

附录 1：多重 PCR 扩增 tNGS 报告单模板

病原微生物靶向测序检测报告单（示例）

基本信息情况						
受检者信息	姓名：		性别：		年龄：	
	住院号/门诊号：				床号：	
	其他检查结果：		重点关注：		近期使用抗感染药物：	
	临床诊断：					
样本信息	样本条码：		实验编号：		样本类型：	肺泡灌洗液
	采样日期：		接收日期：		医院条码/识别码：	
送检方信息	送检医院：		送检科室：		送检医生：	
检测方法	多重PCR靶向测序技术					

病原微生物检测结果

类型	属名	微生物名称	均一化序列数	阳性判断值	覆盖度	特异性序列长度	解释	病原微生物致病性
1.特殊病原体列表(分枝杆菌、支原体、衣原体、立克次体等)								
革兰阳性菌	分枝杆菌属 <i>Mycobacterium</i>	结核分枝杆菌复合群 <i>Mycobacterium tuberculosis</i> complex	10203	≥3	7/7	≥75	阳性	致病微生物
2.细菌列表								
革兰阴性菌	克雷伯菌属 <i>Klebsiella</i>	肺炎克雷伯菌 <i>Klebsiella pneumoniae</i>	3565	≥15	3/3	≥75	阳性	条件致病
3.真菌列表								
真菌	曲霉属 <i>Aspergillus</i>	烟曲霉 <i>Aspergillus fumigatus</i>	9	≥11	3/3	≥75	疑似	条件致病
4.病毒列表								

未发现

均一化序列数：每100K的原始序列中含有该微生物的序列数，均一化序列数越高，则样本含有该微生物的可靠性越高。
阳性判断值：用来区分真阳性与实验过程中污染的微生物，基于均一化序列数设定，由实验室根据物种和背景数据库等综合评估设定。
覆盖度：该靶标检出扩增子数与设计的扩增子数比。
特异性序列长度：该微生物检测到的特异性序列最低长度。

耐药基因检测结果

分类	耐药基因家族	耐药基因亚型（如有）	均一化序列数	疑似关联微生物
A类碳青霉烯酶基因	<i>bla</i> _{KPC}	<i>bla</i> _{KPC-2}	358	肺炎克雷伯菌

耐药基因突变位点检测结果

关联药物	基因	耐药突变位点	测序深度	突变频率	基因型结果提示	疑似关联微生物
利福平	<i>rpoB</i>	<i>rpoB</i> :Ser531Leu	合格	100%	耐药	结核分枝杆菌复合群

质量控制信息

测序平台	测序读长	测序数据量	数据质量	内参检测结果	质控对照
××基因测序仪	100bp	150,118	合格	合格	合格

注：以上表格内容说明此次检测数据质量合格，结果可信。

附录 2：探针捕获 tNGS 报告单模板

病原微生物靶向测序检测报告单（示例）

基本信息情况						
受检者信息	姓名:		性别:		年龄:	
	住院号/门诊号:				床号:	
	其他检查结果:		重点关注:		近期使用抗感染药物:	
	临床诊断:					
样本信息	样本条码:		实验编号:		样本类型:	肺泡灌洗液
	采样日期:		接收日期:		医院条码/识别码:	
送检方信息	送检医院:		送检科室:		送检医生:	
检测方法	探针捕获靶向测序技术					

病原微生物检测结果									
类型	属名	微生物名称	RPM	RPM ratio	阳性判断值	覆盖度	特异性序列长度	解释	病原微生物致病性
1.特殊病原体列表 (分枝杆菌、支原体、衣原体、立克次体等)									
革兰阳性菌	分枝杆菌属 <i>Mycobacterium</i>	结核分枝杆菌复合群 <i>Mycobacterium tuberculosis complex</i>	1020	1020	≥3	2.30%	≥75	阳性	致病微生物
2.细菌列表									
革兰阴性菌	克雷伯菌属 <i>Klebsiella</i>	肺炎克雷伯菌 <i>Klebsiella pneumoniae</i>	2066	1033	≥5	3.00%	≥75	阳性	条件致病
3.真菌列表									
真菌	曲霉属 <i>Aspergillus</i>	烟曲霉 <i>Aspergillus fumigatus</i>	2	2	≥3	0.01%	≥75	疑似	条件致病
4.病毒列表									
未发现									

RPM: 每1M的原始序列中含有该微生物的序列数;
RPM ratio: 检测样本的RPM与阴性对照的RPM比值 (阴性对照的RPM最低值设置为1)。
阳性判断值: 用来区分真阳性与实验过程中污染的微生物, 基于RPM ratio或种特异性序列设定, 由实验室根据物种和背景数据库等综合评估设定。
覆盖度: NGS读取到微生物基因组上深度≥1×的碱基数与基因组总大小的比值 (或捕获区内深度≥1×的碱基数与捕获区总大小的比值)。
特异性序列长度: 该微生物检测到的特异性序列最低长度。

耐药基因检测结果				
分类	耐药基因家族	耐药基因亚型 (如有)	均一化序列数	疑似关联微生物
A类碳青霉烯酶基因	<i>bla_{KPC}</i>	<i>bla_{KPC-2}</i>	523	肺炎克雷伯菌

耐药基因突变位点检测结果						
关联药物	基因	耐药突变位点	测序深度	突变频率	基因型结果提示	疑似关联微生物
利福平	<i>rpoB</i>	<i>rpoB</i> :Ser531Leu	合格	100%	耐药	结核分枝杆菌复合群

质量控制信息					
测序平台	测序读长	测序数据量	数据质量	内参检测结果	质控对照
××基因测序仪	100bp	1,050,118	合格	合格	合格

注: 以上表格内容说明此次检测数据质量合格, 结果可信。