

慧智癌篩檢

SOFIVA Cancer Scan

檢測報告

機本



SOFIVA
GENOMICS

慧智基因

報告總結 Report Summary

檢測結果

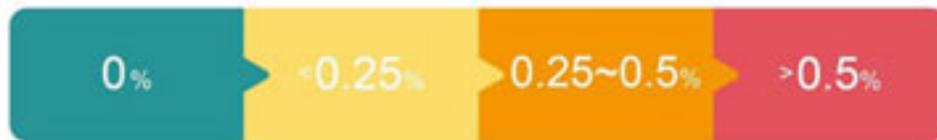
| 突變型式 Variant Type | 基因 Gene | 點位 Variant site | 突變比例 Mutation Rate |
|---------------------------------------|------------|--------------------|-----------------------|
| 單一核苷酸變異 Single Nucleotide Variants | | 未檢出異常 ● | |
| 插入/缺失 Insertions/Deletions | | 未檢出異常 ● | |
| 拷貝數變異 Copy Number Variants | | 未檢出異常 ● | |
| 基因融合 Gene Fusions | | 未檢出異常 ● | |

結果說明

經由檢驗結果顯示：

未發現基因列表之基因突變點位。

突變比例意義

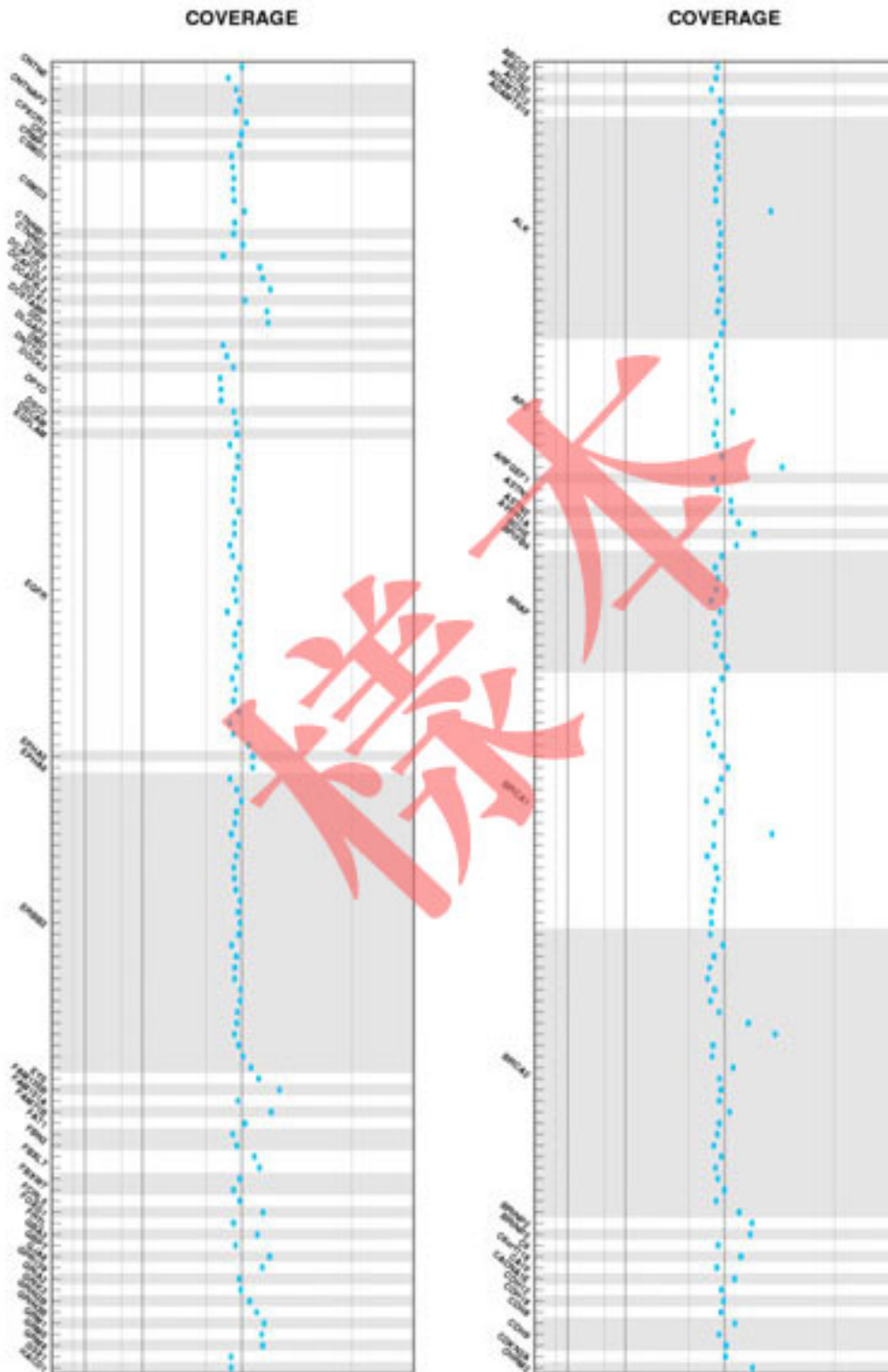


- 未偵測到腫瘤游離 DNA：可繼續保持良好生活習慣，並依照個人健檢排程定期檢查。
- 偵測到<0.25%腫瘤游離 DNA：疑似生活習慣不佳或腫瘤早期，建議至醫院進行身體健康檢查或 6 個月內進行監控。
- 偵測到 0.25~0.5%腫瘤游離 DNA：建議至醫院進行進一步臨床檢查或 3 個月內進行監控。
- 偵測到 > 0.5%腫瘤游離 DNA：強烈建議進一步臨床檢查評估確認，建議 1 個月內進行監控。

