· 论著 ·

南京地区健康献血人群单采血小板的微生物组信息分析

石洁　徐安琪　贾璐
(南京红十字血液中心,江苏 南京 210003)

摘要:目的　初步探索健康献血人群单采血小板的微生物组信息,为深入研究江苏南京地区单采血小板微生物的群落组成以及多样性奠定基础。**方法**　随机采集自江苏南京血站无偿献血者的单采血小板新鲜标本 13 人份,每份 5 mL 离心后去上清液,通过沉淀物 DNA 提取、文库构建、Illumina NovaSeq X Plus 平台进行高通量测序后进行生物信息学深度挖掘,采用 fastp、Bowtie2、MEGAHIT、MetaGeneMark、DIAMOND 及 Micro_NR 等宏基因组分析软件对单采血小板标本中的微生物丰度进行分析。**结果**　我们采用 Krona 对物种注释结果进行可视化展示宏基因组测序技术分析,在去除人类基因组背景后共识别出涉及 71 个门、54 个纲、102 个目、181 个科、421 个属和 1 340 个种的微生物。从不同分类层级的相对丰度表出发,在科的分类水平上识别出的丰度排名前 10 个分别为:*Flavobacteriaceae*; *Moraxellaceae*; *Rhizobiaceae*; *Sphingomonadaceae*; *Comamonadaceae*; *Caulobacteraceae*; *Burkholderiaceae*; *Acidimicrobiaceae*; *Streptomycetaceae*; *Streptosporangiaceae*;在属的分类水平上丰度排名前 10 个分别为:*Wenyingzhuangia*, *Acinetobacter*, *Aquabacterium*, *Rhizobium*, *Brevundimonas*, *Novosphingobium*, *Astrithrvirus*, *Unclassified Rhizobiaceae*, *Acidiferrimicrobium*, *Limnobacter*。**结论**　利用下一代测序技术对江苏南京地区无偿献血者单采血小板中的宏基因组进行全面注释,能快速准确地得到大量生物数据和丰富的微生物研究信息,对制定适合国情的血小板细菌污染风险防控措施具有重要的指导价值。

关键词:单采血小板;微生物组;宏基因
中图分类号:R193.3　R331.1^{+}43　Q933　　**文献标识码:**A　　**文章编号:**1004-549X(2026)8-1046-07
DOI:10.13303/j.cjbt.issn.1004-549x.2026.08.008

Analysis of the microbiome information of apheresis platelets from healthy blood donors in Nanjing, China

SHI Jie, XU Anqi, JIA Lu.
Nanjing Red Cross Blood Center, Nanjing 210003, *China.*
Corresponding author: JIA Lu, Email: 609004751@*qq.com*

Abstract: Objective　To preliminarily explore the microbiome information of apheresis platelets from healthy blood donors in Nanjing, Jiangsu, and to lay the groundwork for further studies on the microbial community composition and diversity in this region. **Methods**　Thirteen fresh apheresis platelet samples (5 mL each) were collected from voluntary blood donors at the Nanjing Red Cross Blood Center. After centrifugation and removal of the supernatant, DNA was extracted from the pellet and libraries were constructed. High-throughput sequencing was performed on the Illumina NovaSeq X Plus platform, followed by in-depth bioinformatics analysis. Metagenomic analysis software, including fastp, Bowtie 2, MEGAHIT, MetaGeneMark, DIAMOND, and Micro_NR, were used to analyze microbial abundance in the apheresis platelet samples. **Results**　Using Krona for visualization of species annotation and metagenomic sequencing analysis, after removing the human genome background, a total of 71 phyla, 54 classes, 102 orders, 181 families, 421 genera, and 1 340 species of microbes were identified. Starting from relative abundance tables at different taxonomic levels, at the family level, the top 10 most abundant families were: *Flavobacteriaceae*; *Moraxellaceae*; *Rhizobiaceae*; *Sphingomonadaceae*; *Comamonadaceae*; *Caulobacteraceae*; *Burkholderiaceae*; *Acidimicrobiaceae*; *Streptomycetaceae*; *Streptosporangiaceae*. At the genus level, the top 10 most abundant genera were: *Wenyingzhuangia*, *Acinetobacter*, *Aquabacterium*, *Rhizobium*, *Brevundimonas*, *Novosphingobium*, *Astrithrvirus*, *Unclassified Rhizobiaceae*, *Acidiferrimicrobium*, and *Limnobacter*. **Conclusion**　Next-generation sequencing (NGS) was used to comprehensively annotate the metagenome of apheresis platelets from voluntary blood donors in Nan-

