

T/ZSMM

浙江省数理医学学会团体标准

T/ZSMM XXXX—XXXX

基于肠道菌群的大肠癌风险评估方法

Guidelines for colorectal cancer risk assessment based on gut microbiome

(征求意见稿)

(本草案完成时间：2024年12月25日)

XXXX-XX-XX 发布

XXXX-XX-XX 实施

浙江省数理医学学会 发布

禁止复制

禁止复制

禁止复制

复制

目 次

前 言	II
1 范围	1
2 规范性引用文件	1
3 术语和定义	1
4 前期准备	1
4.1 组建团队	1
4.2 收集粪便样本	1
4.3 粪便肠道菌群测序	1
4.4 测序数据分析	2
5 系统评估	2
5.1 数据接入	2
5.2 系统模型	2
5.3 数据处理	2
5.4 风险结果分析	3
6 评估报告编制	3
附 录 A （规范性） 菌群分类及指标范围	4
附 录 B （规范性） 肠道菌群总体情况	7
附 录 C （资料性） 数字评估系统算法模型	8
附 录 D （资料性） 评估报告示例	11
附 录 E （资料性） 菌群功能简介	12
参 考 文 献	16

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。

本文件由浙江省数理医学学会提出并归口。

本文件起草单位：湖州市中心医院、湖州市南浔区人民医院、湖州市吴兴区中西医结合医院（湖州第四医院）、湖州市中医院、湖州市第三人民医院。

本文件主要起草人：吴巍、韩书文、庄敬、吴银航、储健、刘江、杨茜、金银、刘进、周庆、瞿展博、吴争。

基于肠道菌群的大肠癌风险评估方法

1 范围

本文件描述了基于肠道菌群的大肠癌风险评估的前期准备、系统评估和评估报告编制三个方面的内容。

本文件适用于临床研究中基于肠道菌群的大肠癌风险评估。

本文件不适用临床医疗诊断。

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 41867—2022 信息技术 人工智能术语

GB/T 43782 人工智能机器学习系统技术要求

3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

3.1

肠道菌群 gut microbiome

肠道中的细菌群体。

3.2

大肠癌风险 colorectal cancer risk

个体或特定人群在患上大肠癌（包括结肠癌和直肠癌）的可能性或概率。

3.3

模型训练 model training

利用训练数据，基于机器学习算法，确定或改进机器学习模型参数的过程

[来源：GB/T 41867—2022，3.2.18]

4 前期准备

4.1 组建团队

开展风险评估工作，应成立风险评估团队，具体要求如下：

- 团队主持人或协调人宜有相关经验，负责做好准备工作，促成专家以团队形式开展工作；
- 团队成员宜涵盖风险评估所需的临床、微生物、检验等方面的专家；
- 根据所分析的问题选取团队成员，其专业技术水平应与所要进行风险评估的复杂程度相适应，以能识别出评估内容的影响范围和性质。

4.2 收集粪便样本

收集被评估方的粪便样本，并记录其年龄、性别、BMI和生活习惯等。

4.3 粪便肠道菌群测序

对评估方的粪便样进行基因测序，指标按照附录A的要求，得出结果并记录。

4.4 测序数据分析

对测序得到的数据进行生物信息化分析，指标按照附录B的要求，得出结果并记录。

5 系统评估

5.1 数据接入

应对风险评估系统模型开发定制的数据接入，符合如下要求：

- a) 应支持从不同外部系统接入数据；
示例：如TCGA、数据库、cBioportal 数据库、Oncomine 数据库、Seer 数据库、单细胞数据库。
- b) 对每个数据集进行版本标识，并记录数据的变更历史，以便追溯和回溯数据；
- c) 创建数据文档，记录数据的特征、标签、字段含义和数据预处理方法等信息；
- d) 宜支持多源异构数据存储，如结构化数据与非结构化文本、图像等数据的存储。

5.2 系统模型

5.2.1 基本要求

风险评估系统的系统框架、功能要求、可靠性要求、维护性要求、兼容性要求、安全性要求、可拓展性要求应符合GB/T 43782中5~11的规定。

5.2.2 模型建立和模型训练

5.2.2.1 风险评估系统训练前应开展数据准备程序，包括：

- a) 样本采集与测序：采集健康人和大肠癌患者的粪便样本，对样本进行肠道微生物基因测序，经质量控制后，通过聚类分析得到数据表，表中记录各样本相对丰度；
- b) 数据预处理：清洗数据，处理缺失值并去除重复记录。采用对丰度数据进行归一化，使各特征权重起始状态均衡。

5.2.2.2 完成数据准备后，应构建系统模型：

- a) 模型描述：依据肠道微生物测序数据预测大肠癌风险，输出转化低风险（概率 <0.5 ）和高风险（概率 ≥ 0.5 ）两类；
- b) 模型框架：使用 R 语言的评估系统中的相关函数进行建模分析和变量重要性计算；
- c) 模态与质量：为微生物测序衍生的数值型 OTU 丰度数据，经预处理保证质量；
- d) 数据量：确保健康人和患者样本有一定数量且分布均衡，利于模型训练。

