



MATRIDX
杰毅生物

Q-mNGS™

定量宏基因组检测报告

患者姓名：周本健

样本编号：XU6ZRWB4

上海贞固医学检验实验室

一、送检信息

患者信息

姓名：周本健

性别：男

年龄：50 岁

检测项目：DNA 测序

样本信息

样本编号：XU6ZRWB4

送检单位：广州医科大学附属第一医院

样本类型：肺泡灌洗液

送检医师：李少强

样本体积：5ml

送检科室：呼吸一区

接收日期：2020-09-03

报告日期：2020-09-04

二、检测结果

结果综述

Q-mNGS™ 检出微生物

奶牛乳房炎性诺卡氏菌，总状横梗霉，灰色小克银汉霉

Q-mNGS™ 检测结果供参考，建议结合患者症状和其它临床检测进一步确认感染情况。

人源背景

Host index (人源指数)	Host index 在同类样本中的分布
32364.58, 高于 62.57% 的同类样本	

通过内标分子的测定值，计算样本人源核酸背景（数值越高，样本人源背景越高）。

详细结果列表

1. 细菌 (Bacteria)

属 (Genus)				种 (Species)		
类型	名称	序列数	相对丰度%	名称	序列数	相对丰度%
G+	诺卡菌属 <i>Nocardia</i>	1	0.20	奶牛乳房炎性诺卡氏菌 <i>Nocardia cyriacigeorgica</i>	1	0.20
Q index (校正人源背景后该微生物的含量)				Q index 在同类样本中的分布		

7479.58, 高于 6.93%的同类样本



2. 分枝杆菌 (Mycobacteria)

属 (Genus)			种 (Species)		
名称	序列数	相对丰度%	名称	序列数	相对丰度%
未检出					

3. 支原体/衣原体/立克次体 (Mycoplasma/Chlamydia/Rickettsia)

属 (Genus)			种 (Species)		
名称	序列数	相对丰度%	名称	序列数	相对丰度%
未检出					

4. 真菌 (Fungi)

属 (Genus)			种 (Species)		
名称	序列数	相对丰度%	名称	序列数	相对丰度%
横梗霉属 <i>Lichtheimia</i>	264	53.77	总状横梗霉 <i>Lichtheimia ramosa</i>	260	52.95
Q index (校正人源背景后该微生物的含量)			Q index 在同类样本中的分布		
--			--		
小克银汉霉属 <i>Cunninghamella</i>	4	0.82	灰色小克银汉霉 <i>Cunninghamella bertholletiae</i>	4	0.82
Q index (校正人源背景后该微生物的含量)			Q index 在同类样本中的分布		

--	--
----	----

5. DNA 病毒 (DNA viruses)

属 (Genus)			种 (Species) / 亚型 (Subtype)		
名称	序列数	相对丰度%	名称	序列数	相对丰度%
未检出					

6. RNA 病毒 (RNA viruses)

属 (Genus)			种 (Species) / 亚型 (Subtype)		
名称	序列数	相对丰度%	名称	序列数	相对丰度%
未进行 RNA 测序流程					

7. 寄生虫 (Parasites)

属 (Genus)			种 (Species)		
名称	序列数	相对丰度%	名称	序列数	相对丰度%
未检出					

8. 疑似人体共生微生物群 (Probable normal flora)

属 (Genus)				种 (Species)		
类型	名称	序列数	相对丰度%	名称	序列数	相对丰度%
G-	卟啉单胞菌属 <i>Porphyromonas</i>	31	6.31	牙龈卟啉单胞菌 <i>Porphyromonas gingivalis</i>	30	6.11
G+	葡萄球菌属 <i>Staphylococcus</i>	25	5.09	表皮葡萄球菌 <i>Staphylococcus</i>	24	4.89

				<i>epidermidis</i>		
G+	链球菌属 <i>Streptococcus</i>	21	4.28	唾液链球菌 <i>Streptococcus salivarius</i>	8	1.63
G+	丙酸杆菌属 <i>Cutibacterium</i>	7	1.43	痤疮丙酸杆菌 <i>Cutibacterium acnes</i>	6	1.22
G+	厌氧球菌属 <i>Anaerococcus</i>	3	0.61	八叠厌氧球菌 <i>Anaerococcus octavius</i>	3	0.61
G-	嗜血杆菌属 <i>Haemophilus</i>	2	0.41	副流感嗜血杆菌 <i>Haemophilus parainfluenzae</i>	2	0.41
G-	梭杆菌属 <i>Fusobacterium</i>	1	0.20	具核梭杆菌 <i>Fusobacterium nucleatum</i>	1	0.20

