检测报告

**方案编号：BN104-101 项目编号：XW5101**

 **送检信息**

|  |  |
| --- | --- |
| **受试者信息** | |
| **中心名称: {{sample.site\_name}}** | |
| **受试者筛选号:** {{sample.subject\_ID}} | **疾病类型:** **{{sample.primary\_disease}}** |
| **性 别:** **{%if sample.gender==”男”%}☑男Male □女Female{%elif sample.gender==”女”%}□男Male ☑女Female {%else%}□男Male □女Female {%endif%}** | **出生年份:** {{sample.birthday}} |
| **样本信息** | |
| **样本编码: {{sample.specimen\_parent\_id}}** | **访视周期：** **{{sample.visit\_name}}** |
| **样本类型: 骨髓液** | **采集日期: {{sample.blood\_collection\_date}}** |
| **接收日期: {{sample.blood\_date\_received}}** | **报告日期: {{sample.report\_date}}** |

**** **检测结果**

* **基因RNA表达检测结果**

|  |  |
| --- | --- |
| **基因** | **表达值** |
| {%tr if rna\_exp and rna\_exp.column\_4%} | |
| {%tr for a in rna\_exp.column\_4%} | |
| *{{a.gene1}}* | {{a.tpm1}} |
| *{{a.gene2}}* | {{a.tpm2}} |
| *{{a.gene3}}* | {{a.tpm3}} |
| {%tr endfor%} | |
| {%tr else%} | |
| 无rna\_exp输出，请联系报告系统开发人员 | |
| {%tr endif%} | |

**检测人： 复核人： 审批人：**

注：本报告仅针对本次送检标本，该检测为肿瘤患者个体化治疗提供参考，治疗方案由医生决策。

**检测内容**

* **检测方法**

“人类转录组检测试剂（可逆末端终止测序法）”（厦门艾德生物医药科技股份有限公司）基于二代测序（NGS）的检测方法，对RNA样本进行文库构建和杂交捕获，测序平台为Illumina Novaseq 6000，采用ADXREMAP模块进行数据分析，检测基因表达。本项目报告*HOXA9、MEIS1*和*CD11b*基因表达结果。

|  |  |
| --- | --- |
| **试剂盒名称** | **货号** |
| 人类转录组检测试剂（可逆末端终止测序法） | 8.06.0111 |

* **检测范围**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **基因列表** | | |
| *HOXA9* | *MEIS1* | *CD11b* |

**检测局限性**

1.本检测仅在RNA水平进行检测，检测基因表达；不包含其他水平(如DNA水平)的变异或其他类型的突变。

2.产品的检测性能与样本质量密切相关，样本质控等级以及某些变异特征会降低检测敏感度

 **数据质控结果**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **质控内容** | | **质控标准** | | **质控结果** | **合格/风险** |
| **合格** | **风险** |
| 提取质控 | RNA总量(ng) | ≥200 | 100~200 | {{lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_qty|replace(“.00”, “”)}} | {%p if lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_qty\_num >= 200%}  合格  {%p elif lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_qty\_num >= 100%}  风险  {%p else%}  不合格  {%p endif%} |
| RNA浓度(ng/μL) | ≥40 | / | {{lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_concn|replace(“.00”, “”)}} | {%p if lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_concn\_num >= 40%}  合格  {%p else%}  不合格  {%p endif%} |
| DV200 | ≥30% | 5%~30% | {{lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.dv200|replace(“.00”, “”)}} | {%p if lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.dv200\_num >= 30%}  合格  {%p elif lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.dv200\_num >= 5%}  风险  {%p else%}  不合格  {%p endif%} |
| 文库质控 | 预文库总量(ng) | ≥500 | / | {{lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_pre\_library\_qty|replace(“.00”, “”)}} | {%p if lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_pre\_library\_qty\_num >= 500%}  合格  {%p else%}  不合格  {%p endif%} |
| 捕获文库总量(ng) | ≥75 | / | {{lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_fnl\_library\_qty|replace(“.00”, “”)}} | {%p if lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_fnl\_library\_qty\_num >= 75%}  合格  {%p else%}  不合格  {%p endif%} |
| 数据质控 | Q30 | ≥75% | / | {{qc.rna\_data\_qc.cleandata\_q30|replace(“.00”, “”)}} | {%p if qc.rna\_data\_qc.cleandata\_q30\_num >= 0.75%}  合格  {%p else%}  不合格  {%p endif%} |
| Clean data数据量(G) | ≥7.5 | 5~7.5 | {{qc.rna\_data\_qc.cleandata\_size}} | {%p if qc.rna\_data\_qc.cleandata\_size\_num >= 7.5%}  合格  {%p elif qc.rna\_data\_qc.cleandata\_size\_num >= 5%}  风险  {%p else%}  不合格  {%p endif%} |
| rRNA比例 | ≤15% | / | {{qc.rna\_data\_qc.rrna\_ratio}} | {%p if qc.rna\_data\_qc.rrna\_ratio\_num <= 0.15%}  合格  {%p else%}  不合格  {%p endif%} |

{%p if lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_qty\_num < 200 or lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.dv200\_num <= 30 or qc.rna\_data\_qc.cleandata\_size\_num <= 7.5%}

本检测报告结果为：□通过☑合格

{%p else%}

本检测报告结果为：☑通过□合格

{%p endif%}

注：

通过：提取质控、文库质控及数据质控均合格。

合格：提取质控风险或数据质控风险，文库质控合格。

**名词解释**

DV200：RNA片段大小分布，即计算大于 200bp的 RNA 片段占总体RNA片段的百分比。

Q30: 测序的准确率高于99.9%的碱基的比例。

rRNA比例：测序数据中属于核糖体RNA（rRNA）的比例。