·论著·

宏基因组二代测序技术对神经系统感染的诊断效能及精准用药指导作用*

田丽凤　韩斌　郑利群　叶秋明

（广州中医药大学附属中山中医院，广东 中山 528400）

【摘要】 目的　探讨宏基因组二代测序（mNGS）技术在神经系统感染诊断中的效能及其对精准用药的指导作用。**方法**　纳入 2023—2024 年我院 144 例术后疑似神经系统感染患者，随机分为 mNGS 组和传统病原学组。mNGS 组采用 mNGS 技术进行病原体检测，传统病原学组则采用传统脑脊液培养方法。收集患者的临床资料、检验结果及治疗效果，并进行对比分析。**结果**　mNGS 检测对病原微生物的检出率显著高于细菌培养（73.85% *vs* 58.46%，$P<0.05$），且能覆盖更广泛的病原体种类，包括细菌、真菌、寄生虫等。mNGS 组患者根据 mNGS 检测结果能够更快速地调整抗感染治疗方案，从而改善预后。**结论**　mNGS 技术在神经系统感染诊断中具有高敏感性和特异性，能够指导精准用药，提高治疗效果。

【关键词】 宏基因组二代测序；神经系统感染；诊断效能；精准用药

【中图分类号】 R741.04　**【文献标志码】** A　**DOI**：10.3969/j.issn.1672-3511.2026.04.026

Metagenomic next-generation sequencing for diagnostic efficacy and precision therapy in nervous system infections

TIAN Lifeng, HAN Bin, ZHENG Liqun, YE Qiuming

(*Zhongshan Hospital of Traditional Chinese Medicine Affiliated to Guangzhou University of Traditional Chinese Medicine, Zhongshan* 528400, *Guangdong, China*)

【Abstract】 Objective　To explore the efficacy of metagenomic next-generation sequencing (mNGS) technology in the diagnosis of nervous system infections and its guiding role in precise medication. **Methods**　A total of 144 patients with suspected postoperative nervous system infections were enrolled and randomly divided into an experimental group and a control group. The experimental group underwent pathogen detection using mNGS technology, while the control group underwent traditional cerebrospinal fluid culture. Clinical data, test results, and treatment outcomes were collected and comparatively analyzed. **Results**　The detection rate of pathogens by mNGS was significantly higher than that by bacterial culture (73.85% *vs* 58.46%, $P<0.05$), and mNGS could cover a wider range of pathogen species, including bacteria, fungi, and parasites. Patients in the experimental group were able to adjust their anti-infective treatment regimens more quickly based on mNGS results, thereby improving prognosis. **Conclusion**　mNGS technology exhibits high sensitivity and specificity in the diagnosis of nervous system infections and can guide precise medication, improving treatment outcomes.

【Key words】 Metagenomic next-generation sequencing; Nervous system infections; Diagnostic efficacy; Precise medication

神经系统感染是指由各种病原体，如细菌、病毒、真菌、寄生虫等引起的中枢神经系统的急性或慢性炎症性疾病[1]，当患者发生中枢神经系统感染之后，致死率最高可达 30%，在医疗卫生条件较好的地区，该

基金项目：中山市医学科研项目（2023A020405）

通信作者：叶秋明，主任药师，E-mail：yeqiuming2000@163.com

引用本文：田丽凤，韩斌，郑利群，等. 宏基因组二代测序技术对神经系统感染的诊断效能及精准用药指导作用[J]. 西部医学，2026，38(4)：616-619，624. DOI：10.3969/j.issn.1672-3511.2026.04.026

致死率可以得到很大程度的控制，但患者仍然存在着死亡的危险[2]。目前，传统脑脊液培养作为临床神经系统感染病原体鉴定的最常用方法。但是，传统脑脊液培养病原体覆盖范围有限，无法培养病毒、寄生虫等，而且易受病原菌含量、外界环境、抗菌药物使用和病原菌死亡等多种因素干扰，导致阳性率低，同时还存在耗时长的缺点，无法满足临床诊疗需求[3]。宏基因组二代测序技术序（Metagenomic Next-Generation Sequencing，mNGS）应用于神经系统感染中的诊断效能及精准用药指导[4]。通过脑脊液标本进行病原体宏基因二代测、传统脑脊液培养，解决神经系统感染早期诊断困难的问题。根据 mNGS 结果，针对不同的病原体选用合适抗感染药物进行规律治疗，解决神经系统感染精准抗感染治疗的难题。