第一作者简介:石洁(1986-),女,副主任技师, 医学硕士, Email:599066727@qq.com;**通信作者:**贾璐,Email:609004751@qq.com

jing, Jiangsu, enabling rapid acquisition of extensive microbial data. Exploratory analysis of the blood microbiome in healthy populations provides valuable guidance for developing context-specific measures to prevent platelet bacterial contamination, thereby enhancing blood safety.

Key words: apheresis platelets; microbiome; metagenomics

依据 2026 版《血站技术操作规程》及 GB18469-2012《全血及成分血质量要求》,单采血小板无菌试验项目的质量控制符合率需达 100%,是影响血液安全的关键指标。近年来我国采供血机构对血液成分中细菌污染的质量控制检测方法从目视检查法逐步发展为全自动细菌培养仪法,血小板细菌污染风险常规检测阳性数据研究依然较少[1-3]。血小板细菌污染防控仍是持续提升血液安全的重要项目,而防控的源头就是窥见人体可能存在的微生物组学信息,并利用调查人群流行情况为防控提供有利价值。宏基因组二代测序技术(metagenomic next generation sequencing,mNGS)对特定环境样品种的微生物群落基因组进行高通量测序,摆脱了微生物分离培养的过程,已被广泛应用于各个领域[4]。本文报道了通过宏基因组测序技术获取单采血小板样本微生物来源的核酸信号,初步研究了南京地区无偿献血人群微生物群落组成及群落多样性。

1 材料与方法

1.1 道德合规

本研究中使用的人体血液标本为南京红十字血液中心自愿捐献单采血小板的献血者初筛所用样本,涉及的无偿献血者信息保密。

1.2 研究对象与样本采集及 DNA 提取

由江苏南京血站提供采集自健康的无偿献血者的单采血小板新鲜标本,每份样本 5 mL 700×g,5 min,22℃ 离心后去上清液,收集沉淀物进行 CTAB 法 DNA 的提取。

1.3 文库构建和上机测序

取样本的 1μg 基因组 DNA,用 Covaris 超声波破碎仪随机打断成长度约为 350 bp 的片段后进入文库构建,经末端修复、加 A 尾、加测序接头、纯化、PCR 扩增等步骤完成整个文库制备。文库构建完成后,先使用 AATI 检测文库片段的完整性及插入片段大小,符合预期后,使用 quantitative PCR(qPCR)方法对文库的有效浓度进行准确定量(文库有效浓度>3 nM),以保证文库质量。库检合格后把不同文库按照有效浓度及目标下机数据量的需求 pooling 后进行 PE150 测序。

1.4 生物信息分析(分析软件详见表 1)

1.4.1 测序结果预处理,Metagenome 组装

使用 fastp(https://github.com/OpenGene/fastp)对 NovaSeq 测序平台获得的原始数据(raw data)进行预处理,获取用于后续分析的有效数据(clean data)。具体处理步骤如下:a)当任一测序 read 中含有接头序列,去除 paired reads; b)当任一测序 read 中含有的低质量(Q<=5)碱基数超过该条 read 碱基数的 50%时,去除此 paired reads;c)当任一测序 read 中 N 含量超过该 read 碱基数的 10%时,去除此 paired reads。

如果样品存在宿主污染,需与宿主序列进行比对,过滤掉可能来源于宿主的 reads,默认采用 Bowtie2 软件(http://bowtie-bio.sourceforge.net/bowtie2/index.shtml),参数设置--end-to-end,--sensitive, -I 200, -X 400。使用 MEGAHIT 软件对 clean data 进行组装分析,组装参数设置:--presets meta-large(--end-to-end,--sensitive, -I 200, -X 400),然后将组装得到的 scaffolds 从 N 连接处打断,得到不含 N 的 scaftigs。

