



|  |
| --- |
| **高通量测序（NGS）检测报告** |

精｜于｜医｜术 诚｜于｜医｜德

**CONTENT 报告目录**

|  |  |
| --- | --- |
| **检测总览** | **1. 基本信息**  **2. 检测内容**  **3. 结果小结** |
|
|  |  |
| **检测结果**  **详细解读** | **4. 变异结果及解读**  **5. 甲状腺癌NCCN指南推荐的基因检测结果汇总** |
|
| **附录** | **附录一：数据主要质控**  **附录二：基因列表及突变类型**  **附录三：检测局限性** |



**检 测 报 告**

**1、基本信息**

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **姓名** | {{sample.patient\_name}} | **性别** | {{sample.gender}} | **年龄** | {%if sample.age%}{{sample.age}}{%else%}-{%endif%} | **原病理号** | {{sample.pathological\_id}} |
| **送检医院** | 本院 | **送检科室** | - | | | **住院号** | - |
| **标本类型** | {{sample.sample\_type}} | **标本名称** | - | | | **申请日期** | - |
| **临床诊断** | - | | | | | **报告日期** | {{sample.report\_date\_special\_2}} |
| **病理诊断** | {{sample.pathol\_diagn}} | | | | | | |
| **检测平台** | Illumina 高通量测序平台 | | | | | | |

注：患者详细信息请见前页简版报告。

**2、检测内容**

甲状腺30基因检测采用探针杂交捕获的高通量测序法检测30个甲状腺癌相关基因的重要外显子区域和/或内含子区域，检测突变类型包括点突变、插入/缺失变异、拷贝数变异、融合（重排），具体基因列表及常见热点信息详见附录。（EGFR/KRAS/BRAF/MET/ALK//RET/NRAS/PIK3CA基因突变检测在相关产品获得NMPA批准，其他基因检测结果仅供参考）

**3、结果小结**

|  |  |
| --- | --- |
| 检测类型 | 检测结果 |
| 基因变异 | {%p if var.var\_somatic.level\_I+var.var\_somatic.level\_II+var.var\_somatic.level\_III+var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug%}  共{{(var.var\_somatic.level\_I+var.var\_somatic.level\_II+var.var\_somatic.level\_III+var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug)|count}}个基因变异，其中具有明确或潜在临床意义的变异有{{(var.var\_somatic.level\_I + var.var\_somatic.level\_II+var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug)|count}}个  {%p else%}  未检测到基因变异  {%p endif%} |
| 具有临床意义的变异 | {%p if var.var\_somatic.level\_I+ var.var\_somatic.level\_II+var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug%}  {%p for a in var.var\_somatic.level\_I+ var.var\_somatic.level\_II+var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug%}  {%p if a.bio\_category==”Sv”%}  {%p if a.five\_prime\_gene!=a.three\_prime\_gene%}  *{{a.five\_prime\_gene}}*-*{{a.three\_prime\_gene}}*  {%p else%}  *{{a.five\_prime\_gene}}*  {%p endif%}  {%p elif a.bio\_category==”Cnv”%}  *{{a.gene\_symbol}}*扩增  {%p elif a.bio\_category==”Snvindel”%}  *{{a.gene\_symbol}}* {%if a.hgvs\_p!=”p.?”%}{{a.hgvs\_p\_ZJZL}}{%endif%}  {%p endif%}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} |
| 样品总体质量评估 | 合格 |

