



# 中华人民共和国国家标准

GB/T 43628—2023

## 空气中病原微生物宏基因组测序鉴定方法

Method for identification of airborne pathogenic microorganism based on  
metagenomics sequencing

2023-12-28 发布

2024-07-01 实施

国家市场监督管理总局  
国家标准化管理委员会 发布

## 目 次

前言 .....	III
引言 .....	IV
1 范围 .....	1
2 规范性引用文件 .....	1
3 术语和定义 .....	1
4 缩略语 .....	2
5 原理 .....	2
6 试剂 .....	2
7 仪器设备 .....	2
8 试验步骤 .....	3
9 质量控制 .....	4
10 空气病原微生物鉴定 .....	4
附录 A (资料性) 核酸提取方法 .....	6
附录 B (资料性) 测序流程 .....	7
附录 C (资料性) 参考基因组数据库和病原微生物选取 .....	8
附录 D (资料性) 鼠疫杆菌及 SARS 病毒测序数据比对分析示例 .....	10
参考文献 .....	12

## 前 言

本文件按照 GB/T 1.1—2020《标准化工作导则 第1部分：标准化文件的结构和起草规则》的规定起草。

请注意本文件的某些内容可能涉及专利。本文件的发布机构不承担识别专利的责任。

本文件由全国生化检测标准化技术委员会(SAC/TC 387)提出并归口。

本文件起草单位：中国计量科学研究院、深圳华大生命科学研究院、中国测试技术研究院生物研究所、北京慧荣和科技有限公司、南京市计量监督检测院。

本文件主要起草人：王晶、裴娜、李曼莉、傅博强、周李华、李俊桦、张永卓、梁天柱、郑劲林、叶德萍、朱蕊。

## 引 言

日常环境、公共场所、医疗卫生环境以及生物安全实验室的空气中病原微生物的检测与健康安全、环境保护密切相关。病原微生物可通过生物气溶胶在空气中传播而引起传染病的流行。空气中病原微生物的准确鉴别,对于传染病预防与控制以及环境的监测与保护具有重要的意义。由于空气中病原微生物具有谱系多样性、物种复杂性、较快的变异性等特点,使得具有高通量、快速、准确等特点的宏基因组测序方法在空气中病原微生物的鉴定中具有技术优势。

针对空气中病原微生物宏基因组测序鉴定方法标准化的需求,本文件对空气中重要病原微生物的检测及鉴定方法,在空气微生物气溶胶采样、前处理方法、文库制备、测序、数据结果分析等关键环节进行了规定,满足空气病原微生物宏基因组测序方法的规范使用,以提升我国在病原微生物监测上的能力。



# 空气中病原微生物宏基因组测序鉴定方法

## 1 范围

本文件规定了空气中病原微生物宏基因组测序鉴定方法的试验条件、试验步骤、质量控制及鉴定。本文件适用于空气中细菌、真菌、病毒等病原微生物的宏基因组测序鉴定及监测。

## 2 规范性引用文件

下列文件中的内容通过文中的规范性引用而构成本文件必不可少的条款。其中，注日期的引用文件，仅该日期对应的版本适用于本文件；不注日期的引用文件，其最新版本（包括所有的修改单）适用于本文件。

GB/T 6682 分析实验室用水规格和试验方法  
 GB/T 18204.3 公共场所卫生检验方法 第3部分：空气微生物  
 GB 19489 实验室 生物安全通用要求  
 GB/T 30989 高通量基因测序技术规程  
 GB/T 39990 颗粒 生物气溶胶采样器 技术条件  
 GB/T 40974 核酸样本质量评价方法  
 GB 41918 生物安全柜  
 WS 589 病原微生物实验室生物安全标识

## 3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

### 3.1

**病原微生物 pathogenic microorganism**

侵入生物体引起感染甚至传染病的微生物，包括细菌、真菌、病毒等。

### 3.2

**宏基因组 metagenome**

特定环境中全部微生物遗传物质的总和，包含了可培养的和不可培养的微生物的基因组。

[来源：JJF 1265—2022, 4.54]

### 3.3

**测序 sequencing**

对核酸分子中核苷酸碱基（腺嘌呤、鸟嘌呤、胞嘧啶、胸腺嘧啶或尿嘧啶）排列顺序和组分的测定。

注：序列通常从5'端到3'端表示。

[来源：ISO 20397-2: 2021, 3.19]