1.4.2 基因预测及丰度分析

使用 MetaGeneMark(http://topaz.gatech.edu/GeneMark/)对各样品的 scaftigs(≥500 bp)进行 ORF 预测,并过滤掉预测结果中长度<100 nt 的信息,均采用默认参数。ORF 预测结果,采用 CD-HIT 软件(http://www.bioinformatics.org/cd-hit/)进行去冗余,以获得非冗余的初始 gene catalogue(此处将非冗余的连续基因编码的核酸序列称为 genes),参数设置: -c 0.95,-G 0,-aS 0.9,-g 1,-d 0。使用 Bowtie2 将各样品的 clean data 比对至初始 gene catalogue,计算得到基因在各样品中比对上的 reads 数目,比对参数:--end-to-end, --sensitive, -I 200,-X 400。过滤掉各个样品中 reads 数目<=2 的基因,获得最终用于后续分析的 gene catalogue(unigenes)。

1.4.3 物种注释

使用 DIAMOND 软件(https://github.com/

bbuchfink/diamond/),将 unigenes 与 Micro_NR 进行比对,参数设置:blastp, -e 1e-5。Micro_NR 是从 NCBI 的 NR 数据库(https://www. ncbi. nlm. nih. gov/)中抽取出的细菌(Bacteria)、真菌(Fungi)、古菌(Archaea)和病毒(Viruses)序列。对于每一条序列的比对结果,选取 evalue<=最小 evalue * 10,由于每一条序列可能有多个比对结果,采用 LCA 算法(https://en. wikipedia. org/wiki/Lowest_common_ancestor)来确定该序列的物种注释信息。

从 LCA 注释结果及基因丰度表出发,获得各个样品在各个分类层级(界门纲目科属种)上的丰度信息及基因数目表,对于某个物种在某个样品中的丰度,等于注释为该物种的基因丰度的加和;对于某个物种在某个样品中的基因数目,等于在注释为该物种的基因中,丰度不为 0 的基因数目。从各个分类层级上的丰度表出发,进行 Krona 分析,相对丰度概况展示,丰度聚类热图展示。

表 1　分析软件列表

Table 1　List of analysis software

分析内容	软件	版本	参数
数据质控	fastp	0. 23. 1	-g -q 5 -u 50 -n15 -l 150 --overlap_diff_limit 1 --overlap_diff_percent_limit 10
过滤宿主	bowtie2	2. 5. 4	--end-to-end --sensitive--no-hd --no-sq-I 200 -X 400 --threads 8
组装	megahit	1. 2. 9	--presets meta-large -m 180000000000 -t 2
基因预测	GeneMark. hmm	2. 1	-a -d -f G -p 1
基因去冗余	CD-HIT	4. 5. 8	-T 6 -G 0 -aS 0. 9 -g 1 -d 0 -c 0. 95 -n 5 -M 8000
reads mapping	bowtie2	2. 5. 4	--end-to-end --sensitive --no-hd --no-sq -I 200 -X400 --threads 8
Micro_NR 比对注释	diamond	2. 1. 9	-p 4 -e 1e-5 -k 50

2　结果

2.1　数据处理结果

对原始测序数据进行预处理,包括:当任一测序 read 中含有接头序列,去除此 paired reads;当任一测序 read 中含有的低质量(Q≤5)碱基数超过该条 read 碱基数的 50%时,去除 paired reads;当任一测序 read 中 N 含量超过该 read 碱基数的 10%时,去除此 paired reads。如果样品存在宿主污染,需与宿主序列进行比对,过滤掉可能来源于宿主(默认采用 Bowtie2 软件),从而获取用于后续分析的有效数据(clean data)。测序数据预处理统计结果见表 2。

