

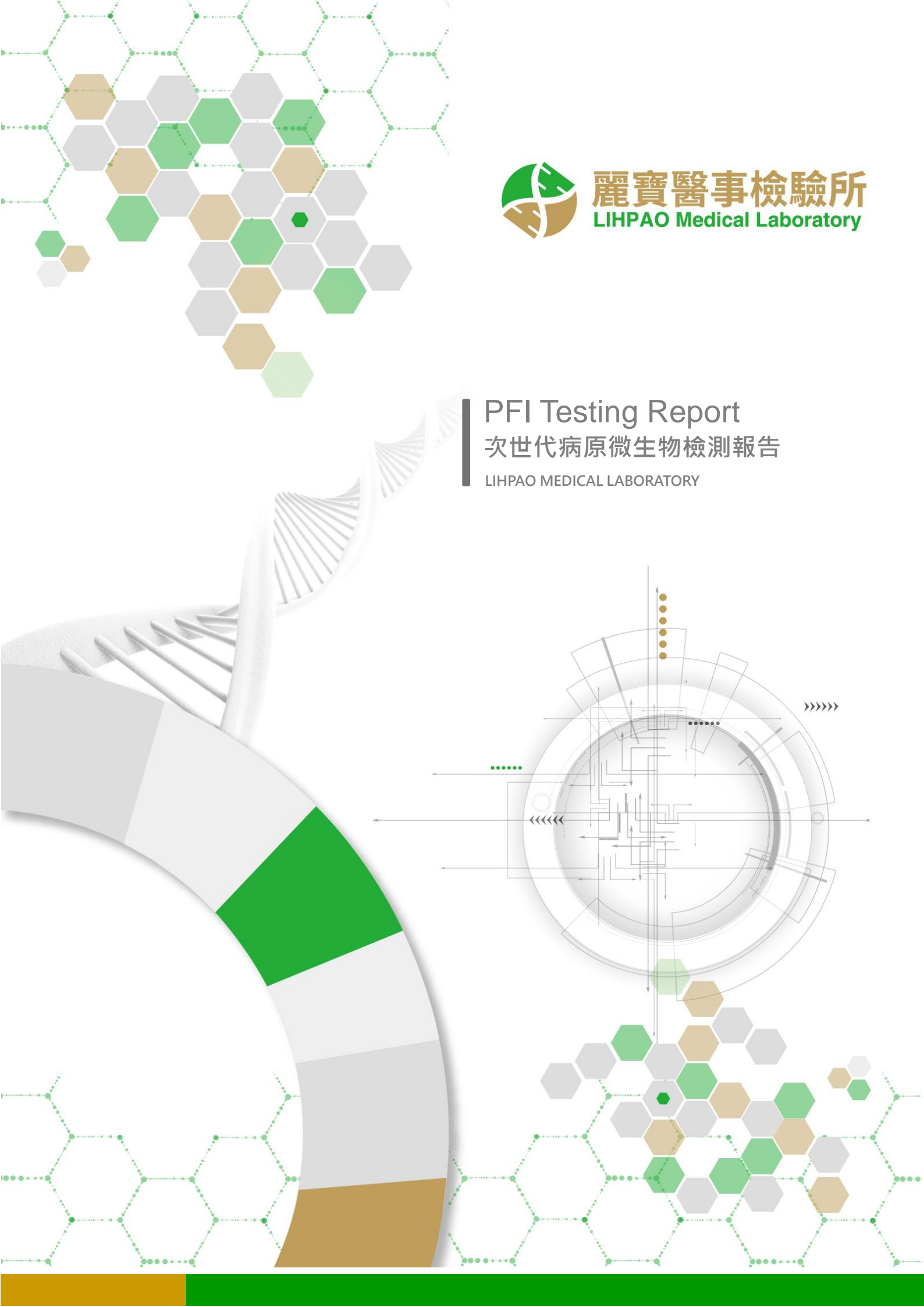


麗寶醫事檢驗所
LIHPAO Medical Laboratory

PFI Testing Report

次世代病原微生物檢測報告

LIHPAO MEDICAL LABORATORY



個案基本資料		報告編號：JB23_052_DNA	
檢測項目	：次世代病原微生物檢測		
姓名	:	生日	: 1978.11.19
性別	: 男	身分證字號	: N/A
檢體類型	:	委託機構	: 輔大醫院
病歷編號	: 003445433G	醫師	: N/A
採集日期	: N/A	聯絡人	: 王志鴻
收檢日期	: N/A	電話	: N/A
報告日期	: 2023.01.18	信箱	: N/A

