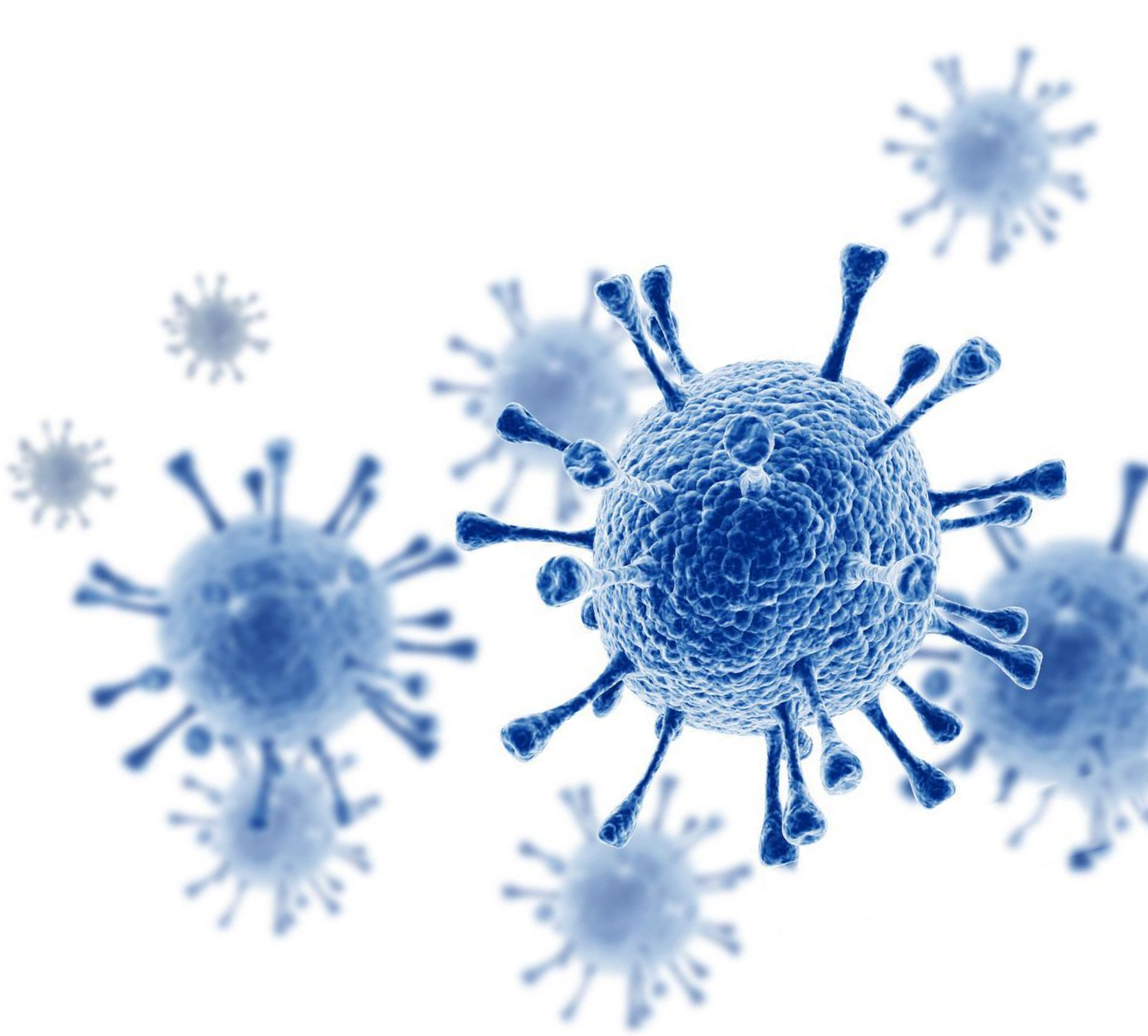


诺微因TM

感染病原高通量基因

检 I 测 I 报 I 告（DNA版）



# I 基本信息

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **1. 受检者** | | | | | |
| 姓名：余健 | 性别：男 | | 年龄：15 | | |
| **2. 检测项目** | | | | | |
| NY001-病原DNA高通量基因检测（细菌、真菌、DNA病毒、寄生虫） | | | | | |
| **3. 临床信息** | | | | | |
| 临床诊断：肺部阴影待查 | | | | |
| 培养鉴定结果：- | | | | | |
| 重点关注病原类： | | | | | |
| **4. 样本及送检信息** | | | | | |
| 样本编号：DCG01201208001 | | 送检医院：福建省福州肺科医院 | |
| 样本类型：肺泡灌洗液 | | 送检科室：儿科 | |
| 采样日期：2020-11-28 | | 送检医师：严医生 | |
| 检测日期：2020-11-30 | | 报告日期：2020-12-09 | |

