4

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **患 者 信 息** | | | | | | | | | | | |
| 姓 名： | {{姓名}} | | | 性 别： | | {{性别}} | | 年 龄： | | | {{年龄}} |
| 送检单位： | {{送检单位}} | | | | | 送检科室： | | {{科室}} | | | |
| 临 床 诊 断： | | {{临床诊断}} | | | | | | | | | |
| 抗感染用药史： | | {{抗感染用药史}} | | | | | | | | | |
| 重点关注病原： | | {{重点关注病原菌}} | | | | | | | | | |
| **临 床 信 息** | | | | | | | | | | | | |
| 白细胞计数(WBC / ×109/L)： | | | {{白细胞}} | | | | 降钙素原(PCT / ng/mL)： | | {{降钙素原}} | | | |
| C反应蛋白(CRP / mg/L)： | | | {{反应蛋白}} | | | | 中性粒细胞比率(%)： | | {{中性粒细胞}} | | | |
| 淋巴细胞比率(%)： | | | {{淋巴细胞}} | | | | 培养鉴定结果： | | {{培养结果}} | | | |
| **样 本 信 息** | | | | | | | | | | | |
| 样本类型： | {{样本类型}} | | | | | 样本编号： | | {{样本编号}} | | | |
| 样本颜色： | {{样本颜色}} | | | | | 样本性状： | | {{样本性状}} | | | |
| 其 他： | {{样本接收}} | | | | | | | | | | |
| 采样日期： | {{采样日期}} | | | | 收样日期： | {{收样日期}} | | 报告日期： | | {{报告日期}} | |

|  |  |
| --- | --- |
| **检 测 结 果 综 述** | |
| 分枝杆菌： | 未检出疑似病原体 |
| 细 菌： | 未检出疑似病原体 |
| 真 菌： | 未检出疑似病原体 |
| 病 毒： | 未检出疑似病原体 |
| 非典型病原体： | 未检出疑似病原体 |
| 寄 生 虫： | 未检出疑似病原体 |
| 耐药基因： | 未检出耐药基因 |
| 分枝杆菌耐药基因： | 未检出分枝杆菌耐药基因 |

**对送检样本进行检测的检测结果汇总如上，建议临床参考此检测结果，结合患者症状和其他辅助检测手段，进一步确认患者的感染情况。**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **分枝杆菌筛查结果** | | | | |
| **中文名称** | **拉丁名** | **序列数** | **丰度（%）** | **备 注** |
| {%tr for a in 表1信息 %} | | | | |
| {{a.中文名}} | *{{a.微生物}}* | {{a.序列数}} | {{a.相对丰度}} | {{a.备注}} |
| {%tr endfor %} | | | | |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **细菌筛查结果** | | | | |
| **中文名称** | **拉丁名** | **序列数** | **丰度（%）** | **备 注** |
| {%tr for a in 表2信息 %} | | | | |
| {{a.中文名}} | *{{a.微生物}}* | {{a.序列数}} | {{a.相对丰度}} | {{a.备注}} |
| {%tr endfor %} | | | | |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **真菌筛查结果** | | | | |
| **中文名称** | **拉丁名** | **序列数** | **丰度（%）** | **备 注** |
| {%tr for a in 表3信息 %} | | | | |
| {{a.中文名}} | *{{a.微生物}}* | {{a.序列数}} | {{a.相对丰度}} | {{a.备注}} |
| {%tr endfor %} | | | | |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **病毒筛查结果** | | | | |
| **中文名称** | **拉丁名** | **序列数** | **丰度（%）** | **备 注** |
| {%tr for a in 表4信息 %} | | | | |
| {{a.中文名}} | *{{a.微生物}}* | {{a.序列数}} | {{a.相对丰度}} | {{a.备注}} |
| {%tr endfor %} | | | | |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **非典型病原体筛查结果** | | | | |
| **中文名称** | **拉丁名** | **序列数** | **丰度（%）** | **备 注** |
| {%tr for a in 表5信息 %} | | | | |
| {{a.中文名}} | *{{a.微生物}}* | {{a.序列数}} | {{a.相对丰度}} | {{a.备注}} |
| {%tr endfor %} | | | | |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **寄生虫筛查结果** | | | | |
| **中文名称** | **拉丁名** | **序列数** | **丰度（%）** | **备 注** |
| {%tr for a in 表6信息 %} | | | | |
| {{a.中文名}} | *{{a.微生物}}* | {{a.序列数}} | {{a.相对丰度}} | {{a.备注}} |
| {%tr endfor %} | | | | |