1. **变异结果及解读**

**具有明确或潜在临床意义的变异（I类或Ⅱ类变异）**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **基因** | **变异结果** | **变异丰度/拷贝数** | **变异分类** |
| **{%tr if var.var\_somatic.level\_I+ var.var\_somatic.level\_II%}** | | | |
| **{%tr for a in var.var\_somatic.level\_I+ var.var\_somatic.level\_II%}** | | | |
| **{%p if “,” in a.gene\_symbol and (a.bio\_category==”Sv”)%}**  **{%p if a.five\_prime\_gene != a.three\_prime\_gene %}**  ***{{a.five\_prime\_gene}}***  ***{{a.three\_prime\_gene}}***  **{%p else%}**  ***{{a.five\_prime\_gene}}***  **{%p endif%}**  **{%p else%}**  ***{{a.gene\_symbol}}***  **{%p endif%}** | {%p if a.bio\_category==”Snvindel”%}  {%p if a.hgvs\_p!=”p.?”%}  {{a.hgvs\_p\_ZJZL}}  {{a.hgvs\_c}}  {{a.gene\_region}}  {%p else%}  {{a.hgvs\_c}}  {{a.gene\_region}}  {%p endif%}  {%p elif a.bio\_category==”Cnv”%}  扩增  {%p elif a.bio\_category==”Sv”%}  {{a.five\_prime\_gene}}:{{a.five\_prime\_cds}}-{{a.three\_prime\_gene}}:{{a.three\_prime\_cds}}  {%p endif%} | {%p if a.bio\_category==”Snvindel”%}  {{a.freq\_str}}  {%p elif a.bio\_category==”Cnv”%}  {{a.cn\_mean}}  {%p elif a.bio\_category==”Sv”%}  {{a.freq\_str}}  {%p endif%} | {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类  {%p else%}  II类  {%p endif%} |
| **变异解读** | {{a.variant\_desc\_cn|e}}{{a.variant\_interpret\_cn|e}} | | |
| **研究证据** | {%p if a.evi\_sum.evi\_split and a.evi\_sum.evi\_split.Predictive\_merge%}  {%p for b in a.evi\_sum.evi\_split.Predictive\_merge%}  **{{b.regimen\_name}}**  {{b.evi\_interpretation|e}}  {%p endfor%}  {%p else%}  目前关于该变异的临床治疗实践尚不明确。  {%p endif%} | | |
| {%tr endfor%} | | | |
| {%tr else%} | | | |
| 此样本未检测出具有明确或潜在临床意义的变异（I类或Ⅱ类变异） | | | |
| {%tr endif%} | | | |

**临床意义不明的变异（Ⅲ类变异）**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **基因** | **变异结果** | | **变异丰度/拷贝数** | | **变异分类** |
| **{%tr if var.var\_somatic.level\_III+var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug%}** | | | | | |
| **{%tr for a in var.var\_somatic.level\_III+var.var\_somatic.level\_onco\_nodrug%}** | | | | | |
| **{%p if “,” in a.gene\_symbol and (a.bio\_category==”Sv”)%}**  **{%p if a.five\_prime\_gene != a.three\_prime\_gene %}**  ***{{a.five\_prime\_gene}}***  ***{{a.three\_prime\_gene}}***  **{%p else%}**  ***{{a.five\_prime\_gene}}***  **{%p endif%}**  **{%p else%}**  ***{{a.gene\_symbol}}***  **{%p endif%}** | {%p if a.bio\_category==”Snvindel”%}  {%p if a.hgvs\_p!=”p.?”%}  {{a.hgvs\_p\_ZJZL}}  {{a.hgvs\_c}}  {{a.gene\_region}}  {%p else%}  {{a.hgvs\_c}}  {{a.gene\_region}}  {%p endif%}  {%p elif a.bio\_category==”Cnv”%}  扩增  {%p elif a.bio\_category==”Sv”%}  {{a.five\_prime\_gene}}:{{a.five\_prime\_cds}}-{{a.three\_prime\_gene}}:{{a.three\_prime\_cds}}  {%p endif%} | {%p if a.bio\_category==”Snvindel”%}  {{a.freq\_str}}  {%p elif a.bio\_category==”Cnv”%}  {{a.cn\_mean}}  {%p elif a.bio\_category==”Sv”%}  {{a.freq\_str}}  {%p endif%} | | III类 | |
| {%tr endfor%} | | | | | |
| {%tr else%} | | | | | |
| 此样本未检测出临床意义不明的变异（III类） | | | | | |
| {%tr endif%} | | | | | |