9. 耐药基因 (Antibiotic resistance genes)

检出耐药基因	耐药家族	涉及的主要机制	可能来源物种
未检出			

耐药基因检测结果解释

--

微生物检测结果解释

1. **奶牛乳房炎性诺卡氏菌**: 该菌是一种革兰氏阳性菌, 广泛存在于土壤中, 不属于人体正常菌群, 一般不呈内源性感染, 可导致人和奶牛的诺卡氏菌病, 免疫低下人群易感, 带菌的灰尘、土壤或食物通过呼吸道、皮肤或消化道进入人体, 局限于某一器官或组织, 或经血循环散播至脑、肾或其他器官, 引起皮肤、皮下和肺部、脑部、肾脏的急、慢性化脓性疾病[1]。

2. **总状横梗霉**: 毛霉目横梗霉属的一种真菌, 可导致毛霉菌病, 其特征为菌丝侵犯血管, 引起血栓形成及坏死, 产生鼻、脑、消化道及呼吸道等处病变[2]。

3. 灰色小克银汉霉:一种毛霉目的真菌, 分布于土壤、粪、腐烂植物中, 主要为腐生, 属机会性致病真菌, 可引起免疫受损人群的鼻、脑、肺、胃肠道、皮肤和播散性毛霉菌病, 在毛霉菌引起感染中死亡率较高[3]。

参考文献

[1]Kutlu M, Ergin C, Bir F, et al. *Pulmonary Mucormycosis due to Lichtheimia ramosain a Patient with HIV Infection*[J]. Mycopathologia, 2014, 178 (1-2) :111-115.

[2]Trastoy R , Manso T , X García, et al. *Pulmonary co-infection due to Nocardia cyriacigeorgica and Aspergillus fumigatus*[J]. Revista espanola de quimioterapia: publicacion oficial de la Sociedad Espanola de Quimioterapia, 2017, 30(2).

[3]Hirano T , Yamada M , Sato K , et al. *Invasive pulmonary mucormycosis: rare presentation with pulmonary eosinophilia*[J]. BMC Pulmonary Medicine, 2017, 17(1).

临床诊疗指南/专家共识

--

Host index, Q index 说明

- (1) Host index: 通过内标分子的测定值, 计算样本人源核酸背景(数值越高, 人源背景越高)。人源指数越高, 微生物检测灵敏度越低。
- (2) Q index: 根据样本人源核酸比例对序列数值进行校正后的定量数值, 该数值反应病原微生物的真实含量, 该数值可以在不同样本之间进行定量比较。

报告单术语说明

- (1) 序列数: 通过高通量测序和生物信息学分析, 可以唯一比对到某微生物属或种的特异性序列数目。
- (2) 相对丰度: 某微生物属或种在整个标本中检测到的微生物中所占的比例, 丰度越高表示其所占的比例越高。

疑似人体共生微生物群说明

- (1) 来自人体皮肤、口腔、呼吸道、肠道等开放部位的共生、定植微生物;

(2) 不排除疑似人体共生微生物中含有导致受检者患病的致病微生物。

耐药基因检测说明

- (1) 本检测内容通过比对测序片段与已知耐药基因的序列相似性，判断耐药基因是否存在，预测外排、修饰、失活、阻遏等耐药基因引发的耐药；
- (2) 本检测不对核苷酸突变引发的耐药进行预测；
- (3) 检出耐药基因：CARD 数据库记录的耐药性状相关基因。本检测内容里仅报道外排、修饰、失活、阻遏等耐药活性的功能基因，不包含突变引发的通路及靶标改变；
- (4) 耐药家族：CARD 数据库（Comprehensive Antibiotic Resistance Database）记录并整理的耐药类别。
- (5) 耐药基因与实际表型可能不完全一致，结果仅供参考。