1 资料与方法

1.1 一般资料 纳入 2023—2024 年收治在我院神经科（包括神经内科与外科）的 144 例疑似神经系统感染患者。按随机数字表法以约 1∶1 的比例，将入组患者随机分为 mNGS 组和传统病原学组。纳入标准为：①体温＞38 ℃且持续时间＞48 h、头痛、呕吐、惊厥、意识障碍加重等临床症状。②查体脑膜刺激征阳性。③腰椎穿刺脑脊液白细胞计数升高（＞100×10^6/L）和（或）葡萄糖降低（＜2.2 mmol/L）。④尚未明确具体病原体种类。排除标准：①失访或最终诊断不明者。②近半年内有明确神经系统感染病史者。③存在凝血功能障碍、自身免疫性疾病。④腰椎穿刺无法进行者。⑤无法获得足量样本或样本质量不合格者。

1.2 研究方法 mNGS 组：完善血常规、C 反应蛋白、降钙素原、血培养、脑脊液常规、脑脊液生化、脑脊液培养等相关检查，同时将脑脊液样品送 mNGS 检测，如有必要再次进行二代测序[5]。评估患者病情严重程度采取经验性抗生素治疗，首选方案为万古霉素和联合三四代头孢静脉滴注。取得 mNGS 结果后，若为阳性，根据病原学检查结果选择抗生素；若为阴性，且临床症状好转，予停用抗生素，如临床症状继续加重，则维持原抗感染方案或联合其他抗生素治疗，用药时间直到排除颅内感染或达到临床治愈标准后 1～2 周。传统病原学组：完善血常规、C 反应蛋白、降钙素原、血培养、脑脊液常规、脑脊液生化、脑脊液培养等相关检查，评估患者病情严重程度采取经验性抗生素治疗。取得脑脊液培养结果后，若为阳性，根据病原学检查结果选择抗生素：若为阴性，且临床症状好转，予停用抗生素，如临床症状继续加重，则维持原抗感染方案或联合其他抗生素治疗，用药时间直到排除颅内感染或达到临床治愈标准后 1～2 周。

1.3 标本留取 入组患者应在使用抗菌药物前由经验丰富的医师床旁严格无菌操作下行腰椎穿刺术，穿刺成功后先放 2～3 mL 脑脊液，之后抽取脑脊液 10 mL，在所有必要检查包括细菌学培养后，剩余 1～2 mL脑脊液于－20 ℃保存，12 h 内干冰运输致以果微码生物有限公司（西安）脑脊液 mNGS 检测。

1.4 mNGS 检测方法 ①DNA 提取及定量：1～2 mL脑脊液样本离心取沉淀物，按照 TIANampMicroDNAKit[DP316，天根生化科技（北京）有限公司]试剂盒步骤提取 DNA。②构建测序文库：使用生物分析仪（Agilent2100Bioanalyzer）结合 PCR 并进行测序前质量控制，按照 Illumina 平台的试剂盒（QIAseqTMUltralowInputLibraryKit）操作手册进行 DNA 文库构建。③上机测序：采用 BGISEQ-500/100 测序平台进行测序，检测范围包括已知的1 428种细菌、1 130种病毒、73 种真菌、48 种寄生虫及 40 种衣原体/支原体。④生物信息分析：过滤掉长度＜35 bp 及低质量、低复杂度的序列后，生成高质量数据，通过 BWA（http://biobwa.sourceforge.net/）比对去除人源序列，余下的数据与专用的微生物大数据库进行比对，并经生物信息分析获得每种微生物的序列深度及覆盖率。

1.5 脑脊液培养方法 无菌条件下增菌液（中国捷世康生物科技有限公司）增菌，接种血平板（中国赛默飞世尔科技有限公司），加入相应需氧、厌氧增菌培养基，在需氧及厌氧环境下恒温培养 1～3 d，鉴定致病菌。每天观察各种增菌培养基，疑有细菌生长时，立即移种至需氧、厌氧平板上，增菌培养基持续 5 d 仍无细菌生长时，方可报告阴性。由 Phoenix100 全自动微生物鉴定仪（美国 BD 公司）鉴定所获菌株[6]。