注：1. 基因变异所对应的靶向药物敏感性参考NCCN指南、OncoKB [PMID: 28890946]等公共数据库内容。该数据仅供临床医生参考。随着数据库不断完善以及临床数据的更新，变异分级可能发生变化。

1. 变异与药物敏感性的证据级别根据AMP/ASCO/CAP相关指南[PMID: 27993330]共分为ABCD四个等级：A级（FDA批准，或来自于专业临床指南），B级（较大规模的临床研究证实，且取得临床专家共识），C级（在其他癌种中的A级证据、或者已作为临床试验的筛选入组标准、或者有多个小型研究支持），D级（临床前研究、或者是病例报道支持）。变异按照临床意义的重要性分为四个等级：I类变异（具有A级或B级证据），Ⅱ类变异（具有C级或D级证据），Ⅲ类变异（尚无相关临床证据），IV类变异（已知无临床意义变异，报告未列出）。
2. 在报告出具时根据可及的参考资料信息，Ⅲ类变异的临床意义尚不明确，不排除随着研究的进展，这些变异的临床意义发生变化。
3. 本检测仅包括肿瘤组织样本，未包括对照样本。以上基因变异列表是利用大型公共人群数据库及基于变异丰度的算法预测过滤常见胚系变异之后的变异。
4. **甲状腺癌NCCN指南推荐的基因检测结果汇总**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **基因** | **变异类型** | **变异结果** | **丰度/拷贝数** | **临床意义** |
| ***BRAF*** | Fusion,SNV,Indel | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.BRAF%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.BRAF%}  {{a.var\_info}}{{a.var\_info\_sv}}  {%p endfor%}  {%p else%}  未检出  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.BRAF%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.BRAF%}  {{a.freq}}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.BRAF%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.BRAF%}  {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类  {%p else%}  III类  {%p endif%}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} |
| ***TERT*** | SNV,Indel | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.TERT%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.TERT%}  {{a.var\_info}}{{a.var\_info\_sv}}  {%p endfor%}  {%p else%}  未检出  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.TERT%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.TERT%}  {{a.freq}}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.TERT%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.TERT%}  {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类  {%p else%}  III类  {%p endif%}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} |
| ***KRAS*** | SNV,Indel | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.KRAS%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.KRAS%}  {{a.var\_info}}{{a.var\_info\_sv}}  {%p endfor%}  {%p else%}  未检出  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.KRAS%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.KRAS%}  {{a.freq}}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.KRAS%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.KRAS%}  {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类  {%p else%}  III类  {%p endif%}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} |
| ***NRAS*** | SNV,Indel | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NRAS%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NRAS%}  {{a.var\_info}}{{a.var\_info\_sv}}  {%p endfor%}  {%p else%}  未检出  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NRAS%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NRAS%}  {{a.freq}}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NRAS%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NRAS%}  {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类  {%p else%}  III类  {%p endif%}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} |
| ***HRAS*** | SNV,Indel | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.HRAS%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.HRAS%}  {{a.var\_info}}{{a.var\_info\_sv}}  {%p endfor%}  {%p else%}  未检出  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.HRAS%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.HRAS%}  {{a.freq}}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.HRAS%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.HRAS%}  {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类  {%p else%}  III类  {%p endif%}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} |
| ***RET*** | Fusion,SNV,Indel | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.RET%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.RET%}  {{a.var\_info}}{{a.var\_info\_sv}}  {%p endfor%}  {%p else%}  未检出  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.RET%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.RET%}  {{a.freq}}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.RET%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.RET%}  {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类  {%p else%}  III类  {%p endif%}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} |
| ***PAX8*** | Fusion,SNV,Indel | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.PAX8%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.PAX8%}  {{a.var\_info}}{{a.var\_info\_sv}}  {%p endfor%}  {%p else%}  未检出  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.PAX8%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.PAX8%}  {{a.freq}}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.PAX8%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.PAX8%}  {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类  {%p else%}  III类  {%p endif%}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} |
| ***NTRK1*** | Fusion,SNV,Indel | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK1%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK1%}  {{a.var\_info}}{{a.var\_info\_sv}}  {%p endfor%}  {%p else%}  未检出  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK1%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK1%}  {{a.freq}}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK1%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK1%}  {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类  {%p else%}  III类  {%p endif%}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} |
| ***NTRK2*** | Fusion,SNV,Indel | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK2%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK2%}  {{a.var\_info}}{{a.var\_info\_sv}}  {%p endfor%}  {%p else%}  未检出  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK2%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK2%}  {{a.freq}}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK2%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK2%}  {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类  {%p else%}  III类  {%p endif%}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} |
| ***NTRK3*** | Fusion,SNV,Indel,CNV | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK3%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK3%}  {{a.var\_info}}{{a.var\_info\_sv}}  {%p endfor%}  {%p else%}  未检出  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK3%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK3%}  {{a.freq}}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} | {%p if var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK3%}  {%p for a in var.cdx.format7\_forTC30FJSL.NTRK3%}  {%p if a.clinic\_num\_s==5%}  I类  {%p elif a.clinic\_num\_s==4%}  II类  {%p else%}  III类  {%p endif%}  {%p endfor%}  {%p else%}  -  {%p endif%} |

