

· 论著 ·

脑脊液宏基因组第二代测序在艾滋病疑似中枢神经系统感染患者中的诊断效能研究

何香溪 谢小馨 符燕华 宋业兵 龙海

贵阳市公共卫生救治中心感染科, 贵阳 550001

通信作者: 龙海, Email: longlong1225@126.com

【摘要】 目的 了解脑脊液病原宏基因组第二代测序 (metagenomics next-generation sequencing, mNGS) 技术对艾滋病患者疑似中枢神经系统感染的诊断效能。方法 收集 2021 年 3 月至 2023 年 2 月贵阳市公共卫生救治中心的 100 例艾滋病疑似中枢神经系统感染患者的临床资料和实验室检测结果, 同时将脑脊液样本送检 mNGS 和传统病原学检测, 分别计算 2 种检测方法的灵敏度、特异性和 Youden 指数等, 绘制受试者工作特征 (receiver operating characteristic, ROC) 曲线并计算曲线下面积, 比较 2 种检测方法的诊断效能。结果 100 例患者中 68 例临床最终诊断为中枢神经系统感染。mNGS 诊断灵敏度为 76.5% (52/68), 特异性为 100.0% (32/32), Youden 指数为 0.765, 阳性预测值为 98.1% (52/53), 阴性预测值为 68.1% (32/47); 传统病原学检测呈阳性, 其灵敏度为 25.0% (17/68)、特异性为 84.4% (27/32)、Youden 指数为 0.094, 阳性预测值为 53.1% (17/32)、阴性预测值为 34.6% (27/78)。ROC 曲线显示, mNGS 诊断 CNS 的曲线下面积为 0.838, 高于传统病原学检测诊断的 0.616。结论 mNGS 对艾滋病患者疑似中枢神经系统感染的诊断有较高灵敏度和特异性, 较传统病原学检测方法有更高的诊断率。

【关键词】 获得性免疫缺陷综合征; 中枢神经系统感染; 脑脊液; 宏基因组; 传统病原学; ROC 曲线

DOI: 10.3760/cma.j.cn331340-20230504-00070

Diagnostic efficacy of cerebrospinal fluid metagenomics next-generation sequencing in AIDS patients with suspected central nervous system infection

He Xiangxi, Xie Xiaoxin, Fu Yanhua, Song Yebing, Long Hai

Department of Infectious Diseases, Guiyang Public Health Treatment Center, Guiyang 550001, China

Corresponding author, Email: longlong1225@126.com

【Abstract】 **Objective** To understand the diagnostic efficacy of cerebrospinal fluid metagenomics next-generation sequencing (mNGS) in suspected central nervous system (CNS) infectious diseases in AIDS patients. **Methods** The clinical data and laboratory examination results of 100 AIDS patients with suspected CNS infection were collected in Guiyang Public Health Treatment Center from March 2021 to February 2023. Both mNGS and traditional pathogen detection methods were performed on cerebrospinal fluid samples. The sensitivity, specificity and Youden index of the two detection methods were calculated respectively. Receiver operating characteristic (ROC) curve and area under the curve (AUC) were calculated to compare the diagnostic performance of the two methods. **Results** Of the 100 patients, 68 were clinically diagnosed with CNS infections. The sensitivity, specificity, Youden index, positive predictive value (PPV) and negative predictive value (NPV) of mNGS were 76.5% (52/68), 100.0% (32/32), 0.765, 98.1% (52/53) and 68.1% (32/47), respectively. The sensitivity, specificity, Youden index, PPV and NPV of traditional pathogen detection were 25.0% (17/68), 84.4% (27/32), 0.094, 53.1% (17/32) and 34.6% (27/78), respectively. The AUC of mNGS for diagnosing CNS infection was 0.838, which was higher than that of traditional pathogen detection (0.616). **Conclusions** mNGS has a higher sensitivity and specificity than traditional pathogen detection method in the diagnosis of CNS infectious diseases in AIDS patients, indicating a higher diagnostic rate.

