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□女{%elif sample.gender==”女”%}□男 ☑女 {%else%}□男 □女 {%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: {{sample.specimen\_type}}** | **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 (TPM)** | **基因** | **表达值 (TPM)** |
| {%tr if rna\_exp and rna\_exp.xw5101%} | | | |
| {%tr for a in rna\_exp.xw5101%} | | | |
| *{{a.gene1}}* | {{a.tpm1}} | *{{a.gene2}}* | {{a.tpm2}} |
| {%tr endfor%} | | | |
| {%tr else%} | | | |
| 无rna\_exp输出，请联系报告系统开发人员 | | | |
| {%tr endif%} | | | |

**编制人： 复核人：**

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。

|  |  |
| --- | --- |
| **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** | | | | |
| *BCL2* | *BCL2L1 (BCL-xL)* | *CD14* | *CD34* | *CD38* |
| *CDK2* | *CDK4* | *CDK6* | *CDK7* | *CDK9* |
| *FLT3* | *HLA-A* | *HLA-B* | *HLA-C* | *HOXA9* |
| *ITGAM (CD11b)* | *MCL1* | *MEIS1* | *MEN1* | *MNDA* |
| *MYC* | *PBX3* | *PRMT5* | *PTPRC (CD45)* | *TP53* |

* **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** |
| 提取质控 | RNA总量(ng) | ≥200 | 100~200 | {{lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_qty|replace(“.00”, “”)}} |
| RNA浓度(ng/μL) | ≥40 | / | {{lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_concn|replace(“.00”, “”)}} |
| DV200 | ≥30% | 5%~30% | {{lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.dv200|replace(“.00”, “”)}} |
| 文库质控 | 预文库总量(ng) | ≥500 | / | {{lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_pre\_library\_qty|replace(“.00”, “”)}} |
| 捕获文库总量(ng) | ≥75 | / | {{lib\_quality\_control.rna\_lib\_qc.rna\_fnl\_library\_qty|replace(“.00”, “”)}} |
| 数据质控 | Q30 | ≥75% | / | {{qc.rna\_data\_qc.cleandata\_q30|replace(“.00%”, “%”)}} |
| Clean data数据量(G) | ≥7.5 | 5~7.5 | {{qc.rna\_data\_qc.cleandata\_size}} |
| rRNA比例 | ≤15% | / | {{qc.rna\_data\_qc.rrna\_ratio|replace(“.00%”, “%”)}} |

* **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。