

病原微生物宏基因组（DNA）

— 检测报告 —

受检者： _____

送检单位： _____

检测单位： _____ 广州达安临床检验中心

接收日期： _____

报告日期： _____

致客户

尊敬的客户：

您好！

感谢您对我们的信任。

病原微生物宏基因组检测是一种不依赖传统微生物培养而广泛分析临床样本中微生物（细菌、真菌、病毒、寄生虫等）的高通量测序检测技术。通过临床样本的中微生物总体基因组（DNA或RNA）的提取、高通量测序和数据分析，可获得疑似致病微生物的种属信息。

达安临床检验中心本着严谨科学的态度，结合目前最新的指南、共识和临床研究现状，采用高通量测序技术和智能化算法分析，对您的样本进行病原微生物宏基因组检测，可辅助医生进行临床病原微生物诊断，致力于临床精准诊断和精准治疗。

本检测报告是临床医生在临床诊断和制定治疗方案时强有力的参考依据。除此之外，还需结合患者的其他情况进行综合考虑，最终的诊断结果和治疗方案需要由主治医生进行综合判断和选择。

希望您能将您的宝贵意见或建议及时反馈给我们。我们的免费服务电话是：800-830-3620（周一至周五，8:30--17:30），我们将竭诚为您服务！

广州达安临床检验中心

一、受检者信息

姓名		性别	男	年龄	69岁
送检医院					
送检科室	呼吸与危重症医学 (重症监护科)	送检医生	-	门诊号/住院号	-
样本类型	肺泡灌洗液			条码号	
临床诊断	/				
个人病史	/				
其他检测结果	/				
采样日期		接受日期		报告日期	

二、检测结果摘要

各类疑似致病的病原微生物检出结果			
细菌	病毒	真菌	寄生虫
铜绿假单胞菌(95549) 金黄色葡萄球菌(1661) 蜡样芽孢杆菌复合群(1189) 大肠埃希菌(158) 肺炎克雷伯菌(41) 常见微生物群 其他病原请见详情列表	人类疱疹病毒1型(HSV1) (9) 人类疱疹病毒5型(CMV) (6)	未检出疑似病原体 常见微生物群 其他病原请见详情列表	未检出

*注:

1. 括号内为检出的特异性序列(reads)数; 详细检测结果见 3.1-3.6。
2. 对于免疫低下/缺陷患者, 请注意关注微生物群(3.6); 部分重要的条件致病微生物(▲)见微生物群列表。
3. 建议临床结合患者症状和其它辅助检测, 进一步确认患者的感染情况。

检测者: 黎志浩

审核者:



广州达安临床检验中心
Guangzhou Da An Clinical Laboratory Center

本报告仅供临床科研参考，本次检测仅对本样本负责，如有疑义请在七个工作日内与我们联系。

三、检测结果详述

3.1 细菌检测结果

属				种		
类型	属名	相对丰度%	reads数	种名	鉴定置信度	reads数
G-	假单胞菌属 Pseudomonas	88.70	166040	铜绿假单胞菌 Pseudomonas aeruginosa	0.99	95549
G-	假单胞菌属 Pseudomonas	88.70	166040	铜绿假单胞菌 Pseudomonas aeruginosa	0.99	95549
G-	假单胞菌属 Pseudomonas	88.70	166040	铜绿假单胞菌 Pseudomonas aeruginosa	0.99	95549
G-	假单胞菌属 Pseudomonas	88.70	166040	铜绿假单胞菌 Pseudomonas aeruginosa	0.99	95549
G-	假单胞菌属 Pseudomonas	88.70	166040	铜绿假单胞菌 Pseudomonas aeruginosa	0.99	95549

注：

1. G+为革兰氏染色阳性菌，G-为革兰氏染色阴性菌（下同）。
2. 相对丰度：该病原体相应分类中基因组相对比例（下同）。
3. reads 数：高通量测序序列唯一比对到某属或种微生物特异性序列数（下同）。
4. 鉴定置信度：根据序列比对，在样本中鉴定该病原体的可信度（下同）。

3.2 真菌检测结果

属			种		
属名	相对丰度%	reads数	种名	鉴定置信度	reads数
-	-	-	-	-	-

3.3 病毒检测结果

名称	鉴定置信度 (%)	reads 数
人类疱疹病毒 1 型 (HSV1) Human alphaherpesvirus1	0.99	9
人类疱疹病毒 1 型 (HSV1) Human alphaherpesvirus1	0.99	9