## **I** 检测结果：+

|  |  |
| --- | --- |
| **重点关注结果** | 惠普尔养障体、唾液支原体、人疱疹病毒7型、新型隐球菌、人多瘤病毒4型 |
| **关注结果** | 金黄色葡萄球菌、球型马拉色菌 |

# **I** 详细列表

## 1. 检出细菌列表

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **类型\*** | **属** | | | **种** | | |
| **中文名** | **拉丁名** | **序列数** | **中文名** | **拉丁名** | **序列数** |
| G- | 普氏菌属 | *Prevotella* | 1600 | 中间普雷沃菌 | *Prevotella intermedia* | 1001 |
| G+ | 养障体属 | *Tropheryma* | 162 | 惠普尔养障体 | *Tropheryma whipplei* | 125 |
| G+ | 葡萄球菌属 | *Staphylococcus* | 298 | 金黄色葡萄球菌 | *Staphylococcus aureus* | 41 |

## 2. 检出真菌列表

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **属** | | | **种** | | |
| **中文名** | **拉丁名** | **序列数** | **中文名** | **拉丁名** | **序列数** |
| 马拉色菌属 | *Malassezia* | 5 | 限制性马拉色菌 | *Malassezia restricta* | 4 |
| 隐球菌属 | *Cryptococcus* | 2 | 新型隐球菌 | *Cryptococcus neoformans* | 2 |
| 马拉色菌属 | *Malassezia* | 5 | 球型马拉色菌 | *Malassezia globosa* | 1 |

## 3. 检出DNA病毒列表

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **中文名** | **拉丁名** | **序列数** |
| 人疱疹病毒7型 | *Human betaherpesvirus 7* | 8 |
| 人多瘤病毒4型 | *Human polyomavirus 4* | 2 |

## 4. 检出寄生虫列表

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **属** | | | **种** | | |
| **中文名** | **拉丁名** | **序列数** | **中文名** | **拉丁名** | **序列数** |
| 未发现 |  |  |  |  |  |

## 5. 检出特殊病原体列表

**5.1 结核分枝杆菌复合群**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **种复合群** | | | **种** | | |
| **中文名** | **拉丁名** | **序列数** | **中文名** | **拉丁名** | **序列数** |
| 未发现 |  |  |  |  |  |

**5.2 非结核分枝杆菌（NTM）**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **属** | | | **种** | | |
| **中文名** | **拉丁名** | **序列数** | **中文名** | **拉丁名** | **序列数** |
| 未发现 |  |  |  |  |  |

**5.3 支原体/衣原体**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **属** | | | **种** | | |
| **中文名** | **拉丁名** | **序列数** | **中文名** | **拉丁名** | **序列数** |
| 支原体属 | *Mycoplasma* | 30 | 唾液支原体 | *Mycoplasma salivarium* | 27 |

## 6. 检出耐药基因列表

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **耐药基因** | **序列数** | **耐药家族** | **耐药机制** | **可能来源物种** |
|  |  |  |  |  |

## 7. 疑似背景微生物列表

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **类型\*** | **属** | | | **种** | | |
| **中文名** | **拉丁名** | **序列数** | **中文名** | **拉丁名** | **序列数** |
| G- | 普氏菌属 | *Prevotella* | 1600 | 中间普雷沃菌 | *Prevotella intermedia* | 1001 |
| - | 马拉色菌属 | *Malassezia* | 5 | 限制性马拉色菌 | *Malassezia restricta* | 4 |

**参数说明：**

**+**：疑似阳性； **±**：疑似弱阳性； **-**：疑似阴性

**类型：***G+*（革兰氏阳性菌）/ *G-*（革兰氏阴性菌）；

**序列数**：指在种属水平上检测到的该微生物的严格比对的序列数目。

**-** ：表示信息不祥；**\*** ：表示只翻译到属名。

## **I** 病原体解释

**惠普尔养障体（*Tropheryma whipplei*）**惠普尔养障体（Tropheryma whipplei）是一种革兰氏阳性杆菌，兼性需氧，属放线菌门养障体属，是外界环境中普遍存在的人类共生菌，可能通过粪口途径传播，是惠普尔病的病原体。惠普尔病是一种少见、慢性、复发性，累及多系统的全身感染性疾病，由美国病理学家George Hayt whiple在1907年首次报道。该病临床表现多样且无特异性，疾病早期出现感染症状，包括发热、咳嗽、关节炎和关节痛，晚期出现特征性腹泻，体重下降、肝脾肿大、腹水等；还会累及其它脏器，尤其心脏、中枢神经系统及眼部。

