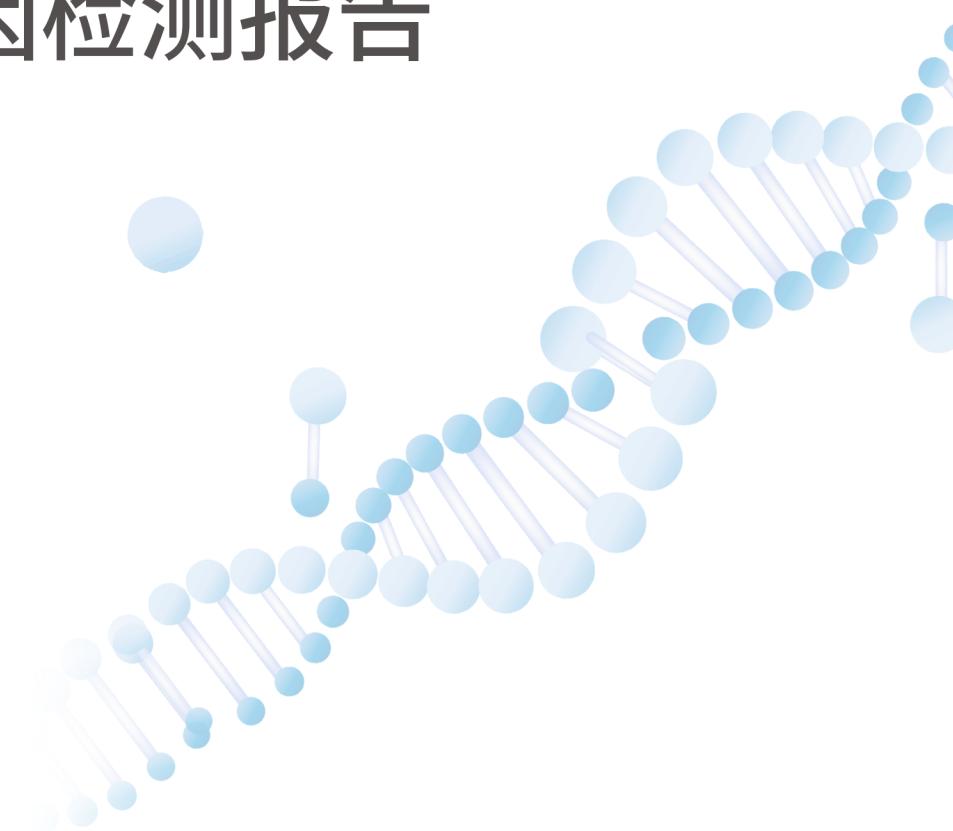


# PGseq 病原微生物高通量 基因检测报告



姓 名: 郭雪英

报告编号: CPD02997

报告类型: 尿液

## 基本信息

受检者与样本信息		
姓名：郭雪英	性别：女	年龄：71
住院号：	床号：	电话：
送检医院：茂名市人民医院	科室：ICU	医生：
样本类型：尿液	样本编号：CPD02997	报告日期：2022-04-13
检测项目		
检测项目	DNA	

## 检测结果概览

DNA检查结果	
细菌	金黄葡萄球菌(Staphylococcus aureu,球菌,序列数：567)
真菌	-
DNA病毒	-
支原体/衣原体	-
结核分枝杆菌	-
寄生虫	-
疑似人体微生态菌落列表	
未检出人体微生态菌落	

## 详细列表

### 细菌检测列表

属名	种名	序列数 (种/属)	置信度	覆盖	相对丰度
葡萄球菌属 (Staphylococcus)	金黄葡萄球菌 (Staphylococcus aureu)	567 / 4178	93	0.05 %	0.12

### 真菌检测列表

属名	种名	序列数 (种/属)	置信度	覆盖	相对丰度
未检出具有临床意义的病原体					

### DNA病毒检测列表

属名	种名	序列数 (种/属)	置信度	覆盖	相对丰度
未检出具有临床意义的病原体					

### 支原体/衣原体检测列表

属名	种名	序列数 (种/属)	置信度	覆盖	相对丰度
未检出具有临床意义的病原体					

### 分枝杆菌检测列表

属名	种名	序列数 (种/属)	置信度	覆盖	相对丰度
未检出具有临床意义的病原体					

### 寄生虫检测列表

属名	种名	序列数 (种/属)	置信度	覆盖	相对丰度
未检出具有临床意义的病原体					

### 疑似人体微生态菌落列表

属名	种名	序列数 (种/属)	置信度	覆盖	相对丰度
未检出人体微生态菌落					

### 检测病原微生物描述

1.金黄葡萄球菌(*Staphylococcus aureu*):

