la madre. In questi casi, infatti, non vi è alcun rischio di sensibilizzazione, pertanto la somministrazione di immunoglobuline anti-D può essere evitata.

#### **Chi può sottoporsi al test RhSafe®?**

Tutte le donne in gravidanza Rh (D) negative con un'età gestazionale di almeno **10 settimane**. Il test **RHSAFE®** viene eseguito (su richiesta) solo in gravidanze con gestante Rh(D) negativa e partner maschile Rh(D) positivo. Per l'esecuzione del test è necessario produrre i referti attestanti il fattore Rh della coppia. Nel caso in cui i referti in questione non verranno prodotti entro 30 giorni dalla data di accettazione del campione, l'esame non verrà eseguito e il relativo campione verrà smaltito secondo la normativa vigente.

#### **Come si effettua il test RhSafe®?**

Durante la gravidanza, in conseguenza al ricambio fisiologico delle cellule della placenta, alcuni frammenti del DNA del feto circolano nel sangue materno. Il **DNA fetale** libero viene inizialmente isolato dalla componente plasmatica del sangue materno. Successivamente, attraverso un processo tecnologico avanzato ad elevata sensibilità, il DNA viene **amplificato mediante tecnica Real Time PCR**. L'analisi genetica automatizzata consente di identificare la presenza/assenza di sequenze di DNA appartenenti al gene RHD e permette, quindi, di definire se il feto è Rh(D) positivo (presenza del gene RHD) o negativo (assenza del gene RHD) in donne Rh (D) negative.

#### **Tempi di attesa per i risultati**

I tempi stimati di refertazione sono di circa 3 (procedura FAST) o 7 giorni lavorativi (proceduta con tempi di refertazione standard). Tali termini, tuttavia, non sono perentori e potrebbero prolungarsi in caso di ripetizioni dell'esame, risultati non ottimali, approfondimenti del test o dubbi interpretativi.

#### **Limiti del test RhSafe®**

Il test **RhSafe®** è un **test di screening** e non è un test diagnostico. L'esame non è sostitutivo della diagnosi prenatale invasiva (Villocentesi o Amniocentesi).

Un risultato **“NEGATIVO - Assenza del gene RHD.”** riduce notevolmente le possibilità che il feto sia RhD positivo, ma non può garantire che la concordanza di tale risultato con il reale genotipo fetale. L'assenza del segnale relativo all'amplificazione del gene RHD potrebbe essere dovuta ad assenza o bassa quantità di DNA fetale rilevabile nel sangue materno o ad una sua degradazione. L'affidabilità del risultato è quindi correlata alla quantità di DNA fetale disponibile nel campione in esame, dipendente dalla settimana di gestazione della paziente, ed alla qualità del DNA fetale presente nel campione biologico.

Alcuni frammenti del gene RhD possono essere riscontrati in gestanti con fenotipo Rh-, questo può verificarsi per via di uno pseudogene (RhDΨ), o di una variante d(C)ce haplotype, entrambi presenti soprattutto nella popolazione africana. Questi genotipi possono dare dei falsi positivi tramite l'analisi genetica del RHD. A causa della presenza di varianti localizzate nei siti di *annealing* dei primers, sono possibili anche falsi negativi, specialmente nelle popolazioni meno studiate. Per questo motivo è sempre consigliato di eseguire il genotipo RhD su sangue cordonale al momento del parto.

Non è possibile eseguire questo test su RhD Positive.

La sensibilità dell'esame è del 99,7%, mentre la specificità è del 99,5%. Il rischio di errore diagnostico stimato è circa l'1%.

#### **Informativa Pre-Test**

Il nostro centro offre gratuitamente il servizio di informativa pre-test, sia telefonico che presso le sedi dei laboratori del Gruppo Genoma, al fine spiegare alla gestante le finalità del test, benefici, limiti, e risultati ottenibili.

#### **Consulenza Genetica**

Il nostro centro offre gratuitamente il servizio di consulenza genetica, sia pre-test che post-test, presso le sedi dei laboratori del Gruppo Genoma, al fine spiegare alla gestante le finalità del test, i risultati ottenibili, e i risultati emersi al completamento dell'esame, in particolar modo nei casi di riscontro patologico, con rischio elevato di patologia cromosomica.