**金黄色葡萄球菌（*Staphylococcus aureus*）**金黄色葡萄球菌（Staphylococcus aureus）是一种革兰氏阳性球菌，在自然界中广泛存在，在人皮肤、粘膜、肠道、呼吸道、乳腺中也有寄生，可产生溶血毒素（外毒素）、杀白细胞毒素、肠毒素、血浆凝固酶、脱氧核糖核酸酶，是人类化脓性感染最常见的病原菌，可引起局部化脓性感染、肺炎、伪膜性肠炎、心包炎、败血症、脓毒症等。

**唾液支原体（*Mycoplasma salivarium*）**唾液支原体（Mycoplasma salivarium）是一种没有细胞壁的最小原核细胞型微生物，革兰染色为阴性。该支原体广泛存在于健康人的口腔中， 某些条件下与眼睛和耳部疾病，口腔感染，化脓性关节炎和牙周病有关。

**人疱疹病毒7型（*Human betaherpesvirus 7*）**人疱疹病毒7型（Human betaherpesvirus 7）是一种DNA病毒，玫瑰疱疹病毒属的一种，主要潜伏在外周血单核细胞和唾液腺中，目前还不能确定与某种疾病直接相关，在慢性疲劳综合征或移植患者等免疫力低下人群中常有检出，HHV-7感染症状可包括急性发热性呼吸道疾病，发烧，皮疹，呕吐，腹泻，淋巴细胞计数低和发热性惊厥等。

**新型隐球菌（*Cryptococcus neoformans*）**新型隐球菌（Cryptococcus neoformans）是一种广泛存在于自然界的无菌丝单细胞芽生酵母菌，按照荚膜多糖的抗原性差异，可分为格鲁比变种、新生变种及二者的杂合体，可见于鸽子排泄物、土壤和植物腐败物中，主要通过呼吸道、皮肤及消化道进入人体引起疾病，免疫功能低下人群易感，可表现为无症状性感染，皮肤感染，局部肺病或播散性病变，较易侵袭中枢神经系统引起脑膜脑炎，偶尔引起局灶性颅内肉芽肿

**人多瘤病毒4型（*Human polyomavirus 4*）**人多瘤病毒4型（Human polyomavirus 4）是一种双链DNA病毒，目前尚未表明该病毒与临床症状有明确联系，但有报道称该病毒可能在免疫缺陷患者中具有致病潜力。

**球型马拉色菌（*Malassezia globosa*）**球型马拉色菌（Malassezia globosa）是一种嗜脂性酵母，主要存在于人体皮脂腺丰富部位如胸、背、头、面和颈等部，条件致病菌，可引起花斑癣和脂溢性皮炎。

## **I** 结果说明

1. 检测结果列表中所列物种均是该样本本次检测中所检测到的微生物，以细菌、真菌、病毒、寄生虫、特殊病原体（包括结核分枝杆菌复合群、非结核分支杆菌、支原体/衣原体）以及耐药基因进行分类，分别按照检出序列数由高到低进行排序，排名靠前者，其相对含量较高。本结果仅作为专业研究人员及临床医生的参考依据，请结合其他临床检测结果综合判断。

2. 耐药基因与实际临床表型并不一定一致，报告检出的耐药基因仅供临床医生参考。可检测的耐药基因范围包括mecA、VanA、VanB、ESBLs、AmpC、碳青霉烯酶等耐药基因家族。

