



## PMseq病原微生物DNA高通量基因检测报告单

姓 名	李良英
样本编号	20S7204108
样本类型	肺泡灌洗液
检测项目	PMseq-DNA
送检单位	南通大学附属医院

姓名：李良英

采样日期：2021-12-20

样本编号：20S7204108

**基本信息**

受检者信息			
姓名：李良英	性别：女	年龄：56	
住院号：10078667	床号：-	原样本编号：-	
临床信息			
临床表现：肺部感染			
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：肺部感染			
重点关注病原：全部			
抗感染用药：-			
样本信息			
送检单位：南通大学附属医院	送检科室：呼吸重症	送检医师：张医生	
采样日期：2021-12-20	收样日期：2021-12-21	报告日期：2021-12-22 17:15	
样本编号：20S7204108	样本类型：肺泡灌洗液	样本体积：-	

姓名：李良英

采样日期：2021-12-20

样本编号：20S7204108

## 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>
G <sup>-</sup>	嗜血杆菌属	<i>Haemophilus</i>	87	流感嗜血杆菌	<i>Haemophilus influenzae</i>	15

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>
念珠菌属	<i>Candida</i>	49	白色念珠菌	<i>Candida albicans</i>	40

### 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：2021-12-20

样本编号：20S7204108

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					

## 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。

操作者：

洪志

审核者：

吕秀萍

报告日期：



2021-12-22 17:15

## 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)
82,086,022	8.2E+06	1.5E+02	6.0E+00	6.1E+04	1.0E+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）：

**流感嗜血杆菌(*Haemophilus influenzae*)：**该菌能够高度适应人类宿主，常存在于鼻咽部，血清型b型的致病力最强；主要通过呼吸道传播途径在人与人之间传播，也可通过孕

妇产道感染，可引起肺炎<sup>[1]</sup>、脑膜炎<sup>[2]</sup>及败血症<sup>[3]</sup>等。

**白色念珠菌(*Candida albicans*)**：该菌亦称为白假丝酵母菌，广泛分布于自然界，存在于正常人口腔、上呼吸道、肠道及阴道中，一般数量很少不引起疾病，特定条件下可感染人类引起一系列疾病，是一种重要的条件致病真菌<sup>[4]</sup>。

（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。）

## 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>
G <sup>-</sup>	普雷沃菌属	<i>Prevotella</i>	1177	栖牙普雷沃菌	<i>Prevotella denti-</i> <i>cola</i>	550
G <sup>+</sup>	链球菌属	<i>Streptococcus</i>	342	咽峡炎链球菌	<i>Streptococcus</i> <i>anginosus</i>	205
G <sup>+</sup>	放线菌属	<i>Actinomyces</i>	129	口腔放线菌	<i>Actinomyces oris</i>	42
G <sup>-</sup>	韦荣球菌属	<i>Veillonella</i>	72	小韦荣球菌	<i>Veillonella parvu-</i> <i>la</i>	54
G <sup>-</sup>	卟啉单胞菌属	<i>Porphyromonas</i>	52	牙髓卟啉单胞菌	<i>Porphyromonas</i> <i>endodontalis</i>	44
病毒	未发现					
真菌	未发现					
寄生虫	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。

## 参考文献

- PMID: 3321545. D J Barnes, et al. Haemophilus influenzae pneumonia in Melanesian adults: report of 15 cases. Thorax. Nov 1987; 42(11): 889-891.
- PMID: 22553448. Amin Kabani, et al. Meningitis due to ampicillin-and chloramphenicol-resistant Haemophilus influenzae type b in Canada. Case report and review. Can J Infect Dis. 1990 Autumn; 1(3): 92-96.
- PMID: 19926730. Warren S et al. Maternal and neonatal sepsis caused by Haemophilus influenzae type d. J Med Microbiol. 2010 Mar;59(Pt 3):370-2.



4. PMID: 25914847. Behzadi P, Behzadi E et al. Urinary tract infections and Candida albicans. Cent European J Urol. 2015;68(1):96-101.