5.2.2.3 风险评估系统应对进行模型训练与分类转化：

- a) 模型训练：按 80%训练集、20%测试集划分数据，分层抽样保证两类样本比例合理，用训练集训练模型并调优参数；
- b) 分类转化：测试集及新样本输入模型后，依预测概率值按阈值 0.5 转化为低风险或高风险类别。

5.2.2.4 应对风险评估系统模型开展评估，包括：

- a) 用测试集结果与实际标签对比；
- b) 计算准确率、召回率、F1 值、AUC 值等指标评估模型性能。

5.2.2.5 应对风险评估系统模型的应用情况进行评估，并对持续改进模型：

- a) 应用：达预期性能后用于大肠癌早期筛查，辅助医生决策；
- b) 持续改进：积累新数据后重新训练优化模型，结合医学新进展提升准确性和可靠性，且遵循相关规范要求确保合法合规使用。

5.2.2.6 系统算法模型具体操作流程可参考附录 C.1 和 C.2, 随机误差见附录 C.3, PR 曲线见附录 C.4, ROC 曲线见附录 C.5。

5.3 数据处理

应对风险评估系统数据进行处理，符合以下要求：

- a) 应支持多种数据增强方式，提升数据多样性；
- b) 监督微调阶段，包含如下要求：

- 1) 应支持至少 2 种构建指令数据的方法，如基于大模型自动生成、人工标注；
- 2) 应能根据任务需求，明确定义指令微调任务的标签信息；
- 3) 宜支持使用单轮和多轮对话指令数据；
- 4) 宜提供指令数据清洗方法，如去重，以提升指令数据质量；
- 5) 宜提供数据加速处理引擎。

5.4 风险结果分析

风险结果分析应结合测试的结果数值和个人相关的信息，给出的风险评估等级见表1。

表1 风险等级划分

风险数值	风险等级
C	
<0.5	低风险
$0.5 \leq C < 1$	高风险

6 评估报告编制

系统得出的评估结果应以报告形式展现，评估报告格式参见附录D，内容包括但不限于：

- a) 风险评估；
- b) 检测说明；
- c) 肠道菌群总体情况；
- d) 有益菌检测结果和有益菌功能；
- e) 潜在有害菌检测结果和潜在有害菌功能；
- f) 结直肠癌相关菌；
- g) 属水平菌群详细构成；
- h) 门水平菌群详细构成。

附 录 A
(规范性)
菌群分类及指标范围

菌群分类及指标范围包括一级指标和二级指标，具体检测指标见表A.1。

表A.1 菌群分类及指标范围

一级指标	二级指标	参考范围
有益菌	双歧杆菌属	0-14.6591
	青春双歧杆菌	不得检出
	动物双歧杆菌	0-0.0263
	双歧双歧杆菌	不得检出
	短双歧杆菌	不得检出
	长双歧杆菌	0-5.9822
	乳酸杆菌属	0-0.1039
	嗜酸乳杆菌	0-0.01
	短乳杆菌	不得检出
	干酪乳杆菌	不得检出
	德氏乳杆菌	不得检出
	发酵乳杆菌	0 - 0.003
	瑞士乳杆菌	不得检出
	罗伊氏乳杆菌	0 - 0.0046
	鼠李糖乳杆菌	不得检出
	唾液乳杆菌	不得检出
	凝结芽孢杆菌	不得检出
	枯草芽孢杆菌	不得检出
	单形拟杆菌	不得检出
	丁酸梭菌	不得检出
	屎肠球菌	不得检出
	普拉梭菌	不得检出
	戊糖片球菌	不得检出
费氏丙酸杆菌	不得检出	
有害菌	幽门螺杆菌	不得检出
	艰难梭菌	不得检出
	沙门氏菌	不得检出
	肠炎沙门氏菌	不得检出
	志贺氏菌	不得检出

表 A.1 菌群分类及指标范围 (续)