1.6 统计学分析 应用 SPSS 23.0 统计软件分析数据，计数资料以（%）表示，行 χ^2 检验分析 mNGS 与传统病原学检出率的差异。以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 mNGS 检测与细菌培养检出病原微生物比较 144 例神经系统感染患者中，mNGS 对病原微生物患者检出率是 73.85%，细菌培养检出率 58.46%。在 mNGS 培养检出的病原体中，共检出 25 种、72 例，其中细菌种类 17 种（68.00%），59 例（81.94%）；真菌种类 3 种（12.00%），5 例（6.94%）；寄生虫种类 2 种（8.00%），4 例（5.56%）；其他病原体（支原体、衣原体、寄生虫、典型病原菌）种类 3 种（12.00%），4 例（5.56%），前 3 位为肺炎克雷伯菌、鲍曼不动杆菌、分枝杆菌属；在传统病原学检出的病原体中，共检出 7 种、72 例，其中细菌种类 6 种（85.71%），70 例

(97.22%);真菌种类 1 种(14.29%),2 例(2.78%);检出数前 3 位是葡萄球菌属、微球菌属、鲍曼不动杆菌,见表 1。

表 1 患者 mNGS 检测与传统病原学检出病原微生物[n($\times10^{-2}$)]

Table 1 Patient mNGS test was compared with traditional pathogenic organisms

mNGS 检出病原菌	数值	细菌培养检出病原菌	数值
细菌		细菌	
肺炎克雷伯菌	18(25.00)	葡萄球菌属	54(75.00)
鲍曼不动杆菌	9(12.50)	微球菌属	5(6.94)
分枝杆菌属	6(8.33)	鲍曼不动杆菌	4(5.56)
金黄色葡萄球菌	4(5.56)	克雷伯菌属	4(5.56)
链球菌属	7(9.72)	邻单胞菌属	2(2.78)
铜绿假单胞菌	2(2.78)	屎肠球菌	1(1.39)
洋葱伯克霍尔德菌	2(2.78)	新型隐球菌	2(2.78)
卟啉单胞菌	2(2.78)		
粘质沙雷氏菌	1(1.39)		
支气管戈登菌	1(1.39)		
嗜麦芽窄食单胞菌	1(1.39)		
大肠杆菌	1(1.39)		
屎肠球菌	1(1.39)		
脆弱拟杆菌	1(1.39)		
脑膜败血伊丽莎白菌	1(1.39)		
鼻疽诺卡菌	1(1.39)		
大肠埃希菌	1(1.39)		
真菌			
热带假丝酵母菌	2(2.78)		
新型隐球菌	2(2.78)		
白色念珠菌	1(1.39)		
寄生虫			
广州管圆线虫	3(4.17)		
福氏耐格里阿米巴原虫	1(1.39)		
其他			
嗜肺军团菌	2(2.78)		
猫立克次体	1(1.39)		
鹦鹉热衣原体	1(1.39)		

2.2 mNGS 与细菌培养对各种病原微生物的检出率比较 两组细菌检出率比较差异有统计学意义($P<0.05$),两组真菌检出率比较差异无统计学意义($P>0.05$),见表 2。

表 2 mNGS 与传统病原学培养对各种病原微生物的检出率比较[n($\times10^{-2}$)]

Table 2 Comparison of the detection rates of mNGS and traditional pathogen culture for various pathogenic microorganisms

病原菌	mNGS 组	传统病原学组	χ^2	P
细菌	59	70	9.005	0.003
真菌	5	2	1.351	0.245

2.3 神经系统感染患者的单因素分析 mNGS 组和传统病原学组的患者年龄、性别、手术时间比较差异无统计学意义($P>0.05$),见表 3。

表 3 mNGS 组和传统病原学组的单因素分析(n)

Table 3 Univariate analysis of the mNGS group and the traditional pathogen groups

项目	mNGS 组	传统病原学组	χ^2	P
年龄(岁)	41	51	3.010	0.083
<60	31	21		
≥60				
性别			1.013	0.314
女	29	35		
男	43	37		
手术时间(h)			0.000	1.000
≥4	15	15		
<4	57	57		

2.4 神经系统感染患者的其他情况 两组采样时间、抗感染药物调整时间及患者预后情况,见表 4。

表 4 mNGS 及传统病原学检测患者其他情况(n)

Table 4 Other conditions of patients with mNGS and traditional etiology testing

患者情况	mNGS 组	传统病原学组
采样时间(d)		
2	42	18
3	19	38
4	7	11
5	4	4
6	0	1
抗感染药物调整时间(d)		
0	2	1
1	37	3
2	29	15
3	3	40
4	1	13
患者预后		
好转	55	50
转院	12	16
死亡	5	6

2.5 mNGS 及传统病原学检测对中枢神经系统感染治疗药物调整的影响 mNGS 及传统病原学检测对中枢神经系统感染治疗药物调整中 mNGS 组及时更换药物比例较高,而传统病原学组不更换药物比例较高,两组比较有明显差异($P<0.05$),见表 5。