表 2　数据处理统计结果

Table 2　Statistical results of data processing

Sample ID	Raw_Base (G)	Clean_Base (G)	Clean_Q20 (%)	Clean_Q30 (%)	Clean_GC (%)	Effective (%)	NonHost_Base (G)
H1	4. 32	0. 09	96. 36	92. 11	47. 61	2. 10	0. 03
H2	1. 67	0. 03	96. 85	92. 78	49. 70	2. 12	0. 02
H3	7. 37	7. 22	99. 08	97. 44	42. 13	97. 95	0. 17
H4	5. 94	5. 89	98. 30	94. 93	43. 76	99. 21	0. 04
H5	7. 97	7. 78	99. 08	97. 48	42. 44	97. 64	0. 06
H6	10. 71	10. 56	99. 01	97. 24	44. 01	98. 60	0. 09
H7	8. 75	8. 24	99. 01	97. 23	43. 59	94. 15	0. 05
H8	7. 98	7. 80	99. 03	97. 29	43. 81	97. 76	0. 20
H9	8. 96	8. 85	99. 06	96. 37	44. 25	98. 75	0. 08
H10	6. 21	6. 14	99. 18	96. 55	44. 52	98. 82	0. 19
H11	7. 77	7. 67	99. 22	96. 70	44. 37	98. 77	0. 16
H12	8. 46	8. 33	99. 19	96. 65	44. 44	98. 47	0. 40
H13	5. 77	5. 68	98. 99	96. 01	43. 88	98. 43	0. 13

注释:Raw_Base(G):测序原始数据的总碱基数,即为测序序列的个数乘以测序长度算得,以 G 为单位;Clean_Base(G):过滤之后的有效数据量,过滤后测序序列的个数乘以测序序列的长度,以 G 为单位;Clean_Q20(%):Clean_Base 中 Phred 数值大于 20 的碱基占总体碱基的百分比;Clean_Q30(%):Clean_Base 中 Phred 数值大于 30 的碱基占总体碱基的百分比;Clean_GC(%):碱基 G 和 C 的数量总和占总的碱基数量的百分比;Effective(%):有效数据(Clean_Base)与原始数据(Raw_Base)的百分比;NonHost_Base(G):剔除宿主序列的 Clean_Base。

2.2　组装

经过预处理后得到 clean data,使用 MEGAHIT 组装软件进行组装分析(Assembly Analysis)(https://www. metagenomics. wiki/tools/assembly/megahit)。对于单样品组装生成的 Scaftigs,过滤掉 500 bp 以下的片段,并进行统计分析和后续基因预测。结果见表 3。

2.3　Micro_NR 物种注释结果

2.3.1　物种相对丰度

综合直观地展示各样品中不同分类层级的物种相对丰度,我们采用 Krona 对物种注释结果进行可视化展示,如 Krona 示例图(图 1)所示(图中圆圈从内到外依次代表不同的分类级别,扇形的大小代表不同物种的相对丰度比例)。从不同分类层级的相对丰度表出发,选取出在各样品(组)中的最大相对丰度排名前 10 的物种,并将其余的物种设置为 Others,绘制出各样品对应的物种注释结果在

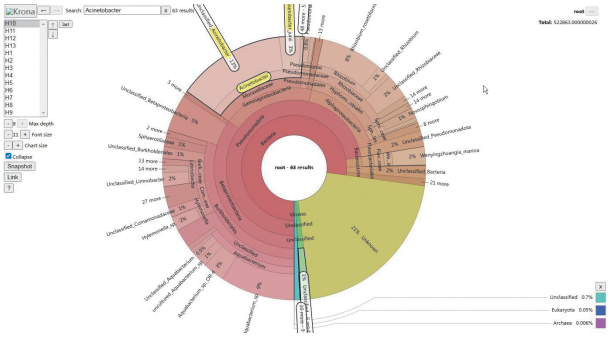
不同分类层级上的相对丰度柱形图。每个层级的相对丰度柱形图,横向表示样品名称,纵向表示注释到某类型的物种的相对丰度比例;各颜色区块对应的物种类别见右侧图例。在属的分类水平上丰度排名见图 2。

表 3　各样品组装结果 scaftigs 基本信息统计(≥500 bp)

Table 3　Basic information of scaffolds assembled from each sample(≥500 bp)

Sample ID	Total len (bp)	Scaftigs num	Average len(bp)	N50 len (bp)	N90 len (bp)	Max len (bp)
H1	241,471	290	832.66	770	537	9,044
H2	254,731	301	846.28	853	548	4,567
H3	6,702,760	8,360	801.77	750	534	48,514
H4	478,577	704	679.80	644	524	3,787
H5	2,609,387	3,337	781.96	739	533	20,420
H6	1,756,662	2,270	773.86	703	525	46,736
H7	740,244	974	760.00	688	523	12,926
H8	6,842,593	8,116	843.10	781	534	148,754
H9	674,681	950	710.19	637	518	43,311
H10	8,744,934	11,111	787.05	759	534	43,464
H11	10,226,860	12,174	840.06	822	538	43,435
H12	33,953,742	31,597	1,074.59	1,125	568	61,793
H13	6,611,429	8,749	755.68	723	530	43,464