一级指标	二级指标	参考范围
	痢疾志贺氏菌	不得检出
	宋内氏志贺氏菌	不得检出
	弯曲杆菌	0-0.0098
	脆弱拟杆菌	不得检出
	产气荚膜梭状芽孢杆菌	不得检出
	肉毒杆菌	不得检出
	破伤风杆菌	不得检出
	白喉棒状杆菌	不得检出
	产气肠杆菌	不得检出
	肺炎克雷伯氏菌	不得检出
	大肠埃希氏菌	0-3.9083
	衣氏放线菌	不得检出
	炭疽芽孢杆菌	不得检出
	博氏疏螺旋体	不得检出
	流产布鲁杆菌	不得检出
	马耳他布鲁氏菌	不得检出
	猪布鲁氏菌	不得检出
	肺炎衣原体	不得检出
	鹦鹉热衣原体	不得检出
	沙眼衣原体	不得检出
	流感嗜血杆菌	不得检出
	嗜肺军团菌	不得检出
	单核增生李斯特氏菌	不得检出
	结核分枝杆菌	不得检出
	溃疡分枝杆菌	不得检出
	肺炎枝原体	不得检出
	淋病奈瑟氏球菌	不得检出
	脑膜炎奈瑟氏球菌	不得检出
	星状诺卡氏菌	不得检出
	铜绿假单胞菌	不得检出
	立氏立克次氏体	不得检出
	金黄色葡萄球菌	不得检出
	表皮葡萄球菌	不得检出
	腐生葡萄球菌	不得检出
	无乳链球菌	0-0.0011

表 A.1 菌群分类及指标范围 (续)

一级指标	二级指标	参考范围
	变异链球菌	不得检出
	肺炎链球菌	不得检出
	酿脓链球菌	0-0.0412
	血链球菌	不得检出
	梅毒密螺旋体解脲脲枝原体	不得检出
	小肠结肠炎耶尔森氏菌	不得检出
	血链球菌	不得检出

附录 B
(规范性)
肠道菌群总体情况

肠道菌群总体情况见表B.1。

表B.1 肠道菌群总体情况表

名称	参考范围
肠形(型)	-
厚壁菌比拟杆菌	0.266-48.527
菌群平衡性得分	0.5-1
菌种数目	155-1200
菌群多样性指数	2.6-7.25
有益菌数目	0-15
有益菌含量	0-0.2
潜在有害菌数目	0-8
潜在有害菌含量	0-0.065
革兰氏阳性菌数目	0-60
革兰氏阳性菌含量	0-0.3
生物膜形成	0.01-0.33
厌氧菌含量	0.65-0.99
兼性厌氧菌含量	0-0.2
氧化胁迫耐受	0.95-1