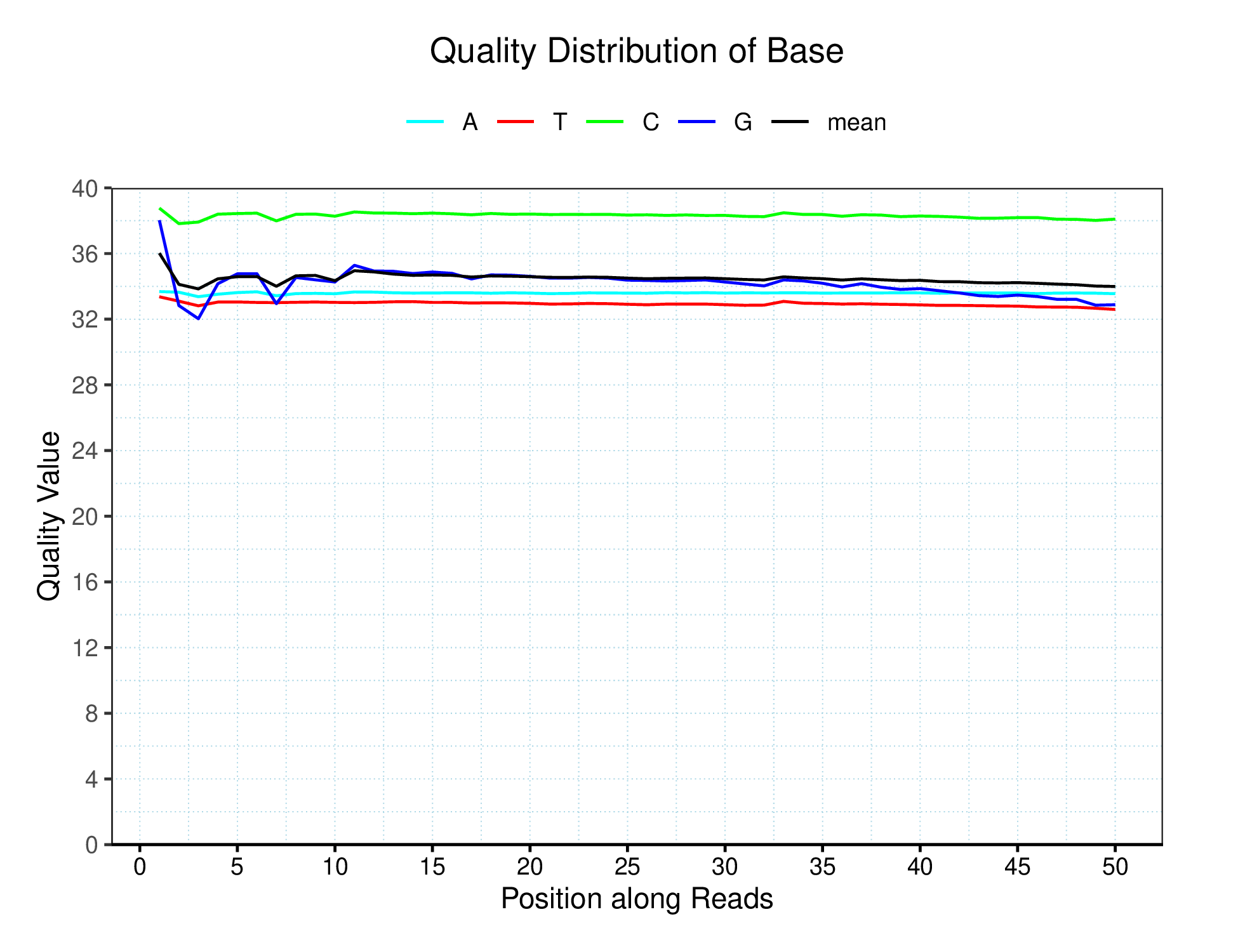
3. 疑似背景微生物列表为已经排除了实验室污染后检测出的其他所有微生物，其中可能包括：

* 样本采集过程中或分装过程中受到污染的环境微生物或其核酸；
* 样本采集容器本身带有的环境微生物或其核酸；
* 样本采集过程中受到污染的病人身上（皮肤、上呼吸道、口腔、肠道等） 的人体共生微生物；
* 样本采集过程中受到污染的采集或分装人员身上（皮肤、上呼吸道、口腔、肠道等）的人体共生微生物；
* 定植于病人特定身体部位的微生物；
* 有可能造成真正感染的病原微生物。

4. 列表中检测结果无法区别定植微生物与病原微生物。

## **I** 检测质控

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **总序列数** | **人类核酸过滤后序列数** | **非人类序列百分比** | **准确性** |
| 19523761 | 5854136 | 29.99% | 96.66% |