表 5 mNGS 及传统病原学检测对中枢神经系统感染治疗药物调整的影响(n)

Table 5 Effect of mNGS and traditional etiological testing on drug adjustment for CNS infections

分型	mNGS 组		传统病原学组	
	更换药物	不更换药物	更换药物	不更换药物
细菌	44	15	25	45
真菌	4	1	1	1
χ^2	0.072		0.172	
P	0.788		0.678	

3 讨论

脑脊液标本的采样时间通常根据不同疾病的最佳采样时间有所不同[7]。本研究发现 mNGS 组采样时间主要分布在第 2 天完成，抗感染药物调整时间主要分布在第 1 天；传统病原学组采样时间主要分布在第 3 天内完成，抗感染药物调整时间主要分布在第 3 天。说明 mNGS 可以直接从患者病变脑组织、脑脊液中获取病原体微生物信息，检测周期短，仍是诊断神经外科术后颅内细菌感染的重要手段[8]。另外，mNGS 可以缩短抗菌药物调整时间窗，快速实现抗菌药降阶梯治疗。例如，在一项研究中，通过 mNGS 检测到的病原体包括细菌、病毒和真菌等多种类型，这有助于临床医师迅速做出针对性的治疗决策[9]。由于 mNGS 能够准确识别病原体，因此可以减少不必要的广谱抗生素使用，特别是对于细菌感染的患者[10]。

mNGS 能够检测到那些传统方法难以识别的罕见或未知病原体，包括细菌、真菌、病毒、支原体、衣原体及寄生虫等，从而实现对罕见病原体的全面筛查[11]。本研究中，在 mNGS 培养检出的病原体中，共检出 25 种、72 例，其中细菌种类 17 种，真菌种类 3 种，寄生虫种类 2 种，其他病原体（支原体、衣原体、寄生虫、典型病原菌）种类 3 种体现了 mNGS 在诊断神经系统感染中的巨大优势，可见 mNGS 对部分确诊神经系统感染患者的诊断结果具有重大意义[12]。另外，mNGS 可以提供病原体的详细基因信息，有助于深入了解病原体的生物学特性和变异情况[3]；在其他病原体如嗜肺军团菌、猫立克次体、鹦鹉热衣原体的及时准确鉴定体现了 mNGS 检测在诊断神经系统感染中的巨大优势[13]。

在决定使用下一代测序技术还是普通细菌培养方法进行病原学检测时，需要考虑多个因素，首先，在检测目标方面，mNGS 适用于未知病原体的检测，可直接对标本进行测序，有助于发现新的病原体，提供全面的遗传信息。普通细菌培养通常依赖于已知病原体的培养特性和生化反应进行鉴定，对于未知或难以培养的病原体检测效果有限。虽然也能进行耐药性分析，但通常只针对已知且可培养的病原体，且检测通量较低[14]。其次，mNGS 的灵敏度高，能够检测到极低丰度的病原体，能够区分相似或变异度高的病原体；相比之下普通细菌培养灵敏度受多种因素影响，如培养条件、病原体生长速度等，可能存在误检或漏检的情况[15]。另外，在经济效益方面，mNGS 一次成本相对较高，但随着技术的不断发展和普及，其成本正在逐渐降低，而且一般一次可以直接精准检测病原体。普通细菌培养虽然成本相对较低，但可能因需要多次重复实验或额外检测而增加总成本[16]。

下一代测序技术可以直接读取病原体的分型单核苷酸多态性，实现精准分型，有助于了解病原体的流行特征和变异情况，为病原体检测开辟了新的途径[17]。这些优势使得 mNGS 在病原体检测领域具有巨大的潜力和广阔的应用前景。然而，也需要注意的是，mNGS 报告并未提供细菌耐药基因监测，需进一步提高检测速度和阳性率，而且数据处理和分析需要强大的计算能力和专业的生物信息学支持，同时检测结果的解读也需要谨慎对待[18]。在临床中在成本允许的情况下，优先考虑使用 mNGS，可以快速、准确地鉴定未知或难以培养的病原体[19]。mNGS 广泛的病原体覆盖范围、高敏感性和特异性、快速诊断能力以及对罕见和未知病原体的检测能力，使得其成为神经系统感染诊断的重要工具[20]。本研究发现 mNGS 在神经系统感染的诊断效能和指导精准用药方面展现出显著优势。

4 结论

本研究初步证实了 mNGS 在神经系统感染诊断中相较于传统培养方法具有多重优势。然而，由于样本量有限、单中心设计、检测技术的局限性以及统计方法的简化，其结论和临床适用性仍需进一步验证。未来的研究应扩大样本量，纳入多中心数据，同步检测耐药基因，并通过多因素分析来控制混杂因素，从而更全面地评估 mNGS 的临床价值。

【参考文献】

[1] 张颖蕊，陈晗，于荣国. 神经外科中枢神经系统感染诊断现状[J]. 创伤与急诊电子杂志，2022，10(4)：225-228.

