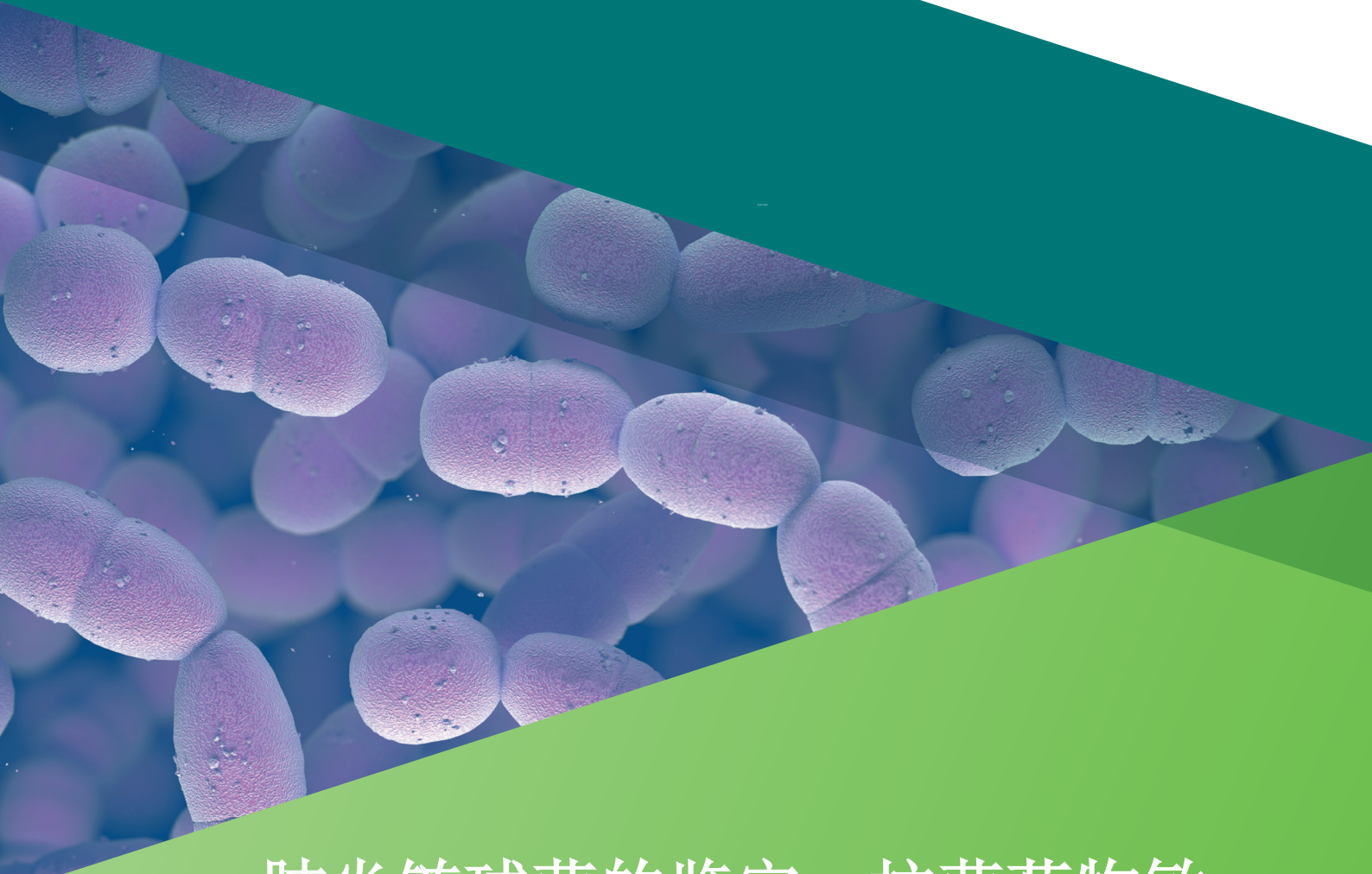




肺炎链球菌的鉴定、抗菌药物敏感性试验和分子分型外部质量评估，2026

欧洲疾病预防控制中心监测与预警

肺炎链球菌的鉴定、抗菌药物敏感性试验和分子分型外部质量评估，2026

代表IBDLabNet监测网络



本报告由欧洲疾病预防控制中心（ECDC）委托，由玛丽亚·凯拉马鲁博士协调，并由塞米·塔哈博士和穆罕默德-凯尔·塔哈教授（法国巴黎巴斯德研究所）代表IBDLabNet联盟制作，作为框架合同ECDC/2025/001实施的一部分。

作者

萨米·塔哈，侵袭性细菌感染单位，脑膜炎奈瑟菌和流感嗜血杆菌国家参考中心，巴斯德研究所，巴黎西大学，巴黎，法国；穆罕默德-凯尔·塔哈，侵袭性细菌感染单位，脑膜炎奈瑟菌和流感嗜血杆菌国家参考中心，巴斯德研究所，巴黎西大学，巴黎，法国

致谢 作者感谢IBDLabNet联盟成员在本次练习的设计和实施过程中提供的支持，以及所有参与2026年外部质量评估的欧盟/欧洲经济区实验室的积极参与和贡献。

建议引用：欧洲疾病预防控制中心. 肺炎链球菌外部质量评估，2026. 斯德哥尔摩：ECDC；2026.

斯德哥尔摩，2026年8月

国际标准书号：978-92-9498-915-4 电子
文献号：doi: 10. 2900/6020885 目录编号
：TQ-01-26-060-EN-N

© 欧洲疾病预防控制中心，2026年 版权所有。经许可可复制，但须注明出处。

内容

缩写 4

执行摘要 6

1 引言 7

2 研究设计与方法 8

3 结果 10

3.1 参与情况与实验室方法 10

3.2 非培养样本的性能表现 11

3.3 培养分离株的性能表现 12

3.4 耐药性检测 13

3.5 全基因组测序的采用情况及报告结果 14

4 讨论 16

5 结论 18

6 建议 18

参考文献 20

附录 1. 参与实验室与国家 21

附录 2. 肺炎链球菌面板组成及预期结果 21

附录 3. 补充详细结果表格 22

数字

图1. 链球菌非培养样本的性能：NC3和NC5的病原体鉴定（两样本均预期为肺炎链球菌） 12

表格

表1. EQA中肺炎链球菌部分的欧盟/欧洲经济区汇总结果..... 10

表1A. 汇总分析中包含的欧盟/欧洲经济区实验室..... 21

缩写

AST药敏试验
 CSF脑脊液
 Ct循环阈值
 DNA脱氧核糖核酸
 ECDC欧洲疾病预防控制中心
 EQA外部质量评估
 EUCAST欧洲抗菌药物敏感性试验委员会
 EU/EEA欧洲联盟/欧洲经济区
 H. influenzae流感嗜血杆菌
 IBDLabNet侵袭性细菌疾病实验室网络
 IPD侵袭性肺炎链球菌病
 IQR四分位距
 LINcode谱系代码
 MALDI-TOF基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱法
 MIC最低抑菌浓度
 N. meningitidis脑膜炎奈瑟菌
 NFP国家联络点
 OCP操作联络点
 PCR聚合酶链式反应
 REDCap研究电子数据采集
 S. pneumoniae肺炎链球菌
 ST序列类型
 WGS全基因组测序

执行摘要

肺炎链球菌（肺炎球菌）感染仍然是欧洲的主要公共卫生问题，尤其是在幼儿和老年人中。监测需要对血清型进行可靠的鉴定、抗生素耐药性检测，以及越来越重要的基因组特征分析。血清型信息对于监测疫苗可预防疾病、血清型替代以及非疫苗血清型的分布尤为重要。

本次EQA活动在IBDLabNet框架下，代表ECDC组织进行，旨在评估欧盟/欧洲经济区实验室在非培养和培养环境下对肺炎链球菌的检测和鉴定能力。该活动包含一个共享的非培养样本面板和一个可选的肺炎链球菌培养样本面板。样本于2025年12月寄送，在线响应表单于2026年1月开放，提交截止日期为2026年4月15日。

共有来自24个国家的34个欧盟/欧洲经济区实验室参与了欧盟/欧洲经济区的分析。所有34个欧盟/欧洲经济区实验室都收到了非培养检测面板，其中32/34个实验室在REDCap中至少提交了一份非培养样本检测结果。有24个欧盟/欧洲经济区实验室申请了肺炎链球菌培养检测面板，其中23个欧盟/欧洲经济区实验室提供了可分析的分离物级结果。