基因相關癌症比例分析圖



基因覆蓋率及突變比例總覽 Chart of Coverage and Mutation Rate

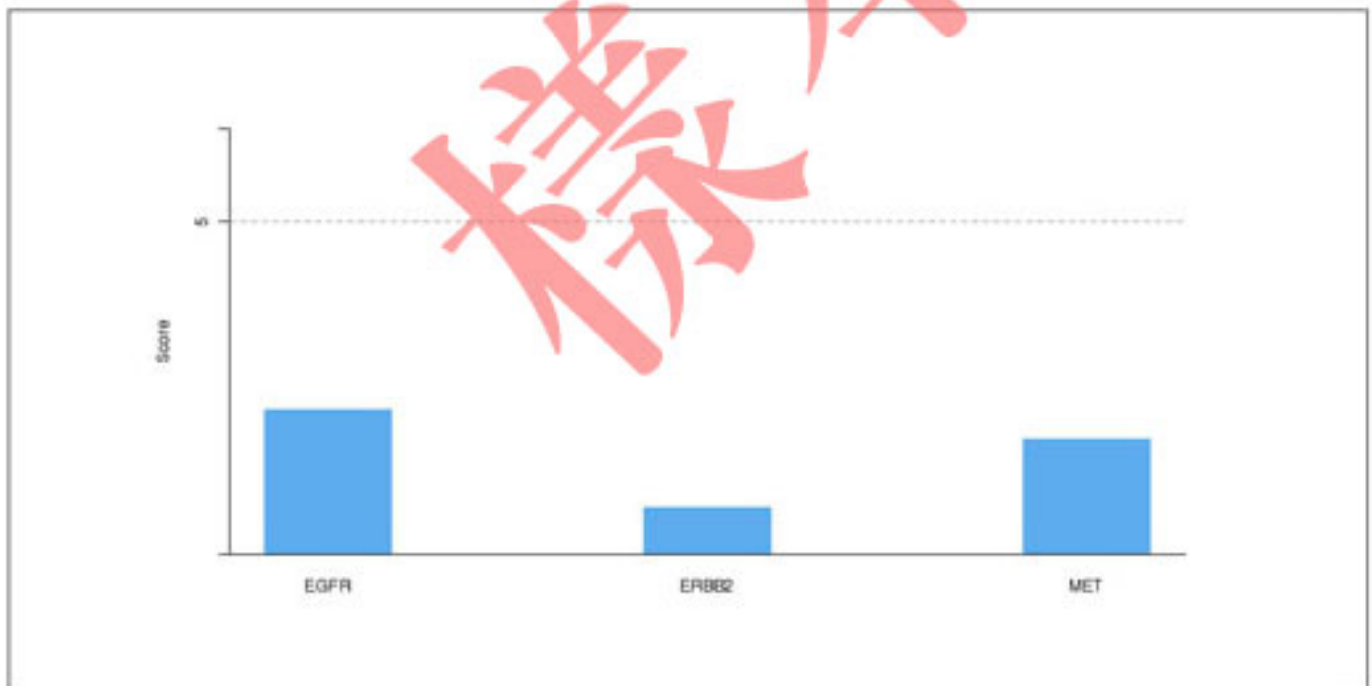


拷貝數變異之基因檢測結果 Results for Detection of Copy Number Variants

基因列表 Gene List

| EGFR | ERBB2 | MET |
|------|-------|-----|
| WT | WT | WT |

拷貝數變異分析總覽 Chart of CNV for the gene



基因融合之基因檢測結果 Results for Detection of Fusions

基因列表 Gene List

| | | |
|-----|-----|------|
| ALK | RET | ROS1 |
| WT | WT | WT |

基因融合分析總覽 Chart of Fusion for the gene

| Gene | Result | Results |
|------|--------------------------|-----------|
| ALK | <p>ALK</p> | Wild Type |
| | 正常基因讀深 Normal read depth | 6,823 |
| RET | <p>RET</p> | Wild Type |
| | 正常基因讀深 Normal read depth | 7,157 |
| ROS1 | <p>ROS1</p> | Wild Type |
| | 正常基因讀深 Normal read depth | 4,912 |

實驗品質及檢測方法

Quality of Experiment and Testing Method

檢體暨實驗品質分析結果

| 樣品質量 Quality of Specimen | |
|-------------------------------|---------------------------------------------------------------|
| Concentration of cfDNA | 3.76 ng/ml |
| Fragment Length | 178 bp |
| 實驗品質 Quality of Experiment | |
| Sequencing Depth | 16588.0 (9463.0 - 27182.0) Median (5th - 95th percentiles) |
| Unique Depth | 4236.0 (2621.0 - 5416.0) Median (5th - 95th percentiles) |
| Percent Bases at or above Q30 | 88.96% |
