

CATSフォーマット	v1.2.1
C-CAT調査結果	v2.15

本資料は、がんゲノム検査標準化フォーマットへの入力項目とC-CAT調査結果の出力項目の対応関係を示すものである。

※以下表の"No"列および"CATSフォーマット項目名"列の文字色(緑, 青, 赤)は、本資料に付属するサンプルレポート内に表示している番号および枠線の色と対応しており各色は以下を示す。

- ・**緑文字**の項目：C-CAT調査結果におけるバリエーションの記載位置に関わる項目
- ・**青文字**の項目：C-CAT調査結果において値の表示・非表示の制御に利用する項目
- ・**赤文字**の項目：入力値がC-CAT調査結果に表示される項目

以下項目の詳細な説明に関しては、「がんゲノム検査標準化フォーマット_解説資料.v1.2.0_20220216.pdf」を参照のこと。

がんゲノム検査標準化フォーマット項目

No	CATSフォーマット項目名	必須	配列の長さ	データ型	C-CAT調査結果表示有無	C-CAT調査結果表示有無 特記事項
1	metaData	○	-	オブジェクト	-	
2	schemaVersion	○	-	文字列	-	
3	referenceGenome	○	-	オブジェクト	-	
4	name		-	文字列	-	
5	grcRelease	○	-	文字列	-	
6	descriptions		0~N	配列(文字列)	-	
7	configOptions		-	オブジェクト	-	
8	typeLabelsInterpretedAskbAmplification		1~4	配列(文字列[選択式]、重複不可)	-	
9	typeLabelsInterpretedAskbLoss		1~5	配列(文字列[選択式]、重複不可)	-	
10	typeLabelsInterpretedAskbGeneFusion		1~4	配列(文字列[選択式]、重複不可)	-	
11	typeLabelsInterpretedAskbInversion		1~3	配列(文字列[選択式]、重複不可)	-	
12	typeLabelsInterpretedAskbDeletion		1~8	配列(文字列[選択式]、重複不可)	-	
13	typeLabelsInterpretedAskbDuplication		1~6	配列(文字列[選択式]、重複不可)	-	
14	typeLabelsInterpretedAskbTruncation		1~7	配列(文字列[選択式]、重複不可)	-	
15	typeLabelsInterpretedAskbExonSkipping		1~4	配列(文字列[選択式]、重複不可)	-	
16	typeLabelsInterpretedAskbRearrangement		1~17	配列(文字列[選択式]、重複不可)	-	
17	hideAlleleFrequency		-	ブール型	○	
18	hideCnaValue		-	ブール型	○	
19	hideMsiValue		-	ブール型	○	
20	hideTmbValue		-	ブール型	○	
21	hideLohValue		-	ブール型	○	
22	comments		0~N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
23	itemIds	○	0~N	配列(文字列、重複不可)	○	
24	contents	○	1~N	配列(文字列)	○	
25	testInfo	○	-	オブジェクト	-	
26	testId	○	-	文字列	-	
27	testType	○	-	文字列[選択式]	○	
28	targetRegionVersion		-	文字列	-	
29	testForReferenceOnly		-	ブール型	-	
30	softwareName		-	文字列	-	
31	softwareVersion		-	文字列	-	
32	panelName	○	-	文字列	○	
33	panelVersion	○	-	文字列	○	
34	variants		-	オブジェクト	-	
35	shortVariants		1~N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	