总体而言，基于培养的物种鉴定表现良好。对于P1和P2样本，均有23/23个实验室（100.0%）报告了正确鉴定结果。基于培养的血清分型也表现出较高水平：19/23个实验室（82.6%）正确报告P1样本为血清型23F，21/23个实验室（91.3%）正确报告P2样本为血清型14。当仅限于报告可解释血清型结果的实验室时，P1样本的一致性为19/21（90.5%），P2样本的一致性为21/21（100.0%）。抗生素敏感性试验（AST）的吸收率高，对于P1样本，有21/23个实验室（91.3%）报告了MIC测试结果，对于P2样本，有20/23个实验室（87.0%）报告了MIC测试结果。全基因组测序（WGS）由11/23个实验室（47.8%）对每个分离株进行报告；在WGS阳性提交样本中，22/22个（100.0%）报告了序列型，16/22个（72.7%）报告了LINcode。

非培养物种检测在肺炎链球菌非培养样本中同样表现出高准确率。对于预期含14型血清的NC3样本，正确病原体鉴定率为28/31（90.3%）；对于预期含23F型血清的NC5样本，正确病原体鉴定率亦为28/31（90.3%）。非培养材料中的血清型报告完整性较低。在所有可解读病原体反应的实验室中，正确血清型分配率为：NC3为7/31（22.6%），NC5为6/31（19.4%）。然而，在报告可解读血清型结果的实验室中，一致性较高：NC3为7/8（87.5%），NC5为6/7（85.7%）。这些发现表明，主要限制在于从肺炎链球菌检测到可用血清型信息的进展不完整，而非提供可解读血清型结果的实验室中频繁出现错误血清型分配。

EQA证实了参与欧盟/欧洲经济区实验室在基于分离株的肺炎链球菌鉴定方面表现强劲，并且在基于培养的血清分型方面总体表现良好。主要剩余差距在于非培养材料的血清型报告的完善和协调。建议的下一步措施包括继续定期进行EQA轮次、向参与者提供有针对性的反馈、改进非培养肺炎链球菌工作流程的方法学信息收集、继续支持标准化的MIC报告，以及进一步协调基于WGS的输出结果。

1 简介

肺炎链球菌仍然是欧洲侵袭性细菌性疾病的主要病因，尤其是在老年人和小儿中[1]。2023年，欧盟/欧洲经济区报告了24 567例确诊的侵袭性肺炎链球菌病病例，其中65岁及以上成人和1岁以下婴儿的年龄特定报告率最高[1]。尽管肺炎链球菌结合疫苗因覆盖的血清型减少了疾病，但由于血清型替代、非疫苗血清型的持续存在以及疫苗建议和覆盖范围的变化，IPD流行病学仍在不断演变[1-3]。

为监测目的，肺炎链球菌的实验室确诊和进一步特征分析仍至关重要。物种鉴定可确认侵袭性肺炎链球菌病，而血清型测定则有助于监测疫苗效果、血清型替换、暴发调查以及分析长期趋势。药敏试验数据有助于监测抗菌药物敏感性模式，并支持公共卫生解读，而全基因组测序越来越多地用于基因组分型、谱系评估和综合监测[1-4]。

本次EQA活动是在IBDLabNet框架下代表欧洲疾病预防控制中心（ECDC）组织的，作为欧盟侵袭性细菌病实验室网络第一年实施计划的一部分[4, 5]。其旨在评估参与实验室从非培养和培养材料中检测和鉴定肺炎链球菌的能力，包括物种鉴定、血清分型、抗生素敏感性试验（AST），以及在可用的情况下，基于全基因组测序（WGS）的鉴定。该活动还旨在记录参与实验室目前使用的常规方法，并确定需要协调、培训或针对性支持的需求[5]。

这项EQA旨在满足欧盟/欧洲经济区背景下的监控需求，即对非培养分子检测、培养法鉴定、血清分型、抗菌药物敏感性试验（AST）以及可选的基因组测序（WGS）进行综合评估，以用于肺炎链球菌（IPD）的监测。因此，具体目标如下：（i）评估实验室在共享面板中对肺炎链球菌的检测和鉴定性能；（ii）评估肺炎链球菌血清分型结果的一致性；（iii）描述抗菌药物敏感性试验（AST）的实践情况，并比较各实验室报告的最低抑菌浓度（MIC）；以及（iv）描述进行测序的实验室对基因组测序（WGS）的采用情况和产出。

2 研究设计与方法

该计划的组织架构

该EQA由巴黎巴斯德研究所的IBDLabNet协调团队代表欧洲疾病预防控制中心（ECDC）组织，依据该网络第一年工作计划和EQA实施计划进行。ECDC负责监督并批准邀请函、方法论文件、安全说明和运输材料。组织团队负责面板设计、准备、质量控制、运输、数据收集、分析和报告。该计划根据ECDC为欧盟公共卫生微生物实验室制定的欧盟级EQA原则[5, 6]开发。

参与者和招募

邀请函和预注册表格通过欧洲疾病预防控制中心（ECDC）的疾病网络分发给国家级联络点和操作联络点，他们可以直接参与或进一步将邀请转发给相关的国家实验室。

共有来自24个国家的34个实验室注册参加了此次活动。分母在不同章节中根据小组分配、样品特定响应和测试特定可用性而有所不同，并在整个报告中明确标出。

面板设计

该方案包含一个共享的非文化学组板和可选的文化学组板。非文化学组板由分发给所有参与实验室的六份冻干阳性样本组成；本次能力评估中未包含阴性非文化样本。可选文化学组板总共包含最多六份分离株，根据预注册时所做的病原体特异性选择，每类病原体（脑膜炎奈瑟菌、流感嗜血杆菌和肺炎链球菌）各对应两份分离株。

所有35家注册实验室均按方案设计收到了非培养检测面板。在纳入汇总分析的欧盟/欧洲经济区实验室中，所有34家都收到了非培养检测面板，其中32/34家在REDCap中提交了至少一份非培养样本检测结果。总体而言，24家欧盟/欧洲经济区实验室申请了肺炎链球菌培养检测面板；23家欧盟/欧洲经济区实验室提供了可用于培养分析的P1和P2数据，并被纳入基于培养的汇总分析。

本病原体特异性报告呈现了共享能力验证计划中的肺炎链球菌成分，即计划中包含的肺炎链球菌阳性非培养样本和两种肺炎链球菌培养分离株。

分发、测试窗口及说明

2025年12月3日开始的装运持续至2025年12月17日。在线回复表格于2026年1月12日开放，提交截止日期为2026年4月15日。要求参与者仅执行其常规方法。非培养样品根据装运包装中包含的说明进行复溶。培养分离物使用Amies活性炭运输拭子运输，并在收到后应在适当培养基上进行再分离。

实验室程序已评估

对于非文化样本，要求实验室进行肺炎链球菌的常规分子检测，并在可行且相关的情况下进行血清型测定。记录了物种检测的Ct值，以及在适用情况下血清型测定的Ct值。

对于培养分离株，要求实验室进行常规物种鉴定、血清分型、药敏试验和分子分型。可接受的鉴定方法包括常规表型方法、MALDI-TOF和经验证的分子方法。药敏试验方法反映了常规本地实践。要求参与者报告原始MIC值以及确定的理解标准。大多数参与者报告使用了EUCAST临界值[9]。

全基因组测序

WGS为可选项目。要求进行WGS的实验室报告所使用的测序技术、是否进行了组装，以及其常规实践中可用的基因组分型变量。由于尚未为问卷中包含的所有基因组输出建立完整的预定义参考数据集，因此WGS分析为描述性分析。对WGS应用、平台和组装实践进行了最小分析，而对参与者实际提交的基因组变量进行了扩展性描述分析，并报告了特定变量的分母。

数据采集与保密性

数据收集和管理使用位于巴黎巴斯德研究所的REDCap系统进行[7, 8]。系统设有独立模块分别采集实验室信息、非培养检测结果和培养结果。实验室身份信息采用实验室标识符进行了匿名化处理。报告中呈现的汇总结果以匿名形式展示；完整的实验室身份识别信息仅对组织中心和欧洲疾病预防控制中心（ECDC）可见。

预期结果与绩效评估

根据检测面板的构成，组织中心预先设定了预期的物种鉴定和血清型结果。对于肺炎链球菌组分，NC3和P2预期为血清型14，NC5和P1预期为血清型23F。

为进行肺炎链球菌血清型分析，区分了三个分母。全应答分母是指对非培养样本具有可解释病原体反应的实验室数量，或对培养分离物具有可分析分离物反应的实验室数量。血清型-领域应答是指任何非空的血清型/类型领域条目，包括未知或未检测等非信息性条目。可解释血清型结果是指实际血清型或可解释血清型/类别结果。未知、未检测、未分型/缺失、空白和缺失值被排除在可解释血清型分母之外，而错误的生物学血清型/类别调用则被保留为可解释但错误的。

肺炎链球菌谱板上没有预先设定目标MIC值或与耐药性相关的预期AST表型。因此，物种鉴定和血清分型是针对每个样本的预定义预期结果进行评估的，而AST结果则是在参与者之间进行比较分析的。

