

DOI: 10.3969/j.issn.1005-8982.2025.11.002
文章编号: 1005-8982 (2025) 11-0007-06

肺炎专题·论著

tNGS对肺炎患者痰液/肺泡灌洗液标本病原体检测的影响及指导抗生素治疗的价值*

许圣慧¹, 邸沂遥², 高耐芬¹, 闫丽娟³, 车琮璐⁴, 王坤芳¹

(1. 石家庄市第二医院 呼吸内科, 河北 石家庄 050000; 2. 河北大学附属医院 呼吸内科, 河北 保定 071000; 3. 石家庄市栾城人民医院 呼吸内科, 河北 石家庄 051432; 4. 河北大学附属医院 结核科, 河北 保定 071000)

摘要: 目的 分析靶向病原高通量测序(tNGS)对肺炎患者痰液/肺泡灌洗液标本病原体检测的影响及其指导抗生素治疗的价值。**方法** 选取2022年3月—2024年3月石家庄市第二医院收治的125例肺炎患者为研究对象,采集痰液/肺泡灌洗液标本进行病原体培养检测和tNGS检测。比较2种方法的检测时间、检测结果。分析病原体培养检测与tNGS检测结果的一致性。比较不同性别、不同年龄段、不同病情程度、有无肺部基础疾病患者的tNGS检测结果。**结果** tNGS检测的检测时间短于病原体培养检测($P < 0.05$)。病原体阳性构成比高于病原体培养检测($P < 0.05$)。病原体培养检测与tNGS检测的一致性Kappa指数为0.510($P < 0.05$)。不同性别、不同年龄段、不同病情程度、有无肺部基础疾病患者的tNGS检测的阳性率比较,差异均无统计学意义($P > 0.05$)。**结论** 相较于病原体培养检测,tNGS检测肺炎患者痰液/肺泡灌洗液标本病原体阳性率高,能缩短检测时间,为临床抗生素治疗提供参考方向,帮助临床医师制订干预措施,有助于患者病情恢复。

关键词: 肺炎; 靶向病原高通量测序; 病原体培养检测; 肺泡灌洗液; 痰液; 抗生素

中图分类号: R563

文献标识码: A

Impact of targeted next-generation sequencing on pathogen detection in sputum/bronchoalveolar lavage fluid samples from pneumonia patients and its role in guiding antibiotic therapy*

Xu Sheng-hui¹, Di Yi-yao², Gao Nai-fen¹, Yan Li-juan³, Che Cong-lu⁴, Wang Kun-fang¹

(1. Department of Respiratory Medicine, The Second Hospital of Shijiazhuang, Shijiazhuang, Hebei 050000, China; 2. Department of Respiratory Medicine, Affiliated Hospital of Hebei University, Baoding, Hebei 071000, China; 3. Department of Respiratory Medicine, Luancheng People's Hospital of Shijiazhuang, Shijiazhuang, Hebei 051432, China; 4. Department of Tuberculosis, Affiliated Hospital of Hebei University, Baoding, Hebei 071000, China)

Abstract: Objective To analyze the impact of targeted next-generation sequencing (tNGS) on pathogen detection in sputum/bronchoalveolar lavage fluid (BALF) samples from pneumonia patients and its value in guiding antibiotic therapy. **Methods** This study included 125 pneumonia patients admitted between March 2022 and March 2024. Sputum/BALF samples were processed for microbiological culture and tNGS analysis. Turnaround time and detection rates were compared. Cohen's Kappa coefficient assessed agreement between methods, and subgroup analyses (gender, age, disease severity, underlying pulmonary diseases) were performed. **Results** tNGS had a

收稿日期: 2024-12-16

* 基金项目: 河北省医学科学研究课题计划项目(No.20231631)

[通信作者] 王坤芳, E-mail: 10324388@qq.com; Tel: 15176146052

shorter turnaround time ($P < 0.05$) and higher pathogen detection rate ($P < 0.05$) versus microbiological culture. Moderate agreement was observed ($Kappa = 0.510$, $P < 0.05$). No subgroup differences in tNGS positivity were found ($P > 0.05$). **Conclusion** tNGS improves pathogen detection efficiency in pneumonia, enabling timely antibiotic optimization and enhanced clinical management.