### 3.4

**文库 library**

通过生物来源的、人工合成的或克隆技术等所得到的一个核苷酸亚分子群，如基因组文库和互补DNA文库。

## 4 缩略语

下列缩略语适用于本文件。

cDNA:互补 DNA(complementary deoxyribonucleic acid)

DNA:脱氧核糖核酸(deoxyribonucleic acid)

PCR:聚合酶链式反应(polymerase chain reaction)

RNA:核糖核酸(ribonucleic acid)

## 5 原理

利用气溶胶采样器采集空气气溶胶样本,对样本中的微生物进行核酸提取、文库制备及宏基因组测序,得到微生物的核酸序列,并进行过程质量控制。使用序列分析软件将测序获得的核酸序列与微生物参考基因组数据库序列信息进行比对分析,获得数据库中比对到的微生物信息,根据设定的阈值对样本中微生物进行鉴定。

## 6 试剂

生物学试剂应为分子生物学级别的试剂,化学试剂应为分析纯试剂及以上,实验用水应符合 GB/T 6682 中一级水的要求。

### 6.1 采样试剂

选择与采样器配套使用的采样液,应无菌、无核酸,如高压高温灭菌水、中性磷酸盐缓冲溶液等。

### 6.2 核酸提取试剂

采用商业化的核酸提取试剂盒,应满足痕量核酸提取,核酸提取总量不低于 50 ng。

### 6.3 文库构建试剂

采用商业化测序平台的建库试剂盒。

### 6.4 测序试剂

采用商业化测序平台的测序试剂盒。

### 6.5 标准物质/标准样品

采用的标准物质/标准样品宜选择国家有证标准物质/有证标准样品、质量控制物质。标准物质/标准样品应包含核酸准确量值、标称特性和微生物的谱系信息。

## 7 仪器设备

7.1 气溶胶采样器:流量达 50 L/min(过滤式采样器)、不小于 300 L/min(离心式采样器或大流量采样器),采样流量示值误差应不超过±5%,采样效率不小于 70%。

7.2 离心机:最大离心力不小于 12 000g。

7.3 荧光定量 PCR 仪:温度设置范围为 0℃~99℃。

- 7.4 涡旋振荡仪。
- 7.5 测序仪:测序通量不小于 1 Gb。
- 7.6  $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 超低温冰箱。
- 7.7 水浴锅或金属浴:温度范围为  $20\text{ }^{\circ}\text{C}\sim 100\text{ }^{\circ}\text{C}$ 。
- 7.8 核酸蛋白定量仪:荧光原理,最低检测样品体积为  $1\ \mu\text{L}$ ,DNA 最低浓度为  $10\ \text{pg}/\mu\text{L}$ 。
- 7.9 生物分析仪:DNA 的分离范围为  $25\ \text{bp}\sim 12\ 000\ \text{bp}$ ;DNA 和总 RNA 的分析灵敏度分别为  $1\ \text{ng}/\mu\text{L}$ (DNA)、 $10\ \mu\text{g}/\mu\text{L}$ (总 RNA)。
- 7.10 II 级以上生物安全柜:应符合 GB 41918 的要求。

## 8 试验步骤

### 8.1 样本采集

#### 8.1.1 采样点设置

按照 GB/T 18204.3 中的要求进行采样布点。

#### 8.1.2 采样方法

将气溶胶采样器(以下简称采样器)放在距离地面  $1.2\ \text{m}\sim 1.5\ \text{m}$  的位置,采样器使用按照说明书要求进行。采样前采样容器/采样膜应无菌。使用离心式采样器或大流量采样器以不小于  $300\ \text{L}/\text{min}$  的流量采集  $10\ \text{min}\sim 60\ \text{min}$  到采样液中,或使用过滤式采样器以不小于  $50\ \text{L}/\text{min}$  的流量采集  $40\ \text{min}\sim 60\ \text{min}$  到滤膜上,采集后的样本转移和保存应注意防止采样以外的微生物污染。将采样液转移到离心管中,或将采样滤膜用无菌水溶解在离心管中,离心管应无菌、无核酸残留。将所获得离心管中的采样液保存于  $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$  超低温冰箱中。如需运输,应在低于  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$  条件下保存,建议使用干冰运输,时间不超过  $24\ \text{h}$ 。