根据操作规程，MIC协议结果与主要参与者的结果进行了评估，且主要MIC值在一个倍比稀释范围内的结果被视为可比较分析中的符合结果。由于未预先设定目标Ct值，因此对Ct值进行了描述性分析。Ct值等于0的被视为缺失值。结果以计数和百分比形式报告，使用每个样本和变量的可用分母。由于并非所有实验室都申请了所有培养板，且并非所有参与者都执行了所有方法，因此不同分析的分母有所不同，并在分析中明确标出。

3 结果

3.1 参与和实验室方法

共有来自24个国家的34个欧盟/欧洲经济区实验室参与了欧盟/欧洲经济区的分析。所有34个欧盟/欧洲经济区实验室均按方案设计收到了非培养检测面板。其中, 32/34个实验室在REDCap中至少提交了一份非培养样本检测结果。针对单个非培养样本的性能分析以相关样本的可解释响应实验室数量为分母。含有菌株P1和P2的肺炎链球菌培养检测面板由24个欧盟/欧洲经济区实验室申请; 23个实验室提供了针对P1和P2的可分析菌株水平响应。

参与实验室报告的肺炎链球菌检测和血清分型常规方法存在差异。对于非培养分子检测, 有17/34家实验室 (50.0%) 报告使用lytA, 有18/34家 (52.9%) 报告使用其他分子靶标。同一实验室可能报告多个靶标。

基于文化的肺炎球菌鉴定, 有23家实验室中的12家 (52.2%) 报告采用分子方法, 23家中的11家 (47.8%) 报告采用其他表型方法, 23家中的9家 (39.1%) 报告采用MALDI-TOF。血清分型则依赖表型和分子方法。针对P1, 报告采用表型血清分型方法的实验室有23家中的15家 (65.2%), 报告采用分子方法的实验室有23家中的14家 (60.9%); 针对P2, 报告采用表型血清分型方法的实验室有23家中的14家 (60.9%), 报告采用分子方法的实验室有23家中的13家 (56.5%)。

AST方法存在异质性。对于P1, 有13/23个实验室 (56.5%) 报告了E-test, 7/23个实验室 (30.4%) 报告了肉汤微稀释法, 3/23个实验室 (13.0%) 报告了抗菌梯度法, 2/23个实验室 (8.7%) 报告了自动化仪器, 2/23个实验室 (8.7%) 报告了其他方法, 以及1/23个实验室 (4.3%) 报告了纸片扩散法。对于P2, 有11/23个实验室 (47.8%) 报告了E-test, 6/23个实验室 (26.1%) 报告了肉汤微稀释法, 3/23个实验室 (13.0%) 报告了抗菌梯度法, 2/23个实验室 (8.7%) 报告了自动化仪器, 以及2/23个实验室 (8.7%) 报告了其他方法。EUCAST是主要的解释标准, 对于P1, 有19/23个实验室 (82.6%) 报告, 对于P2, 有17/23个实验室 (73.9%) 报告。

已有11/23个实验室 (47.8%) 报告了对两种肺炎链球菌分离株进行了全基因组测序 (WGS)。在报告WGS阳性的实验室中, Illumina是最常报告的测序平台 (9/11; 每个分离株81.8%), 牛津纳米孔和其他平台各由1/11 (9.1%) 实验室报告。9/11个报告WGS阳性的实验室 (每个分离株81.8%) 报告了进行组装。这些数据描述了在常规分子检测、基于培养的鉴定、血清分型、药敏试验和WGS工作流程中报告的方法范围。

表1. EQA中肺炎链球菌部分的欧盟/欧洲经济区聚合结果概述

EQA组件	Sample/isolate	预期结果	分母	正确结果 n/N (%)
非文化病原体鉴定	NC3	肺炎链球菌	31	28/31 (90.3%)
所有非文化血清型 响应者	NC3	14	31	7/31 (22.6%)
非文化血清型 实验室报告 可解释的血清型结果	NC3	14	8	7/8 (87.5%)
非文化病原体鉴定	NC5	肺炎链球菌	31	28/31 (90.3%)
所有非文化血清型 响应者	NC5	23F	31	6/31 (19.4%)
非文化血清型 实验室报告 可解释的血清型结果	NC5	23F	7	6/7 (85.7%)
基于文化的物种鉴定	P1	肺炎链球菌	23	23/23 (100.0%)
基于文化的血清型 响应者	P1	23F	23	19/23 (82.6%)
基于文化的血清型 实验室报告 可解释的血清型结果	P1	23F	21	19/21 (90.5%)
AST摄取	P1	美联社报道	23	21/23 (91.3%)
全球定位系统 (GPS) 接收率	P1	WGS 已执行	23	11/23 (47.8%)
基于文化的物种鉴定	P2	肺炎链球菌	23	23/23 (100.0%)
基于文化的血清型 响应者	P2	14	23	21/23 (91.3%)

EQA组件	Sample/isolate	预期结果	分母	正确结果 n/N (%)
基于文化的血清型 实验室报告 可解释的血清型结果	P2	14	21	21/21 (100.0%)
AST摄取	P2	美联社报道	23	20/23 (87.0%)
全球定位系统（GPS）接收率	P2	WGS 已执行	23	11/23 (47.8%)

分母根据提供可解释结果的实验室数量以及是否报告了血清型鉴定、最低抑菌浓度测定或全基因组测序而变化。

3.2 对非文化样本的性能

肺炎链球菌非培养组以及两个预性含有肺炎链球菌3型。

NC3

针对NC3，有31家实验室提供了可解释的病原体反应。其中，28/31（90.3%）正确鉴定了肺炎链球菌。其余3/31家实验室（9.7%）报告了阴性结果。

有13家实验室提供了血清型-反应性数据；然而，其中3家报告为“未检测”，2家报告为“未知”。在报告可解释血清型结果的8家实验室中，有7/8（87.5%）报告了预期的血清型14。这相当于所有报告可解释病原体反应的31家实验室中的7/31（22.6%）。其余的可解释血清型结果为“非典型”。

物种Ct值来自20个实验室。中位数物种Ct值为31.75（IQR：30.3-36.14）。血清型Ct值来自一个实验室，值为30.6。

NC5

针对NC5，有31家实验室提供了可解释的病原体反应。其中，28/31（90.3%）正确鉴定了肺炎链球菌。其余3/31家实验室（9.7%）报告了阴性结果。

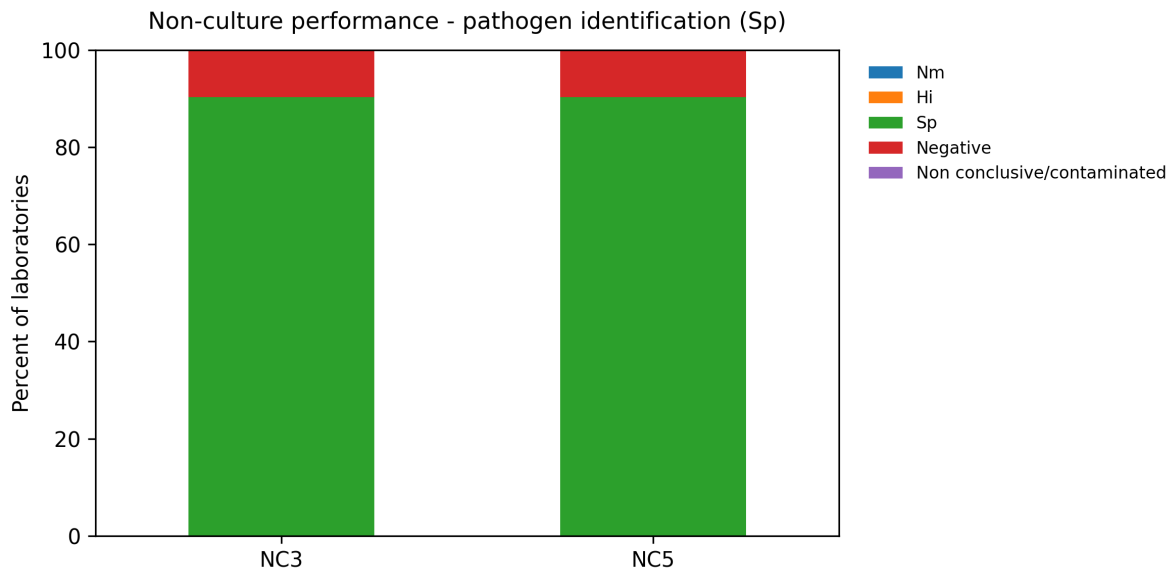
有12家实验室提供了血清型-反应性数据；然而，其中3家报告为“未检测”，2家报告为“未知”。在报告可解释血清型结果的7家实验室中，有6/7（85.7%）报告了预期的血清型23F。这与所有具有可解释病原体反应结果的31家实验室中的6/31（19.4%）相符。其余的可解释血清型结果为“非典型”。