注：本检测未覆盖 RNA 病毒。

3.4 寄生虫检测结果

属			种		
属名	相对丰度%	reads数	种名	鉴定置信度	reads数
-	-	-	-	-	-

3.5 疑似人体微生物生态菌群检测结果

属				种		
类型	属名	相对丰度%	reads数	种名	鉴定置信度	reads数
G-	假单胞菌属 Pseudomonas	88.70	166040	铜绿假单胞菌 Pseudomonas aeruginosa	0.99	95549
G-	假单胞菌属 Pseudomonas	88.70	166040	铜绿假单胞菌 Pseudomonas aeruginosa	0.99	95549
G-	假单胞菌属 Pseudomonas	88.70	166040	铜绿假单胞菌 Pseudomonas aeruginosa	0.99	95549
G-	假单胞菌属 Pseudomonas	88.70	166040	铜绿假单胞菌 Pseudomonas aeruginosa	0.99	95549

G-	假单胞菌属 Pseudomonas	88.70	166040	铜绿假单胞菌 Pseudomonas aeruginosa	0.99	95549
----	----------------------	-------	--------	-------------------------------------	------	-------

注：人体微生态菌群为存在于人体皮肤、呼吸道、口腔、胃肠道、泌尿道的微生物，多为条件致病菌，正常条件下与人体共生，在免疫力低下/缺陷的患者中具有潜在致病性。

3.6 疑似耐药基因检测结果

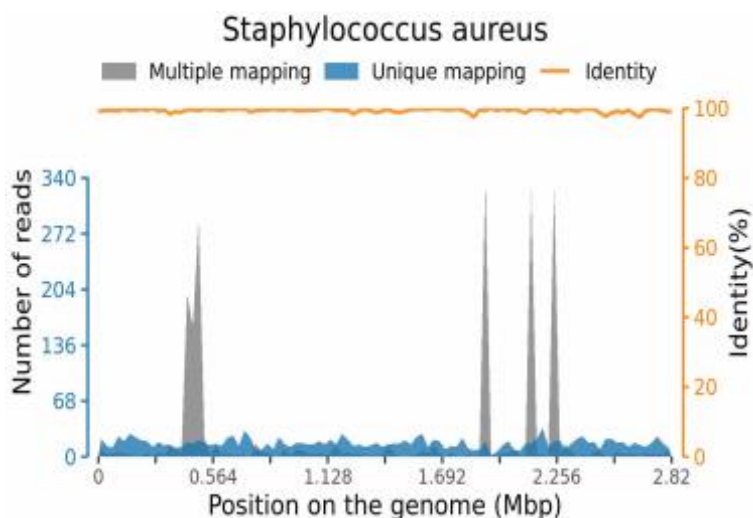
基因名称	疑似对应物种	reads数	耐药类型	相关物种
mecA	金黄色葡萄球菌	3017	antibiotic target replacement	单酰胺菌素;碳青霉烯;头孢菌素;头霉素;青霉烷

mecA 可编码产生特殊的青霉素结合蛋白，与β-内酰胺类抗生素的亲合力降低，使得青霉素阻止细胞壁合成的功能减弱/丧失，从而产生耐药性。该基因常见于葡萄球菌属中如耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)，导致对β内酰胺类药物如阿莫西林、氨苄西林、头孢吡肟等耐药。

注：耐药基因与表型之间可能存在差异，检出耐药基因并不能明确该菌一定对相应药物耐药，检测结果仅供参考，请以临床医生指导用药为准。更多耐药基因信息详见：<https://cge.cbs.dtu.dk/services/ResFinder/>；<https://card.mcmaster.ca/>

四、检出病原体说明

铜绿假单胞菌 (*Pseudomonas aeruginosa*): 革兰阴性杆菌, 假单胞菌属。铜绿假单胞菌广泛分布于水、空气、土壤, 以及正常人体皮肤、呼吸道与肠道粘膜中, 为条件致病菌。因手术、化疗、放疗、激素治疗等原因人体抵抗力低下时容易引起感染。可引起烧伤创面感染、肺部感染、泌尿道感染、中耳炎、脑膜炎、菌血症等。是院内感染的常见病原体。



注: 以上所展示的覆盖度图为针对特定微生物绘制图谱, 反映比对到该微生物的序列在其基因组上的分布情况, 横坐标代表该微生物的基因组大小, 纵坐标代表不同基因组区段内检出的序列数。