附 录 C
(资料性)
数字评估系统算法模型

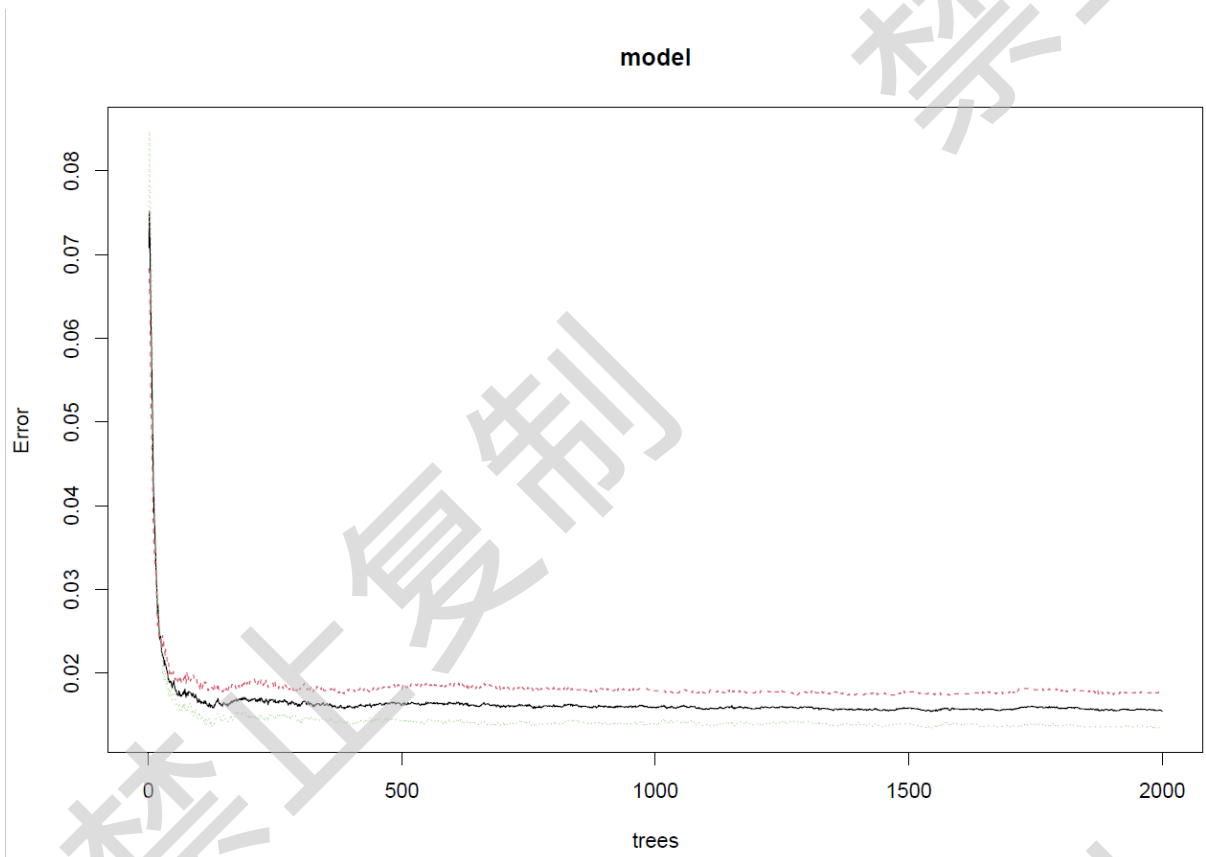
C.1 系统算法模型宜参照下列要求进行：

- a) 下载公共数据库人类粪便样本 16S 数据，数据组成包括健康人粪便 16S 数据和肠癌患者粪便 16S 数据，数据来源于公共数据库网站 GMrepo (<https://doi.org/10.1093/nar/gkab1019>)；
- b) 下载 16S 序列数据库，采用 NCBI RefSeq 16S 数据库，截止日期为 2022.1.8 的版本。该数据库包含细菌和古菌的 16S 序列信息。

C.2 对原始数据进行分析，从而得到每个样本的物种分类组成信息，分析步骤如下所示：

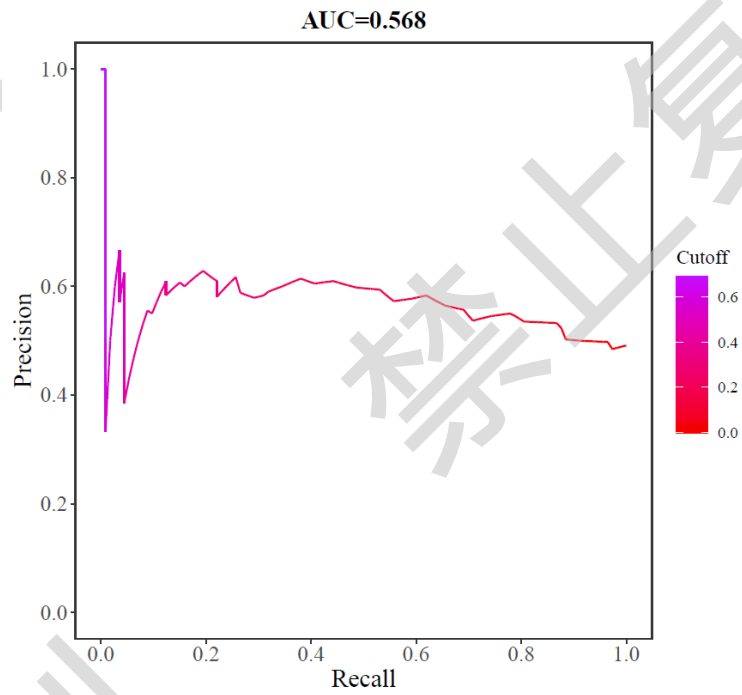
- a) 利用 fastp 版本 0.20.1 进行原始数据质控，参数默认；
- b) 对于 PE 测序的样本，利用 Vsearch 版本 v2.21.1 中的 `--fastq_mergepairs` 命令进行拼接，参数为：`--fastq_minovlen 5`；
- c) 需要说明的是，SE reads 直接进行质控得到 Clean Data，PE reads 进行质控、组装得到 Clean Data；
- d) 过滤 Clean Data 中 reads 长度小于 200bp 的序列；
- e) 过滤上一步处理后数据量小于 10000 条的样本，最终我们得到健康人粪便样本 8021 个，肠癌粪便样本 497 个；
- f) 利用 Vsearch 版本 v2.21.1 中的 `--uchime_ref` 命令进行去嵌合体，参数默认。`--cluster_size` 命令进行 OTU 聚类，参数为：`--id 0.97`。`--sintax` 命令进行物种分类学注释，参数：`--sintax_cutoff 0.69`；
- g) 计算样本 OTU 数目（检测序列数大于等于 2），计算样本香浓指数；
公共数据库整理肠癌粪便样本微生物 Biomarker 信息，数据来源于 6 个数据库，包括：Disbiome（<https://bmcmicrobiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12866-018-1197-5>）、gutMDisorder（<https://academic.oup.com/nar/article/48/D1/D554/5580916>）、HMDAD（<http://www.cuilab.cn/hmdad>）、MASI（<https://academic.oup.com/nar/article/49/D1/D776/5943835>）、MicroPhenoDB（[doi:10.1016/j.gpb.2020.11.001](https://doi.org/10.1016/j.gpb.2020.11.001)）、Peryton（<https://academic.oup.com/nar/article/49/D1/D1328/5932864>）；
- h) 人工整理数据库结果，手动校正名称错误和归档整理统一命名至 NCBI 分类学名称，总共得到 218 个肠癌粪便样本微生物 Biomarker 信息；
- i) 均一化样本丰度信息。合并结果得到训练集数据，结果见：`TrainSets/Colorectal_Neoplasms.Raw_Training_Set.txt`；
- j) 由于样本数据存在不平衡的情况，利用 SMOTE 算法进行处理，采用 R 包 `smotefamily` 版本 1.3.1 的 ANS 函数，参数默认。结果见：`TrainSets/Colorectal_Neoplasms.SMOTE_Training_Set.txt`；
- k) 利用随机森林模型建模，输入数据为：`Colorectal_Neoplasms.SMOTE_Training_Set.txt`，采用 R 包 `randomForest` 版本 4.7-1。通过递归各种参数设置，得到随机森林模型的最优参数为：`ntree=2000`，`mtry=51`。错误率曲线图为：`randomErr.pdf`。模型变量重要性结果见：`RF_Imp.txt`，对应 `MeanDecreaseGini` 列；
- l) 健康人群微生物 Biomarker 分布信息和参考值见：`Reference_Value/Normal.Microbe.Quantile_Table.txt` 和 `Reference_Value/Normal.Microbe.Reference_Range.txt`，取健康人群粪便样本中 5%-95%分位数作为参考值；
- m) 模型验证，将自己的样本数据代入模型进行验证。包括 117 个健康人样本，113 个肠癌样本；
- n) 模型验证结果的 ROC 和 PR 曲线见：`Model_Validation/`。