检测人： 审核人： 报告日期：2020-12-09

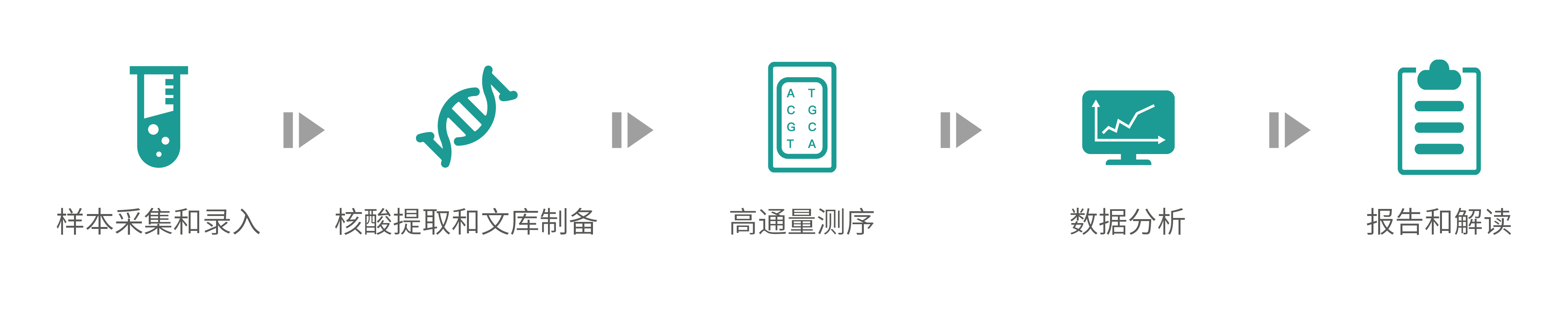
注：本报告仅供临床科研参考，本次检测仅对本样本负责。如有疑义请在收到报告后的 7 个工作日内与我们联系。

## **I** 检测方法学介绍

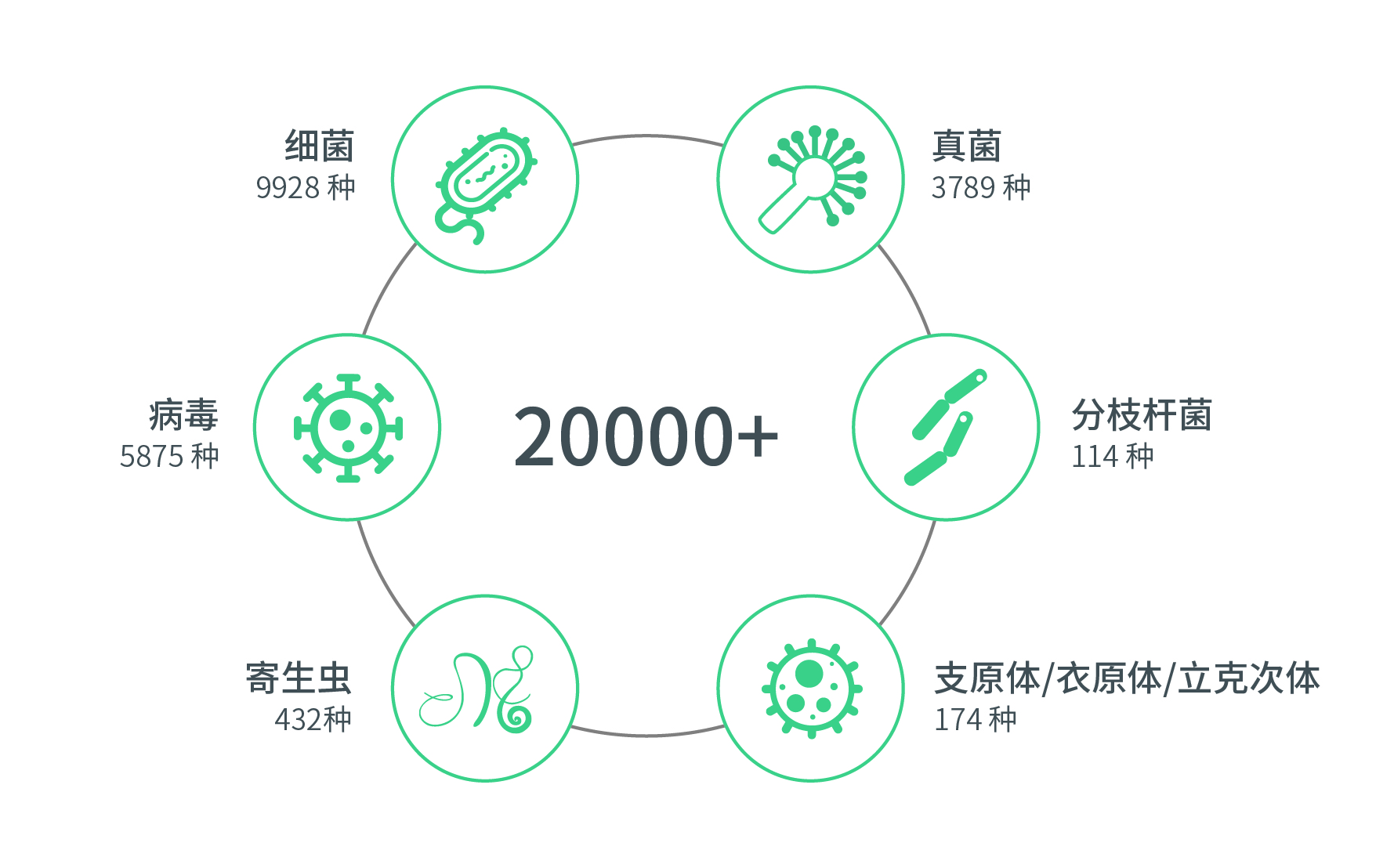
病原宏基因组学与宏转录组学检测方法是一种新的不依赖传统微生物培养而广泛分析临床样本中微生物组（细菌、真菌、病毒、寄生虫）的高通量测序方法。该技术通过高通量测序和智能化算法分析，可以获得疑似致病微生物的种属信息，无偏向性鉴定细菌、真菌、病毒和寄生虫等多种病原微生物。适用于不明原因发热、疑难危重以及免疫缺陷等感染患者，目前已有越来越多的用于脓毒症、脑膜炎、呼吸系统感染等方面的文章报道和专家共识。