**注：**1. 上表仅列出了NCCN指南甲状腺癌推荐检测的基因的变异。以上基因变异的解读以及其他基因的结果详见「4. 变异结果及解读」部分。

**附录一：数据主要质控**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|  | **质控参数** | **数值** | **质控标准** |
| **样本质量评估** | 恶性肿瘤细胞占比(%) | {%if sample.tumor\_content%}{{sample.tumor\_content}}{%else%}-{%endif%} | ≥20％ |
| **测序质量评估** | 平均有效深度 | {{qc.dna\_data\_qc.depth\_mean\_uniq}} | / |
| 测序深度≥180X热点区域比例 | {{qc.qc\_gradient.coverage\_ratio\_uniq\_hot\_180}} | ≥95% |
| 插入片段大小 | {{qc.dna\_data\_qc.inssize\_ontarget}} | 150-300bp |
| 覆盖度 | {{qc.dna\_data\_qc.cover\_ratio}} | ≥95% |
| 均一性 | {{qc.dna\_data\_qc.uni20\_uniq}} | / |
| 比对率 | {{qc.dna\_data\_qc.mapping\_ratio }} | / |
| Q30 | {{qc.dna\_data\_qc.cleandata\_q30}} | ≥75% |
| **CNV质控** | 基因内部CV分布 | {{qc.dna\_data\_qc.cnv\_cv}} | ＜0.4 |
| 样本与PON一致性 | {{qc.dna\_data\_qc.cnv\_uni}} | ＜1.5 |
| **总体质量评估** | **合格** | | |

1. 肿瘤细胞含量低于20％可能影响CNV检测的准确性

2. 平均有效深度: 通过分子标签校正后的平均测序深度

3. 测序深度≥180X热点区域比例：覆盖深度大于等于180X的热点区域的占比；

4. 插入片段大小：DNA文库插入片段长度的平均数，体现了原始DNA片段的长度分布；

5. 覆盖度：检测到的区域占目标区域的比例；

6. 均一性：测序深度超过20％的平均深度的位点的比例；

7. 比对率：可以比对至参考序列上的reads的比例；

8. Q30：测序的准确率高于99.9%的碱基的比例；

9. 基因内部CV分布：基因内部归一化深度的分布均一性；

10. 样本与PON一致性：样本与Pool of Normal归一化深度的一致性;

11. 样本的CNV质控结果不影响该样本的单核苷酸变异、插入/缺失变异和融合变异的检出；

12. 总体质量评估：依据恶性肿瘤细胞占比、Q30、覆盖度、测序深度≥180X热点区域比例综合评估总体质控结果，质控结果分为合格、风险。如质控结果为风险，可能会影响检测的灵敏度和特异性。