注:Total len(bp):组装得到的 scaftigs 的总长;Scaftigs num:组装得到的 scaftigs 总条数;Average len(bp):scaftigs 的平均长度;N50 len(bp):将 scaftigs 按照长度进行排序,然后由长到短加和,当加和值达到 scaftigs 总长的 50%时的 scaftigs 的长度值;N90 len(bp):将 scaftigs 按照长度进行排序,然后由长到短加和,当加和值达到 scaftigs 总长的 90%时的 scaftigs 的长度值;Max len(bp):组装得到的最长 scaftigs 的长度值。



注:示例图展示选择相对丰度较高的莫拉菌科 *Acinetobacter*,在临床和环境中均常见。

图 1　使用 Krona 对物种注释结果进行展示(示例图)

Figure 1　Display of species annotation results using Krona (example figure)

2.3.2　注释基因数目及相对丰度聚类分析

从不同分类层级的相对丰度表和基因数目表出发,选取各分类层级丰度排名前 35 的物种绘制热图,并从物种层面进行聚类,找出样品中聚集较多的物种,在属的分类水平上结果展示如图 3。

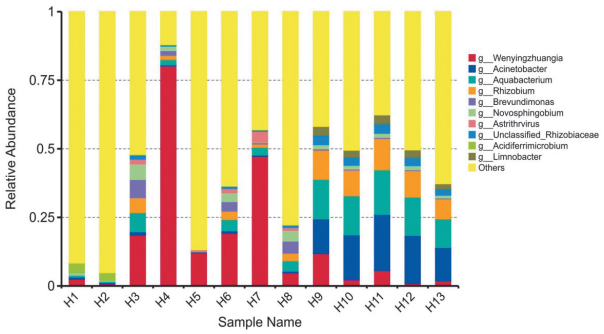
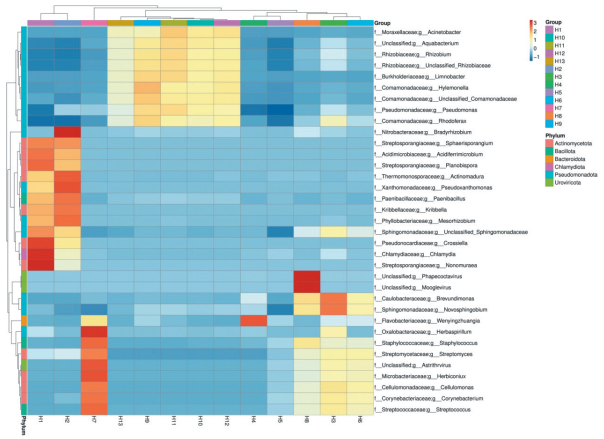


图 2　在属水平的物种相对丰度柱形图

Figure 2　Bar graph of relative abundance of species at the genus level



注:物种丰度聚类热图;横向为样品信息;纵向为物种信息;图中左侧的聚类树为物种聚类树;热图对应的值为每一行物种相对丰度经过标准化处理后得到的 Z 值;即一个样品在某个分类上的 Z 值为样品在该分类上的相对丰度和所有样品在该分类上的平均相对丰度的差除以所有样品在该分类上的标准差所得到的值。

图 3　在属水平的物种丰度聚类热图

Figure 3　Heatmap of species abundance clustering at the genus level

3　讨论

输注被细菌污染的血小板会引起细菌性输血反应,轻者引起发热反应,如输入的细菌量多、毒性大,重者可突发寒战、高热等,或出现弥漫性血管内凝血症状或发生中毒性休克,危及患者生命。美国血库协会(AABB)《血站和输血服务及机构标准》第 32 版“5.1 血站或输血服务机构应采用方法”建议对所有血小板成分进行细菌检测或使用病原体去除技术。欧洲输血委员会《血液成分的制备使用和质量保证指南》第 19 版,导则第 4 章“12. 血液成分的细菌性安全”所有血小板细菌学检测后“迄今培养阴性”放行。英国 2020 年发表的 1 项系统评价和荟萃分析显示,首次细菌培养检出血小板细菌污染率为 0.52(95%CI　0.38~0.69)/1 000[5]。美