【Key words】 Acquired immunodeficiency syndrome; Central nervous system infection; Cerebrospinal fluid; Metagenome; Traditional etiology; ROC curve
DOI:10.3760/cma.j.cn331340-20230504-00070

中枢神经系统 (central nervous system, CNS) 感染是艾滋病患者常见的一类合并症,如常见结核性脑膜脑炎、隐球菌性脑炎、弓形虫病脑炎和巨细胞病毒性脑炎等。HIV 是一种亲淋巴细胞和嗜神经病毒,可诱发多种病原体造成 CNS 感染^[1-3]。常规的脑脊液常规及生化检查、脑脊液分子生物学检测、脑脊液一般细菌及真菌培养等,其灵敏度低、特异性差,临床检验耗时长,病毒检查难以培养,罕见病原体无法检测,导致大多数临床患者难以做到靶目标治疗,从而影响预后。据报道,几乎有一半的脑膜脑炎患者没有确定病因^[2-3],未明确病原体的脑炎病例更是高达 69.8%^[4]。病原宏基因组第二代测序 (metagenomics next-generation sequencing, mNGS) 技术能无偏倚检测到各种病原菌,对诊断感染性疾病具有重要指导价值,当时脑脊液 mNGS 技术已逐步应用于临床^[5]。本研究对 2021 年 3 月至 2023 年 2 月贵阳市公共卫生救治感染科 100 例住院艾滋病疑似 CNS 感染患者,同时进行脑脊液 mNGS 和传统病原学检测,分析比较 2 种检测方法的诊断效能,为临床诊治提供参考。

对象与方法

一、研究对象

回顾性收集 2021 年 3 月至 2023 年 2 月贵阳市公共卫生救治中心收治的 100 例艾滋病疑似 CNS 患者,收集患者一般情况、临床症状、实验室检测结果、影像学、治疗方案及疾病转归情况。患者纳入标准:(1)HIV-1 抗体确证阳性;(2)疑似机会性 CNS 感染;(3)送检脑脊液 mNGS 及传统病原学检查。排除标准:(1)脑卒中;(2)风湿免疫性疾病继发累及 CNS;(3)自身免疫性脑炎和中枢肿瘤;(4)HIV 相关脑病;(5)孕妇及及精神疾患患者、非艾滋病患者;(6)不送检脑脊液 mNGS;(7)临床资料不完整及诊断。100 例患者中男性 72 例 (72.0%, 72/100),女

性 28 例 (28.0%, 28/100),年龄 25~73 岁,中位年龄 43 岁。本研究已通过贵阳市公共卫生救治中心伦理委员会批准 (伦理审批号:202307)。

二、诊断依据

疑似 CNS 感染患者诊断依据:(1)患者有发热、头痛、癫痫发作、喷射性呕吐、脑膜刺激征、局灶性神经功能障碍、肢体运动障碍、意识障碍和言语障碍等 1 种及以上临床症状,定义为疑似 CNS 感染;(2)腰椎穿刺术脑脊液检查支持感染表现;(3)头颅影像学检查 (MRI/CT) 发现疑似感染病灶,同时需排除其他因素的可能。

CNS 感染患者临床确诊依据:根据《中国艾滋病诊疗指南 (2018 版)》^[5]、《中国宏基因组学第二代测序技术检测感染病原体的临床应用专家共识》^[6]及《成人传染性脑炎的管理:法国指南的要点 (简短版)》^[7],主要依据临床症状、实验室检查、影像学表现、无病原学结果患者诊断性治疗有效及有病原学结果治疗有效 3 个方面确诊。需同时满足以下 3 个条件:(1)有头痛、头晕、发热、喷射性呕吐、抽搐、意识障碍、癫痫发作、脑膜刺激征阳性、肢体活动障碍、局灶性神经功能障碍、认知障碍、言语障碍等 CNS 感染的临床症状或体征;(2)满足以下 3 条中任意 1 条:①头颅影像学检查 (MRI/CT) 发现疑似感染病灶;②脑脊液常规及生化检查发现异常:常规细胞总数升高和或有核细胞计数升高,微量蛋白质水平升高和/或氯、葡萄糖水平下降;(3)满足以下 2 条中任意 1 条:①脑脊液抗酸染色涂片阳性、脑脊液真菌涂片发现真菌丝、细菌和或真菌培养阳性、结核菌培养阳性、隐球菌抗原检测阳性、墨子染色找到隐球菌、脑脊液 (geneXpert MTB/RIF (Xpert) 阳性、结核/非结核分枝杆菌 RNA 和或 DNA 阳性、脑脊液巨细胞病毒 DNA 升高、脑脊液 EB 病毒 PCR 阳性、mNGS 明确找到病原体;②病原学结果阴性,临床高度怀疑感染,诊断性治疗有效。