**附录二：基因列表及突变类型**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 检测SNV与Indel突变的基因 | | | | | |
| *AKT1* NM\_001014431.2 | ***ALK*** NM\_004304.5 | ***BRAF*** NM\_004333.6 | ***CTNNB1*** NM\_001904.4 | ***EGFR*** NM\_005228.5 | ***EIF1AX*** NM\_001412.4 |
| *FGFR1* NM\_023110.3 | ***FGFR2*** NM\_000141.4 | ***FGFR3*** NM\_000142.4 | ***FGFR4*** NM\_213647.3 | ***GNAS*** NM\_000516.6 | ***HRAS*** NM\_001130442.2 |
| *KDR* NM\_002253.3 | ***KIT*** NM\_000222.2 | ***KRAS*** NM\_033360.4 | ***MET*** NM\_000245.4 | ***NRAS*** NM\_002524.5 | ***NTRK1*** NM\_002529.3 |
| *NTRK2* NM\_006180.4 | ***NTRK3*** NM\_002530.4 | ***PAX8*** NM\_003466.4 | ***PDGFRA*** NM\_006206.6 | ***PIK3CA*** NM\_006218.4 | ***PTEN*** NM\_000314.8 |
| *RASAL1* NM\_004658.2 | ***RET*** NM\_020975.6 | ***TERT*** NM\_198253.3 | ***TP53*** NM\_000546.5 | ***TSC2*** NM\_000548.5 | ***TSHR*** NM\_000369.3 |
| 同时检测CNV的基因 | | | | | |
| *EGFR* NM\_005228.5 | ***FGFR1*** NM\_023110.3 | ***FGFR2*** NM\_000141.4 | ***FGFR3*** NM\_000142.4 | ***MET*** NM\_000245.4 | ***NTRK3*** NM\_002530.4 |
| *PDGFRA* NM\_006206.6 | ***PIK3CA*** NM\_006218.4 | ***RET*** NM\_020975.6 |  |  |  |
| 同时检测Fusion的基因 | | | | | |
| *ALK* NM\_004304.5 | ***BRAF*** NM\_004333.6 | ***FGFR1*** NM\_023110.3 | ***FGFR2*** NM\_000141.4 | ***FGFR3*** NM\_000142.4 | ***NTRK1*** NM\_002529.3 |
| *NTRK2* NM\_006180.4 | ***NTRK3*** NM\_002530.4 | ***PAX8*** NM\_003466.4 | ***RET*** NM\_020975.6 |  |  |

**附录三：检测局限性**

1. 本检测仅为临床诊断和治疗提供辅助参考，具体诊疗方案应由临床医生结合受检者的全面临床信息进行综合判定。

2. 本检测中的变异分析及解读遵循相关指南和规范，基于已发表的文献和公开的数据库，随着科学研究的发展和数据库的更新，变异解读可能发生变更。

3. 本报告结果仅对本次送检样本负责。在肿瘤发展或治疗过程中可能出现获得性基因变异，从而使癌症的突变谱发生变化，同时肿瘤也可能存在肿瘤间和肿瘤内的异质性。

4. 本检测不能用于确认或排除恶性肿瘤的存在。肿瘤是一种复杂的系统性疾病，评定是否为恶性肿瘤需要由临床医生综合多种检查结果进行判定。

5. 本报告中的基因变异和药物排序均不分先后，并且不对任何受检者承诺或保证会在某一药物治疗中有效或无效。

6. 本检测试剂的检测范围及突变类型详见本报告附录2，样品的基因组中其他范围中可能存在的各种突变，本项目无法检测。

7. 本检测不能排除由于染色体多倍体导致的CNV。CNV的检测敏感性受到组织样本中肿瘤细胞占比的影响，当组织中肿瘤细胞占比<20%时，CNV的检测敏感性受限。

8. 本检测仅包括肿瘤组织样本，未包括对照样本。变异是否为体细胞突变来源是基于综合了数据库和变异丰度的算法预测，不能完全排除罕见胚系突变来源的可能性。