二、检测方法介绍

Q-mNGS™定量宏基因组检测通过对生物样本中提取的核酸进行高通量测序，利用生物信息学进行比对分析，获取样本中包含的微生物种类和丰度信息，检测全面覆盖 16000 余种病原体，包括细菌、真菌、病毒和寄生虫等多种病原微生物。基于 Illumina 测序平台和 PCR-free 建库技术，避免 PCR 引入的扩增偏向性和气溶胶污染，同时优化核酸提取，解决真菌和分支杆菌难破壁、检出率低等问题，在疑难危重感染病例中有很高的临床应用价值。Q-mNGS™通过在样本中加入人工合成的标签序列，定量检测样本中的人源核酸的比例与病原微生物的含量。人源指数（Host index，反应人源核酸含量的高低）与 Q 指数（Q index，反应病原微生物含量的高低）可以在不同样本之间进行直接比较，协助临床医生：1. 明确或排除感染因素；2. 监控抗感染治疗效果；3. 更好的判断条件致病微生物的定植/感染。

检测流程



检测范围



检测的局限性

本检测非临床常规项目，目前主要用于辅助临床诊断，仅供临床参考，患者诊治需临床医师结合各方面情况综合判断。本检测报告不包括国家法定的甲类、乙类传染病。取样不当、标签脱落或运输不当造成样本耗损或难以辨识造成无法检测，有可能需要重新采样。本检测未报告的微生物不代表样本中一定不存在，其原因包括但不限于：

- (1) 样本中病原体浓度过低/人源核酸比例过高；

(2) 微生物基因组序列未被数据库收录。

临床研究表明，耐药基因与实际表型可能不完全一致，报告中的耐药基因检测结果仅供参考。抗感染药物的使用可能导致样本中微生物含量的降低，影响检出率。若在采样前已使用抗感染药物，须与临床医师沟通，否则可能导致检测失败。鉴于检测技术的局限以及受检者的个体差异等因素，在医院和检测机构严格履行工作职责和操作规范的前提下仍然存在无法检出和检测失败的可能。

免责声明：

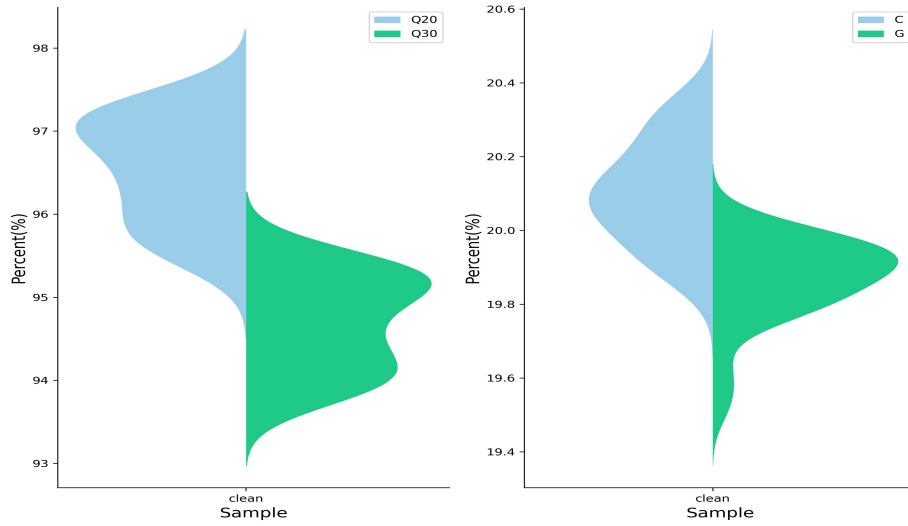
本检测结果仅对本次送检样本负责。因受检者知晓该结果可能带来的精神压力和心理负担，检测机构不承担连带责任。



欢迎扫码关注杰毅生物

检验人：俞菊娣 审核人：吴雪琴 报告日期：2020-09-04

附录：测序质量



注：上图分别表示 clean reads 碱基质量及 GC 含量分布情况。左图中蓝色表示 Q20 的分布情况，绿色表示 Q30 分布情况。右图蓝色表示 C 碱基含量的分布情况，绿色表示 G 碱基含量的分布情况。