No	CATSフォーマット項目名	必須	配列の長さ	データ型	C-CAT調査結果表示有無	C-CAT調査結果表示有無 特記事項
36	itemId	○	-	文字列	-	
37	chromosome	○	-	文字列	-	
38	position	○	-	整数	-	
39	referenceAllele	○	-	文字列	-	
40	alternateAllele	○	-	文字列	-	
41	alternateAlleleFrequency	○	-	数値	○	
42	totalReadDepth		-	整数	○	
43	alternateAlleleReadDepth		-	整数	○	
44	variantType		-	文字列[選択式]	-	
45	transcripts	○	1~N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
46	transcriptId	○	-	文字列またはnull	-	
47	transcriptDatabaseName	○	-	文字列[選択式]またはnull	-	
48	transcriptDatabaseVersion		-	文字列またはnull	-	
49	geneSymbol	○	-	文字列またはnull	○	
50	strand		-	文字列[選択式]またはnull	-	
51	cdsChange	○	-	文字列またはnull	○※	aminoAcidsChangeがNullの場合：○
52	aminoAcidsChange	○	-	文字列またはnull	○	
53	calculatedEffects		0~N	配列(文字列、重複不可)	-	
54	sampleItemId	○	-	文字列	-	
55	variantOrigin		-	文字列[選択式]	○※	somatic/germlineとてバリエーションの表示箇所が異なる
56	matched		-	ブール型	-	
57	reported	○	-	ブール型	○	
58	copyNumberAlterations		1~N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
59	itemId	○	-	文字列	-	
60	chromosome		-	文字列	○	
61	startPosition		-	整数	○	
62	endPosition		-	整数	○	
63	copyNumberMetrics		0~N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
64	value	○	-	数値	○	
65	unit	○	-	文字列[選択式]	○	
66	copyNumberAlterationType	○	-	文字列[選択式]	○	
67	transcripts	○	1~N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
68	transcriptId		-	文字列	-	
69	transcriptDatabaseName		-	文字列[選択式]	-	
70	transcriptDatabaseVersion		-	文字列	-	
71	geneSymbol	○	-	文字列またはnull	○	
72	strand		-	文字列[選択式]	-	
73	cdsChange		-	文字列またはnull	-	
74	aminoAcidsChange		-	文字列またはnull	-	
75	calculatedEffects		0~N	配列(文字列、重複不可)	-	
76	sampleItemId	○	-	文字列	-	
77	variantOrigin		-	文字列[選択式]	-※	germlineを指定した場合、バリエーションに関する情報は表示されません。
78	matched		-	ブール型	-	
79	reported	○	-	ブール型	○	
80	rearrangements		1~N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	

No	CATSフォーマット項目名	必須	配列の長さ	データ型	C-CAT調査結果表示有無	C-CAT調査結果表示有無 特記事項
81	itemId	○	-	文字列	-	
82	breakends	○	2	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
83	chromosome	○	-	文字列	○※	サイトバンドの算出に使用しています。
84	startPosition	○	-	整数	○※	サイトバンドの算出に使用しています。
85	endPosition	○	-	整数	○※	サイトバンドの算出に使用しています。
86	matePieceLocation		-	文字列[選択式]	-	
87	supportingReadCount		-	整数	○	
88	totalReadCount		-	整数	○	
89	alternateAlleleFrequency		-	数値	○	
90	transcripts	○	1~N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
91	transcriptId		-	文字列	-	
92	transcriptDatabaseName		-	文字列[選択式]	-	
93	transcriptDatabaseVersion		-	文字列	-	
94	geneSymbol	○	-	文字列またはnull	○※	rearrangementNames, orderedGenePairs の子要素がNullの場合：○
95	strand		-	文字列[選択式]	-	
96	cdsChange		-	文字列またはnull	-	
97	aminoAcidsChange		-	文字列またはnull	-	
98	calculatedEffects		0~N	配列(文字列、重複不可)	-	
99	orderedGenePairs		0~N	配列(配列、重複不可)	-	
100	(orderedGenePairs の子要素)		2	配列(文字列、重複不可)	○※	rearrangementNamesがNullの場合：○
101	skippedExonRanges		1~N	配列(オブジェクト)	-	
102	transcriptId	○	-	文字列	-	
103	transcriptDatabaseName	○	-	文字列[選択式]	-	
104	transcriptDatabaseVersion		-	文字列	-	
105	geneSymbol	○	-	文字列またはnull	-	
106	strand		-	文字列[選択式]	-	
107	exonRange	○	2	配列(整数)	-	
108	insertedSequence		-	文字列またはnull	-	
109	supportingReadCount		-	整数	-	
110	totalReadCount		-	整数	-	
111	alternateAlleleFrequency		-	数値	-	
112	expressionLevelMetrics		1~N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
113	value	○	-	数値	-	
114	unit	○	-	文字列[選択式]	-	
115	statisticType		-	文字列[選択式]	-	
116	sampleSize		-	整数	-	
117	isControl		-	ブール型	-	
118	rearrangementNames		0~N	配列(文字列、重複不可)	○	
119	rearrangementType	○	-	文字列[選択式]	○	
120	sampleItemId	○	-	文字列	-	
121	variantOrigin		-	文字列[選択式]	-※	germlineを指定した場合、バリエーションに関する情報は表示されません。
122	matched		-	ブール型	-	
123	reported	○	-	ブール型	○	
124	otherBiomarkers		0~N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
125	itemId	○	-	文字列	-	
126	biomarkerType	○	-	文字列[選択式]	○	
127	biomarkerMetrics		0~N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
128	value	○	-	数値	○	

