



## PMseq病原微生物高通量基因检测报告单

姓 名	李良英
样本编号	20S7159742
样本类型	肺泡灌洗液
检测项目	PMseq-DNA 呼吸系统感染病原微生物高通量基因检测
送检单位	南通第六人民医院

姓名：李良英

采样日期：2021-01-05

样本编号：20S7159742

## 基本信息

受检者信息			
姓名：李良英	性别：女	年龄：55 岁	
住院号：-	床号：-	原样本编号：-	
临床信息			
临床表现：胸椎锥体及附件多发骨性骨质破坏，肺部阴影			
临床检测			
血 WBC：-	脑脊液 WBC：-	胸腹水 WBC：-	CRP：-
PCT：-	培养结果：-	鉴定结果：-	镜检结果：-
临床诊断：胸椎锥体及附件多发骨转移？两肺广泛间质炎症改变，左肺下叶伴内结节，提示脂肪肝			
重点关注病原：真菌，细菌，分枝杆菌，支原体/衣原体，寄生虫，病毒			
抗感染用药：-			
样本信息			
送检单位：南通第六人民医院	送检科室：呼吸内科	送检医师：陈主任	
采样日期：2021-01-05	收样日期：2021-01-06 16:03	报告日期：2021-01-07 23:20	
样本编号：20S7159742	样本类型：肺泡灌洗液	样本体积：-	
产品编号：DX1826	产品名称：PMseq-DNA 呼吸系统感染病原微生物高通量基因检测		

姓名：李良英

采样日期：2021-01-05

样本编号：20S7159742

## 检测结果

### 1、检出细菌列表

类型 <sup>a</sup>	属			种		
	中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>	中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>

未发现

类型<sup>a</sup>：G<sup>+</sup>（革兰氏阳性菌）/G<sup>-</sup>（革兰氏阴性菌）

检出序列数<sup>b</sup>：指在属/种水平上检测到的该微生物的严格比对的序列数目。

-：表示信息不详；\*：表示只翻译到属名。

### 2、检出真菌列表

属			种		
中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>	中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>
曲霉属	<i>Aspergillus</i>	11	土曲霉	<i>Aspergillus terreus</i>	8

### 3、检出 DNA 病毒列表

类型 <sup>c</sup>	种			型/亚型		
	中文名	英文名	检出序列数 <sup>b</sup>	中文名	英文名	检出序列数 <sup>b</sup>

未发现

类型<sup>c</sup>：ssDNA: 单链 DNA 病毒，dsDNA: 双链 DNA 病毒，-: 表示信息不详

### 4、检出寄生虫列表

姓名：李良英

采样日期：2021-01-05

样本编号：20S7159742

属			种		
中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>	中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>
未发现					

## 5、检出结核分枝杆菌复合群列表

种复合群			种		
中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>	中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>
未发现					

## 6、检出支原体/衣原体/立克次体列表

属			种		
中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>	中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>
未发现					

姓名：李良英

采样日期：2021-01-05

样本编号：20S7159742

## 检测内容

对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，可检测范围包括基因组序列已知的 6350 种细菌 (其中包括 133 种分枝杆菌和 122 种支原体/衣原体/立克次体)、1798 种 DNA 病毒、1064 种真菌和 234 种寄生虫。本检测报告提供样本中可检出的所有具有有效数据的微生物，通过报告解读协助临床医师进行分析判断。

## 检测方法

采用高通量测序技术，对样本中微生物核酸序列进行分析，通过与数据库中已有微生物的核酸序列进行比对，从而对微生物进行鉴定。高通量测序检测过程包括：核酸提取、文库构建、测序、信息分析、报告解读等。

## 检测结果说明

- 1、以上检测结果仅供临床参考，不能作为最终诊断结果；
- 2、本报告结果只对本次送检的样本负责，报告相关解释须咨询临床医生；
- 3、低于检测限的微生物不能保证可以检出。检测未报告特定微生物，并不能排除受检者感染某种病原微生物的可能性，如处于检测范围之外的微生物所造成的感染。

检测者：



审核者：



报告日期：2021-01-07 23:20



## 附录

### 样本测序数据及病原理论灵敏度

检出总序列数	样本单位体积人 (6GB) 细胞含量 (cells /mL)	细菌 (4MB) 理论灵敏度 (copies/mL)	真菌 (100MB) 理论灵敏度 (copies/mL)	病毒 (10KB) 理论灵敏度 (copies/mL)	寄生虫 (1GB) 理论灵敏度 (copies/mL)	内参检出 (是/否)
23,357,536	1.40E+06	9.20E+01	4.00E+00	3.70E+04	1.00E+00	是

#### 注释：

**检出总序列数：**指经高通量测序方法检测得到的核酸序列总数。

**样本单位体积人细胞含量 (cells/mL)：**指经人源基因组 DNA 定量检测得到的人源细胞数量理论值。

**理论灵敏度：**指检测到病原微生物 1 条序列即判定为阳性检出时，所需单位体积内的微生物个数。

病原微生物个数 = (样本单位体积人细胞含量 X 人基因组碱基数) / (检出总序列数 X 微生物基因组碱基数)。

本报告中，人基因组 (二倍体) 碱基数为 6GB；假定细菌基因组大小为 4MB，真菌基因组大小为 100MB，病毒基因组大小为 10KB，寄生虫基因组大小为 1GB。注：各病原基因组取病原微生物公共数据库常见病原大小，非病原本身基因组实际大小。

本表格展示数据仅为本次检测中该样本的理论值，灵敏度取值大于等于 1。

**检测敏感性说明：**检测敏感性与检测总序列数呈正相关，与样本单位体积人细胞含量呈负相关。由于物种中间存在序列同源性，因此实际敏感性略低于理论敏感性。

**内参：**加入样本中的质控序列 (送检样本类型为提取后的 DNA 时除外)。

### 结果列表说明

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、病毒、真菌、寄生虫、结核分枝杆菌复合群、支原体、衣原体和立克次体进行分类，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。请医生结合患者临床情况作具体判断。现将表中所列物种的致病信息作以简介 (若检测列表结果均为未发现，下方为空)：

**土曲霉 (*Aspergillus terreus*)：**该菌是腐生真菌，在热带及亚热带等温暖气候地区比较流行，主要发现于土壤中，后在分解的植被及灰尘等环境中也有发现，能够产生临床有关的次生代谢产物——他汀，也能产生对人类和其他动物有害的真菌毒素，是条件致病真菌，可引起内源性眼内炎等多种疾病<sup>[1]</sup>。

姓名：李良英

采样日期：2021-01-05

样本编号：20S7159742

(疑似呼吸道定植菌列表详见下表，不排除该列表内物种引起感染的可能。)

姓名：李良英

采样日期：2021-01-05

样本编号：20S7159742

## 检出疑似呼吸道定植菌列表

类型 <sup>a</sup>	属			种		
	中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>	中文名	拉丁文名	检出序列数 <sup>b</sup>
细菌	未发现					
病毒	未发现					
真菌	未发现					
寄生虫	未发现					

类型<sup>a</sup>： $G^+$ （革兰氏阳性菌）/ $G^-$ （革兰氏阴性菌）

检出序列数<sup>b</sup>：指在属/种水平上检测到的该微生物的严格比对的序列数目。

-：表示信息不详；\*：表示只翻译到属名。

## 参考文献

1. PMID: 25230968. Panigrahi PK, Roy R et al. Aspergillus terreus endogenous endophthalmitis: report of a case and review of literature. Indian J Ophthalmol. 2014 Aug;62(8):887-9.