### 8.2 核酸提取

宜采用痕量核酸提取试剂盒进行采集样本微生物核酸的提取,详细提取方法及步骤按照试剂盒说明书或参考附录 A。

进行 RNA 的提取时,应在生物安全柜中并注意在人少时进行,防止空气中 RNA 酶的污染,所用设备和耗材应无 RNA 酶污染,并在使用前用紫外灯照射。

提取核酸后,需加入标准物质/标准样品进行质量控制。满足实验要求的 DNA 样本应置于  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$  以下条件保存,一般不超过 7 天,超过 7 天应保存于  $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$  超低温冰箱中;RNA 样本应置于  $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$  条件保存。核酸样本使用时,取样不应超过 3 次,避免样本反复冻融。

### 8.3 RNA 逆转录

按照 RNA 逆转录试剂盒的说明书进行操作,将 RNA 逆转录成 cDNA,充分降解 RNA 后,合成双链 cDNA。

### 8.4 文库制备

根据样本种类及测序仪要求选择合适的建库试剂盒,按照建库试剂盒说明书对符合要求的核酸进行文库制备。同时为了得到高质量的测序结果,需要对 PCR 扩增产物和文库分别进行质量检测。文库浓度和文库片段长度需达到文库质量检测合格的条件,满足测序的需要。

## 8.5 测序

按照测序的标准化流程进行。测序读长在 50 bp~300 bp 范围内时,参照 GB/T 30989,见附录 B。将达到质量检测合格的待测序文库,选择合适的测序读长,并对每个样本添加标签,分别进行测序反应,得到测序序列。

## 9 质量控制

### 9.1 实验室工作条件

9.1.1 实验室的工作条件应符合 GB/T 30989 的规定。

9.1.2 实验室的设施设备、实验室人员的要求、实验活动的管理、样本的运输与管理、消毒与灭菌、废弃物的处置、应急预案与意外事故的处置等应符合 GB 19489 的规定。

9.1.3 实验室应按照 WS 589 的要求,在实验室相应区域设置正确的标识。

### 9.2 核酸提取质量控制

在核酸提取过程中,同时使用空白采样液作为阴性对照、具有代表性的非致病性微生物标准物质/标准样品作为阳性对照同时进行提取。按照 GB/T 40974 的要求对提取的核酸进行检测与质量控制,并选择加入内参物质(如斑马鱼基因组核酸)后的核酸浓度需达到 10 ng/ $\mu$ L~1  $\mu$ g/ $\mu$ L。

### 9.3 建库质量控制

建库时加入标准物质/标准样品作为质量控制标准。

### 9.4 数据质量控制

测序数据量宜大于 1 Gb。选择合适的数据质量控制软件,对测序数据进行质量控制。质量控制内容包括但不限于去除重复序列、低质量数据、接头序列等。合格测序数据应满足以下条件。

——测序读长在 50 bp~300 bp 范围内时,碱基质量值大于或等于 20(即 Q20:碱基识别错误率不大于 1%)的占比在 90%以上;测序读长大于 1 kb 时,碱基质量值大于或等于 7(即 Q7:碱基识别错误率不大于 20%)的占比为 100%。

——接头序列污染比例不超过 1%。

——过滤低质量序列、接头序列后的剩余序列长度大于 35 bp。

## 10 空气病原微生物鉴定

### 10.1 病原微生物参考基因组的数据库选取

病原微生物参考基因组数据库是与试验数据比对的参比数据集,可利用在线公共数据库(验证)或者自行构建,参考附录 C。

若自行构建病原微生物参考基因组数据库,应进行数据信息的挑选、整理、分类,过滤公共数据库的潜在错误(包括注释错误及其他数据库错误),收录信息应能覆盖空气中的主要病原微生物(种类包括细菌、病毒及真菌),确保每条收录的序列数据准确完整,同时定期进行自建数据库的信息维护和更新。从空气中分离的未知微生物的基因组序列,若在公共数据库中不存在时,可采用大规模并行测序后的数据纳入自行构建的数据库中,作为参考基因组。



## 10.2 病原微生物基因组序列比对及鉴定

10.2.1 使用序列分析软件快速准确地分类比对宏基因组序列,将样本的序列比对到病原微生物参考基因组数据库的序列上,将比对结果按照序列的数量进行排序。序列分析软件对测序数据比对分析参考附录 D 中的示例。