注：1）序列数：通过高通量测序和生物信息学分析，可以唯一比对到某微生物属或种的特异性序列数目；

2）相对丰度：某微生物属或种在整个标本中检测到的微生物中所占的比重，丰度越高表示其所占的比例越高；

3）本报告仅对本次送检样本负责；

4）检测结果仅供参考，建议结合患者症状和其它临床检测进一步确认感染情况。

|  |  |
| --- | --- |
| **常见抗生素耐药基因检测结果** | |
| **耐药基因** | **潜在耐药药物** |
| {%tr for a in 表7信息 %} | |
| {{a.基因}} | {{a.药物}} |
| {%tr endfor %} | |

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **结核分枝杆菌耐药基因检测结果** | | | | | |
| **序 号** | **突变基因** | **潜在耐药药物** | **核酸突变结果** | **密码子突变结果** | **突 变 率(%)** |
| {%tr for a in 表8信息 %} | | | | | |
| {{a.序号}} | {{a.突变基因}} | {{a.潜在耐药}} | {{a.核算突变}} | {{a.密码子突变}} | {{a.突变率}} |
| {%tr endfor %} | | | | | |

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **非结核分枝杆菌耐药基因检测结果** | | | | | |
| **序 号** | **突变基因** | **潜在耐药药物** | **核酸突变结果** | **密码子突变结果** | **突 变 率(%)** |
| {%tr for a in 表9信息 %} | | | | | |
| {{a.序号}} | {{a.突变基因}} | {{a.潜在耐药}} | {{a.核算突变}} | {{a.密码子突变}} | {{a.突变率}} |
| {%tr endfor %} | | | | | |

检测结果说明：

1. 核酸突变结果：检出基因中碱基的突变情况；

2. 密码子突变结果：碱基突变导致的氨基酸突变情况；

3. 突变率：该位点突变序列占全部检测序列的频率。

**{{注释}}**

**目标一线药物耐药基因突变检测结果（结核分枝杆菌复合群MTB）**

|  |  |
| --- | --- |
| **未 检 出** | **检 出** |
| {{一线未检出}} | {{一线检出}} |

**目标二线药物耐药基因突变检测结果（结核分枝杆菌复合群MTB）**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **未 检 出** | | **检 出** |
| {{二线未检出1}} | {{二线未检出2}} | {{二线检出}} |

**目标耐药基因突变检测结果（非结核分枝杆菌NTM）**

|  |  |
| --- | --- |
| **未 检 出** | **检 出** |
| {{未检出}} | {{检出}} |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **疑似微生态菌群列表** | | | | |
| **中文名称** | **拉丁名** | **序列数** | **丰度（%）** | **备 注** |
| {%tr for a in 表10信息 %} | | | | |
| {{a.中文名}} | *{{a.微生物}}* | {{a.序列数}} | {{a.相对丰度}} | {{a.备注}} |
| {%tr endfor %} | | | | |

**注：**

1. **该补充报告显示的结果为已经排除了人源、质控菌和实验室污染后检测出的所有微生物。**
2. **补充报告内容包括人体共生菌以及序列数较低的致病菌，请结合临床症状综合判断其为定植、污染或感染。**