C.3 随机误差见图 D.1。



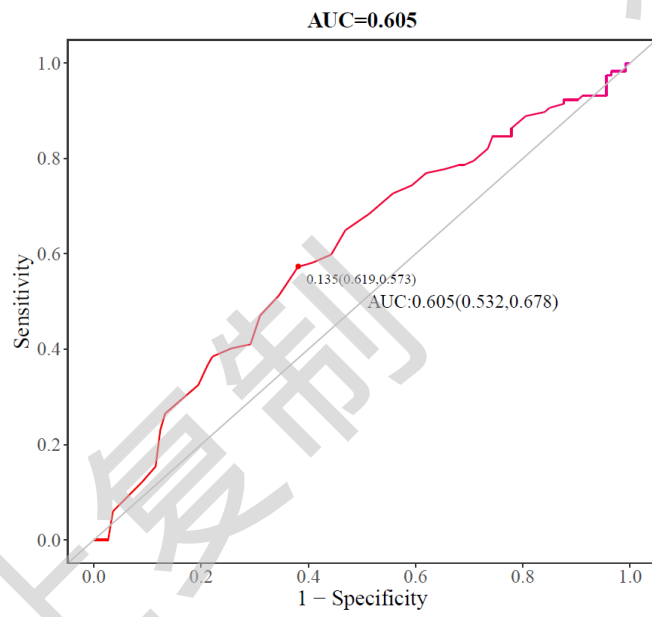
图C.1 随机误差

C.4 PR 曲线见图 D.2。



图C.2 PR 曲线

C.5 ROC 曲线见图 D.3。



图C.3 ROC 曲线

附录 D
(资料性)
评估报告示例

下面给出了评估报告的示例。

示例：

一、风险评估；

二、检测说明

三、肠道菌群总体情况

名称	检测结果	参考范围
***	***	***
***	***	***

四、有益菌检测结果和有益菌功能

名称	拉丁名	检测结果	参考范围
***	***	***	***
***	***	***	***

有益菌名称	功能
***	***

五、潜在有害菌检测结果

名称	拉丁名	检测结果	参考范围
***	***	***	***
***	***	***	***

潜在有害菌名称	功能
***	***

六、结直肠癌相关菌

拉丁名	NCBI 类别	检测结果	参考范围	人群水平	趋势	文献信息
***	***	***	***	***	***	***
***	***	***	***	***	***	***