10.2.2 统计阴性样本、微生物阳性对照样本和待测样本的测序深度、基因组覆盖度及各种病原微生物的占比,根据试验结果设定的阈值,确定本批次实验的有效性,鉴定空气中病原微生物。

附 录 A  
(资料性)  
核酸提取方法

### A.1 宏基因组 DNA 提取

宏基因组 DNA 提取可使用磁珠法或等效的核酸提取试剂盒。核酸提取试剂盒应实现微生物细胞壁破裂、核酸释放、分离、纯化等。磁珠法提取微生物 DNA 的具体步骤描述如下。

- a) 取 1 mL 采样液, 12 000g 离心 5 min 收集微生物, 吸弃 900  $\mu$ L 上清液。加入 100  $\mu$ L 溶菌酶消化液(20 mg/mL)及 5  $\mu$ L RNA 酶。
- b) 加入 20  $\mu$ L 蛋白酶 K(20 mg/mL), 再加入 300  $\mu$ L 裂解液, 振荡混匀后将离心管放置于恒温混匀仪上, 转速控制在 800 r/min~1 000 r/min, 温度控制在 65  $^{\circ}$ C, 孵育 15 min~30 min 直至液体变澄清。
- c) 加入 350  $\mu$ L 异丙醇, 振荡混匀后再加入 20  $\mu$ L 磁珠, 振荡混匀, 室温静置 5 min, 中间混匀 1 次~2 次。
- d) 将离心管放置磁力架上静置 2 min, 磁珠完全吸附后, 小心吸弃上清液体。
- e) 将离心管从磁力架上取下, 加入 500  $\mu$ L 含无水乙醇的洗涤液, 振荡混匀, 室温静置 2 min。
- f) 将离心管放置磁力架上静置 1 min, 磁珠完全吸附后, 小心吸弃上清液体。
- g) 将离心管从磁力架上取下, 加入 600  $\mu$ L 含无水乙醇的洗涤液, 室温静置 1 min。
- h) 将离心管放置磁力架上静置 1 min, 磁珠完全吸附后, 小心吸弃上清液体。
- i) 重复步骤 a)~h) 一次, 尽可能吸弃离心管中残留的液体。
- j) 将离心管放置磁力架上, 开盖室温干燥 10 min, 确保乙醇挥发干净。
- k) 将离心管从磁力架上取下, 加入 100  $\mu$ L 洗脱液, 振荡混匀置于 56  $^{\circ}$ C 金属浴中, 孵育 5 min, 期间旋涡振荡 2 次~3 次, 取出旋涡振荡 15 s。
- l) 将离心管放置磁力架上, 静置 1 min, 待磁珠完全吸附后, 小心吸取 45  $\mu$ L ~95  $\mu$ L DNA 溶液转移至一个新的收集管中, 做好标记并于 -80  $^{\circ}$ C 保存。

### A.2 宏基因组 RNA 提取

采用微生物 RNA 提取试剂盒进行痕量 RNA 的提取。详细操作步骤按照试剂盒说明书进行。

**附 录 B**  
(资料性)  
**测 序 流 程**

### B.1 测序文库的制备

将待测序的核酸(DNA、cDNA 或 RNA)片段制备成两端连有接头(含有与扩增及测序引物互补的序列)、中间有短序列标签结构的标签文库,集合成为基因文库;然后对基因文库进行大规模平行扩增,得到含有待测核酸样品的测序文库。

### B.2 待测核酸样品的表面固定

将待测序文库中的待测核酸样品固定于测序介质中。

### B.3 碱基循环测序

#### B.3.1 测序锚引物与待测序标签序列的结合

通过待测核酸样品上携带的接头,将测序所用的测序锚引物与待测核酸序列进行结合。

#### B.3.2 标记信号的采集

加入底物核苷酸,通过 DNA 聚合酶的作用,使得结合在待测核酸序列上的测序锚引物进行单碱基延伸,并利用信号收集仪器采集延伸过程中的信号或延伸后结合在测序锚引物上的底物核苷酸上的标记物被激发出的信号。