#### **Privacy**

Tutti i vostri dati verranno trattati con estrema riservatezza e secondo le vigenti leggi sulla Privacy (Reg. EU 679/2016). I risultati dei test saranno comunicati solo agli operatori sanitari coinvolti nell'espletamento del test o al genetista (ove necessario). Inoltre, i risultati del test possono essere rilasciati a chi, per legge, può avere accesso a essi.

#### **Conservazioni dei campioni**

I campioni biologici sono identificati con codice a barre e ID numerico, quindi nessun dato identificativo viene associato alla provetta. E' quindi impossibile che chiunque possa risalire ai dati personali. In ogni caso, trascorsi 30 giorni dall'emissione del referto i campioni biologici saranno smaltiti secondo la normativa vigente.

Io sottoscritta \_\_\_\_\_

Data di nascita \_\_\_\_\_ Luogo di nascita \_\_\_\_\_

### DICHIARO

Di aver verificato l'esatta trascrizione dei dati riportati sulla provetta e sul foglio di accettazione e di aver ricevuto, nel corso del colloquio con il/la Dottore/Dottoressa \_\_\_\_\_ avvenuto in data \_\_\_\_\_, dettagliate informazioni sull'analisi genetica che mi accingo ad eseguire, di aver compreso e valutato tutti gli aspetti inerenti l'esame prenatale non invasivo mediante analisi del DNA fetale dal sangue materno, in particolar modo riguardo l'affidabilità del test, le relative percentuali di errore e le alternative al test, quali le tecniche di diagnosi prenatale invasiva. Ho letto il presente modulo di informativa e consenso informato nella sua totalità, che mi è stato spiegato in ogni sua parte, e ne ho compreso completamente il contenuto. Ho avuto inoltre modo di porre tutte le domande che ho ritenuto opportune ed ho ricevuto risposte che considero esaurienti. In particolare:

- mi è stato spiegato lo scopo del test ed i relativi limiti, discutendo sui possibili rischi e benefici ad esso connessi;
- ho compreso che l'esito del test genetico può comportare conseguenze mediche e psicologiche, per me e la mia famiglia;
- ho compreso il significato dei possibili risultati del test
- sono stato informato delle persone che avranno accesso al campione biologico ed all'esito del test;
- di poter revocare il consenso in qualsiasi momento, mediante la firma del relativo atto di revoca.

Pertanto:

### ACCONSENTO

al prelievo ematico per l'esecuzione dell'analisi PrenatalSAFE® / GeneSAFE™ / RhSafe®, accettandone la tempistica stimata di refertazione con termini non parentori, i relativi rischi di errore ed i limiti intrinseci al test.

### AUTORIZZO

il laboratorio GENOMA Group srl al trattamento dei miei dati personali e sensibili ai sensi del Reg. EU 679/2016. I dati **non saranno diffusi o ceduti a terzi** (tale consenso sarà considerato valido per ogni ulteriore accesso sino ad eventuale revoca o rettifica da parte dell'interessato).

### Inoltre:

|   |   |   |
|---|---|---|
| <input type="checkbox"/> <b>Accenso</b> | <input type="checkbox"/> <b>NON Accenso</b> | che il materiale biologico possa essere utilizzato in futuro, nel rispetto della normativa vigente in materia di protezione dei dati personali, per ulteriori indagini a fini diagnostici;  |
| <input type="checkbox"/> <b>Accenso</b> | <input type="checkbox"/> <b>NON Accenso</b> | che il materiale biologico possa essere utilizzato in futuro, nel rispetto della normativa vigente in materia di protezione dei dati personali, per scopi di ricerca;   |
| <input type="checkbox"/> <b>Accenso</b> | <input type="checkbox"/> <b>NON Accenso</b> | al trattamento dei propri dati analitici, nel rispetto dell'anonimato, per eventuale utilizzo a scopo di ricerca e/o statistico e autorizzo il personale del laboratorio a contattarmi telefonicamente per eseguire il follow-up, finalizzati alla tutela della collettività in campo medico, biomedico ed epidemiologico e per informazioni sulle prestazioni del laboratorio; |
| <input type="checkbox"/> <b>Accenso</b> | <input type="checkbox"/> <b>NON Accenso</b> | ad essere informato circa eventuali informazioni inattese che possono avere un beneficio in termini di terapia, prevenzione o consapevolezza delle scelte riproduttive;   |