Keywords: pneumonia; targeted next-generation sequencing; pathology culture testing; alveolar lavage fluid; sputum; antibiotic

肺炎主要是由细菌、病毒等病原体所致的肺部感染,是一种常见的呼吸系统疾病。多数患者积极治疗后病情转归良好,但部分患者病情呈进行性进展,发展为重症肺炎,增加患者病死风险^[1]。抗感染治疗是肺炎治疗的有效手段,但近年来随着抗生素滥用、多重耐药菌出现等因素的影响,导致患者抗菌药物选择难度增大^[2]。可见早期识别、诊断肺炎病原体类型,对提高疗效、改善预后具有积极作用。针对呼吸系统感染病原体检测,主要依靠病原学培养、聚合酶链反应(polymerase chain reaction, PCR)检测等,但传统培养检测时间长、检出率低,PCR检测需明确已知病原体基因序列,但不能进行高通量测序^[3]。靶向病原高通量测序(targeted next-generation sequencing, tNGS)是可鉴定病原体和区分病原体耐药基因的一种新型高通量测序方法,利用多重PCR与高通量测序技术相结合,相较于宏基因组检测方法,tNGS可缩短检测时间,降低检测成本,同时还能提升数据处理结果的稳定性和可重复性,对呼吸道疾病病原体的诊断具有重要作用^[4-5]。本研究探讨tNGS对肺炎患者肺泡灌洗液/痰液标本病原体检测的影响,通过不同角度分析tNGS检测阳性结果,为指导抗生素治疗提供依据。

1 资料与方法

1.1 研究对象

采用前瞻性横断面进行观察。选取2022年3月—2024年3月石家庄市第二医院收治的125例肺炎患者为研究对象,其中,男性71例,女性54例;年龄18~75岁,平均(53.42 ± 14.58)岁;体质指数 $18.5 \sim 27.4 \text{ kg/m}^2$,平均(22.89 ± 2.12) kg/m^2 ;吸烟史35例,饮酒史42例;合并症:高脂血症21例,高血压25例,糖尿病34例;病情程度^[6]:轻度80例,重度45例;机械通气27例;合并肺部基础疾病:哮喘8例,慢性阻塞性肺疾病15例,支气管扩张7例,

支气管炎2例,肺结核1例。纳入标准:①肺炎符合《成人社区获得性肺炎基层合理用药指南》^[6]的诊断标准;②所有患者对本研究知情同意。排除标准:①入组72 h内死亡;②合并恶性肿瘤;③新型冠状病毒感染;④出血性休克、心源性休克;⑤妊娠或哺乳期女性;⑥近3个月内接受免疫抑制、激素、抗生素等药物治疗;⑦合并免疫系统疾病、血液系统疾病、器质性心脏病、肝肾功能不全;⑧近6个月内存在手术外伤史。

1.2 方法

1.2.1 标本收集 痰液标本:取痰液前先行口腔护理,用清水漱口3次,之后用力咳出呼吸道深部痰液,置于痰盒内(至少1 mL);机械通气患者采用一次性痰液收集器吸痰;咳痰困难者可接受生理雾化吸入后再尝试咳痰,采集标本后立即送检。肺泡灌洗液:患者取仰卧位,经纤维支气管镜检测,确定病变位置后行支气管肺泡灌洗,收集灌洗液细胞。用电子支气管镜插入灌洗支气管镜顶端嵌顿在目标支气管段开口后,经操作孔道快速注入室温灭菌生理盐水,总量60~120 mL,分次注入(每次20~40 mL),注入生理盐水后,立即用合适的负压吸引获取支气管肺泡灌洗液,总回收率 $\geq 30\%$ 为宜。

1.2.2 病原体培养检测 肺泡灌洗液/痰液标本接种在血平板和篮培养基上,在37℃、5%二氧化碳恒温培养箱中培养24~48 h,分离出阳性菌株,用全自动微生物分析仪(美国BD公司)鉴定菌种,严格按照《全国临床检验操作规程》^[7]中的步骤操作。

1.2.3 tNGS检测 取肺泡灌洗液/痰液标本用移液枪转移至2 mL离心管内,用磁珠法提取总核酸(DNA+RNA),取DNA+RNA产物加入Qubit染料,使用Qubit荧光计(美国赛默飞世尔科技公司)测定核酸浓度,将核酸产物直接用于构建下游PCR文库。将RNA逆转录合成cDNA,对目标序列靶向扩增富集,形成短片段核酸。产物纯化后加接头,开