No	CATSフォーマット項目名	必須	配列の長さ	データ型	C-CAT調査結果表示有無	C-CAT調査結果表示有無 特記事項
129	unit	○	-	文字列	○	
130	metricType	○	-	文字列	-	
131	state		-	文字列[選択式]またはnull	○	
132	descriptions		0～N	配列(文字列)	-	
133	biomarkerOrigin		-	文字列[選択式]	-	
134	sampleItemId	○	-	文字列	-	
135	matched		-	ブール型	-	
136	reported	○	-	ブール型	○	
137	compositeBiomarkers		0～N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
138	itemId	○	-	文字列	-	
139	componentItemIds	○	2～N	配列(文字列、重複不可)	-	
140	biomarkerNames	○	1～N	配列(文字列、重複不可)	-	
141	descriptions		0～N	配列(文字列)	-	
142	reported	○	-	ブール型	-	
143	sequencingSamples	○	1～N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
144	itemId	○	-	文字列	-	
145	tumorOrNormal	○		文字列[選択式]	○	
146	nucleicAcid	○		文字列[選択式]	○	
147	totalReadCount			数値	-	
148	totalMappedReadCount			数値	-	
149	duplicateReadsPercentage			数値	○	
150	mappedReadsPercentage			数値	○	
151	meanReadDepth			数値	○	
152	medianReadDepth			数値	○	
153	suspectedSampleStates		0～N	配列(文字列[選択式]、重複不可)	○	
154	expressions		1～N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
155	itemId	○	-	文字列	-	
156	readCount		-	整数	-	
157	transcripts	○	1～N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
158	transcriptId		-	文字列	-	
159	transcriptDatabaseName		-	文字列[選択式]	-	
160	transcriptDatabaseVersion		-	文字列	-	
161	geneSymbol	○	-	文字列またはnull	-	
162	strand		-	文字列[選択式]	-	
163	cdsChange		-	文字列またはnull	-	
164	aminoAcidsChange		-	文字列またはnull	-	
165	calculatedEffects		0～N	配列(文字列、重複不可)	-	
166	expressionLevelMetrics	○	1～N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
167	value	○	-	数値	-	
168	unit	○	-	文字列[選択式]	-	
169	statisticType		-	文字列[選択式]	-	
170	sampleSize		-	整数	-	
171	isControl		-	ブール型	-	
172	sampleItemId	○	-	文字列	-	
173	reported	○	-	ブール型	-	
174	nonHumanContents		1～N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
175	itemId	○	-	文字列	-	
176	organism	○	-	文字列	-	
177	contentMetrics		0～N	配列(オブジェクト、重複不可)	-	
178	value	○	-	数値	-	
179	unit	○	-	文字列	-	
180	metricType	○	-	文字列[選択式]	-	
181	descriptions		0～N	配列(文字列)	-	

No	CATSフォーマット項目名	必須	配列の長さ	データ型	C-CAT調査結果 表示有無	C-CAT調査結果 表示有無 特記事項
182	sampleItemId	○	-	文字列	-	
183	reported	○	-	ブール型	-	

C-CAT調査結果において、がんゲノム検査標準化フォーマットでの入力項目と対応する部分に、本資料に付属するがんゲノム検査標準化フォーマット項目の"No"を記載している。

なお、対応する部分が複数ある場合、基本的に初めて表示される部分にのみ上記"No"を記載している。

これにあたり、患者さんが参加可能か否かを検討していただく候補臨床試験を幅広く掲載しており、掲載された臨床試験が患者さんに適していることや当該試験に患者さんが参加できることを保証するものではありません。

※C-CAT調査結果のみを見ると、患者さんが参加できる臨床試験が多数あるかのように誤解される可能性があります。臨床試験の適格条件や実施状況等による登録の可否については、エキスパートパネルあるいは主治医から、臨床試験の連絡先等に確認いただいた上で、患者さんにご説明ください。