临床最终诊断：根据出院诊断或死亡诊断，结合临床症状、脑脊液 mNGS 测序、传统病原学检测和影像学检测结果综合判断。

三、检测方法

1. 脑脊液收集

72 h 内采集脑脊液样本，样本采集遵守无菌操作原则：局部麻醉后在腰 3/4 椎间隙进穿刺针，用无菌管收集约 3 mL 脑脊液送检 mNGS，收集约 5 mL 脑脊液送检传统病原学检查。

2. 脑脊液病原 mNGS

核酸提取使用 PCR-free 技术进行文库构建，采用实时荧光定量 PCR (KAPA) 法进行文库浓度定量，使用 illumina Nextseq550 进行鸟枪法测序，数据与 NCBI nt 数据库和 GeneBank 比对，识别病原菌种类。

3. 传统病原学检测

(1) 脑脊液常规及生化检测：观察脑脊液颜色、透明度、凝块或薄膜、并进行潘氏试验；检测白细胞计数、淋巴细胞计数；蛋白质水平升高和(或)氯、葡萄糖水平下降。(2) 镜检：墨汁染色、抗酸染色。(3) 隐球菌抗原检测。(4) 真菌培养、巨细胞病毒 DNA 测定。(5) 结核分枝杆菌耐药基因检测、分枝杆菌菌种鉴定检测。所有传统病原学检测在无菌条件下均按照检测说明书操作，所有患者都进行传统病原学检测。

四、统计学分析

采用 SPSS 25.0 统计学软件进行分析，以临床最终诊断为金标准，分别计算脑脊液病原 mNGS 测序和传统病原学检测的灵敏度、特异性、Youden 指数、阳性预测值和阴性预测值；采用受试者工作特征 (receiver operating characteristic, ROC) 曲线分析 mNGS 和传统病原学检测对艾滋病患者 CNS 感染的诊断价值，通过计算曲线下面积 (area under the curve, AUC) 评价诊断效能。一致性检验方法采用 Kappa 检验。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

一、艾滋病患者 CNS 感染基本情况

100 例艾滋病患者中 68 例临床最终诊断为

CNS 感染，感染类型包括巨细胞病毒性脑炎 (22.1%, 15/68)、弓形虫脑炎 (25.0%, 17/68)、进行性多灶性白质脑病 (progressive multifocal leukoencephalopathy, PML) (17.6%, 12/68)、结核性脑炎 (20.6%, 14/68) 和隐球菌性脑炎 (5.9%, 4/68)，还有罕见的中枢马尔尼菲篮状菌病 (5.9%, 4/68)、非结核分支杆菌脑炎 (1.5%, 1/68) 以及肺炎链球菌 (1.5%, 1/68)。剩余的 32 例患者判断为：不确定 14 例 (14.0%, 14/100)，非 CNS 感染 16 例 (16.0%, 16/100)，疑似淋巴瘤 2 例 (2.0%, 2/100)。

二、艾滋病患者 CNS 感染的 mNGS 检测结果

68 例 CNS 感染患者中，mNGS 技术检测出病原体有 52 例，病原体大部分为病毒，最多是巨细胞病毒 (26.9%, 14/52)，其后依次为刚地弓形虫 (26.9%, 14/52)、JC 多瘤病毒 (John Cunningham virus, JCV) (23.1%, 12/52) 和复合结核分枝杆菌 (21.2%, 11/52)，新型隐球菌和中枢马尔尼菲篮状菌相对较少，各 4 例，其他病原体包含 1 例肺炎链球菌、1 例黄分枝杆菌。

52 例 mNGS 阳性患者中，6 例 (11.3%, 6/52) 为混合感染，其中 2 例为巨细胞病毒性脑炎合并弓形虫脑炎，1 例巨细胞病毒性脑炎合并隐球菌性脑炎，1 例隐球菌性脑炎合并 PML，1 例中枢马尔尼菲篮状菌病合并弓形虫脑炎，1 例中枢马尔尼菲篮状菌病合并巨细胞病毒性脑炎。混合感染患者临床予调整治疗后病情好转出院。单一感染者中，有 2 例巨细胞病毒性脑炎患者、1 例结核性脑膜脑炎患者、1 例隐球菌性脑炎患者死亡。