始第 2 轮 PCR 扩增构建文库,将剩余文库用 1% 琼脂凝胶电泳,正常文库片段为 250 ~ 350 bp。文库洗脱后加 Qubit 染料,充分混匀后避光孵育 2 min,使用 Qubit 染料计准确定量文库浓度,浓度 <1 ng/μL 视为建库失败。从 -20 ℃ 冰箱中取测序试剂盒对文库进行稀释变性,使用 NextSeq 550Dx 测序仪(美国 Illumina 公司)进行测序。然后识别原始数据,确定序列样本来源,去掉接头、后续序列,筛出短序列核酸片段,仅保留双端长度 >60 bp,过滤低质量序列。经用 bowtie 2 软件过滤获取高质量序列与病原体基因组数据库进行对比,鉴定病原体。所用试剂、试剂盒等均购自上海冰缘生物科技有限公司。

1.3 观察指标

①病原体培养检测与 tNGS 检测的检测时间、病原体阳性构成比。②病原体培养检测与 tNGS 检测的一致性。③不同性别、不同年龄段、不同病情程度、有无肺部基础疾病患者的 tNGS 检测阳性结果。

1.4 统计学方法

数据分析采用 SPSS 28.0 统计软件。计量资料

以均数 ± 标准差($\bar{x} \pm s$)表示,比较用 t 检验;计数资料以构成比或率(%)表示,比较用 χ^2 检验;采用 Kappa 值检验病原体培养检测与 tNGS 检测的一致性,Kappa 值 <0.40 为一致性差,0.41 ~ 0.60 为中等一致性,0.61 ~ 0.80 为高度一致性,0.81 ~ 1.00 为几乎一致。 $P < 0.05$ 为差异有统计意义。

2 结果

2.1 病原体培养检测与 tNGS 检测的检测时间、检测结果比较

本研究共纳入的 125 例肺炎患者中,肺泡灌洗液/痰液标本的病原体培养检出病原体阳性 65 例,检出率为 52%(65/125),tNGS 检测检出病原体阳性 95 例,检出率为 76%(95/125)。tNGS 检测与病原体培养检测的检测结果比较,经 χ^2 检验,差异有统计学意义($\chi^2 = 15.625, P = 0.000$);tNGS 检测的病原体阳性构成比高于病原体培养检测的阳性构成比。tNGS 检测与病原体培养检测的检测时间比较,经 t 检验,差异有统计学意义($t = 57.145, P = 0.000$);tNGS 检测的检测时间短于病原体培养检测的检测时间。见表 1。

表 1 tNGS 检测与病原体培养检测的检测时间和检测结果比较

组别	n	检测时间/(h, $\bar{x} \pm s$)	病原体培养 例(%)				
			革兰阴性菌	革兰阳性菌	真菌	病毒	其他
tNGS 检测	95	18.79 ± 5.32	55(57.89)	30(31.58)	5(5.26)	3(3.16)	2(2.11)
病原体培养检测	65	81.36 ± 10.75	39(60.00)	22(33.85)	4(6.15)	0(0.00)	0(0.00)

2.2 病原体培养检测与 tNGS 检测结果的一致性

肺炎患者肺泡灌洗液/痰液标本的病原体培养检测与 tNGS 检测结果的一致性 Kappa 值为 0.510($\chi^2 = 40.066, P < 0.05$)(见表 2)。2 种方法病原学检测结果的一致性为中度。

2.3 不同性别肺炎患者的 tNGS 检测结果比较

男性肺炎患者与女性肺炎患者的 tNGS 检测结果比较,经 χ^2 检验,差异无统计学意义($\chi^2 = 0.000, P = 0.987$)。见表 3。

表 2 病原体培养检测与 tNGS 检测结果的一致性 例

检测方法		tNGS 检测		合计
		阳性	阴性	
病原体培养检测	阳性	65	0	65
	阴性	30	30	60
合计		95	30	125

2.4 不同年龄段肺炎患者 tNGS 检测结果比较

不同年龄段肺炎患者的 tNGS 检测结果比较,经 χ^2 检验,差异无统计学意义($\chi^2 = 1.333, P = 0.514$)。见表 4。

表 3 不同性别肺炎患者的 tNGS 检测结果 例(%)

组别	n	革兰阴性菌	革兰阳性菌	真菌	病毒	其他	合计
男性	71	31(43.66)	17(23.94)	3(4.23)	2(2.82)	1(1.41)	54(76.06)
女性	54	24(44.44)	13(24.07)	2(3.70)	1(1.85)	1(1.85)	41(75.93)

表 4 不同年龄段肺炎患者的 tNGS 检测结果 例(%)