详情解析

用药建议:

lalalafgvuiiouiuoiuiouioioui

### 疑似人体微生态描述

未检出人体微生态菌落

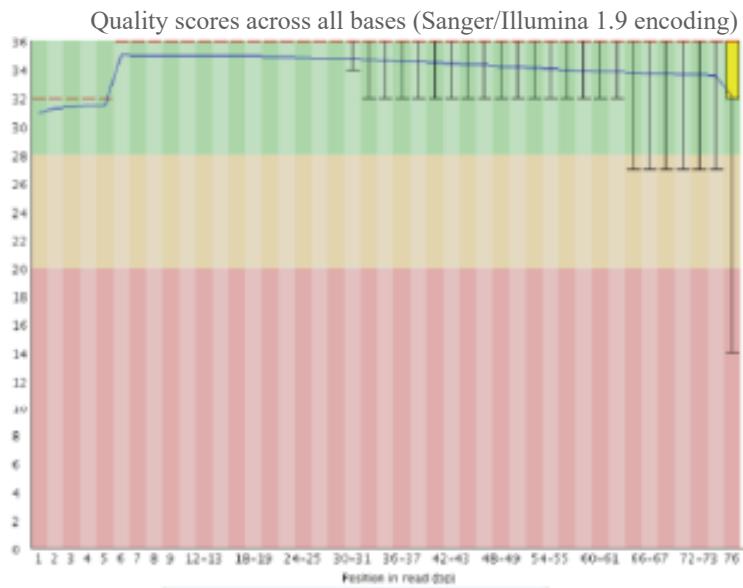
### 耐药基因检测列表

基因	对比一致性	序列	抗生素	常见菌种
未检出耐药基因				

注：参考数据库CARD、ARDB和UNIPROT；痰液、粪便样本中较易检出。耐药表型与耐药基因间存在一定程度的差异，检测结果仅供临床参考。

## 质控信息

测序总数据量（条）	去人源后序列数（条）	Q20 (%)	宿主基因组匹配率 (%)
32405702	1334337	96.45	95.88%



以上图表说明此次检测测序数据质量合格。

注：

1. G+b代表革兰氏阳性杆菌；G-b代表革兰氏阴性杆菌；G+c代表革兰氏阳性球菌；G-c代表革兰氏阴性球菌；序列数代表本次实验共检测到的read数。
- 2.对于免疫力低下/缺陷的患者，请关注微生态列表，建议综合考虑临床及其它检测结果进行确诊。
- 3.本报告内容仅供专业的研究人员及临床医生参考，不作为临床确诊的唯一依据。
- 4.序列数（种/属）：指高通量测序检测到的特异性种和属的reads数。
- 5.置信度：通过样本测序数、检出序列数、微生物基因组大小、覆盖度、质控情况等多个维度综合分析得出，体现了该微生物致病的可能性。
- 6.覆盖率：指检出序列覆盖到的基因组长度占物种基因组总长度的比例。
- 7.相对丰度：将病原微生物分为细菌、真菌、病毒和寄生虫四类，相对丰度表示该病原微生物在相对分类中基因组相对的比例。

检测者：

审核者：

报告时间：

## 附录

### ● 检测方法学介绍

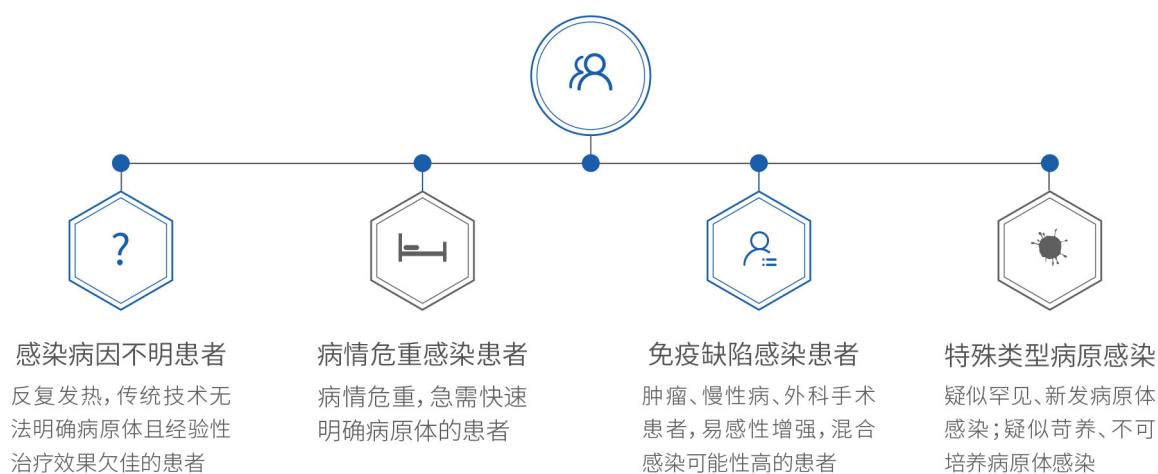
病原学的精准诊断对感染性疾病的诊断非常重要。宏基因组学第二代测序技术检测具有无偏倚性、广覆盖、快速等优点，能覆盖更广范围的病原体。基于二代高通量测序平台，检测样本中的全部核酸序列，通过智能化算法获得致病微生物的种属信息，最终精准诊断感染性疾病的病原体。帮助医生和患者快速明确感染病因，辅助临床医生制定精准诊疗方案和靶向用药指导。