国(Food and Drug Administration, FDA)将血小板细菌污染风险列为血液安全重点管控点,2020 年 12 月发布(2021 年 10 月施行)的《血液采集机构和输血服务机构实施细菌风险控制策略提高输注用血小板的安全性和可及性的指引》提供了多种防控策略[6],对我国研讨和制定适合国情的血小板细菌污染风险防控措施具有重要的指导价值。

为保障临床用血安全,目前单一的细菌筛查方法和策略都存在一定的局限性[7,8]。陈敏等[9]指出血小板细菌培养、病原体灭活和使用前快速检测相结合是目前减少被污染的血小板使用的有效方法。近年来随着测序技术、质谱技术以及生物信息等技术的快速发展,利用下一代测序技术(Next Generation Sequencing,NGS)研究宏基因组学,能快速准确地得到大量生物数据和丰富的微生物信息,从而研究微生物多样性和群落特征[10]。宏基因组二代测序技术目前已被广泛应用于人、动物和土壤、水体、大气等环境领域微生物组[11-12]的研究。它不再依赖于微生物培养,绕过对微生物个体进行分离培养,应用基因组学技术对自然环境中的微生物群落进行研究。Gosiewsk 等[13]通过实验证实,健康人群血液微生物组在生物分类学门级水平的细菌主要属于变形杆菌门,其他来自放线菌门,厚壁菌门和拟杆菌门。Chugh 等[14]分析了 2014 年至 2023 年英格兰地区血小板的细菌筛查数据,指出混合血小板中细菌污染(主要与皮肤菌群相关)的发生率较单采血小板显著增加。Zhang 等[15]报道利用下一代测序技术探索中国健康捐献者不同血液成分中的病毒宏基因组学特征,指出全血、血浆、血小板等不同成分含的病毒丰度和种类,群落结构和组成存在显著差异。国内学者[16]对健康人血液的微生物宏基因组和噬菌体组研究揭示了血液中存在的微生物和噬菌体。高婧等[17]通过对健康无偿献血人群血液进行宏基因分析,报道了地区单纯疱疹病毒的流行性趋势。赵梦伊等[18]运用培养组学和宏基因组学方法证明血小板中存在某些细菌。

我们基于物种在各个样本中的丰度最大值进行排序筛选, 选取排名前 10 的各层级物种进行柱形图分析,选取排名前 35 的各层级物种进行丰度聚类热图。物种丰度方面,将 gene catalogue 与 Micro_NR 库进行比对,获得每个基因(unigene)的物种注释信息,并结合基因丰度表,获得不同分类层级的物种丰度表。在去除人类基因组背景后共识别出涉及 71 个门、54 个纲、102 个目、181 个科、421 个属和 1340 个种的微生物。物种相对丰度分析发现黄杆菌科 W*enyingzhuangia* 以及莫拉菌科 A*cinetobacter* 相对丰度最高。对源宿主是人的单采血小板内微生物组的分析,需重点关注莫拉菌科不动杆菌属。Krona 图能综合直观地展示各样品中不同分类层级的物种相对丰度。不动杆菌属[19]是一类在自然界和医院环境中广泛存在的革兰阴性细菌,属于重要的机会致病菌。不动杆菌可在潮湿环境中存活,可能通过采血管路或环境表面污染进入血液制品,血小板在 22°C 振荡保存条件下,部分细菌可增殖。W*enyingzhuangia* 属于拟杆菌门(B*acteroidota*)黄杆菌纲(F*lavobacteriia*)黄杆菌目(F*lavobacteriales*)黄杆菌科(F*lavobacteriaceae*),常见于水体和土壤环境,在多种水体宏基因组研究中均被检出为优势菌属。本次宏基因组研究中还检测到 A*strithrvirus* 噬菌体序列, 可能来源于献血者体内的噬菌体组,噬菌体本身不感染人体细胞,不具有致病性。