七、属水平菌群详细构成

拉丁名	NCBI 类别	检测结果	参考范围
***	***	***	***
***	***	***	***

八、门水平菌群详细构成

拉丁名	NCBI 类别	检测结果	参考范围
***	***	***	***
***	***	***	***

年月***日

附 录 E
(资料性)
菌群功能简介

菌群功能简介见表E. 1。

表 E. 1 菌群功能简介

名称	功能
双歧杆菌属	形成具备保护作用的生物屏障，排斥致病菌，合成多种维生素，激活人体免疫机能，降血脂、抗衰老、抗放射线。
青春双歧杆菌	可增加血中超氧化物歧化酶(SOD)的活性与含量，具有抗衰老作用。还具有降低胆固醇和甘油三酯的作用。
动物双歧杆菌	能够合成维生素B1、B2、B6和K等；可分泌多种酶类，促进食品的降解与吸收；可提高机体的抗体水平，抑制和杀死肿瘤细胞；降低胆固醇；抗衰老等。
双歧双歧杆菌	在婴儿和成人肠道中广泛存在，具有免疫调节活性。
短双歧杆菌	改善肠道环境、抑制肠道有害细菌的生长、提高机体免疫力，可预防便秘、疾病、衰老。
长双歧杆菌	具有调节肠道微生态的功效。
乳酸杆菌属	促进消化的营养吸收，刺激免疫活性。可抑制肠道内腐败菌、致病菌的繁殖，降低血氨和血中胆固醇的含量，并具有维持肠道内菌群平衡的作用。
嗜酸乳杆菌	调整肠道菌群平衡，抑制肠道不良微生物的增殖。
短乳杆菌	具有高产酸能力和解毒、抑菌、提高机体免疫能力等多种功能特性。
干酪乳杆菌	调节肠内菌群平衡、促进人体消化吸收等作用；具有降血压、降胆固醇，促进细胞分裂，产生抗体免疫，增强人体免疫及预防癌症和抑制肿瘤生长等功能，还具有缓解乳糖不耐症、过敏等益生保健作用。
德氏乳杆菌	具有缓解高血压，维持肠道菌群平衡，促进钙吸收，改善睡眠等功能。
发酵乳杆菌	预防和治疗哺乳期乳腺炎，缓解哺乳期乳房的肿胀疼、痛等症状，提高母婴的免疫力和肠道健康。
瑞士乳杆菌	缓解高血压，维持肠道菌群平衡，促进钙吸收，改善睡眠等功能。
罗伊氏乳杆菌	对预防和治疗肠道菌群引起的多种肠道不适，尤其是儿童的肠道病症有着全面调节功能。
鼠李糖乳杆菌	调节肠道菌群，提升机体免疫力，预防和治疗腹泻。
唾液乳杆菌	激发免疫系统，改善过敏体制。
凝结芽孢杆菌	抑制有害菌生长，改良肠道微生态环境，促进肠道发育，增强肠道功能。
枯草芽孢杆菌	对致病菌或内源性感染的条件致病菌有明显的抑制作用。
单形拟杆菌	可以缓解高脂肪膳食导致的代谢和免疫紊乱。
丁酸梭菌	调整肠道菌落平衡，促进肠道有益菌群增殖；增强免疫功能，预防肿瘤发生。
尿肠球菌	抑制动物病原菌繁殖、维持和调整肠道微生态平衡、减少肠道内毒素与尿素酶的含量、促进动物器官成熟、改善动物生理状态。
普拉梭菌	具有抗炎效应，可明显改善肠道炎症。
戊糖片球菌	可以促进营养成分的吸收、有助于提高免疫力，以及降低胆固醇的作用。
费氏丙酸杆菌	能调节肠道菌群平衡，产生维生素B12和丙酸等，抗炎症，调节免疫。