### ● 检测流程



### ● 适应症

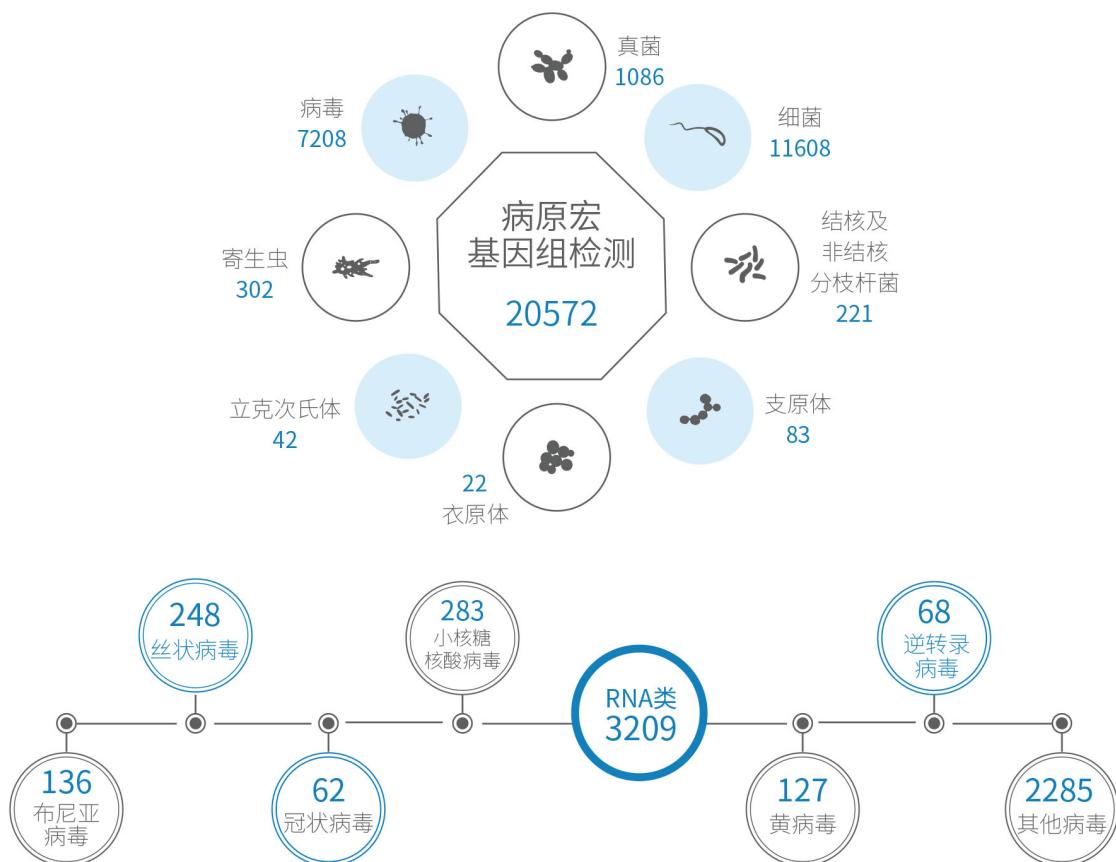
采用多组学联合分析、宿主和病原体联合分析策略，拥有完整的病原体数据库。涵盖呼吸科、感染科、ICU、儿科、消化科等临床科室。尤其适用于呼吸系统、中枢神经系统和血液系统等发生的感染。