#### B.3.3 循环测序

信号采集结束后,重复 B.3.2 的步骤,直至将所有信号采集完成。

#### B.3.4 分析采集的信号,输出碱基序列

通过信号分析软件,对采集得到的信号进行分析,得到物理通量、有效通量、测序读长、测序深度和平均覆盖深度等基因测序仪运行参数,并最终得出待测标签序列的碱基序列信息。若所待测核酸样品的核苷酸序列已有参考序列(即重测序),还能获得测序覆盖度,并通过与参考序列的比对,得到待测核酸样品的核苷酸序列的 SNP 信息。

附录 C

(资料性)

参考基因组数据库和病原微生物选取

C.1 公共数据库的选取

直接利用或者自行构建数据库所采用的基因组序列信息的公共数据库,推荐从公共数据库下载空气微生物基因组序列,不限于如下推荐的数据库。

a) 国内数据库推荐:

- 国家生物信息中心(CNCB): <https://www.cncb.ac.cn>
- 国家基因库生命大数据平台(CNGB): <https://db.cngb.org>
- 国家基因组科学数据中心(NGDC): <https://ngdc.cncb.ac.cn>
- 国家微生物数据科学中心(NMDC): <https://nmdc.cn>

b) 国外数据库推荐:

- 美国食品药品监督管理局监管级微生物序列数据库(FDA-ARGOS): <https://www.fda.gov/medical-devices/science-and-research-medical-devices/database-reference-grade-microbial-sequences-fda-argos>
- 全球微生物数据中心(WDCM): <https://wdcm.org>
- 综合微生物基因组数据库(IMG): <https://img.jgi.doe.gov/cgi-bin/m/main.cgi/m/main.cgi>
- 基因组分类学数据库(GTDB): <https://gtdb.ecogenomic.org>
- 美国国家生物信息中心(NCBI): <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>
- 精选宏基因组数据库(curatedMetagenomicData): <https://github.com/waldronlab/curatedMetagenomicData>

在构建数据库后,如果有多个参考序列,在参考基因组注释信息都比较完善的情况下,优先推荐比对率高的基因组参考序列,在只有一个物种的情况下,结合基因组组装水平、发布时间、注释完整性来进行选择。

C.2 构建数据库中病原微生物的选取

在数据比对过程中,如需自行构建病原微生物参考基因组数据库,建议参考我国传染病防治法中甲、乙、丙类传染病能通过空气传播的病原、医学微生物学中呼吸系统病原以及临床检验中常见病原。部分病原微生物可参考表 C.1。

表 C.1 数据库中空气微生物参考列表

病原名称	拉丁名	类别	传染类别
疱疹病毒	<i>Herpes virus</i>	病毒	临检重要病原
腺病毒	<i>Human adenovirus</i>	病毒	临检重要病原
腮腺炎病毒	<i>Mumps rubulavirus</i>	病毒	丙类 <sup>[5]</sup>
风疹病毒	<i>Rubella virus</i>	病毒	丙类 <sup>[5]</sup>
甲型流感病毒	<i>Influenza a virus</i>	病毒	乙类 <sup>[5]</sup>

表 C.1 数据库中空气微生物参考列表 (续)