| Error Rate | 8.98×10^{-6} |
| Sensitivity at 0.5% | 100.00% |

方法

本項檢測利用液態切片，並利用下列技術進行個人化精準癌症型態分析

- (1) 萃取體液檢體中之循環腫瘤去氧核糖核酸 (Circulating tumor DNA, ctDNA) 或組織檢體中之腫瘤去氧核糖核酸 (Tumor DNA)。
- (2) 新型次世代定序 CAPP-Seq (Cancer Personalized Profiling by Deep Sequencing)。
- (3) 綜合數位誤差校正 (integrated digital error suppression, iDES) 進行特定基因組之序列分析。
- (4) 生物資訊(Bioinformatics) 分析不同型態變異包含單一核苷酸變異、小片段插入/缺失、基因劑量、基因融合。

說明

- (1) 慧智臨床基因醫學實驗室致力於尖端基因醫學檢測技術之研發與創新，並運用於臨床上參考，欲了解更多檢測相關資訊及查詢個人檢測結果，請登入慧智入口網站查詢：
www.sofiva.com.tw。
- (2) 本項檢測乃依據慧智臨床基因醫學實驗室 L3-BTE26 癌症基因檢測標準書進行操作，ALK、APC、BRCA1、BRCA2、BRAF、EGFR、ERBB2、IDH1、KIT、KRAS、MET、NRAS、PIK3CA、TP53 屬 ISO/IEC 17025 認證範圍。
- (3) 本檢測僅針對特定目標區域上基因序列之突變進行篩檢，並未完整檢視各檢測疾病相關基因之所有區域，因此無法偵測目標區域外之突變。
- (4) 本項檢驗亦無法檢測染色體數目異常、基因大片段缺失或重複、單親源二倍體、低比例鑲嵌型突變等。
- (5) 參考資料庫：COSMIC/TCGA/ExAC/dbSNP/ClinVar/1000 Genomes。
- (6) 參考文獻
甲、Nat Med. 2014;20:548-54.
乙、Sci Transl Med. 2015;7:302ra133.
丙、Nat Biotechnol. 2016;34:547-555.
丁、Sci Transl Med. 2016;8:364ra155.
戊、Cancer Discov. 2017;7:1394-1403.
己、J Clin Oncol. 35, no. 15_suppl (May 20 2017) 3591-3591.
- (7) 此項檢查屬於篩檢而非診斷性質，僅供相關專業人員作為參考，其臨床意義建議需由醫師說明。此份檢驗報告結果僅針對此次試驗檢體，不可自行分離與複製做為其他用途。

-End-

技術員
Technician

實驗室主管
Laboratory Director

審核醫師
Medical Director