表 E.1 菌群功能简介（续）

名称	功能
幽门螺杆菌	是一种革兰氏阴性菌，67%~80%的胃溃疡和95%的十二指肠溃疡是由幽门螺旋杆菌引起的。专家们认为，该菌感染使患胃癌的危险增加 2.7-12倍。如果没有该菌感染，至少有 35%-89%的胃癌不会发生。
艰难梭菌	厌氧性细菌，一般寄生在人的肠道内。如果过度服用某些抗生素，会使艰难梭菌的菌群增长速度加快，影响肠道中其他细菌的生长，引发炎症。艰难梭菌可引起肾盂肾炎、脑膜炎、腹腔及阴道感染、菌血症和气性坏疽等。
沙门氏菌	沙门氏菌性是食物中毒最常见的致病菌，在我国占食物中毒第一位。各种类型沙门氏菌可以感染人类、家畜以及野生禽兽。
肠炎沙门氏菌	它是引起急性胃肠炎主要的一个病原菌，感染后患者典型症状就是发热、恶心呕吐和腹泻。
志贺氏菌	是一类革兰氏阴性杆菌，是人类细菌性痢疾最为常见的病原菌，通称痢疾杆菌。细菌性痢疾是最常见的肠道传染病，夏秋两季患者最多。传染源主要为病人和带菌者，因食用污染了痢疾杆菌的食物和水等。致病物质包括侵袭力和内毒素，有些菌株还可产生外毒素（志贺毒素）。
痢疾志贺氏菌	通常感染结肠部位，且感染机体时侵袭上皮淋巴组织，再侵袭上皮细胞，导致淋巴小结相关上皮的溃疡，感染者病情较重。
宋内氏志贺氏菌	是一类革兰氏阴性杆菌，是人类细菌性痢疾最常见的病原菌，感染者病情较轻。
弯曲杆菌	胎儿弯曲杆菌空肠亚种被认为是引起人类急性和亚急性肠胃炎的重要肠道病原菌。常见者为空肠弯曲菌肠炎，主要临床表现有发热、腹痛、腹泻、黏液便或脓血便等。
脆弱拟杆菌	产生脆弱拟杆菌毒素，引起儿童和成人腹泻，可能导致结直肠癌。是气性坏疽的主要病原菌，能产生多种外毒素，A型主要引起气性坏疽和食物中毒，C型和F型可引起坏死性肠炎等。
产气荚膜梭状芽孢杆菌	经误食或伤口切口侵入深部组织，生长繁殖后引起肉毒中毒，分为成人肉毒病、婴儿肉毒病、创伤性肉毒病。
肉毒杆菌	是破伤风的病原体，当机体受到深部创伤或手术时使用不洁器械等情况下易感染该菌，发病后机体呈强直性痉挛，可因窒息或呼吸衰竭而死亡。
破伤风杆菌	侵入易感者上呼吸道，通常在咽部黏膜生长繁殖，是引起小儿白喉的病原菌。
白喉棒状杆菌	重要的条件致病菌，可引起泌尿道感染、呼吸道感染、伤口感染以及败血症等疾病。
产气肠杆菌	是口腔、肠道正常定植菌群，但免疫功能低下时可导致呼吸道感染、尿路感染和血流感染等各类感染，是重要的条件致病菌和医源性感染菌之一。
肺炎克雷伯氏菌	是条件致病菌，在一定条件下可以引起多种疾病，如腹泻、肠炎、尿路感染、呼吸道感染、菌血症和其他临床感染(如新生儿脑膜炎)。
大肠埃希氏菌	是一种革兰氏阴性菌，67%~80%的胃溃疡和95%的十二指肠溃疡是由幽门螺旋杆菌引起的。专家们认为，该菌感染使患胃癌的危险增加 2.7-12倍。如果没有该菌感染，至少有 35%-89%的胃癌不会发生。
衣氏放线菌	多存在于正常人口腔等与外界相通的腔道，属正常菌群。当机体抵抗力减弱或拔牙、口腔黏膜损伤时，可引起内源性感染，导致软组织的慢性或亚急性肉芽肿性炎症，病灶中央常坏死形成脓肿，并在组织内生成分发性瘻管。
炭疽芽孢杆菌	引起的炭疽病遍及世界各地，四季均可发生。人类炭疽根据感染的途径不同，分为体表、肠道及吸入性感染，可分别引起皮肤炭疽，肠炭疽，肺、纵隔炭疽。
博氏疏螺旋体	莱姆病是由博氏疏螺旋体所引起的，以蜱为主要传播媒介的自然疫源性人畜共患病，人感染博氏疏螺旋体后可以引起人体多系统、多器官的损害，临床表现为脑膜炎、关节炎、神经根炎、慢性萎缩性肢皮炎、心肌炎等。
流产布鲁杆菌	能引起牛和人类产生布鲁菌病，急性病人发热，有弛张、间歇或持续各种热型，还有出汗、全身无力及酸痛等全身症状，慢性病人长期疲乏无力。皮肤损害很少见，偶然有类似伤寒的玫瑰疹，或是发生荨麻疹、

表 E.1 菌群功能简介 (续)