组别	n	革兰阴性菌	革兰阳性菌	真菌	病毒	其他	合计
18~35岁	32	14(43.75)	8(25.00)	1(3.13)	0(0.00)	0(0.00)	23(71.88)
36~59岁	40	17(42.50)	9(22.50)	1(2.50)	1(2.50)	1(2.50)	29(72.50)
≥60岁	53	24(45.28)	13(24.53)	3(5.66)	2(3.77)	1(1.89)	43(81.13)

2.5 不同病情严重程度肺炎患者的 tNGS 检测结果比较

果比较,经 χ^2 检验,差异无统计学意义($\chi^2=0.008$, $P=0.930$)。见表 5。

重度肺炎患者与轻度肺炎患者的 tNGS 检测结

表 5 不同病情严重程度肺炎患者的 tNGS 检测结果比较 例(%)

组别	n	革兰阴性菌	革兰阳性菌	真菌	病毒	其他	合计
轻度肺炎	80	35(43.75)	19(23.75)	3(3.75)	2(2.50)	2(2.50)	61(76.25)
重度肺炎	45	20(44.44)	11(24.44)	2(4.44)	1(2.22)	0(0.00)	34(75.56)

2.6 有无肺部基础疾病患者 tNGS 检测结果比较

tNGS 检测结果比较,经 χ^2 检验,差异无统计学意义($\chi^2=0.001$, $P=0.970$)。见表 6。

有肺部基础疾病与无肺部基础疾病患者的

表 6 有无肺部基础疾病肺炎患者的 tNGS 检测结果比较 例(%)

组别	n	革兰阴性菌	革兰阳性菌	真菌	病毒	其他	合计
无肺部基础疾病	92	40(43.48)	22(23.91)	4(4.35)	2(2.17)	2(2.17)	70(76.09)
有肺部基础疾病	33	15(45.45)	8(24.24)	1(3.03)	1(3.03)	0(0.00)	25(75.76)

3 讨论

肺炎是常见的呼吸系统疾病,主要是一些病原体侵犯肺实质,在肺实质中过度生长,超过了宿主本身的防御能力,引起局部肺组织和气道组织损伤,从而影响患者气体交换,重症肺炎患者还可能伴有意识障碍、呼吸衰竭等,严重者危及生命^[8]。抗菌药物是治疗肺炎的关键,由于患者发病时病原体不明确,临床通常采用广谱抗菌药物治疗,部分患者未获得有效临床控制可能与抗菌药物滥用、耐药菌株增加有关,导致病原体呈现复杂化、多样化,致病菌鉴定不准确,进一步增加疾病治疗难度^[9-10]。因此,早期识别肺炎病原体类型,是提高临床疗效的关键。

当前病原体鉴别方法有多种,其中标本培养是诊断病原体的金标准,但需要提供适宜条件,耗时长、操作过程繁琐,易受多种因素(如温度、湿度等)影响,导致检出率较低^[11]。PCR 法需要预测可能病原体,不能完成高通量测序^[12];基因芯片技术

只能对已知病原体筛查,不能检测新的病原体,而血清学方法因当前抗原、抗体数量限制,不能满足多样化病原体检测^[13]。传统病原体检测局限性影响疾病的快速检测和鉴定,延误疾病的最佳治疗时间,而临床对感染类疾病诊断的准确性和时效性有较高的要求^[14]。随着生物学研究技术的发展,病原体检测由宏观领域发展至微观领域,检测方法从最初的组织学形态深入到分子、基因水平,高通量测序技术在病原体检测中显现出独特的优势^[15]。本研究结果显示,125 例肺炎患者肺泡灌洗液/痰液标本中病原体培养检测的阳性率为 52.00%,tNGS 检测的阳性率为 76.00%,且 tNGS 检测的检测时间明显短于病原体培养检测,这与陈华等^[16]研究的观点相符,提示 tNGS 在肺炎肺泡灌洗液/痰液标本病原体检测方面具有一定优势。tNGS 是近年来新发现的一项测序技术,利用 PCR 扩增预测病原体靶基因,将多重病原体靶向 PCR 扩增与高通量测序结合,在 24 h 内快速鉴定出病原体

