同源重组缺陷分析（SigMA算法）

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 同源重组缺陷分析结果 | | | |
| SNVs count | Sig3\_modest | Sig3\_stringent | 分析结论 |
| {{ sigma.count }} | {{ sigma.modest }} | {{ sigma.stringent }} | {{ sigma.conclusion }} |

|  |
| --- |
| {{ pict.sigma }} |

本样本的SNVs分布特征图

SigMA Signature Multivariate Analysis多变量突变签名分析，是一种新的计算工具，可用于准确检测靶基因组中与同源重组（homologous recombination，HR）缺陷相关的突变特征。研究表明，采用该算法鉴定为HR缺陷的细胞系显示出对多聚二磷酸腺苷核糖聚合酶抑制剂（poly ADP-ribose polymerase inhibitor, PARPi）的显著反应，且采用该算法鉴定为HR缺陷的卵巢癌患者表现出明显更长的铂存活率。该分析结果目前仅限于科研用途。

SNVs count指符合计算条件，可用于SigMa算法分析的SNV总数。Sig3\_modest指当假阳性率设定为10%时，Sig3签名分析的结果；Sig3\_stringent是指当假阳性率设定为1%时，Sig3签名分析的结果。

该算法原理参考最新研究进展，使用TOPGEN内部实测数据和公开数据库数据，通过自主研发完成算法开发并设置取值范围。

更多信息请见后文“检测结果详解-同源重组缺陷分析（SigMA算法）”