名称	功能
马耳他布鲁氏菌	红斑、溃疡或疱疹样皮炎状损害
猪布鲁氏菌	马尔他布鲁氏菌病，是一种传染疾病。是由布鲁氏菌引发的人畜共患性全身传染病，其临床共性为一直发烧、多汗、关节痛及肝脾肿大等。
肺炎衣原体	布鲁氏菌病是人兽共患的一慢性传染病。对人则表现为发热、多汗、关节痛、神经痛及肝、脾肿大。本病分布广泛，可严重地损害人、兽的健康。
鹦鹉热衣原体	感染后可以是轻度的或一过性的流感样症状，也可以是急性发病，伴有高热，剧烈的头痛和肺炎，开始有发热、寒战、头痛、出汗和许多其他常见的全身和呼吸道症状，如不适、关节痛、肌痛、咯血和咽炎。
沙眼衣原体	主要是通过性传播、血液传播、间接接触传播、母婴传播，感染可以导致沙眼、生殖泌尿系感染、性病、淋巴肉芽肿。
流感嗜血杆菌	大部份流感嗜血杆菌都是机会性感染细菌，如病毒感染或免疫力下降后则会引发病症，可引起原发性化脓性感染和呼吸道继发感染。
嗜肺军团菌	临床特征表现为急性下呼吸道感染症状，属于非典型性肺炎范畴，为重型，病死率为15%-30%，免疫力低下的患者病死率可高达80%，严重威胁人们的身体健康。
单核增生李斯特氏菌	发生感染主要临床表现为发热、上呼吸道感染、腹泻、呕吐等。感染风险最高的人群包括孕妇，婴儿，免疫功能低下的人和老年人(65岁及以上)。
结核分枝杆菌	可通过呼吸道、消化道或皮肤损伤侵入易感机体，引起多种组织器官的结核病，其中以通过呼吸道引起肺结核为最多。结核分枝杆菌可通过飞沫微滴或含菌尘埃的吸入，故肺结核较为多见。
溃疡分枝杆菌	又称布鲁里溃疡，是由溃疡分枝杆菌引起的慢性侵袭性坏死性皮肤病，患者常为河流或温暖潮湿地带的妇女或儿童，常于外伤7~14天后发病，形成特征性的坏死性溃疡，后期皮损组织纤维化和瘢痕形成可导致肢体挛缩畸形。
肺炎枝原体	是人类支原体肺炎的病原体，病理改变以间质性肺炎为主，有时并发支气管肺炎，称为原发性非典型性肺炎。主要经飞沫传染，潜伏期2~3周，发病率以青少年最高。
淋病奈瑟氏球菌	人体寄生菌，常存在于急性尿道炎与阴道炎的脓性分泌物的白细胞中。淋球菌感染可引起泌尿生殖系统的化脓性感染，是常见的性传播疾病之一，俗称淋病。临床表现以尿道炎、宫颈炎多见，典型症状是排尿困难、尿频、尿急、尿痛、排出黏液或脓性分泌物等。也可侵犯眼睛、咽部、直肠和盆腔等处以及血行播散性感染引起关节炎、肝周炎、败血症、心内膜炎或脑膜炎等。
脑膜炎奈瑟氏球菌	流行性脑脊髓膜炎是由脑膜炎奈瑟菌通过呼吸道传播引起的化脓性脑膜炎。多数人感染后表现为带菌状态或隐性感染，细菌仅在体内短暂停留后被机体清除。只有少数人发展成脑膜炎。
星状诺卡氏菌	绝大多数严重的非侵入性诺卡氏菌感染是由星状诺卡氏菌引起，感染的主要途径为吸入，肺部诺卡氏菌病的晚期病菌可经血液传播引起播散性诺卡氏菌病。
铜绿假单胞菌	为条件致病菌，是医院内感染的主要病原菌之一。患代谢性疾病、血液病和恶性肿瘤的患者，以及术后或某些治疗后的患者易感染本菌。
立氏立克次氏体	主要是通过人虱，鼠蚤，蜱等节肢动物叮咬而感染人体。侵入机体后，先在局部小血管内皮细胞中增殖，导致局部炎症反应。繁殖的细菌再次进入血流后形成第一次菌血症，随后进入机体其余部位血管内皮进行繁殖，再次释放入血形成第二次菌血症，导致出现典型的临床症状。
金黄色葡萄球菌	侵袭性细菌，能产生毒素，对肠道破坏性大。主要表现为呕吐、发热、腹泻，重症大便次数频数每日可达数十次，可发生休克。
表皮葡萄球菌	正常存在于人的皮肤、鼻腔及肠道中，在一定条件下也可致病，引起化脓性感染，甚至引起败血症。

表 E.1 菌群功能简介（续）

名称	功能
腐生葡萄球菌	革兰氏阳性球菌，腐生葡萄球菌一般不致病，但会引起尿路感染。
无乳链球菌	是最常见的一类病原链球菌，是造成孕妇产褥期脓毒血症和新生儿脑膜炎的一个重要原因。
变异链球菌	为革兰氏染色阳性的球菌，是口腔天然菌群中占比例最大的链球菌属中的一种，为牙斑的主要成分之一。
肺炎链球菌	可引发生于牙硬组织的细菌感染性疾病如龋病。
酿脓链球菌	可引起的肺炎常突然发病，表现为高热、寒战、胸膜剧烈疼痛、咳铁锈色痰。10%~20%的患者可于高热期伴发菌血症。肺炎链球菌也可侵入机体其他部位，引起继发性胸膜炎、中耳炎、乳突炎、心内膜炎及化脓性脑膜炎等。
血链球菌	是人的重要致病菌之一。该菌有多种毒力因子，可引起多种感染，包括咽炎、呼吸道感染、皮肤感染（脓疱病、丹毒）、软组织感染、心内膜炎、脑膜炎、产褥期脓毒病、关节炎，产毒素的菌株引起的感染可导致猩红热或更严重的中毒性休克综合症。
梅毒密螺旋体解脲脲枝原体	是一种共生细菌，广泛分布在口腔中，主要是牙齿表面，口腔粘膜的表面和人唾液。血链球菌还被广泛认为是感染性心内膜炎，心脏瓣膜或心内膜感染的病因。
小肠结肠炎耶尔森氏菌	是梅毒的病原体，由于感染方式不同可分先天性梅毒和后天性梅毒。前者是患梅毒的孕妇经胎盘传给胎儿的；后者是出生后感染的，其中95%是由性交直接感染，少数通过输血等间接途径感染。

参 考 文 献

- [1] GB/T 42018-2022 信息技术 人工智能平台计算资源规范.
 - [2] GB/T 44548-2024 城市热力管道安全风险评估方法.
 - [3] MZ/T 216-2024 养老机构服务安全风险评估指南.
-