**基因检测报告**

**基本信息**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 姓名: | {{ p.name }} | 性别: | {{ p.gender }} | 年龄: | {{ p.age }} |
| 病理号: | {{ p.pathological\_code}} | 送检科室: | {{ ap.room }} | 住院号: | {{ p.hosptial\_code}} |
| 病理诊断： | {{ ap.pathological }} | 样本类型: | {{ s.sample\_type }} | 肿瘤细胞比例: | {{ cell\_content }} |
| 检测项目: | 肿瘤{{ c.item }}基因 | 检测方法： | 高通量测序 | 申请日期: | {{ gettime}} |

**项目简介：**{{ zsy.item }}

**检测方法：**{{ zsy.methods }}

**方法局限性**：本方法只适合对肿瘤患者组织样品DNA的点突变，拷贝数变异和RNA 融合转录本进行检测，并不检测基因结构变异（如大片段的插入缺失，倒置，易位等）。

**检测结果：**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **编号** | **基因** | **突变 类型** | **临床常用 突变名称** | **变异全称** | **突变 丰度** | **临床意义级别** |
| {%tr if mutation %} | | | | | | |
| {%tr for row in mutation %} | | | | | | |
| {{ loop.index }} | {{row.gene}} | {{row.type\_z}} | {{row.mu\_name\_usual}} | {{ row.mu\_name\_z}} | {{row.mu\_af\_z}} | {{row.grade\_z}} |
| {%tr endfor %} | | | | | | |
| {%tr else %} | | | | | | |
| 未检测到 | | | | | | |
| {%tr endif %} | | | | | | |

注：基因变异与药物敏感性的证据级别根据ASCO和CAP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）。

**结果说明：**

{%p if mutation %}

{%p for row in mutation %}

{{ row.zsy\_okr }}

{%p endfor %}

{%p else %}

未检测到。

{%p endif %}

**建议：**无。

**参考文献**：

备注：  
1.本报告仅对本次样本检测负责，报告中结论不代表最终诊断结果，报告中的靶向用药信息仅供参考。  
2.变异全称的命名参考HGVS建议规则，拷贝数变异（包括基因扩增和基因缺失）命名参考ISCN规则，人类参考基因组版本为HG19。  
3.关于突变丰度，错义突变、无义突变和插入缺失的突变丰度是指突变的等位基因频率(VAF，即该位点突变序列的比例)；基因扩增和基因缺失的突变丰度是指“样本检测到的基因拷贝数”/“人类参考基因拷贝数”；基因融合和剪接体变异的突变丰度是指支持该基因融合转录本或变异剪接体的序列数。

检测者： 数据分析者： 报告审核者： 报告日期：