物种Ct值来自20家实验室。中位数物种Ct值为34.0（IQR：30.6-35.0）。血清型Ct值来自一家实验室，值为34.9。

整体非文化表现

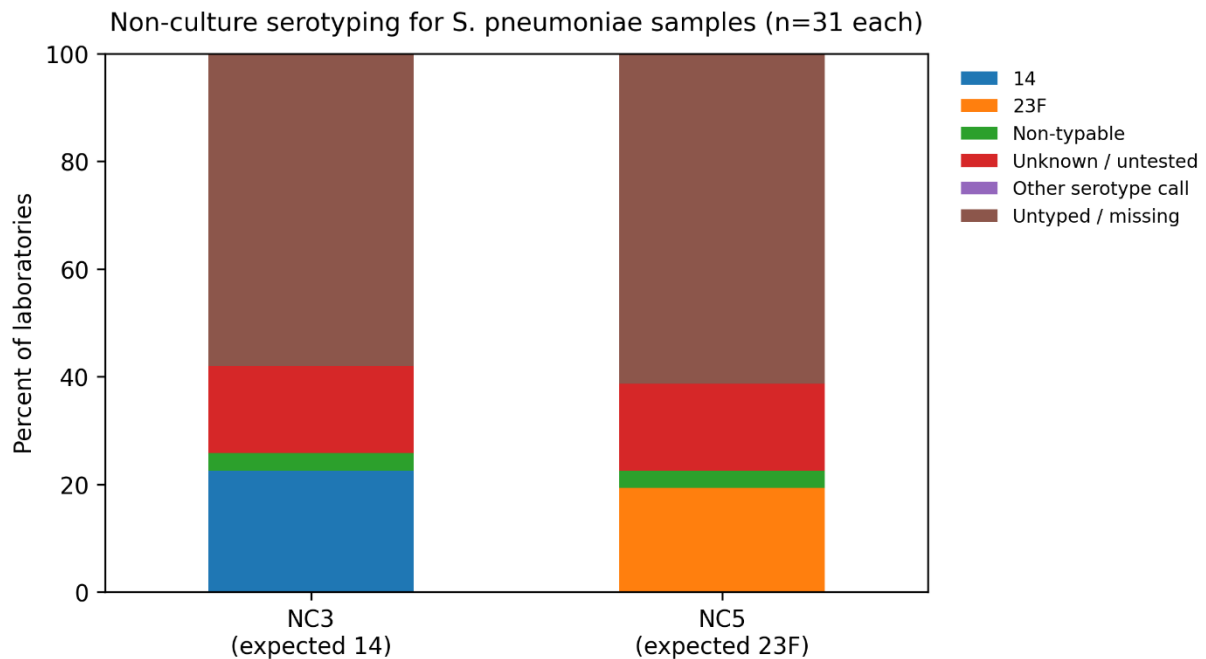
在两种肺炎链球菌非培养样本中，NC3和NC5的正确病原体鉴定率均为28/31（90.3%）。两种样本的血清型报告完整性均低于病原体鉴定。在报告可解释血清型结果的实验室中，NC3的正确血清型分配率为7/8（87.5%），NC5为6/7（85.7%）。针对所有报告可解释病原体反应的实验室，NC3的正确血清型分配率为7/31（22.6%），NC5为6/31（19.4%）。

图1. 肺炎球菌非培养样本的性能：NC3和NC5的病原体鉴定（两份样本中均预期存在肺炎球菌）



百分比基于提供可解释病原体反应的实验室（NC3：n=31；NC5：n=31）。

图2. 肺炎链球菌非培养样本检测：NC3和NC5的血清型报告



百分比基于所有提供可解释病原体反应的实验室；未知/未测试的反应被归为一组，而缺失的血清型结果则与可解释的血清型检测结果分开显示。

3.3 对培养分离株的性能

肺炎链球菌培养板包含两个分离株：P1，预计为23F血清型，以及P2，预计为血清型14

P1

P1物种鉴定在23/23个实验室（100.0%）中结果正确。所有23个实验室均提供了血清型-反应性数据；然而，有2个实验室报告为“未检测”。在报告可解释血清型结果的21个实验室中，19/21（90.5%）报告了预期的血清型23F。这与19/23（82.6%）的所有分离物应答者相符。其余可解释的血清型结果中，1/21个实验室报告为“其他血清型”，1/21个实验室报告为血清型14。

P2

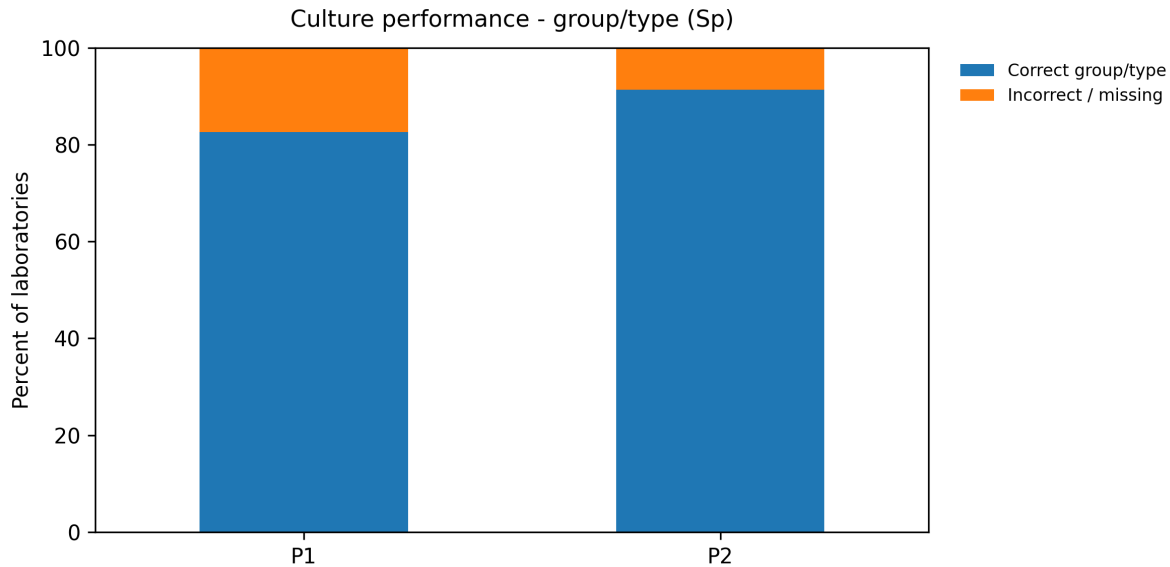
P2物种鉴定在23家实验室中均正确（100.0%）。所有23家实验室均提供了血清型-田间反应结果；然而，其中两家报告为“未检测”。在报告可解释血清型结果的21家实验室中，21/21（100.0%）报告了预期的血清型14。这与所有分离物应答者的21/23（91.3%）相符。

基于文化的整体表现

基于文化的物种鉴定对两种肺炎链球菌分离株均高度准确。血清型别鉴定为19/23。

针对所有分离反应者，P1为82.6%，P2为21/23（91.3%）。

图3. 肺炎链球菌分离株P1和P2基于文化的血清分型性能（预期：P1为23F血清型，P2为14血清型）



百分比基于所有具有可分析分离株反应的实验室（P1：n=23；P2：n=23）；未测试的血清型结果包含在所有应答者的分母中。

3.4 抗菌药物敏感性试验

对于培养分离株，AST摄取均较高。21/23个实验室（91.3%）报告了P1的MIC测试结果，20/23个（87.0%）报告了P2的MIC测试结果。由于本次实验未预设目标MIC值，因此通过与参与者的中位数MIC进行比较来评估MIC重现性。一致性定义为结果在参与者中位数MIC的一个倍比稀释范围内。未为肺炎链球菌分离株分配预定义的耐药相关预期表型，且未计算S_p的EUCAST预期表型识别指标。

P1

对于P1，所选抗生素的参与者模型MIC值分别为：青霉素0.5 mg/L，氨苄西林0.12 mg/L，头孢他啶0.12 mg/L，头孢曲松0.12 mg/L，阿奇霉素256.0 mg/L，四环素8.0 mg/L。

苯唑西林在参与者最适抑菌浓度（MIC）的1倍稀释倍数范围内的符合率为17/18（94.4%），氨苄西林为7/14（50.0%），头孢他啶为17/19（89.5%），头孢曲松为10/12（83.3%），阿奇霉素为2/3（66.7%），四环素为7/11（63.6%）。