**{{说明}}**

**{{example}}**

本方法与其它检测方法一样，有自身的检测能力和检测范围，检测结果中未报告的微生物不代表样本中一定不存在，其原因包括但不限于：

1. 报告仅对本次检验的标本负责，结果仅供临床医生参考，检测的结果需要临床医师结合患者临床病史、其他检测结果、流行病学信息和其他可用数据进行综合判断；
2. 检测结果可能受到先前的或同期抗菌药物治疗的影响；
3. 本检测未报告的微生物不代表样本中一定不存在，其原因可能包括样本中病原体的浓度低于检测下限，病原体基因组序列未被数据库收录等；
4. 样本运输条件不合适，导致核酸降解、造成样本损耗等；
5. 该方法用于无偏倚检测标本中所有类型病原菌，无法区分定植菌与感染菌；
6. 由RNA病毒引起的感染，DNA流程无法有效检出；
7. 该检测报告不包括国家法定的甲类、乙类传染病。

呼吸道感染是由致病微生物侵入呼吸道导致的感染，包括上呼吸道感染（鼻炎、咽炎、喉炎）和下呼吸道感染（气管炎、支气管炎、肺炎）。能引起临床发热的原因有很多种（参考下表），其中感染性发热占比约为40%，非感染性发热临床占比约60%，请临床医生结合其他临床诊断和症状做综合判断。

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **发热性质** | **病因** | **疾病** |
| 感染性发热(~40%) | 各种病原体（细菌、病毒、支原体、衣原体、螺旋体、立克次体和寄生虫等） | 急慢性全身或局灶感染 |
| 非感染性发热(~60%) | 血液病 | 淋巴瘤、恶性组织细胞病、噬血细胞综合征、急性髓系白血病、多发性骨髓瘤等 |
| 变态反应及结缔组织病 | 风湿热、药物热、系统性红斑狼疮、皮肌炎、白塞病、强直性脊柱炎、自身免疫性肝炎、反应性关节炎、成人Still 病等 |
| 实体肿瘤 | 肝和中枢神经系统转移瘤、肾细胞癌、肝癌、结肠癌、胰腺癌等 |
| 理化损伤 | 热射病、烧伤、手术等 |
| 神经源性发热 | 脑室出血、脑外伤、脑部手术、中枢神经系统肿瘤、癫痫等 |
| 其它 | 肉芽肿性疾病、栓塞性静脉炎、溶血发作、隐匿性血肿、周期热、伪装热等 |

**结核分枝杆菌基因突变检测列表**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **基 因** | **药 物** | **检 测 结 果** | **突 变 说 明** |
| *rpoB* | 利福平 | **未检出** | 检测编码RNA聚合酶β亚单位*rpoβ*基因，全长3543个碱基，突变率90%~95%，该基因当核心区域发生突变时，利福平不能与RNA聚合酶β亚基结合，导致利福平耐药。利福平分子DST（药物敏感性试验）与传统DST结果符合率90%以上。 |
| *embB* | 乙胺丁醇 | **未检出** | 检测编码阿拉伯糖基转移酶的*embB*基因全长，突变率36~70.6%，*embB*基因突变是结核分枝杆菌耐乙胺丁醇的主要分子机制。 |
| *pncA* | 吡嗪酰胺 | **未检出** | 检测编码吡嗪酰胺酶的基因（约占97%）和启动子（约占3%），突变率68%~97%，发生突变说明吡嗪酰胺耐药。 |
| *katG* | 异烟肼 | **未检出** | 检测编码过氧化氢酶-过氧化物酶的*katG*基因，其编码产物作用于enoyl-ACP还原酶，抑制杆菌酸和细胞壁合成。*katG*基因的完全缺失、点突变、碱基的插入和缺失，都可能导致耐药，突变率60%~95%。异烟肼分子DST结果与表型DST符合率89%~97%。 |
| *inhA* | 异烟肼 | **未检出** | *inhA*基因编码烯酰基运载蛋白还原酶，催化NADHA依赖的脂肪酸链2位双键的还原反应，将不饱和脂肪酸转化为饱和脂肪酸，并参与长链脂肪酸的延长，其催化产物是合成分枝菌酸的主要成分，而分枝菌酸则是分枝杆菌细胞壁的重要组成部分。当*inhA*突变导致突变蛋白与NADH的结合能力下降，从而产生耐药。 |
| 乙硫异烟胺 | **未检出** | 检测编码烯酰基运载蛋白还原酶的*inhA*基因，突变率12%，发生突变说明乙硫异烟胺耐药。 |
| 丙硫异烟胺 | **未检出** | 检测编码烯酰基运载蛋白还原酶的*inhA*基因，突变率12%，发生突变说明丙硫异烟胺耐药。 |
| *gyrA* | 氟喹诺酮类 | **未检出** | 检测编码DNA旋转酶A的*gyrA*基因，突变率75%~94%，发生突变说明氟喹诺酮类药物耐药。 |
| *gyrB* | 氟喹诺酮类 | **未检出** | 检测编码DNA旋转酶B的*gyrB*基因，突变率5%~15%，发生突变说明氟喹诺酮类药物耐药。 |