② 各臨床試験の連絡先は、①に記載の通り、医療関係者が必要に応じて問合せできるように記載しているもので、患者さんからの問合せ先ではないことにご留意ください。

お知らせ

① 海外臨床試験情報等の掲載を終了します

2022年3月25日（金）に海外臨床試験情報等、以下の掲載を終了しました。

- ・米国エビデンス（「2 調査結果」、「5 参考文献」）
- ・海外臨床試験（「3 候補となる臨床試験一覧」等）
- ・変異遺伝子の詳細（「4 変異遺伝子の詳細」）

詳細は2022年3月の重要なお知らせをご覧ください。

② C-CAT診療検索ポータルをご活用ください！

診療検索ポータルでは、本症例と同じ遺伝子変異を持つ他症例の診療情報を参照することができます。

C-CAT調査結果の「マーカー」部分に掲載されたリンクから、直接、診療検索ポータルを参照できるようになりました。

閲覧には診療検索ポータルのログイン権限が必要です。

操作方法は「C-CATがんゲノム検査ポータル」から「C-CATライブラリ」に入り「診療検索ポータル操作マニュアル」をご覧ください。

1 基本項目

1-1 患者

登録ID	5123456789	患者識別ID	00NOA18073105	検体識別番号	1616006918073100
年齢	62	性別	女		
がん種	Breast, Invasive Breast Carcinoma				

1-2 医療機関

中核拠点病院	Sample病院
連携病院	Sample連携病院

1-3 検査

検体採取日	2020/05/11	パネル名	32 がん遺伝子パネル検査 システム ver.1.01
検査検体	tumor and matched-normal 27		

143 1-4 次世代シーケンサーによるシーケンシングサンプル情報

No.	検体種別	DNA-seq/ RNA-seq	重複率	マッピング率	平均読取深度	読取深度の 中央値	サンプルの状態
1	tumor	145 DNA-seq 146	40.12 149	92.34 150	1612.00 151	1582.00 152	contaminated 153
2	normal	DNA-seq	26.00	92.38	765.20	682.00	deaminated

2 調査結果

DNAマーカー検出数

塩基置換、挿入、欠失	コピー数変化	遺伝子再構成、構造異型	塩基置換、挿入、欠失 (生殖細胞系列変異)
1	2	6	2

その他のバイオマーカー検出数

2

承認薬・臨床試験

▲ 薬剤への到達性の指標をご参照ください。

国内承認薬	国内臨床試験中	国内適応外薬	海外臨床試験中	FDA承認薬	FDA適応外薬
3	4	4	掲載していません	3	4

124

遺伝子変異以外のバイオマーカー								
No.	マーカー	枝番	エビデンスタイプ	臨床的意義	エビデンスレベル	薬剤	薬剤への到達性	
1	MSI-high 57.89% 128 129	19	1	Predictive	Sensitivity/Response	A	drug_1-1 ■ 1	国内承認薬 FDA承認薬 国内臨床試験中 (1件) ● 1
			2	Oncogenic	Oncogenic	F ■ 3		
2	TMB 34.56 Muts/Mb	20	1	Predictive	Sensitivity/Response	A	drug_2-1 ■ 1	国内承認薬 FDA承認薬 国内臨床試験中 (1件) ● 2

「■番号」は参考文献へのリンク、「●番号」は国内臨床試験、「▲番号」は海外臨床試験の詳細情報へのリンクです。

35

塩基置換、挿入、欠失 (DNA)									
No.	マーカー	枝番	エビデンスタイプ	臨床的意義	エビデンスレベル	薬剤	薬剤への到達性	米国エビデンスレベル	
3	ABL1 p.F336L 0.26 (548/2141) 41 42 43	49 52 (51) 17	1	Oncogenic	Likely Oncogenic	F ■ 4			
			2				drug_3-2 (Drug Target Match) ■ 12	国内適応外薬 FDA適応外薬 国内臨床試験中 (1件) ● 3	
			3	Predictive	Resistance	R2*	drug_3-3 ■ 5	国内適応外薬	