和毒力基因^[17]。相较于宏基因组测序,tNGS可以在检测中兼顾DNA、RNA,分析难度、整体成本较低,对数据结果处理更加稳定、可重复性高,实现快速精准诊断,解决感染性疾病95%以上的临床需求^[18]。本研究结果显示,与传统方法相比,tNGS对病原体检测显现出独特的优势,传统病原学检测容易受多种因素(反应温度、反应时间、操作者技术水平等)的影响,影响检测结果^[19]。HONG等^[12]研究报道,在全节肢动脉穿刺、全膝关节穿刺检测中,tNGS致病菌检出率为72.60%,传统培养法检出率为52.90%,与本研究致病菌检出率相似。张彩霞等^[20]研究报道,tNGS检测病原体阳性率为85.00%,常规方法检查出阳性率为51.30%,本研究tNGS致病菌检出率低于该研究。分析原因:样本来源不同、研究对象基础疾病、个体免疫状态存在不同,实验室检测环境等存在差异。

本研究通过分析病原体培养检测与tNGS检测一致性显示,肺炎患者肺泡灌洗液/痰液标本的病原体培养检测与tNGS检测的一致性Kappa值为0.510,表明2种方法检测结果一致性为中等,说明tNGS能检测出更多病原体。可能是因为tNGS利用PCR技术和高通量测序技术,从微观角度上可识别更多的DNA、RNA,从而检测出多种病原体,具有覆盖广、敏感性高等优势^[21-22]。本研究还从多种角度对tNGS检测结果分析发现,不同性别、年龄段、病情严重程度、有无肺部基础疾病肺炎患者的tNGS检测阳性率比较无差异,上述说明tNGS检测结果不受这些因素的影响。既往研究显示,tNGS一般不受基因组、背景病原体影响,检测样本仅为预先设定致病病原体,PCR产物无人源和背景病原体基因片段,故不会受到干扰,能直接对毒力基因扩增,满足针对病原体特定基因的监测要求^[23]。tNGS一次性能检测多种样本,可为患者抗生素药物选择提供全面的耐药谱信息^[24],有助于患者选择适合的抗生素药物,避免经验性使用广谱抗生素或长期使用多种抗生素药物治疗,从而减少耐药菌株出现。同时还可结合抗菌药物的抗菌谱和药代动力学等,不断优化患者治疗方案,从而提高治疗措施的准确性,有助于患者病情恢复。

综上所述,相较于病原体培养检测,tNGS检测肺炎患者肺泡灌洗液/痰液标本病原体阳性率较

高,还能缩短检测时间,满足疾病快速诊断的需求,为选择抗生素药物治疗提供参考,帮助临床医师制订干预措施。

参 考 文 献 :

- [1] 徐艳丽,付杰.血小板分布宽度联合肌酸激酶同工酶检测对肺炎支原体肺炎患儿预后的预测价值[J].中国现代医学杂志,2024,34(21):22-27.
- [2] LI T M, SU X T, LU P L, et al. Bone marrow mesenchymal stem cell-derived dermcidin-containing migrasomes enhance LC3-associated phagocytosis of pulmonary macrophages and protect against post-stroke pneumonia[J]. Adv Sci (Weinh), 2023, 10(22): e2206432.
- [3] MARINUCCI V, LOUZON P R, CARR A L, et al. Pharmacist-driven methicillin-resistant *s. aureus* polymerase chain reaction testing for pneumonia[J]. Ann Pharmacother, 2023, 57(5): 560-569.
- [4] GASTON D C, MILLER H B, FISSEL J A, et al. Evaluation of metagenomic and targeted next-generation sequencing workflows for detection of respiratory pathogens from bronchoalveolar lavage fluid specimens[J]. J Clin Microbiol, 2022, 60(7): e0052622.
- [5] GAN M Y, ZHANG Y Y, YAN G F, et al. Antimicrobial resistance prediction by clinical metagenomics in pediatric severe pneumonia patients[J]. Ann Clin Microbiol Antimicrob, 2024, 23(1): 33.
- [6] 中华医学会,中华医学会临床药学会,中华医学会杂志社,等.成人社区获得性肺炎基层合理用药指南[J].中华全科医师杂志,2020,19(9):783-791.
- [7] 尚红,王毓三,申子瑜.全国临床检验操作规程[M].第4版.北京:人民卫生出版社,2015:69-71.
- [8] 宋慧娟,肖政,余万军,等.基于血清炎症标志物构建儿童肺炎支原体肺炎合并胸腔积液的预警模型[J].中国现代医学杂志,2024,34(21):15-21.
- [9] MOY A C, KIMMOUN A, MERKLING T, et al. Performance evaluation of a PCR panel (FilmArray® Pneumonia Plus) for detection of respiratory bacterial pathogens in respiratory specimens: a systematic review and meta-analysis[J]. Anaesth Crit Care Pain Med, 2023, 42(6): 101300.
- [10] CARTULIARES M B, ROSENVINGE F S, MOGENSEN C B, et al. Evaluation of point-of-care multiplex polymerase chain reaction in guiding antibiotic treatment of patients acutely admitted with suspected community-acquired pneumonia in Denmark: a multicentre randomised controlled trial[J]. PLoS Med, 2023, 20(11): e1004314.
- [11] HARTWIG C, DRECHSLER S, VAINSHTEIN Y, et al. From gut to blood: spatial and temporal pathobiome dynamics during acute abdominal murine sepsis[J]. Microorganisms, 2023, 11(3): 627.