## ● 病原微生物检测范围

基于二代高通量测序平台，检测样本中的全部核酸序列，通过智能化算法获得致病微生物的种属信息，最终精准诊断感染性疾病的病原体。

病原微生物宏基因检测具有无偏倚性、广覆盖、快速等优点，可以帮助医生和患者快速明确感染病因，辅助临床医生制定精准诊疗方案和靶向用药指导。



## ● 检测优势

### 病原数据库覆盖广泛 01

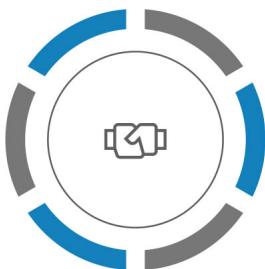
一次检测可覆盖常见、苛养以及无法培养的病原微生物

### 快速出具临床报告 03

收到样本后24h出具报告

### 多组学联合分析 05

采用多组学联合分析、宿主和病原体联合分析策略



### 分析实力雄厚 02

通过多维度变量分析，可取得更高的检测阳性率和临床符合率

### 病原数据库覆盖广泛 04

深耕科研服务，已完成数篇高分SCI文章转化

### 病原数据库覆盖广泛 06

专业的科研服务团队、生信分析团队完成个性化定制分析服务

## 声明

1. 本报告检测结果只对本次送检样本负责，结果仅供临床参考，不作为临床确诊的依据，需结合患者情况进行综合诊治。
2. 若对本次检测结果存在异议，请于出具报告后七个工作日内与我们联系。
3. 本检测方法具有其自身技术局限性和检测范围局限性，结果为阴性不能完全排除病原微生物感染，需结合临床综合判断。
4. 检测结果中所列为本次送检样本二代测序和生物信息学分析所得的结果，不排除存在感染而未列出的可能情况。
5. 本报告检测结果为阴性，并不代表该样本中一定不存在病原微生物，其可能的原因包括但不限于：
  - ① 被检病原微生物浓度低于本方法的最低检测限；
  - ② 由于采样的因素未采集到致病的病原微生物；
  - ③ 被检病原体基因组序列未在本方法数据库中收录。
6. 本报告中检出的疑似病原菌，一般为人体的正常菌群，检测结果仅供参考，具体致病性需结合医生结合患者情况综合判断，检出疑似病原菌的原因包括但不限于：
  - ① 样本采集部位包含人类常见定植菌，如皮肤、呼吸道、胃肠道等部位；
  - ② 样本采集或检测过程中受到环境病原体的污染；
  - ③ 由于菌群失调，定植菌引起的人体感染。
7. 本检测报告涂改无效，内容缺损无效，需操作人和审核者同时签字，并需加盖报告专用章。否则视为报告无效。
8. 本次检测仅对本样品负责，如有疑义请在收到报告后7个工作日内与我们联系。
9. 本公司保留对本报告检测结果的最终解释权。

## 参考文献

1. Dulanto C A, Dekker J P. From the Pipeline to the Bedside: Advances and Challenges in Clinical Metagenomics[J]. *J Infect Dis*, 2020,221(Suppl 3):S331-S340.
2. Miller S, Naccache S N, Samayoa E, et al. Laboratory validation of a clinical metagenomic sequencing assay for pathogen detection in cerebrospinal fluid[J]. *Genome Res*, 2019,29(5):831-842.
3. Wilson M R, Sample H A, Zorn K C, et al. Clinical Metagenomic Sequencing for Diagnosis of Meningitis and Encephalitis[J]. *N Engl J Med*, 2019,380(24):2327-2340.
4. Wang S, Chen Y, Wang D, et al. The Feasibility of Metagenomic Next-Generation Sequencing to Identify Pathogens Causing Tuberculous Meningitis in Cerebrospinal Fluid[J]. *Front Microbiol*, 2019,10:1993.
5. Gu W, Miller S, Chiu C Y. Clinical Metagenomic Next-Generation Sequencing for Pathogen Detection[J]. *Annu Rev Pathol*, 2019,14:319-338.
6. Xie Y, Du J, Jin W, et al. Next generation sequencing for diagnosis of severe pneumonia: China, 2010-2018[J]. *J Infect*, 2019,78(2):158-169.
7. Simner P J, Miller S, Carroll K C. Understanding the Promises and Hurdles of Metagenomic Next-Generation Sequencing as a Diagnostic Tool for Infectious Diseases[J]. *Clin Infect Dis*, 2018,66(5):778-788.



## 广东盘古医学科技有限公司



- 📞 电话: 020-39189137 18988910572
- ✉ 邮箱: tss@pangumedical.com
- 🌐 网址: <https://pangumd.com/>
- 📍 地址: 广州大学城健康产业孵化基地218-2室