本文对单采血小板微生物组的初步研究需要后期进一步验证。目前报道的研究样本量较小,设计低生物量微生物组研究实验时未设置 DNA 提取空白作为阴性对照。物种水平注释发现单采血小板中可能存在多种具有临床、动物宿主或环境来源特征的微生物。仅依据短序列与 NR 数据库比对,尤其是在低生物量样本中,可能发生保守基因区误比对、近缘物种错误分配或数据库注释偏差等。有待运用独立验证试验来证实生物信息学分析的结论。

通过本次探索研究能获取大量生物数据和丰富的微生物研究信息,对研究健康人群血液微生物宏基因组以及制定适合国情的细菌污染风险防控措施具有重要的指导价值。

利益冲突说明/Conflict of Interests

所有作者均声明不存在利益冲突。

伦理批准及知情同意/Ethics Approval and Patient Consent

本研究经南京红十字血液中心伦理委员会(2025 年 8 月 25 日)审议,所有志愿者招募完全基于自愿和知情同意原则,并尽最大限度地保护志愿者隐私。

作者贡献/Authors' Contribution

石洁:负责实验实施,数据分析以及论文写作;徐安琪:参与研究;贾璐:完成实验设计,论文校对。

[参考文献]

[1] 石洁,贾璐,徐安琪. BD BACTE. C~(TM)FX 全自动

细菌培养仪用于血液细菌检测室间质量评价分析[J]. 临床血液学杂志,2021,34(6):436-439.
SHI J, JIA L, XU A Q. Inter-laboratory quality assessment analysis of the BD BACTEC™ FX fully automated bacterial culture system for blood bacterial detection[J]. Journal of Clinical Hematology, 2021,34(6):436-439.

[2] 杨剑豪,邱颖婕,章舜玮,等. 上海地区单采血小板阳性细菌筛查结果评估[J]. 临床输血与检验, 2024, 26(4):499-505.
YANG J H, QIU Y J, ZHANG S W, et al. Assessment of positive bacterial screening results in single-donor platelet collection from the Shanghai region[J]. Clinical Transfusion and Laboratory Medicine, 2024,26(4):499-505.

[3] 罗圆圆,马春娅,付丽辉,等. 单采血小板细菌污染的单中心回顾性分析[J]. 中国输血杂志,2025,38(2):233-237.
LUO Y Y, MA C Y, FU L H, et al. A single-center retrospective analysis of bacterial contamination in isolated platelet units[J]. Chin J Blood Transfusion, 2025,38(2):233-237.

[4] 王慧,鞠峰. 宏基因组学在环境微生物组研究中的应用与展望[J]. 微生物学通报,2024,51(6):1814-1833.
WANG H, JU F. Application and prospects of metagenomics in environmental microbiome research[J]. Microbiology Bulletin, 2024,51(6):1814-1833.

[5] WHITE S K, SCHMIDT R L, WALKER B S, et al. Bacterial contamination rate of platelet components by primary culture: a systematic review and meta-analysis[J]. Transfusion, 2020, 60(5):986-996.

[6] 张宁洁,杨源青,朱远裴,等. 美国 FDA 血小板细菌污染风险控制指引主要内容和启示[J]. 中国输血杂志,2025,38(1):142-148.
ZHANG N J, YANG Y Q, ZHU Y P, et al. Key contents and implications of the U. S. FDA Guidelines for Risk Control of Platelet Bacterial Contamination[J]. Chin J Blood Transfusion, 2025,38(1):142-148.

[7] 陈敏,杨俊鸿. 血小板细菌污染控制与监测研究进展[J]. 临床输血与检验,2021,23(6):811-816.
CHEN M, YANG J H. Research advances in the control and monitoring of platelet bacterial contamination[J]. Clinical Transfusion and Laboratory Medicine, 2021,23(6):811-816.

[8] 马静斯,赵宁,邓江,等. 血小板中细菌病原体检测技术的进展[J]. 临床输血与检验,2025,27(5):667-673.
MA J S, ZHAO N, DENG J, et al. Advances in detection techniques for bacterial pathogens in platelets[J]. Clinical Transfusion and Laboratory Medicine, 2025,27(5):667-673.