参考文献へのリンク、「●番号」は国内臨床試験、海外臨床試験の詳細情報へのリンクです。

80

遺伝子再構成(DNA)、構造異型(DNA)								
No.	マーカー	枝番	エビデンスタイプ	臨床的意義	エビデンスレベル	薬剤	薬剤への到達性	米国エビデンスレベル
4	EML4-ALK gene fusion 0.48 (962/2008) 83, 84, 85	17	1	Predictive	Sensitivity/Response	C	drug_4-1 ■ 1	国内適応外薬 FDA適応外薬
			2	Oncogenic	Oncogenic	F ■ 6		

「■番号」は参考文献へのリンク、「●番号」は国内臨床試験、「▲番号」は海外臨床試験の詳細情報へのリンクです。

No.	マーカー	枝番	エビデンスタイプ	臨床的意義	エビデンスレベル	薬剤	薬剤への到達性	米国エビデンスレベル
5	AKT2 inversion 0.52 (1087/2092) 全がん種バリエーション頻度: 掲載対象外 がん種別バリエーション頻度: 掲載対象外 がん種別遺伝子変異頻度: 0.00% (0/384)							
6	EGFR deletion 0.57 (1208/2120) 全がん種バリエーション頻度: 掲載対象外 がん種別バリエーション頻度: 掲載対象外 がん種別遺伝子変異頻度: 9.38% (36/384)							
7	NF1 truncation 0.44 (832/1891) 全がん種バリエーション頻度: 掲載対象外 がん種別バリエーション頻度: 掲載対象外 がん種別遺伝子変異頻度: 7.81% (30/384)							
8	RB1 duplication 0.38 (730/1920) 全がん種バリエーション頻度: 掲載対象外 がん種別バリエーション頻度: 掲載対象外 がん種別遺伝子変異頻度: 4.17% (16/384)							
9	TMPRSS2 other 0.60 (1339/2232) 全がん種バリエーション頻度: 掲載対象外 がん種別バリエーション頻度: 掲載対象外 がん種別遺伝子変異頻度: 0.00% (0/384)							

58

コピー数変化

「■番号」は参考文献へのリンク、「●番号」は国内臨床試験、「▲番号」は海外臨床試験の詳細情報へのリンクです。

No.	マーカー	枝番	エビデンスタイプ	臨床的意義	エビデンスレベル	薬剤	薬剤への到達性	米国エビデンスレベル
10	71 66 CDK4 Amplification log2 fold-change: 165 2.13 64	1	Predictive	Sensitivity/Response	C	drug_10-1 ■ 7	国内臨床試験中 (1件) ● 4	
79	chr12: 58,141,510-61 60 58,146,093 62	2	Oncogenic	Oncogenic	F ■ 8			
	全がん種バリエーション頻度: 2.27% (632/27,823) がん種別バリエーション頻度: 3.15% (4/127) がん種別遺伝子変異頻度: 3.15% (4/127)							
11	RAD51C Loss log2 fold-change: -1.04 chr17: 56,769,963-56,812,972 全がん種バリエーション頻度: 0.09% (25/27,823) がん種別バリエーション頻度: 0.00% (0/127)	1	Predictive	Sensitivity/Response	C	drug_11-1 ■ 2	FDA適応外薬	
		2	Oncogenic	Likely Oncogenic	F ■ 9			

No.	マーカー	枝番	エビデンスタイプ	臨床的意義	エビデンスレベル	薬剤	薬剤への到達性	米国エビデンスレベル
	がん種別遺伝子変異頻度: 0.00% (0/127)							

35

55が germline/likely germline の場合

生殖細胞系列変異 (T/N実施検査のみ)

「■番号」は参考文献へのリンク、「●番号」は国内臨床試験、「▲番号」は海外臨床試験の詳細情報へのリンクです。
▲ 非がん部組織由来のDNA解析結果を表示しております。

No.	マーカー	枝番	エビデンスタイプ	臨床的意義 疾患名	エビデンスレベル	薬剤	薬剤への到達性	米国エビデンスレベル
12	BRCA2 49 p.R2318* 52 (51) 0.51 (102/200) 17 41 42 43	1	Predictive	Sensitivity/Response	A	drug_12-1 ■ 1	国内承認薬 FDA承認薬	—
57	※ToMMo = 0.02% 全がん種バリエーション頻度: 0.05% (13/27,823) がん種別バリエーション頻度: 0.00% (0/127) がん種別遺伝子変異頻度: 0.79% (1/127)	2	Predisposing	Pathogenic Breast-ovarian cancer, familial 2	F ■ 10			
13	MSH2 p.V89A 0.49 (98/200)							—
	※ToMMo = 0.03% 全がん種バリエーション頻度: 0.03% (9/27,823) がん種別バリエーション頻度: 0.00% (0/127) がん種別遺伝子変異頻度: 0.00% (0/127)							