- [12] HONG H L, FLURIN L, THOENDEL M J, et al. Targeted versus shotgun metagenomic sequencing-based detection of microorganisms in sonicate fluid for periprosthetic joint infection diagnosis[J]. *Clin Infect Dis*, 2023, 76(3): e1456-e1462.
- [13] LI P Z, FENG X X, CHEN B Y, et al. The detection of foodborne pathogenic bacteria in seafood using a multiplex polymerase chain reaction system[J]. *Foods*, 2022, 11(23): 3909.
- [14] KIRYLUK K, SANCHEZ-RODRIGUEZ E, ZHOU X J, et al. Genome-wide association analyses define pathogenic signaling pathways and prioritize drug targets for IgA nephropathy[J]. *Nat Genet*, 2023, 55(7): 1091-1105.
- [15] KULLAR R, CHISARI E, SNYDER J, et al. Next-generation sequencing supports targeted antibiotic treatment for culture negative orthopedic infections[J]. *Clin Infect Dis*, 2023, 76(2): 359-364.
- [16] 陈华, 陈品儒, 李艳阳, 等. 靶向高通量测序鉴定非结核分枝杆菌菌种的应用价值[J]. *中国防痨杂志*, 2023, 45(4): 362-366.
- [17] LI S Y, TONG J, LIU Y, et al. Targeted next generation sequencing is comparable with metagenomic next generation sequencing in adults with pneumonia for pathogenic microorganism detection[J]. *J Infect*, 2022, 85(5): e127-e129.
- [18] HILT E E, FERRIERI P. Next generation and other sequencing technologies in diagnostic microbiology and infectious diseases[J]. *Genes (Basel)*, 2022, 13(9): 1566.
- [19] 廖毓香, 朱水泉, 伍桂雄, 等. 靶向高通量测序技术(tNGS)在下呼吸道感染病原体检测中的诊断价值[J]. *系统医学*, 2024, 9(6): 81-83.
- [20] 张彩霞, 叶黎文, 黄春艳. 病原体靶向测序技术在疑似肺部感染患者中的应用价值分析[J]. *解放军医学杂志*, 2024, 49(9): 1022-1028.
- [21] SCHMID S, JOCHUM W, PADBERG B, et al. How to read a next-generation sequencing report-what oncologists need to know[J]. *ESMO Open*, 2022, 7(5): 100570.
- [22] CHAO A, WU R C, LIN C Y, et al. Targeted next-generation sequencing for the detection of cancer-associated somatic mutations in adenomyosis[J]. *J Obstet Gynaecol*, 2023, 43(1): 2161352.
- [23] DO J, YENWONGFAI L N, DO S I, et al. Next generation sequencing analysis of fibrin-associated large b-cell lymphoma reveals pathogenic single nucleotide variants[J]. *Anticancer Res*, 2024, 44(2): 665-672.
- [24] KATTOOR J J, NIKOLAI E, QUROLLO B, et al. Targeted next-generation sequencing for comprehensive testing for selected vector-borne pathogens in canines[J]. *Pathogens*, 2022, 11(9): 964.
- (张西倩 编辑)
- 本文引用格式:** 许圣慧, 邸沂遥, 高耐芬, 等. tNGS对肺炎患者痰液/肺泡灌洗液标本病原体检测的影响及指导抗生素治疗的价值[J]. *中国现代医学杂志*, 2025, 35(11): 7-12.
- Cite this article as:** XU S H, DI Y Y, GAO N F, et al. Impact of targeted next-generation sequencing on pathogen detection in sputum/bronchoalveolar lavage fluid samples from pneumonia patients and its role in guiding antibiotic therapy[J]. *China Journal of Modern Medicine*, 2025, 35(11): 7-12.