[9] 董玉芳,李萌,陈雪. 血小板类产品细菌污染的预防、控制相关研究进展[J]. 临床输血与检验,2022,24(2):258-263.
DONG Y F, LI M, CHEN X. Recent advances in the prevention and control of bacterial contamination in platelet-based products[J]. Clinical Transfusion and Laboratory Medicine, 2022,24(2):258-263.

[10] RAES J, FOERSTNER KU, BORK P. Get the most out of your metagenome: computational analysis of environmental sequence data. Curr Opin Microbiol. 2007;10(5):490-498.

[11] 高贵锋, 褚海燕. 微生物组学的技术和方法及其应用. 植物生态学报, 2020, 44(4): 395-408.
GAO G F, CHU H Y. Techniques and Methods in Microbiomics and Their Applications. Acta Botanica Sinica, 2020,44(4):395-408.

[12] 高云云,杨海飞,吕虎杰,等. 微生物组分析方法与功能挖掘[J]. 生物技术通报,2024,40(10):98-107.
GAO Y Y, YANG H F, LÜ H J, et al. Microbiome analysis methods and functional mining[J]. Biotechnology Bulletin, 2024,40(10):98-107.

[13] GOSIEWSKI T,LUDWIG-GALEZOWSKA AH,HUMINSKA K,et al. Comprehensive detection and identification of bacterial DNA in the blood of patients with sepsis and healthy volunteers using next-generation sequencing method the observation of DNAemia. Eur J Clin Microbiol Infect Dis,2017,36(2) : 329-336.

[14] CHUGH V, SECRET S, DAVISON K, et al. Bacterial screening of platelet donations in England, 2014-2023. Vox Sang, 2026,121(7):999-1009.

[15] ZHANG J, HE Y, HE J, et al. Full annotation of viral metagenomics in different components from Chinese blood donors using next-generation sequencing. Blood Transfus, 2024,22(2):140-149.

[16] 朱林,王琪琪,徐玉莲,等. 健康人血液微生物宏基因组和噬菌体组的深度挖掘分析[J]. 中国输血杂志,2024,37(10):1091-1100.
ZHU L, WANG Q Q, XU Y L, et al. In-depth mining and analysis of blood microbiome metagenome and phage community in healthy individuals[J]. Chin J Blood Transfusion, 2024,37(10):1091-1100.

[17] 高婧,朱娅,徐敏,等. 基于宏基因组学分析的健康献血人群潜在病原体分类与检测[J]. 中国输血杂志,2021,34(5):446-451.
GAO J, ZHU Y, XU M, et al. Classification and detection of potential pathogens in healthy blood donors based on metagenomic analysis[J]. Chin J Blood Transfusion, 2021,34(5):446-451.

(下转第 1098 页)

LIN Y Q. An exploration of Dong Zhongshu's theory of benevolence and righteousness centered on Chunqiu Fanlu[J]. Morality And Civilization, 2024(5):122-130.

[29] MULLER H M, REUTER-OPPERMANN M. Designing behavior change support systems targeting blood donation behavior[J]. Bus Inform Syst Eng+, 2024, 66(3): 299-319.

[30] SHEHU E, VESELI B, CLEMENT M, et al. Improving blood donor retention and donor relationships with past donation use appeals[J]. J Serv Res, 2024, 27(3): 346-363.

(2026-07-07 收稿,08-11 修回,08-14 接收)

本文编辑:李宜博

(上接第 1051 页)

[18] 赵梦伊,刘安庆,赵玉伟,等. 基于培养组学和宏基因组学的血小板细菌检测方法研究[J]. 中国输血杂志,2023,36(11):978-986.
ZHAO M Y, LIU A Q, ZHAO Y W, et al. Research on platelet bacterial detection methods based on culture omics and metagenomics[J]. Chin J Blood Transfusion, 2023,36(11):978-986.

[19] 李康,黄洋,孙文媛,等. 不动杆菌临床分离株基因组特征回顾性分析[J]. 中国预防医学杂志,2025,26(12):1460-1469.
LI K, HUANG Y, SUN W Y, et al. Retrospective analysis of genomic characteristics in clinically isolated Acinetobacter strains[J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2025,26(12):1460-1469.

(2026-07-07 收稿,08-19 修回,08-20 接收)

本文编辑:李弘武