附录

检测质量控制

1. 全流程质控

质控参数	质控结果
内参	合格
质控品	合格
防错标签（UMSI）	合格

2. 测序数据质控

总序列（reads）数	总碱基数	Q30 比例（%）	测序质量评估
37226821	1049231750	91.39	合格

注：

1. 总序列（reads）数：样本经过高通量测序并过滤低质量数据后，获得的所有测序序列的数目。
2. 总碱基数：样本经过高通量测序并过滤低质量数据后，获得的所有测序序列的总碱基的数目。
3. 碱基质量值（Q）是衡量测序质量的重要指标，Q越高代表碱基被测错的概率越小，其中Q30为测序错误的概率在0.1%的质量值。Q30比例为样本测序数据中质量值 \geq Q30的碱基比例。

检测质量控制

检测限	灵敏度	特异性
50-500 copies/mL	50 copies/mL	99%

检测方法简介

病原宏基因组学是一种新的不依赖于培养的广泛分析临床样本中微生物组的高通量测序方法[1]。适用于不明原因发热、疑难危重以及免疫缺陷感染患者[2-3]，

目前已有多篇用于脓毒症、脑膜炎、呼吸系统感染等方面的报道[4-6]。本检测基于高通量测序平台，数据库涵盖19036种微生物（9855种细菌、6926种病毒、1582种真菌、312种寄生虫、分枝杆菌复合群中的177种常见致病菌和184种支原体/衣原体），通过提取临床样本中的核酸序列，构建测序文库，对样本中核酸序列进行测序，再通过微生物专用数据库进行比对分析[9经过智能化算法获得疑似致病微生物的种属信息，并提供全面深入的报告参数，辅助临床诊疗决策[7]。

主要参考文献

- 1 Wilson, M.R., et al., Actionable diagnosis of neuroleptospirosis by next-generation sequencing. *N Engl J Med*, 2014. 370(25): p. 2408-17.
- 2 Dekker, J.P., Metagenomics for Clinical Infectious Disease Diagnostics Steps Closer to Reality. *J Clin Microbiol*, 2018. 56(9).
- 3 Thoendel, M.J., et al., Identification of Prosthetic Joint Infection Pathogens Using a Shotgun Metagenomics Approach. *Clin Infect Dis*, 2018. 67(9): p. 1333-1338.
- 4 Brown, J.R., T. Bharucha, and J. Breuer, Encephalitis diagnosis using metagenomics: application of next generation sequencing for undiagnosed cases. *J Infect*, 2018. 76(3): p. 225-240.
- 5 Parize, P., et al., Untargeted next-generation sequencing-based first-line diagnosis of infection in immunocompromised adults: a multicentre, blinded, prospective study. *Clin Microbiol Infect*, 2017. 23(8): p. 574 e1-574e6.
- 6 Blauwkamp, T. A., et al., Analytical and clinical validation of a microbial cell-free DNA sequencing test for infectious disease. *Nat Microbiol*, 2019, 4(4), p. 663.
- 7 Miller, S., et al. Laboratory validation of a clinical metagenomic sequencing assay for pathogen detection in cerebrospinal fluid. *Genome Res*, 2019.
- 8 Langelier, C., et al. Integrating host response and unbiased microbe detection for lower respiratory tract infection diagnosis in critically ill adults. *P Natl Acad of Sci USA*, 2018, 115(52): E12353-E12362.
- 9 Gu, W., S. Miller, and C.Y. Chiu, Clinical Metagenomic Next-Generation Sequencing for Pathogen Detection. *Annu Rev Pathol*, 2019. 14: p. 319-338.
- 10 Miao, Q., et al., Microbiological Diagnostic Performance of Metagenomic Next-generation Sequencing When Applied to Clinical Practice. *Clin Infect Dis*, 2018. 67(suppl_2): p. S231-S240.
- 11 Xie, Y., et al., Next generation sequencing for diagnosis of severe pneumonia: China, 2010-2018. *J Infect*, 2019. 78(2): p. 158-169.

检测报告使用须知

1. 本检测报告仅对本次送检样本负责。
2. 样本采集，保存，运输等环节的不当操作可能影响本产品检测性能。
3. 本检测结果仅对该次送检样本负责。方法学的技术局限性、微生物载量、当前数据库构建局限或临床用药等因素均可能使得检测结果未涵盖样本中所有的微生物。
4. 本检测非临床常规检测项目，仅供临床参考，临床相关解释须咨询临床医生。任何药物或治疗方案的制定均需由主治医生结合患者的其他情况，综合考虑。
5. 如对检测结果有疑问，请于收到报告后 7 个工作日内与我们联系。