[2] 房文峰，朱爱华，徐杰，等. 神经外科术后中枢神经系统感染的临床分析[J]. 中国实用神经疾病杂志，2015，18(22)：123-124.

[3] 陈琳，黎军，黄山，等. 宏基因组学检测技术在神经外科中枢神经系统感染中的诊断效能评估[J]. 中国临床神经科学，2023，31(5)：526-532，546.

[4] 王帝. 宏基因组二代测序在神经外科围术期中枢神经系统感染中的诊断效能和临床应用研究[D]. 新乡：新乡医学院，2022.

[5] 林霞，颉满珍，王根绪，等. 宏基因组二代测序技术对疑似中枢神经系统感染性疾病的病原诊断价值[J]. 中国医药科学，2023，13(10)：15-19.

[6] 娜迪热·海如拉，再乃甫·乃比江，马志华，等. 支气管肺泡灌洗液宏基因二代测序技术在重症肺炎患儿病原学检测中的应用价值[J]. 中国临床医生杂志，2024，52(9)：1096-1099.

[7] LI Z Y, DANG D, WU H. Next-generation sequencing of cerebrospinal fluid for the diagnosis of unexplained central nervous system infections[J]. Pediatr Neurol, 2021, 115: 10-20.

（下转第 624 页）

[26] SHEN Y Z, XIONG W, HU Y C, *et al*. SPP1 is a plasma biomarker associated with the dia gnosis and prediction of prognosis in sepsis[J]. Sci Rep, 2024, 14(1): 27205.
[27] PALMA MEDINA L M, BABAČIĆ H, DZIDIC M, *et al*. Targeted plasma proteomics reveals signatures discriminating COVID-19 from sepsis with pneumonia[J]. Respir Res, 2023, 24(1): 62.
[28] ZHANG D, XU C J, ZHANG J T, *et al*. Plasma TNFRSF11B as a new predictive inflammatory marker of sepsis-ARDS with endothelial dysfunction[J]. J Proteome Res, 2023, 22(11): 3640-3651.
[29] JIAO J, GAO M, ZHANG H L, *et al*. Identification of potential biomarkers by serum proteomics analysis in rats with sepsis [J]. Shock, 2014, 42(1): 75-81.
[30] CUELLO F, SHANKAR-HARI M, MAYR U, *et al*. Redox state of pentraxin 3 as a novel biomarker for resolution of inflammation and survival in sepsis[J]. Mol Cell Proteomics, 2014, 13(10): 2545-2557.
[31] MI Y X, BURNHAM K L, CHARLES P D, *et al*. High-throughput mass spectrometry maps the sepsis plasma proteome and differences in patient response[J]. Sci Transl Med, 2024, 16(750): eadh0185.
[32] MIAO H, CHEN S, DING R Y. Evaluation of the molecular mechanisms of sepsis using proteomics[J]. Front Immunol, 2021, 12: 733537.
[33] OLIVIER M, ASMIS R, HAWKINS G A, *et al*. The need for multi-omics biomarker signatures in precision medicine[J]. Int J Mol Sci, 2019, 20(19): 4781.
[34] HUSSAIN H, VUTIPONGSATORN K, JIMÉNEZ B, *et al*. Patient stratification in sepsis: using metabolomics to detect clinical phenotypes, sub-phenotypes and therapeutic response [J]. Metabolites, 2022, 12(5): 376.
[35] LU G, ZHOU J W, YANG T, *et al*. Landscape of metabolic fingerprinting for diagnosis and risk stratification of sepsis[J]. Front Immunol, 2022, 13: 883628.
[36] STRINGER K A, MCKAY R T, KARNOVSKY A, *et al*. Metabolomics and its application to acute lung diseases[J]. Front Immunol, 2016, 7: 44.
[37] PING F, LI Y C, CAO Y M, *et al*. Metabolomics analysis of the development of sepsis and potential biomarkers of sepsis-induced acute kidney injury[J]. Oxid Med Cell Longev, 2021, 2021: 6628847.
[38] LI Y, WANG C L, CHEN M H. Metabolomics-based study of potential biomarkers of sepsis[J]. Sci Rep, 2023, 13(1): 585.
[39] MONTAGUE B, SUMMERS A, BHAWAL R, *et al*. Identifying potential biomarkers and therapeutic targets for dogs with sepsis using metabolomics and lipidomics analyses[J]. PLoS One, 2022, 17(7): e0271137.
[40] LI Y T, GUO J X, YANG H M, *et al*. Comparison of culture-negative and culture-positive sepsis or septic shock: a systematic review and meta-analysis[J]. Crit Care, 2021, 25(1): 167.
[41] BLACKBURN R M, MULLER-PEBODY B, PLANCHE T, *et al*. Neonatal sepsis: many blood samples, few positive cultures: implications for improving antibiotic prescribing[J]. Arch Dis Child Fetal Neonatal Ed, 2012, 97(6): F487-F488.
[42] EUBANK T A, LONG S W, PEREZ K K. Role of rapid diagnostics in diagnosis and management of patients with sepsis[J]. J Infect Dis, 2020, 222(Suppl 2): S103-S109.
[43] TOURELLE K M, BOUTIN S, WEIGAND M A, *et al*. Sepsis and the human microbiome. just another kind of organ failure? a review[J]. J Clin Med, 2021, 10(21): 4831.