P2

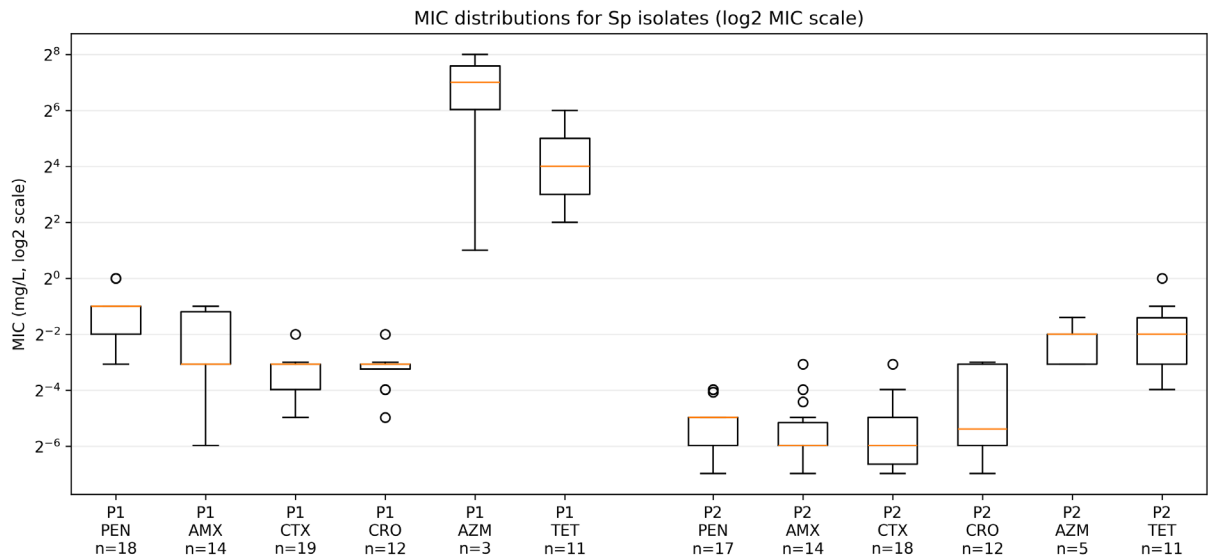
对于P2，参与者的模态MIC值如下：青霉素为0.032 mg/L，氨苄西林为0.016 mg/L，头孢他啶为0.016 mg/L，头孢曲松为0.016 mg/L，阿奇霉素为0.25 mg/L，四环素为0.25 mg/L。

苯唑西林在参与者最适抑菌浓度（MIC）的1倍稀释倍数范围内的符合率为16/17（94.1%），氨苄西林为11/14（78.6%），头孢他啶为16/18（88.9%），头孢曲松为7/12（58.3%），阿奇霉素为3/5（60.0%），四环素为6/11（54.5%）。

整体AST表现

对两种分离株而言，青霉素钠的最低抑菌浓度一致性最高。头孢曲松的一致性分别为：P1为17/19（89.5%），P2为16/18（88.9%）。头孢噻肟的结果来自较少的实验室，显示P1为10/12（83.3%）一致性，P2为7/12（58.3%）。阿奇霉素的最低抑菌浓度结果由少数实验室报告。

图4. 针对肺炎链球菌分离株P1和P2，所选抗生素报告的MIC值分布，以对数2 MIC刻度显示



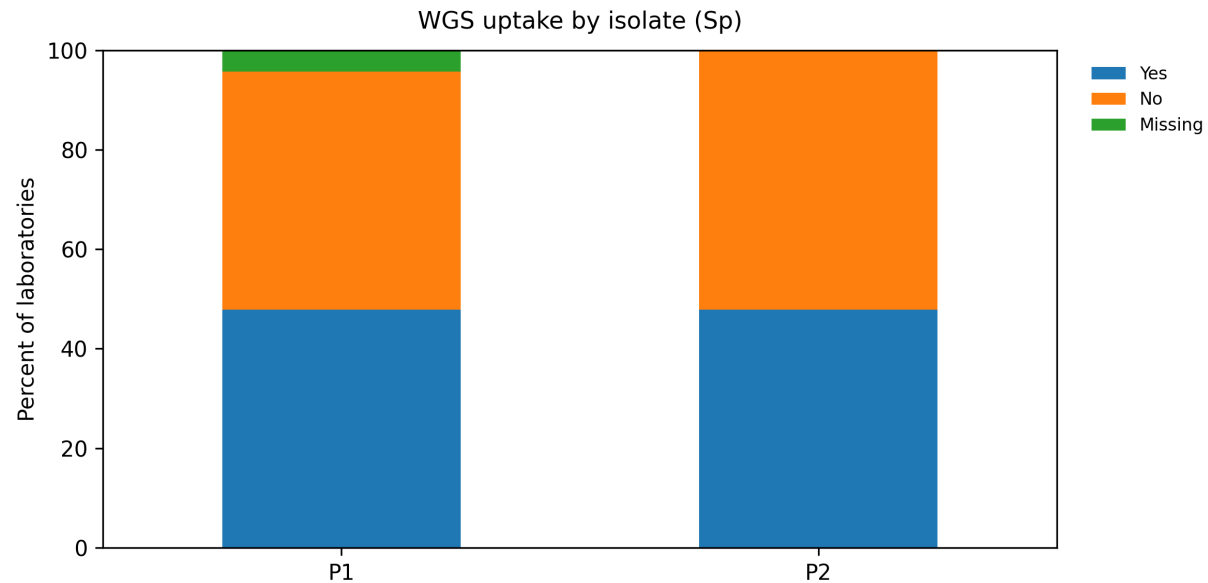
仅显示具有可用数值MIC值的分离-抗生素组合。每个抗生素标签下方的数字表示该分离-抗生素组合所包含的数值MIC值的数量。

3.5 全基因组测序的采用及报告产出

全基因组测序（WGS）由11/23家实验室（47.8%）为P1样本执行，同样由11/23家实验室（47.8%）为P2样本执行。在WGS阳性提交样本中，Illumina是主要的测序平台报告。对于每个分离株，有9/11家WGS阳性实验室（81.8%）报告了进行序列组装。

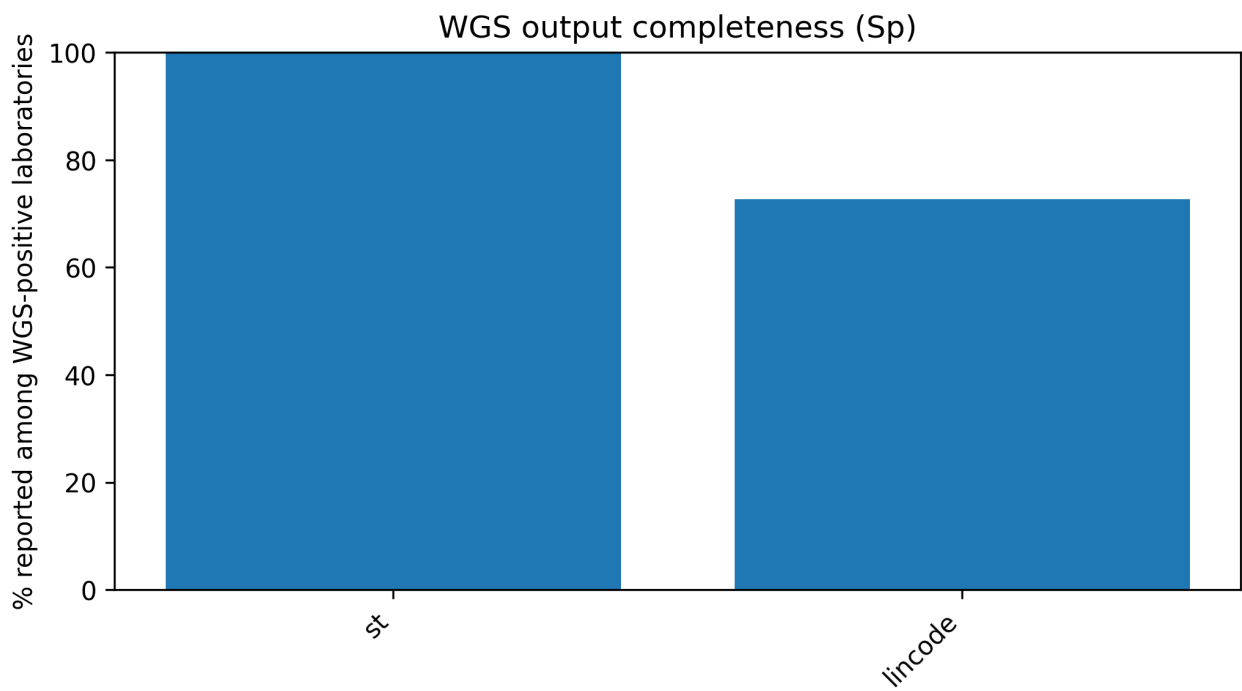
在WGS阳性提交样本中，P1的序列类型报告率为11/11（100.0%），P2的序列类型报告率也为11/11（100.0%）。LINcode报告率方面，P1为8/11（72.7%），P2为8/11（72.7%）。在病原体总体水平上，WGS阳性提交样本的序列类型报告完整度为22/22（100.0%），LINcode为16/22（72.7%）。