**结核分枝杆菌基因突变检测列表**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **基 因** | **药 物** | **检 测 结 果** | **突 变 说 明** |
| *rpsL* | 链霉素 | **未检出** | 检测编码核糖体蛋白的*rpsL*基因，突变率52~59%，核心位点发生突变，说明链霉素耐药。 |
| *rrs* | 链霉素 | **未检出** | 检测编码16S rRNA 整个基因，突变率29%，突变类型以A514C和A1401G为主，发生突变说明链霉素耐药。 |
| 阿米卡星 | **未检出** | 检测编码16S rRNA 基因，突变率50~84%，发生突变说明阿米卡星耐药。 |
| 卡那霉素 | **未检出** | 检测编码16S rRNA 整个基因，突变使16S rRNA结构异常，从而阻断卡那霉素发挥药理作用。 |
| 卷曲霉素 | **未检出** | 检测编码16S rRNA 整个基因，突变使16S rRNA结构异常，从而阻断卷曲霉素发挥药理作用。 |
| *folC* | 对氨基  水杨酸钠 | **未检出** | 二氢叶酸合成酶编码基因*folC*发生突变，会阻断作为叶酸前体的对氨基水杨酸，从而阻断以叶酸为辅酶的代谢通路。*folC*编码蛋白的突变会影响对氨基水杨酸钠在细菌体内的代谢，从而导致结核分枝杆菌耐药。 |
| *thyA* | 对氨基  水杨酸钠 | **未检出** | 胸苷酸合成酶基因*thyA，*发生置换、颠换、插入、缺失或联合突变，都会对对氨基水杨酸钠产生耐药性。 |
| *alr* | 环丝氨酸 | **未检出** | 检测丙氨酸消旋酶基因*alr*全长，突变率较低，一般为7.4%左右，发生突变说明发生环丝氨酸耐药。 |
| *Rv0678* | 氯法齐明 | **未检出** | *Rv0678*基因属MarR调控基因之一，具有抗菌药物的耐药性属性，突变率5.6%左右，其突变是结核分枝杆菌对氯法齐明耐药的重要机制。 |
| *Rv0678* | 贝达喹啉 | **未检出** | *Rv0678*基因突变，突变率一般5.6%，突变可导致贝达喹啉与氯法齐明交叉耐药。 |
| *rplC* | 利奈唑胺 | **未检出** | *rplC*基因上发生F147L或A157R等位点突变，会提高菌株突变率，导致利奈唑胺耐药。 |

**非结核分枝杆菌基因突变检测列表**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **基 因** | **药 物** | **检 测 结 果** | **突 变 说 明** |
| *rrl* | 克拉霉素 | **未检出** | 检测编码23S rRNA的*rrl*基因2058或2059位点A碱基的点突变，导致克拉霉素失去作用靶位而耐药。 |
| 阿奇霉素 | **未检出** | 检测编码23S rRNA的*rrl*基因2058和2059位点突变，与耐大环内酯类药物高度相关。 |
| *erm* | 克拉霉素 | **未检出** | 检测编码23S rRNA的*erm*基因，第28位点突变，与耐大环内酯类药物高度相关。 |
| 阿奇霉素 | **未检出** | 检测编码23S rRNA的*erm*基因，第28位点突变，与耐大环内酯类药物高度相关。 |
| *rrs* | 阿米卡星 | **未检出** | 检测编码16S rRNA 基因，第1406或1408或1409位点突变，与耐氨基糖苷类药物高度相关。 |
| 卡那霉素 | **未检出** | 检测编码16S rRNA 基因，第1406或1408或1409位点突变，与耐氨基糖苷类药物高度相关。 |
| 庆大霉素 | **未检出** | 检测编码16S rRNA 基因，第1406或1408或1409位点突变，与耐氨基糖苷类药物高度相关。 |