（收稿日期：2024-10-25；修回日期：2025-12-23；编辑：黎仕娟）

（上接第 619 页）

[8] 中华预防医学会医院感染控制分会. 临床微生物标本规范化采集和送检中国专家共识.[J]. 中华医院感染学杂志, 2018, 28(20): 3192-3199.
[9] DIAO Z L, HAN D S, ZHANG R, *et al*. Metagenomics next-generation sequencing tests take the stage in the diagnosis of lower respiratory tract infections[J]. J Adv Res, 2022, 38: 201-212.
[10] LIN K, ZHANG H C, ZHANG Y, *et al*. Clinical application and drug-use-guidance value of metagenomic next-generation sequencing in central nervous system infection[J]. Am J Transl Res, 2023, 15(1): 47-62.
[11] 徐春炎，朱新旺，肖一凡，等. 宏基因组二代测序技术在腹膜透析相关腹膜炎早期诊断中的价值研究[J]. 中国实用内科杂志，2023，43(9)：736-739，748.
[12] 吴越，卓惠长，杨火保，等. 基于宏基因组二代测序的 ICU 感染性疾病患者病原体分布[J]. 福建医科大学学报，2024，58(1)：44-51.
[13] 中国医师协会神经外科医师分会神经重症专家委员会，北京医学会神经外科学分会神经外科危重症学组. 神经外科中枢神经系统感染诊治中国专家共识(2021 版)[J]. 中华神经外科杂志，2021，37(1)：2-15.
[14] 吴蕾，张少兰，黄华玮，等. 宏基因组二代测序对神外术后颅内细菌感染病原菌的诊断效能[J]. 中华医学杂志，2022，102(29)：2272-2277.
[15] ZHANG Y, CUI P, ZHANG H C, *et al*. Clinical application and evaluation of metagenomic next-generation sequencing in suspected adult central nervous system infection[J]. J Transl Med, 2020, 18(1): 199.
[16] 张蕾，富小凤，贾佳. 神经外科手术后中枢神经系统感染经济负担研究[J]. 中国感染控制杂志，2022，21(10)：1000-1005.
[17] 徐跃峤，齐猛，尚峰，等. 宏基因组第二代测序技术在神经外科颅内感染病原学诊断中的应用初探[J]. 中国现代神经疾病杂志，2020，20(8)：682-687.
[18] 刘颖，马拥军. 宏基因组二代测序技术(mNGS)在感染性疾病中的临床应用[J]. 浙江大学学报 B 辑(生物医学与生物技术)(英文版)，2024，25(6)：471-485.
[19] 钱克莉，袁喆. 二代测序技术在病原微生物检测及感染性疾病诊断中的应用[J]. 西部医学，2025，37(1)：1-4.
[20] 韩晓晨. 应用宏基因组二代测序技术诊断的 46 例中枢神经系统细菌感染临床特征及预后因素分析[D]. 石家庄：河北医科大学，2022.

（收稿日期：2024-11-20；修回日期：2026-02-10；编辑：黎仕娟）