複合マーカーテーブル

「■番号」は参考文献へのリンク、「●番号」は国内臨床試験、「▲番号」は海外臨床試験の詳細情報へのリンクです。

No.	複合マーカー	枝番	エビデンスタイプ	臨床的意義	エビデンスレベル	薬剤	薬剤への到達性
14	ABL1 p.F336L EML4-ALK gene fusion	1	Predictive	Resistance	R2*	drug_14-1 ■ 11	国内適応外薬 FDA適応外薬

検査会社のコメント

対象変異	23	コメント	24
全体		がん遺伝子パネル検査システムからレポートされる合計変異出現率をTMB値として掲載しています。	
全体		がん遺伝子パネル検査システムからレポートされるMSI判定の手法は臨床的に確立されたものではありません。	
全体		本検査は固形がん患者を対象とした腫瘍組織の包括的なゲノムプロファイリング検査であり、遺伝性の疾患の診断を目的とするものではありません。本検査で検出された生殖細胞系列バリエーション情報に関する患者への結果開示の判断は、施設のエキスパートパネルと、施設の明文化された規定に基づき行ってください。	

3 候補となる臨床試験一覧

※ 下記の治験・臨床試験については、詳細な適格基準・除外基準に合致しているか否か、患者登録受付中であるか否か、「実施機関（連絡先）」への確認が必要となります。

国内臨床試験一覧

● 1

マーカー番号	1-1	試験名称(試験ID、データ更新日、製薬企業からの追加情報提供日)
フェーズ	フェーズ2	trial_1-1
薬剤名	drug_1-1	(trial_id_1-1, 2022/6/24, 2022/5/31)
がん種	disease_1-1	
実施機関	sponsor_1-1	
連絡先	contact_1-1	

● 2

マーカー番号	2-1	試験名称(試験ID、データ更新日、製薬企業からの追加情報提供日)
フェーズ	フェーズ2	title_2-1
薬剤名	drug_2	(trial_id_2-1, 2022/6/24, 追加情報提供無し)
がん種	disease_2-1	
実施機関	sponsor_2-1	

- ⑫本調査結果と検査会社発行の検査報告書では遺伝子変異等の表記に差異が存在することがあります。その場合には検査会社発行の検査報告書の記載を優先して活用ください。
代表的な表記差異の具体例については、下記Webページにある「C-CAT調査結果説明書」をご参照ください。
国立がん研究センター がんゲノム情報管理センター(C-CAT)ホームページ 実務者向けページ>C-CAT調査結果に関して
https://www.ncc.go.jp/jp/c_cat/jitsumushya/020/index.html
- ⑬遺伝子パネル検査のパネル種別がFoundationOne Liquid CDxの場合、検査会社発行の遺伝子パネル検査結果報告書のBiomarker FindingsにはTumor Fractionの値が記載されますが、本情報はC-CATにシステムで処理可能な形式として提供されないため、本調査結果では調査対象外としております。
- ⑭遺伝子パネル検査のパネル種別がFoundationOne Liquid CDxの場合、検査会社発行の遺伝子パネル検査結果報告書のOTHER ALTERATIONS & BIOMARKERS IDENTIFIEDに「# Variants in this gene may be derived from a nontumor source such as clonal hematopoiesis (CH).」と記載されている変異情報は、本調査結果で腫瘍由来の体細胞変異とみなして調査し、調査結果作成しております。
- ⑮本調査結果は、遺伝子パネル検査が生殖細胞系列変異と体細胞変異を区別しない場合は、変異情報を体細胞変異とみなして調査し、調査結果作成しております。
- ⑯本調査結果は、エキスパートパネルの参考資料として作成されたものであり、患者さんが原本又は複写物を受け取ることを想定して作成されたものではありません。
- ⑰個々の治療は、患者に対する十分な説明を行った上で、個々の治療を直接担当する医師の責任及び判断に基づいて行うものであり、C-CATが治療に関する判断と結果、患者への説明について責任を負うものではありません。

以上