**常见分枝杆菌筛查范围**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **类 型** | **病 原** | **致 病 性** | **结 果** |
| 结核分枝杆菌复合群 | 结核分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 非洲分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 牛分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 山羊分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 田鼠分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 卡内蒂分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 鳍脚分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 獴分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 非结核分枝杆菌 | 鸟分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 胞内分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 副胞内分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 堪萨斯分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 龟分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 脓肿分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 猿猴分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 溃疡分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 偶发分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 玛尔摩分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 海分枝杆菌 | 高致病菌 | 未检出 |
| 马赛分枝杆菌 | 条件致病菌 | 未检出 |
| 戈登分枝杆菌 | 条件致病菌 | 未检出 |
| 副戈登分枝杆菌 | 条件致病菌 | 未检出 |
| 产粘液分枝杆菌 | 条件致病菌 | 未检出 |

**常见细菌筛查范围**

**常见真菌筛查范围**

**常见非典型病原体筛查范围**

**常见人体共生菌筛查范围**

1）以上所列仅为**常见**正常定植/背景菌/致病菌，并不代表本检测项目全部的检测范围；

2）本报告内“病原菌”“条件致病菌”是依据《全国临床检验操作规程》（第四版）、《临床微生物学手册》（第十一版）、《抗菌药物临床应用指导手册》（2016版）、《细菌与真菌涂片镜检与培养结果报告规范专家共识》（2017版）指南文件划分，“非典型病原体”为目前没有指南明确约定的微生物。关于病原菌、条件致病菌、其他病原的判断，指南性文件仅供参考，具体实际情况请结合临床表现综合判断。

**项目简介**

|  |  |
| --- | --- |
| **RD seq呼吸感染症候群基因检测+耐药基因鉴定** | |
| 检 测 平 台 | 高通量纳米孔测序系统 |
| 检 测 方 法 | 三代测序 |
| 检 测 范 围 | 基于样本中的核酸进行检测，鉴定样本中存在的可疑致病微生物，协助临床医师进行分析判断呼吸感染的病原微生物。覆盖12000+种呼吸道感染相关的细菌、真菌、病毒（不包括RNA病毒）；结核分枝杆菌复合群；168种非结核分枝杆菌等病原微生物。覆盖10种与常见抗生素相关的耐药基因，20种与结核一线二线药物相关的耐药基因，以及7种与非结核药物相关的耐药基因。 |

**检测说明**

1. 此报告结果仅对本次送检样本负责，报告相关解释须咨询临床医生。
2. 本检测采用三代Nanopore测序，低于检测限100拷贝/毫升不能保证可以检出。
3. 以上结论均为实验室检测数据，仅供临床参考，不能作为最终诊断结果。检测耐药基因阳性，是否为临床耐药表型，需结合临床判断。
4. 如果对结果有疑义，请在收到结果后7个工作日内与我们联系，谢谢合作。



|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| e73c94a96c9a41c2703660cd4f106ca实验人员： | 19001b0513478b3078b24a013cb5789审核者： | 圣庭医学检验所： |
| 2021.06.26 | 2021.06.27 | 2021.06.27 |

|  |
| --- |
| 专业的技术团队及质量控制团队通过对**多道质量审核工序的层层把关**，让您的检测样本得到精准的检测，可靠的结果！  本项目对采样送检、样本接收、样本检测、数据分析、报告解读以及报告发放共**六个流程的二十余个环节**进行质量控制。  部分质控结果及质控标准如下： |