图5. 肺炎链球菌分离株P1和P2的WGS应用情况



百分比基于所有报告了分离株结果的实验室（P1：n=23；P2：n=23）。

图6. 肺炎链球菌分离株WGS阳性提交样本中报告的WGS输出结果的完整性



百分比仅基于WGS阳性提交样本（合并P1和P2提交：n=22；P1：n=11；P2：n=11）。

4 讨论

本EQA概述了当前欧盟/欧洲经济区实验室在肺炎链球菌检测、鉴定、分型方面的能力。总体而言, 结果显示在基于培养的物种鉴定、培养基础的抗生素敏感性试验(AST)和基因组特征分析方面表现强劲, 基于培养的分型结果一致性高, 提供培养检测结果的实验室对AST的采用率高, 以及WGS(全基因组测序)的实施程度中等。相比之下, 非培养病原体检测率高, 但非培养分型报告的完整性要低得多。这种模式表明, 肺炎链球菌成分中的主要剩余差距并非物种检测, 而是非培养材料分型信息的完善与协调。

2026年肺炎链球菌能力验证应与以往欧洲能力验证活动保持连续性, 同时要认识到, 由于小组构成、参与网络、基质、预期结果和评分方法等方面的差异, 直接比较仍然有限。在2012年ECDC肺炎链球菌能力验证中, 将五种肺炎链球菌分离株和两种模拟脑脊液样本分发给29个参考实验室, 结果已显示出在所执行的特征化程度方面的异质性, 范围从物种鉴定到血清分型、基因型特征化和抗生素敏感性试验[10]。在2014年ECDC肺炎链球菌能力验证中, 将包含三种活分离株和两种模拟脑脊液样本的小组发送给IBDLabNet网络中的30个实验室[11]。该活动显示总体上基于培养的鉴定和血清分型较强, 但也突出了血清型特征化的完整性和分辨率方面的差异, 尤其是在使用分子方法时[11]。本次活动证实了这一反复出现的模式: 物种鉴定在整个网络中是稳健的, 而全面和协调的血清型报告仍然更具挑战性, 特别是来自非培养材料时。

基于培养的物种鉴定代表了该实验中最强的组成部分。所有能分析分离株水平反应的实验室均正确地将P1和P2鉴定为肺炎链球菌。基于培养的血清分型结果也相当高, 当所有分离株应答者作为分母时, 23家实验室中有19家正确分型了P1, 23家中有21家正确分型了P2。如果将表明未进行血清分型测试的实验室单独考虑, 那么在提供可解释血清型结果的实验室中, 基于培养的血清分型性能甚至更高。这一区分很重要, 因为“未测试”反映的是特征描述不完整, 而非分析性错误分类。这些发现对监测很重要, 因为肺炎链球菌血清型数据是解释疫苗影响、血清型替代和疾病时间趋势的核心[1-4]。

当前基于文化的检测结果与之前的ECDC演练结果一致。在2014年的EQA中, 有26家实验室进行了表型物种鉴定; 其中三株分离株中有两株被所有参与者正确鉴定为肺炎链球菌, 第三株分离株仅报告了一个物种级别的错误[11]。表型血清分型总体表现良好, 尽管在血清群内部出现了错误, 并且一些实验室仅报告了血清群级别的结果而非完整的血清型[11]。这与2026年的演练直接相关, 因为血清型级别的分辨率对于IPD监测仍然至关重要。仅正确鉴定血清群可能有用, 但这通常不足以用于疫苗影响评估以及监测疫苗型与非疫苗型疾病。

非培养检测显示出不同的模式。物种检测在NC3和NC5中均表现良好, 有28/31家实验室正确识别了每个样本中的肺炎链球菌。然而, 报告提供血清型-场所反应的实验室较少, 对于所有可解释的病原体反应者, NC3的正确血清型分配率为7/31, NC5为6/31。在提供血清型-场所反应的实验室中, 大约有一半报告了预期的血清型。由于该分母包含了“未检测”和“未知”的反应, 因此这些结果应谨慎解读。因此, 主要问题不仅在于血清型分配不一致, 还在于从肺炎链球菌检测到可用血清型信息的进展不完整。从监测的角度来看, 这是一个关键的限制: 非培养材料中的病原体确认可能相对稳健, 但血清分型不完整会降低培养阴性病例的流行病学价值。

此前欧洲疾病预防控制中心(ECDC)的演练提供了有用的背景信息。在2014年的能力验证活动中, 所有22家尝试在模拟脑脊液样本中检测肺炎链球菌的实验室均正确检测到了肺炎链球菌DNA, 但只有四家实验室尝试了可选的分子荚膜分型, 且该分型仅在部分样本中完全成功[11]。2012年的能力验证活动同样报告了良好的非培养检测性能, 但也强调了提取方法、检测方法和基因靶标之间的异质性[10]。因此, 2026年的研究结果与早期观察结果一致: 非培养物种检测可以表现良好, 但非培养血清分型仍然更多地依赖于本地检测方法的可用性、血清型覆盖范围、报告算法和实验室实践。

Ct值分布提供了描述性背景, 但不应被视为实验室间的定量比较。Ct值取决于检测方法, 并受提取方法、样本量、试剂、平台和阳性阈值的影响。对于每个肺炎链球菌非培养样本, 有20个实验室提供了物种Ct值, NC3的中位数为31.75, NC5的中位数为34.0。血清型Ct值仅来自每个样本的一个实验室, 这限制了血清型特异性扩增的解释。这一局限性与其他机构发布的报告一致, 例如2014年欧洲疾病预防控制中心(ECDC)的报告指出, Cq值不能直接在不同检测方法或运行之间进行比较, 但可以反映DNA提取效率和PCR灵敏度的差异[11]。因此, 未来的能力验证(EQA)轮次应继续收集Ct/Cq值, 但需提供更结构化的方法信息以支持解释。

方法学调查凸显了常规肺炎链球菌工作流程中的异质性。实验室报告了非培养检测中不同的分子靶点组合, 其中lytA和其他本地验证的靶点均被普遍报告。对于基于培养的工作流程, 实验室使用了分子学、MALDI-TOF和表型鉴定方法, 并采用表型和分子方法进行分型。在一个由国家级和参考实验室组成的网络中, 这种异质性是预期的, 但它对监测产出的可比性有影响, 特别是对非培养分型而言。2014年ECDC报告同样建议收集更多关于基于PCR的分型方法和每种方案可区分哪些血清型的详细信息[11]。这仍然具有高度相关性, 因为肺炎链球菌分子分型方案可能会根据引物或探针覆盖范围提供不同分辨率的水平, 并且某些检测方法可以区分血清群但不能区分单个血清型[12, 13]。

肺炎链球菌血清分型的复杂性也应予以考虑。目前已描述了超过100种肺炎链球菌血清型, 同一血清群内关系密切的血清型可能难以通过某些分子方法区分[12]。基于PCR的CDC方案可支持从分离株和无菌部位临床标本中推断血清型, 但检测到的血清型范围和达到的分辨率取决于所使用的检测方法格式[13]。在2014年的ECDC EQA中, 一些分子方法被预期只能将某些分离株鉴定到联合血清型或血清群水平, 例如9N/9L、15A/15F或33A/33F/37, 而不是单一血清型[11]。这种方法学限制与2026年的结果直接相关, 并支持推荐未来问卷不仅应记录是否进行了血清分型, 还应记录方法、目标范围、分辨率以及报告部分、未知或未分型结果的规则。

AST参与度高, 提供了有用的比较信息, 尽管未分配预定义的参考MIC值。模态-MIC方法提供了实验室间可比性的描述性视图, 但不应将其解释为对独立参考标准的正式敏感性评分。对于两种分离株, 苯唑西林在稀释倍数变化不大于一个数量级时的一致性很高, 而某些抗生素-分离株组合则观察到更大的离散性。由于未为P1或P2指定预定义的耐药相关表型, 因此肺炎链球菌组分未添加EUCAST预期表型识别指标。

应参考先前欧洲疾病预防控制中心 (ECDC) 的肺炎链球菌能力验证 (EQA) 结果来解读药敏试验 (AST) 结果。2012年和2014年的报告均强调, 不同的判读标准, 特别是EUCAST与CLSI之间的差异, 使得实验室间比较复杂化, 尤其对于 β -内酰胺类和肺炎链球菌[10, 11]。2014年的EQA报告进一步指出, 差异可能源于 breakpoints (breakpoints) 的不同、分离株来源假设以及判读类别[11]。在本项工作中, 大多数实验室报告采用EUCAST作为判读框架, 这应有助于提高可比性。然而, 由于肺炎链球菌 panels 并非围绕预定义的耐药表型设计, 本报告中AST数据最恰当的应用是描述性分析: 原始MIC分布、参与者中位数MIC值以及围绕中位数值值的符合度。未来轮次可包含具有预定义耐药相关表型的肺炎链球菌分离株, 从而允许计算基于EUCAST的表型识别指标, 正如对选定的脑膜炎奈瑟菌和嗜血流感杆菌组合所做的那样。