病原名称	拉丁名	类别	传染类别
麻疹病毒	<i>Measles morbillivirus</i>	病毒	乙类 <sup>[5]</sup>
非典型肺炎病毒 (SARS 病毒)	<i>Severe acute respiratory syndrome coronavirus</i>	病毒	乙类 <sup>[5]</sup>
新型冠状病毒	<i>Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2</i>	病毒	重大影响
中东呼吸综合征 冠状病毒(MERS)	<i>Middle East respiratory syndrome coronavirus</i>	病毒	重大影响
铜绿假单胞菌	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	细菌	临检重要病原
鲍曼不动杆菌	<i>Acinetobacter baumannii</i>	细菌	临检重要病原
金黄色葡萄球菌	<i>Staphylococcus aureus</i>	细菌	临检重要病原
肺炎链球菌	<i>Streptococcus pneumoniae</i>	细菌	临检重要病原
肺炎克雷伯菌	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	细菌	临检重要病原, 医学微生物学 <sup>[6]</sup>
麻风分枝杆菌	<i>Mycobacterium leprae</i>	细菌	丙类 <sup>[5]</sup> , 医学微生物学 <sup>[6]</sup>
鼠疫耶尔森菌	<i>Yersinia pestis</i>	细菌	甲类 <sup>[5]</sup>
嗜肺军团菌	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	细菌	医学微生物学 <sup>[6]</sup>
流感嗜血杆菌	<i>Haemophilus influenzae</i>	细菌	医学微生物学 <sup>[6]</sup>
炭疽杆菌	<i>Bacillus anthracis</i>	细菌	乙类 <sup>[5]</sup>
脑膜炎球菌	<i>Neisseria meningitidis</i>	细菌	乙类 <sup>[5]</sup> , 临检重要病原
结核分支杆菌	<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	细菌	乙类 <sup>[5]</sup> , 临检重要病原, 医学微生物学 <sup>[6]</sup>
百日咳鲍特菌	<i>Bordetella pertussis</i>	细菌	乙类 <sup>[5]</sup> , 医学微生物学 <sup>[6]</sup>
白喉棒状杆菌	<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	细菌	乙类 <sup>[5]</sup> , 医学微生物学 <sup>[6]</sup>
布鲁氏菌	<i>Brucella subtilis</i>	细菌	乙类 <sup>[5]</sup> , 重大影响
肺炎衣原体	<i>Chlamydia pneumoniae</i>	衣原体	临检重要病原
鹦鹉热衣原体	<i>Chlamydia psittaci</i>	衣原体	临检重要病原
耶氏肺孢子菌	<i>Pneumocystis jirovecii</i>	真菌	临检重要病原
烟曲霉	<i>Aspergillus fumigatus</i>	真菌	临检重要病原
白色念珠菌	<i>Candida albicans</i>	真菌	临检重要病原
肺炎支原体	<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	支原体	临检重要病原

## 附录 D

(资料性)

## 鼠疫杆菌及 SARS 病毒测序数据比对分析示例

## D.1 软件中构建数据库

使用 Kraken 软件的“-kraken-build”进行建库参数选择,“-standard”为标准库,“-special”为自定义库,分别进行 NCBI 标准库与新型冠状病毒自定义库的构建。

注: Kraken 为基于精确比对的超快速宏基因组序列分类软件。

## D.2 将质量控制后的数据与数据库进行比对分析

## D.2.1 参数设置

“-db”为选择上一步构建的数据库,“-unclassified-out”为输出没有比对上的序列,“-classified-out”为输出比对上的序列,“-confidence”为阈值设置,根据实际情况选择 0 到 1 之间。

## D.2.2 结果输出

完成比对分析后输出比对结果。

## D.3 排序与过滤

排序 Kraken 输出文件中的“属”水平比对数,过滤低于 10 条的结果。

## D.4 统计

统计比对到界、门、纲、目、科、属及种的各成分比对数(见表 D.1 和表 D.2)。

表 D.1 鼠疫杆菌测序比对统计结果

生物分类水平	名称	比对序列数量
界	细菌 Bacteria	2 000
门	变形菌门 Proteobacteria	150
纲	丙型变形菌纲 Gammaproteobacteria	100
目	肠杆菌目 Enterobacterales	50
科	肠杆菌科 Yersiniaceae	50
属	耶尔森氏菌属 <i>Yersinia</i>	40
种	鼠疫杆菌 <i>Yersinia pestis</i>	20

表 D.2 SARS 病毒测序比对统计结果

生物分类水平	名称	比对序列数量
界	病毒 Viruses	3 000
门	—	—
纲	—	—
目	网巢病毒目 <i>Nidovirales</i>	2 000
科	冠状病毒科 <i>Coronaviridae</i>	1 000
属	乙型冠状病毒属 <i>Betacoronavirus</i>	500
种	SARS 相关冠状病毒 <i>SARS-related coronavirus</i>	300

参 考 文 献

- [1] JJF 1265—2022 生物计量术语及定义
  - [2] ISO 20397-2: 2021 生物技术 大规模并行测序 第2部分:测序数据的质量评估(Bio-technology—Massively parallel sequencing—Part 2: Quality evaluation of sequencing data)
  - [3] Handelsman J., Rondon M. R., Brady S. F., et al. Molecular biological access to the chemistry of unknown soil microbes: A new frontier for natural products[J]. Chem. Biol.1998,5:245-249
  - [4] 中华人民共和国国家卫生健康委员会.人间传染的病原微生物目录(国卫科教发〔2023〕24号)
  - [5] 中华人民共和国传染病防治法
  - [6] 李文妹. 医学微生物学[M]. 第2版. 北京:高等教育出版社,2021
-