## Consenso al trattamento dei dati personali ai sensi del Reg. UE 679/2016.

Ai fini di quanto detto e concordato sopra, dichiaro che Eurofins Genoma Group S.r.l. mi ha informato che il trattamento dei dati personali da me forniti sarà effettuato nel rispetto della normativa di legge e nel rispetto dei diritti ed obblighi conseguenti, e cioè:

**1) TITOLARE DEL TRATTAMENTO:** Il Titolare del trattamento è la società Eurofins Genoma Group s.r.l. - Via di Castel Giubileo 11 - 00138 Roma; **2) FINALITÀ DEL TRATTAMENTO:** a) Dare esecuzione alle operazioni contrattualmente convenute; b) Effettuare presso ogni ente, pubblico o privato, gli adempimenti connessi o strumentali al contratto, compresi quelli di natura fiscale e tributaria; c) Per finalità gestionali, e/o per fini di ricerca o statistici; d) Per informazioni mediche e aggiornamenti scientifici. **3) LUOGO DEL TRATTAMENTO:** Il luogo del trattamento sono le sedi operative di Eurofins Genoma Group S.r.l. a Roma in Via Castel Giubileo n. 11, ed a Milano c/o Affori Centre in Via Enrico Cialdini 16; **4) BASE GIURIDICA DEL TRATTAMENTO DEI DATI:** La base giuridica del trattamento è nel contratto e nei casi previsti dall'art. 6, § 1. Lett. c) del Reg. UE 679/2016 e dalla normativa nazionale; **5) FONTE DEI DATI PERSONALI:** La fonte è l'interessato, ovvero il medico curante; **6) MODALITÀ DEL TRATTAMENTO E CONSERVAZIONE DEI DATI PERSONALI:** Il trattamento sarà effettuato, per le finalità sopra espresse, in forma scritta e/o su supporto cartaceo, magnetico, elettronico o telematico, con l'utilizzo di strumenti automatizzati atti a memorizzare, gestire e trasmettere i dati stessi e comunque sempre idonei a garantire la riservatezza e la sicurezza degli stessi. I dati verranno trattati per tutta la durata dei rapporti contrattuali instaurati ed anche successivamente per l'espletamento di tutti gli adempimenti di legge; **7) CATEGORIE DEI DATI PERSONALI TRATTATI:** Eurofins Genoma Group S.r.l. tratta i seguenti dati: dati identificativi e di contatto dell'interessato; categorie particolari di dati personali quali: dati genetici; dati biometrici, dati relativi alla salute e tutti i dati forniti per l'esecuzione dell'analisi prevista con questa richiesta; **8) CATEGORIE DI DESTINATARI DEI DATI:** i dati potranno essere comunicati ai soggetti esterni con i quali Eurofins Genoma Group s.r.l. intrattiene rapporti necessari allo svolgimento della propria attività (banche, assicurazioni, consulenti, vettori, ecc.) e, sempre per le finalità sopra espresse, alle seguenti categorie di incaricati e/o responsabili: a) Addetti all'ufficio commerciale; b) Addetti alle A.T.S. (Assistenza Tecnica Scientifica) corrispondenti; **9) TRASFERIMENTO DEI DATI ALL'ESTERO:** I dati non sono trasmessi all'estero. In ogni caso i dati trasmessi saranno esclusivamente quelli strettamente necessari allo svolgimento della procedura. In ogni caso i destinatari dei dati saranno comunque vincolati al rispetto della riservatezza e delle norme del Reg. UE 679/2016; **10) DIRITTI DELL'INTERESSATO:** l'interessato ha diritto a che i suoi dati siano trattati in modo lecito, corretto e trasparente. Inoltre ha diritto, ove possibile, in qualunque momento di essere informato su come vengono utilizzati i dati personali; di richiedere l'accesso (art. 15); la rettifica (art. 16) o la cancellazione (art. 17) dei dati personali detenuti. Può altresì chiedere la limitazione del trattamento che lo riguarda (art. 18), oltre al diritto alla portabilità dei dati (art. 20); di revocare il consenso prestato in qualsiasi momento (art. 7) senza pregiudicare la liceità del trattamento basata sul consenso prestato prima della revoca; di opporsi in qualsiasi momento per motivi connessi alla sua situazione particolare al trattamento dei dati personali che lo riguardano (art. 21); qualora l'interessato ritenga che il trattamento che lo riguarda violi la normativa vigente in materia ha il diritto di proporre reclamo (art. 77) ad un'autorità di controllo, segnatamente nello Stato membro in cui risiede abitualmente, lavora oppure del luogo in cui si è verificata la presunta violazione. Per l'Italia tale autorità è il Garante per la Protezione dei Dati Personali <http://www.garanteprivacy.it/>. L'interessato può ottenere ulteriori informazioni sui suoi diritti, incluse le circostanze in cui si applicano, rivolgendosi all'Autorità di controllo dello Stato membro in cui risiede abitualmente. Tutti i diritti predetti potranno essere esercitati in ogni momento scrivendo al titolare del trattamento ai riferimenti sopra indicati.