全基因组测序 (WGS) 的采用程度适中, 有11/23个实验室对每个肺炎链球菌分离株进行全基因组测序。在WGS阳性提交样本中, 序列类型报告完整, 而LINcode报告则不够完整。这表明测序技术可在相当一部分实验室中开展, 但网络内常规报告的肺炎链球菌基因组输出结果尚未完全协调统一。基于WGS的方法可支持肺炎链球菌血清型预测和谱系分析, 但不同的工具和报告框架在输出结果及血清型解析水平上可能存在差异[14, 15]。从监测角度来看, 未来针对侵袭性肺炎链球菌分离株的最小常见WGS报告集可包括序列类型、使用的谱系代码以及荚膜或血清型相关的基因组解读。

这些发现的公共卫生意义直接与IPD监测目标相关。肺炎链球菌的确认至关重要, 但需要血清型信息来监测疫苗效果、识别血清型替代现象以及评估疫苗和非疫苗血清型分布的变化。不完整的非培养血清分型会降低培养阴性病例数据在监测中的实用性, 尤其是在无法获得有活力的分离株的情况下。相反, 基于分离株的稳健鉴定、高水平的抗生素耐药性检测 (AST) 应用以及不断增长的基因组测序 (WGS) 实施, 增强了监测流行肺炎链球菌谱系和耐药模式的能力。在广泛使用结合疫苗后肺炎链球菌流行病学发生变化的背景下, 这些优先事项尤为重要[1-3]。

应考虑若干局限性。首先, 所包含的肺炎链球菌成分仅包括两个阳性非培养样本和两个培养分离株, 无法捕捉常规监测中遇到的肺炎链球菌血清型、耐药谱或临床样本的多样性。其次, 未包含阴性非培养样本, 限制了特异性评估和假阳性报告的评估。第三, 参与培养面板为自愿性质, 并非所有实验室都执行了所有要求的检测, 导致分母存在差异。第四, 非培养样本进行了冷冻干燥和模拟处理, 可能无法完全再现临床脑脊液或血液样本的复杂性。第五, Ct值是描述性收集的, 未经检测协调, 不同实验室之间无法直接比较。第六, 药敏分析依赖于参与者的 MIC 中位数值而非预定义的参考 MIC 值, 且对肺炎链球菌分离株未预定义耐药相关预期表型。最后, WGS 数据进行描述性分析, 并非所有参与者均需提交 WGS 报告。

尽管存在这些局限性, EQA为各实验室及整个网络提供了一个有用的基准。对于参与者而言, 结果可支持对非培养型血清分型工作流程、培养型血清分型差异、MIC离群值以及不完整的WGS报告进行审核。在网络层面, 这些发现明确了能力加强的优先事项: 保持强大的培养型鉴定能力、提高非培养型血清分型的完整性和一致性、保持标准化的原始MIC报告、收集更结构化的方法学信息, 以及逐步协调肺炎链球菌WGS衍生结果。这些优先事项与ECDC EQA活动的目标相一致, 这些活动旨在支持协调、识别培训需求, 并提高欧盟/欧洲经济区监测数据的可比性[5, 6]。

总体而言, 2026年肺炎链球菌能力验证表明, 参与IBDLabNet的欧盟/欧洲经济区实验室在基于分离物的物种鉴定方面能力很强, 在基于培养的血清分型方面通常能力良好。主要剩余差距涉及非培养材料的血清型报告的完整性和协调性。定期的能力验证活动、有针对性的反馈、更详细的方法问卷以及针对非培养血清分型和基于全基因组测序的报告的聚焦培训, 将有助于进一步加强欧盟/欧洲经济区IPD监测数据的质量和可比性。

五、结论

2026年肺炎链球菌IBDLabNet EQA在基于培养的物种鉴定方面, 在参与欧盟/欧洲经济区实验室中表现出色。所有能够分析分离株水平反应的实验室均正确鉴定了两种肺炎链球菌分离株。基于培养的血清分型也表现良好, 尽管并非所有实验室和分离株都能完全完成。

非培养病原体检测在肺炎链球菌非培养样本中均表现良好, 但非培养材料中的血清型报告不够完整。针对所有具有可解释病原体反应的实验室, 正确血清型分型率为NC3为7/31, NC5为6/31。这些发现表明, 非培养血清分型仍然是肺炎链球菌组分中需要进一步协调的主要领域。

高, MIC分布为实验室间可比性提供了描述性信息。由于未为P1或P2分配预定义的耐药相关表型, AST解释仅限于模式MIC和一倍稀释范围内的完全一致性。约有一半提供肺炎链球菌培养板结果的实验室实施了WGS, 在WGS阳性提交样本中, 序列类型报告完整, 而LINcode报告则较不完整。

该EQA的设计适合用于记录网络当前的实践情况并识别与监测相关的空白。同时, 在解读结果时应考虑到肺炎链球菌样本数量有限、缺乏阴性非培养样本、参与培养环节的参与为自愿选择、比较性AST分析依赖参与者提供的模式MIC值、缺乏预定义的耐药相关AST表型以及WGS分析的描述性特点。

6 条建议

根据本次能力验证(EQA)的结果, 建议在未来的轮次和后续活动中采取以下措施:

优先改进非文化型肺炎链球菌血清分型。

未来能力建设活动应聚焦于提升肺炎链球菌检测后非培养材料血清型报告的完整性和可靠性。这应包括针对DNA提取、样本输入量、抑制控制、血清型检测设计、解释阈值和报告工作流程的定向技术指导或培训。

2. 在未来的等效性评估回合中收集更多结构化的方法论信息。

未来的问卷调查应收集关于肺炎链球菌分子检测的标准信息, 包括提取程序、样本量、内对照、使用的PCR靶标、Ct阈值策略, 以及从物种检测到分型所使用的算法。这些数据将有助于解释实验室间的差异, 并帮助区分方法相关的变异性与样本相关的因素。

3. 加强肺炎链球菌血清型报告的协调。

鉴于疫苗和非疫苗血清型分布的监控重要性, 应开展进一步协调工作, 以解决血清型命名、未知或未分型结果的报告、部分或不确定血清型判定的规则, 以及表型、分子和基于WGS的血清型分析结果之间的协调一致性问题。

4. 保持标准化的AST报告。

实验室应继续报告原始MIC值, 并注明所使用的测试方法和解释标准。未来的分析应继续呈现围绕参与者中位数MIC的MIC分布和一致性。如果未来的肺炎链球菌面板包含具有预定义耐药相关

表型，这些应在分析前予以明确，以便添加选定的基于EUCAST的表型识别指标。

5. 进一步协调基于WGS的报告。

未来的EQA练习应继续包含WGS组件，同时逐步定义针对序列化侵袭性肺炎链球菌分离株的最小公共报告框架。序列类型、谱系代码以及与荚膜/血清型相关的基因组解读似乎与监测的公共输出尤为相关。

6. 提高未来肺炎球菌分型方案的学术价值。

未来的质控板可以包含更广泛的挑战材料，例如阴性非培养样本、低信号非培养样本、具有流行病学意义的额外血清型，以及代表不同易感性特征的分离株。在可行的情况下，应记录预定义的预期基因组结果和耐药性相关结果，以支持更正式的性能评估。

7. **使用EQA结果进行有针对性的反馈和培训计划制定。**

应定期进行常规的EQA轮次，以监控进展、记录持续存在的差距，并评估后续行动的效果。应利用结果向参与者提供有针对性的反馈，并指导与欧盟/欧洲经济区IPD监测相关的未来IBDLabNet培训和协调活动。

参考文献

1. 欧洲疾病预防控制中心. 侵袭性肺炎链球菌病 - 2023年年度流行病学报告. 斯德哥尔摩: ECDC; 2026.
2. Teixeira R, Kossyvakis V, Galvez P, Méndez C. 欧洲成年人肺炎链球菌血清型演变及负担: 系统评价. 微生物. 2023;11(6):1376. doi:10.3390/microorganisms11061376.