病原微生物檢測結果摘要

本次檢測結果僅個別列出細菌、真菌與病毒類別中相對豐富度前 10 名之物種。

樣本品質備註：

報告簽署人：

薛羽健

2023-06-29

覆核醫師：

薛羽健

2023-06-29

個案基本資料

姓名：林新傑

生日：1978.11.19

性別：男

報告編號：JB23_052_DNA

委託機構：輔大醫院

檢測結果

次世代病原微生物檢測

細菌：

No.	Genus: Scientific Name	Reads Number	Relative Abundance (%)
1	Staphylococcus hominis	30	37.037
2	Ralstonia solanacearum	17	20.988
3	Belliella baltica	1	1.235
4	Capnocytophaga sp oral taxon 864	1	1.235
5	Corallococcus macrosporus	1	1.235
6	Cupriavidus necator	1	1.235
7	Fusobacterium varium	1	1.235
8	Haemophilus parainfluenzae	1	1.235
9	Lactobacillus farciminis	1	1.235
10	Pasteurella multocida	1	1.235

*紅色表示該物種也在環境病原檢測中被偵測到

檢測結果限制：

部分無法被比對之序列可能起因於此序列尚未被發現或收錄於微生物基因體資料庫，因此無法排除偽陰性之可能性。此檢測結果僅供研究。

個案基本資料

姓名：林新傑

生日：1978.11.19

性別：男

報告編號：JB23_052_DNA

委託機構：輔大醫院

檢測結果

次世代病原微生物檢測

真菌：

No.	Genus: Scientific Name	Reads Number	Relative Abundance (%)
1	Fonsecaea pedrosoi	2	2.469
2	Lobosporangium transversale	2	2.469
3	Coniosporium apollinis	1	1.235
4	Exophiala dermatitidis	1	1.235
5	Fonsecaea monophora	1	1.235
6	Melampsora larici-populina	1	1.235
7	Trichoderma citrinoviride	1	1.235

*紅色表示該物種也在環境病原檢測中被偵測到

檢測結果限制：

部分無法被比對之序列可能起因於此序列尚未被發現或收錄於微生物基因體資料庫，因此無法排除偽陰性之可能性。此檢測結果僅供研究。

個案基本資料

姓名：林新傑

生日：1978.11.19

性別：男

報告編號：JB23_052_DNA

委託機構：輔大醫院

檢測結果

次世代病原微生物檢測

病毒：

No.	Genus: Scientific Name	Reads Number	Relative Abundance (%)
1	Proteus virus Isfahan	1	1.235

*紅色表示該物種也在環境病原檢測中被偵測到

檢測結果限制：

部分無法被比對之序列可能起因於此序列尚未被發現或收錄於微生物基因體資料庫，因此無法排除偽陰性之可能性。此檢測結果僅供研究。

個案基本資料

姓名：林新傑

生日：1978.11.19

性別：男

報告編號：JB23_052_DNA

委託機構：輔大醫院

產品介紹

次世代病原微生物檢測

臨床上，由於「不明原因發熱」造成的感染案例逐漸增加、病原微生物抗藥能力快速演變、衍生的菌血症死亡率極高，造成感染症治療的困難度急遽上升。「快速檢測」與「精準識別」感染性病原微生物對於「不明原因發熱」治療選擇與病人預後至關重要。傳統微生物診斷方法具有侷限性，難以「快速」、「精準」確認感染性病原微生物。快速檢測和識別出感染性病原體對於治療選擇和結果預測皆是至關重要的。血液培養 (Blood Culture ; BC) 被認為是臨床檢體培養上之最佳標準，檢測流程需耗時數日乃至數周，而限制感染性病原菌快速檢測。「次世代病原微生物檢測」利用總基因體學次世代定序 (Metagenomic Next Generation Sequencing, mNGS)，將序列結果與病原微生物資料庫進行比對，快速鑑定病原體，並作為醫師及醫療人員研究的參考 [1-5]。