### TUTTO CIÒ PREMESSO AUTORIZZO

il trattamento dei propri dati personali e particolari ai sensi degli artt. 7 e 9, par. 2, lett. a) del Reg. EU 2016-679. I dati **non saranno diffusi o ceduti a terzi.**

**Autorizzo** inoltre a fornire notizie relative alle indagini genetiche eseguite a:

- Nessuno
- Familiari (nome e cognome) \_\_\_\_\_
- Medico (nome e cognome) \_\_\_\_\_

Il/La sottoscritto/a dichiara che quanto sopra corrisponde a verità e si impegna a comunicare tempestivamente ogni eventuale cambiamento di opinione in merito.

Data \_\_\_\_/\_\_\_\_/\_\_\_\_

Firma del paziente

Lo Specialista che ha raccolto il consenso (nome e cognome) \_\_\_\_\_

Tel. \_\_\_\_\_ E-Mail \_\_\_\_\_

Firma e timbro dello Specialista: \_\_\_\_\_

**REVOCA DEL CONSENSO**

Io sottoscritto ..... preso atto che in base all'art. 17 del Reg. UE 679/2016 ho diritto alla cancellazione dei dati personali e particolari che comunicato e per i quali ho prestato il consenso al trattamento e che questa cancellazione deve avvenire senza ingiustificato ritardo qualora: a) i dati personali non siano più necessari rispetto alle finalità per le quali sono stati raccolti o altrimenti trattati; b) non sussista altro fondamento giuridico per il trattamento; c) mi opponga al trattamento ai sensi dell'art. 21, par. 1 del sopra detto Regolamento e non sussista alcun motivo legittimo prevalente per procedere al trattamento, oppure mi opponga al trattamento dei dati ai sensi dell'art. 21 par. 2 del medesimo Regolamento (trattamento dei dati per finalità di marketing diretto); d) i dati personali siano stati trattati illecitamente; e) i dati personali debbano essere cancellati per adempiere ad un obbligo legale previsto dal diritto dell'Unione o dallo Stato membro cui è soggetto il titolare del trattamento;

**TUTTO CIÒ PREMESSO**

Io sottoscritto/a \_\_\_\_\_ In data \_\_\_\_\_

In qualità di genitore / tutore del minore sopra indicato, dichiaro di **REVOCARE il consenso** precedentemente fornito e di essere pertanto a conoscenza delle possibili conseguenze derivanti dalla mia revoca.

Firma dell'interessato \_\_\_\_\_ Timbro e Firma dello Specialista \_\_\_\_\_