附件1. 参与实验室和国家

表1A 欧盟/欧洲经济区实验室包含在汇总分析中

国家	实验室 / 研究所	Non-culture 面板	肺炎球菌 文化小组
奥地利	国家脑膜炎球菌、肺炎球菌参考中心 流感嗜血杆菌 / 奥地利健康与食品局 安全	Yes	Yes
保加利亚	国家传染病与寄生虫病防治中心	Yes	Yes
比利时	LHUB-ULB - 中国流感嗜血杆菌	Yes	No
拉脱维亚	里加东方大学医院，实验室服务，国家 微生物参考实验室	Yes	Yes
葡萄牙	呼吸道感染参考实验室 - 病原体 细菌学研究所 / 尼加拉瓜国家健康研究院罗德里戈·儒尼奥尔博士	Yes	Yes
斯洛伐克	国家脑膜炎奈瑟菌参考中心，公共卫生 斯洛伐克共和国的权力	Yes	No
比利时	国家研究委员会奈瑟菌 / 斯卡尼诺	Yes	Yes
意大利	传染病学，意大利卫生高级研究所	Yes	No
意大利	卫生高等研究所	Yes	No
保加利亚	国家传染病与寄生虫病研究中心实验室 分子微生物学	Yes	Yes
捷克	链球菌感染国家参考实验室 国家公共卫生研究院	Yes	Yes
瑞典	检验科，临床微生物学 奥雷布罗大学医院	Yes	No
法国	国家肺炎球菌参考中心 / 中心 克里特伊地区医院	Yes	Yes
挪威	挪威公共卫生研究所	Yes	Yes
德国	脑膜炎奈瑟菌和嗜血杆菌国家参考中心 流感嗜血杆菌	Yes	No
西班牙	西班牙肺炎球菌参考实验室	Yes	Yes
爱沙尼亚	爱沙尼亚共和国卫生委员会，传染病 实验室	Yes	Yes
西班牙	奈瑟氏菌、李斯特菌和 bordetella 单位/国家中心 微生物学 / 卡洛斯三世健康研究院	Yes	No
波兰	国家细菌性脑膜炎参考中心，国家 药物研究所	Yes	Yes
罗马尼亚	细菌性呼吸道感染实验室 / 坎塔库津 国家军事医学研究院 发展	Yes	No
匈牙利	国家公共卫生与药典中心	Yes	Yes
意大利	卫生高等研究所	Yes	Yes
罗马尼亚	INC DMM 康塔库津诺	Yes	Yes
芬兰	芬兰健康与福利研究所	Yes	Yes
丹麦	奈瑟菌和链球菌参考实验室，国家 血清研究所	Yes	Yes
立陶宛	国家公共卫生监测实验室	Yes	Yes
希腊	传染病与化疗研究室 雅典国立卡波迪斯特里大学	Yes	Yes
塞浦路斯	尼科西亚综合医院微生物科	Yes	Yes
希腊	希腊国家脑膜炎参考实验室	Yes	Yes
捷克	嗜血杆菌感染国家参考实验室 国家公共卫生研究院	Yes	No
马耳他	玛丽亚医院细菌学实验室	Yes	Yes
捷克	脑膜炎奈瑟菌感染国家参考实验室	Yes	No
荷兰	荷兰细菌性脑膜炎参考实验室	Yes	Yes
法国	国家脑膜炎奈瑟菌参考中心 流感嗜血杆菌	Yes	Yes

附件2. 肺炎球菌谱组成及预期结果

表2A. 非文化样本

示例代码	材料类型	预期病原体	预期血清型	在EQA中的目的
NC3	冻干非... 文化样本	链球菌 肺炎球菌	14	评估 分子检测 并且型别 决心来自 非文化材料
NC5	冻干非... 文化样本	链球菌 肺炎球菌	23F	评估 分子检测 并且型别 决心来自 非文化材料

表2B. 培养分离株

隔离代码	材料类型	预期病原体	预期血清型
P1	培养分离株	链球菌 肺炎球菌	23F
P2	培养分离株	链球菌 肺炎球菌	14

表2C. 评估的肺炎链球菌组分性能变量

EQA组件	评估的变量
非文化小组	病原体检测、血清型测定、物种检测和血清型报告的Ct值 决心
文化小组	物种鉴定、血清型测定、药物敏感性试验（AST），以及在有进行的情况下，全基因组测序（WGS）取样。 报告的输出

附件3. 补充详细结果表格

非文化型肺炎球菌样本的详细结果

表A3. 1 NC3的病原体鉴定

报告的病原体检测结果	n	分母	%
肺炎链球菌	28	31	90.3
负面	3	31	9.7

表A3. 2. 血清型要求NC3

报告血清型-田间价值	n	%占全部响应者 (n=31)	包含可解释的内容血清型分母	若被排除，请说明理由。
14	7	22.6	Yes	
Non-typable	1	3.2	Yes	
未分类 / 缺失	18	58.1	No	缺失或空白
未经测试	3	9.7	No	非信息性回复
正确区分血清型可解释的血清型结果	7/8	87.5		

表A3. 3. NC5病原体鉴定

报告的病原体检测结果	n	分母	%
肺炎链球菌	28	31	90.3
负面	3	31	9.7

表A3. 4. 血清型要求NC5

报告血清型-田间价值	n	所有回答者中的百分比 (n=31)	包含可解释的血清型分母	若被排除，请说明理由。
23F	6	19.4	Yes	
Non-typable	1	3.2	Yes	
未分类 / 缺失	19	61.3	No	缺失或空白
未经测试	3	9.7	No	非信息性回复
正确区分血清型可解释的血清型结果	6/7	85.7		

表A3. 5. 肺炎球菌非培养样本的摘要指标

样本	可解释的病原体回复, n	正确病原体 identification, n (%)	Serotype-领域 responses, n	可解释的血清型结果, n	正确血清型在所有...之中响应者, n (%)	正确血清型在...之中可解释的血清型结果, n (%)	物种 Ct 中位数 (IQR)	血清型 Ct中位数 (IQR)
NC3	31	28 (90.3)	13	8	7 (22.6)	7 (87.5)	31.75 (30.3–36.14)	30.6
NC5	31	28 (90.3)	12	7	6 (19.4)	6 (85.7)	34.0 (30.6–35.0)	34.9

培养的肺炎链球菌分离株的详细结果

表A3. 6. 血清型要求分离株P1

报告的血清型-田间值	n	在所有回应者中占比为 % (n=23)	包含可解释的血清型分母
23F	19	82.6	Yes
14	1	4.3	Yes
其他血清型	1	4.3	Yes
未经测试	2	8.7	No
正确区分血清型可解释的血清型结果	19/21	90.5	

表A3. 7. 血清型要求分离株P2

报告血清型-田间价值	n	%占全部响应者 (n=23)	包含可解释的内容血清型分母	若被排除，请说明理由。
14	21	91.3	Yes	
未经测试	2	8.7	No	非信息性回复
正确区分血清型可解释的血清型结果	21/21	100.0		

表A3. 8. 培养分离的肺炎链球菌的总结指标

隔离	回复, n	正确物种识别, n. (%)	Serotype-领域 responses, n	可解释的血清型结果, n	正确血清型在所有...之中 responders, n (%)	正确血清型在...之中可解释的血清型结果, n (%)	MIC 测试 uptake, n (%)	WGS 吸收; 摄取 (%)
P1	23	23 (100.0)	23	21	19 (82.6)	19 (90.5)	21 (91.3)	11 (47.8)
P2	23	23 (100.0)	23	21	21 (91.3)	21 (100.0)	20 (87.0)	11 (47.8)

补充AST表格

表A3. 9. 选取抗生素的参与者模型MIC值

隔离	抗生素	n数字麦克风	模态麦克风	n 带有模态MIC
P1	青霉素苄酯	18	0.5	8
P1	阿莫西林	14	0.12	6
P1	头孢曲松	19	0.12	9
P1	头孢曲松	12	0.12	7
P1	阿奇霉素	3	256.0	1
P1	四环素	11	8.0	3
P2	青霉素苄酯	17	0.032	7
P2	阿莫西林	14	0.016	8
P2	头孢曲松	18	0.016	7
P2	头孢曲松	12	0.016	4
P2	阿奇霉素	5	0.25	2
P2	四环素	11	0.25	4

表A3. 10. 参与者模式MIC在一份稀释倍数内的符合性

隔离	抗生素	n数字麦克风	模态麦克风	n在+/-1范围内 倍数稀释	一致性, %
P1	青霉素苄酯	18	0.5	17	94.4
P1	阿莫西林	14	0.12	7	50.0
P1	头孢曲松	19	0.12	17	89.5
P1	头孢曲松	12	0.12	10	83.3
P1	阿奇霉素	3	256.0	2	66.7
P1	四环素	11	8.0	7	63.6
P2	青霉素苄酯	17	0.032	16	94.1
P2	阿莫西林	14	0.016	11	78.6
P2	头孢曲松	18	0.016	16	88.9
P2	头孢曲松	12	0.016	7	58.3
P2	阿奇霉素	5	0.25	3	60.0
P2	四环素	11	0.25	6	54.5

补充 WGS 表格

表A3. 11. 肺炎链球菌分离株报告的WGS输出完整度, 合并P1和P2提交

WGS 输出	据报道	分母 WGS 阳性 提交的稿件	%的人报告说
序列类型	22	22	100.0
LIN码	16	22	72.7

表A3. 12 报告的WGS输出结果的特异性隔离完整性

隔离	WGS 输出	据报道	分母 WGS 积极提交	%的人报告说
P1	序列类型	11	11	100.0
P1	LIN码	8	11	72.7
P2	序列类型	11	11	100.0
P2	LIN码	8	11	72.7

欧洲疾病预防控制中心 (ECDC
)

古斯塔夫三世大道40号
16973 Solna, Sweden

Tel. +46 858 60 10 00
ECDC.info@ecdc.europa.eu
www.ecdc.europa.eu



Publications Office
of the European Union