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **环 节** | **质 控 参 数** | **检 测 结 果** | **质 控 标 准** |
| 病原微生物鉴定 | 平均reads长度 | {{平均长度 }} | >1000 bp |
| 阳性质控 | 合格 | 合格 |
| 阴性质控 | 合格 | 合格 |
| 内参检出率 | 100% | 100% |
| 结核/非结核耐药基因检测 | 平均测序深度 | {{测序深度}} | 100× |
| 超过平均深度20%的覆盖率 | {{覆盖率}} | 95% |
| 测序质控总评估 | 合格 | | |
| 注：  1. 平均reads长度：本次实验中病原微生物鉴定测序得到序列长度的平均数（取整）；  2. 阳性质控：监测整个实验流程污染情况；  3. 阴性质控：选用海洋微生物作为阳性质控，阳性质控检出情况可以反应实验流程是否合格；  4. 内参：选用与阳性质控不同的海洋微生物，加入到每个样本中，内参检出情况可以反应每个样本实验流程是否合格；  5. 测序质控总评估：结合测序参数综合评估测序的质量。 | | | |

图一

1. 王佶, 马学军. 纳米孔测序技术在病毒基因组研究中的应用[J]. 中华实验和临床病毒学杂志, 2018.

2. Watson C M , Crinnion L A , H Lindsay, et al. Assessing the utility of long-read nanopore sequencing for rapid and efficient characterization of mobile element insertions[J]. Laboratory Investigation.

3. Chenhao, Li, Kern, et al. INC-Seq: accurate single molecule reads using nanopore sequencing[J]. Gigascience, 2016, 5(1):34.

4. Quick J , Ashton P , Calus S , *et al*. Rapid draft sequencing and real-time nanopore sequencing in a hospital outbreak of Salmonella[J]. Genome Biology, 2015, 16(1):1-14.

5. Loman N J , Quick J , Simpson J T . A complete bacterial genome assembled de novo using only nanopore sequencing data[J]. Nature Methods, 2015, 12(8):733-735.

6. StephenL.Hauser, Hauser, Engstrom,等. 哈里森临床神经病学[J]. 人民卫生出版社, 2010.

7. 《临床微生物学手册》第11版，原著：James H.Jorgensen[美]，Michael A. Pfaller[美]，主译：王辉，马筱玲，钱渊，李若瑜，曹建平，史红，中华医学电子音像出版社，2017.6.

8. 桑福德. 桑福德抗微生物治疗指南（第46版）[M]. 北京：中国协和医科大学出版社, 2017.

1. 唐神结. 耐药结核病的综合治疗[J]. 中华临床医师杂志. 2010, 4(7): 916-918.
2. 《中国防痨杂志》编辑委员会. 结核分枝杆菌耐药性检测专家共识[J]. 中国防痨杂志. 2019, 41(2):129-137.
3. 中华医学会结核病学分会临床检验专业委员会. 结核病病原学分子诊断专家共识[J]. 中华结核和呼吸杂志, 2018, 041(009):688-695.
4. 《中国防痨杂志》编辑委员会. 现阶段结核抗体检测在我国临床应用的专家共识[J]. 中国防痨杂志, 2018.
5. 《中国防痨杂志》编辑委员会. 非结核分枝杆菌病治疗药品超说明书用法专家共识[J]. 中国防痨杂志, 2020.
6. European center for disease prevention and control. ERLNTB expert opinion on the use of therapid molecular assays for the diagnosis of tuberculosis and detection of durg-resistance. Stockholm: European Centre for Disease Prevention and Control, 2013.
7. MARKS S M, ARMSTRONG L, FLOOD J, et al. Treatment practices, outcomes, and cost of multidrugresistant (MDR) and extensively drug resistant (XDR) tuberculosis (TB) in the United States (U. S.), preliminary results [J]. Am J Respir Crit Care Med, 2012, 185(1): 3308-3309.



**浙 江 圣 庭 医 学 检 验 有 限 公 司**

**地址：浙江省杭州市余杭区良渚国际生命科技小镇11幢**

网址：<http://www.shengtinggroup.com>

[邮箱：info@shengtinggroup.com](mailto:info@shengtinggroup.com)

咨询电话：0571-86937759