本次检测基于高通量测序平台，鉴定样本中存在的可疑致病微生物，检测范围覆盖10445种细菌、1613种真菌、6809种病毒、和303种寄生虫及样本中存在的疑似耐药基因。检测通过提取临床样本中的核酸，构建测序文库，对文库进行高通量测序，再通过微生物专用数据库进行比对分析，经过智能化算法获得疑似致病微生物的种属信息，并对检测出的病原体进行解释说明，辅助临床诊疗决策。

## **I** 检测流程



## **I** 检测范围



## **I** 参考文献

1. Blauwkamp TA, Thair S, Rosen MJ, Blair L, Lindner MS, Vilfan ID, et al. Analytical and clinical validation of a microbial cell-free DNA sequencing test for infectious disease. Nat Microbiol 2019;4(4):663-674.
2. Bouza E, Burillo A, Munoz P, Guinea J, Marin M, Rodriguez-Creixems M. Mixed bloodstream infections involving bacteria and Candida spp. J Antimicrob Chemother 2013;68(8):1881-8.
3. Claus RA, Otto GP, Deigner HP, Bauer M. Approaching clinical reality: markers for monitoring systemic inflammation and sepsis. Curr Mol Med 2010;10(2):227-35.
4. Decker SO, Sigl A, Grumaz C, Stevens P, Vainshtein Y, Zimmermann S, et al. Immune-Response Patterns and Next Generation Sequencing Diagnostics for the Detection of Mycoses in Patients with Septic Shock-Results of a Combined Clinical and Experimental Investigation. Int J Mol Sci 2017;18(8).
5. Grumaz S, Stevens P, Grumaz C, Decker SO, Weigand MA, Hofer S, et al. Next-generation sequencing diagnostics of bacteremia in septic patients. Genome Med 2016;8(1):73.
6. Guerrero-Latorre L, Romero B, Bonifaz E, Timoneda N, Rusinol M, Girones R, et al. Quito's virome: Metagenomic analysis of viral diversity in urban streams of Ecuador's capital city. Sci Total Environ 2018;645:1334-1343.
7. Manish Boolchandani, Alaric W. D’Souza&Gautam Dantas. Sequencing-based methods and resources to study antimicrobial resistance. Nature Reviews Genetics 2019; 20:356–370.
8. Jia et al. 2017. CARD 2017: expansion and model-centric curation of the Comprehensive Antibiotic Resistance Database. Nucleic Acids Research, 45, D566-573.
9. Centers for Disease Control and Prevention, https://www.cdc.gov
10. European Centre for Disease Prevention and Control, https://ecdc.europa.eu/
11. NCBI Pathogen Detection, https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pathogens/
12. PHI-base :: Pathogen Host Interactions, http://www.phi-base.org



**K.O Infections**

**南京诺因生物科技有限公司**

江苏省南京市江北新区生物医药谷中丹科技园 A 座 18 层

marketing@knoindx.com

1597119569(1)

www.knoindx.com