個案基本資料

姓名：林新傑

生日：1978.11.19

性別：男

報告編號：JB23_052_DNA

委託機構：輔大醫院

檢測結果注釋

次世代病原微生物檢測

使用次世代定序技術檢測，即時對檢體中的 DNA 片段進行全面檢測，偵測出其中的病原微生物。檢測結果分別對細菌、真菌及病毒進行序列相似度比對，並於報告中列出前十名之物種供醫生參考。

檢測結果若檢驗出屬於高危險群微生物之第三級或第四級微生物 (RG3 or RG4)，實驗室主管將會立刻通知顧客或委託機構。

檢測方法

本檢測採用高通量定序技術，對樣本中微生物 DNA 序列進行分析。檢測過程包括：DNA 萃取、文庫構建、定序、資料分析、以及報告解讀。在原始序列品質管制部分，首先去除低品質及含有太多 N 鹼基的序列，再將所有通過品質管制的序列中屬於宿主的序列移除。剩餘的序列透過與病原微生物資料庫內的核酸序列進行比對，對微生物鑒定為細菌、病毒與真菌。本檢測報告提供樣本中可檢出的所有具有有效數據的微生物，通過報告解讀協助醫師進行研究。

個案基本資料

姓名：林新傑

生日：1978.11.19

性別：男

報告編號：JB23_052_DNA

委託機構：輔大醫院

附錄

次世代病原微生物檢測

環境病原檢出列表：

No.	Class of Pathogens	Genus: Scientific Name	Reads Number
1	Bacteria	Staphylococcus hominis	206
2	Bacteria	Lysobacter enzymogenes	17
3	Bacteria	Variovorax paradoxus	15
4	Bacteria	Acidovorax sp KKS102	13
5	Bacteria	Microbacterium sp PM5	13
6	Bacteria	Variovorax boronicumulans	13
7	Bacteria	Janthinobacterium agaricidamnosum	9
8	Bacteria	Janthinobacterium svalbardensis	9
9	Bacteria	Sphingomonas melonis	8
10	Bacteria	Cutibacterium acnes	7
11	Fungi	Malassezia restricta	4
12	Fungi	Anthracoystis flocculosa	2
13	Fungi	Mixia osmundae	2
14	Fungi	Aspergillus saccharolyticus	1
15	Fungi	Capronia epimyces	1
16	Fungi	Chaenothecopsis neocaledonica	1
17	Fungi	Chaetomium thermophilum	1
18	Fungi	Colletotrichum orchidophilum	1
19	Fungi	Exophiala spinifera	1
20	Fungi	Kluyveromyces marxianus	1
21	Virus	None detected	

個案基本資料

姓名：林新傑

生日：1978.11.19

性別：男

報告編號：JB23_052_DNA

委託機構：輔大醫院

參考文獻

次世代病原微生物檢測

1. Hasman, H. *et al.* Rapid whole-genome sequencing for detection and characterization of microorganisms directly from clinical samples. *J Clin Microbiol* **52**, 139-146, doi:10.1128/JCM.02452-13 (2014).
2. Wilson, M. R. *et al.* Actionable diagnosis of neuroleptospirosis by next-generation sequencing. *N Engl J Med* **370**, 2408-2417, doi:10.1056/NEJMoa1401268 (2014).
3. Ni, P. X. *et al.* Rapid detection and identification of infectious pathogens based on high-throughput sequencing. *Chin Med J (Engl)* **128**, 877-883, doi:10.4103/0366-6999.154281 (2015).
4. DeCaprio, J. A. & Garcea, R. L. A cornucopia of human polyomaviruses. *Nat Rev Microbiol* **11**, 264-276, doi:10.1038/nrmicro2992 (2013).
5. Chen, L. *et al.* VFDB: a reference database for bacterial virulence factors. *Nucleic Acids Res* **33**, D325-D328, doi:10.1093/nar/gki008 (2005).