三、艾滋病患者 CNS 感染的传统病原学检测结果

传统病原学检测有 22 例患者 (22.0%, 22/100) 阳性，其中有 5 例脑脊液培养出新型隐球菌，4 例脑脊液培养出马尔尼菲篮状菌，5 例脑脊液巨细胞病毒 DNA 升高，其余 8 例检出结核病病原菌 (其中 1 例脑脊液培养出结核菌)。其余病例分别为痰液或脑脊液 PCR 阳性、痰液或脑脊液 Xpert 阳性、痰液或脑脊液抗酸检测阳性。

四、不同检测方法的诊断效能

临床最终诊断为 CNS 感染的 68 例患者中，52

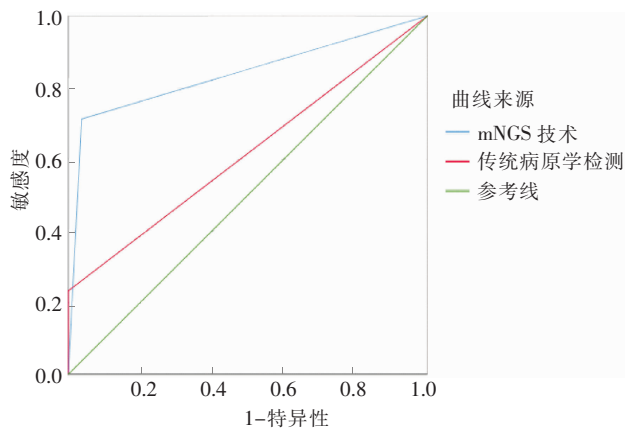
例患者的 mNGS 测序呈阳性，其诊断灵敏度为 76.5% (52/68)，特异性为 100.0% (32/32)，Youden 指数为 0.765，阳性预测值为 98.1% (52/53)，阴性预测值为 68.1% (32/47)；17 例传统病原学检测呈阳性，其灵敏度为 25.0% (17/68)，特异性为 84.4% (27/32)，Youden 指数为 0.094，阳性预测值为 53.1% (17/32)，阴性预测值为 34.6% (27/78)。具体结果见表 1。mNGS 和传统病原学同时阳性占比 25.0% (17/68)，两者一致性检验显示，Kappa 值为 0.005， $P=0.947$ 。

ROC 曲线显示，mNGS 诊断 CNS 感染的 AUC 为 0.838(95%CI:0.758~0.918)，传统病原学检测诊断 CNS 的 AUC 为 0.616(95%CI:0.503~0.730)，详见图 1。

表 1 mNGS 技术与传统病原学检测结果比较(例)

临床最 终诊断	脑脊液病原 mNGS 测序			传统病原学检测		
	阳性	阴性	合计	阳性	阴性	合计
阳性	52	16	68	17	51	68
阴性	0	32	32	5	27	32
合计	52	48	100	22	78	100

注:mNGS:宏基因组第二代测序



注:mNGS:宏基因组第二代测序

图 1 mNGS 技术及传统病原学检测方法诊断中枢神经系统感染的受试者工作特征曲线

讨 论

艾滋病患者 CNS 感染通常缺乏典型临床表现，脑脊液培养病原菌阳性率低，难以达到精准治疗，极大影响预后。随着医学诊疗技术的发展，mNGS 技术已逐步应用于 CNS 感染的病原学诊断^[8-9]。据报道，

免疫缺陷者更易患病毒性 CNS 感染，由于混合感染与患者的预后情况相关，而 mNGS 能更有效地诊断病毒或混合感染^[10]，建议首次脑脊液检查即送检 mNGS^[8,11]。本研究 mNGS 技术检出病原体共 52 例，其中 6 例为混合感染，经治疗后患者病情好转。

一、mNGS 技术能提高罕见病原体的检出率

mNGS 技术可以检测到病毒、胞内菌、寄生虫及真菌。巨细胞病毒性脑炎诊断通过脑组织活检发现巨细胞病毒包涵体可明确诊断，或通过检测脑脊液巨细胞病毒 DNA 辅助诊断^[12]，本研究通过 mNGS 检测到巨细胞病毒 DNA，最终诊断巨细胞病毒性脑炎占比为 26.9% (14/52)，结合脑脊液巨细胞病毒 DNA 进一步验证了诊断，提高诊断率。由于传统病原学检测无法培养病毒，无法检测到少见、罕见的病原体，mNGS 识别 CNS 感染病原的优势明显。艾滋病合并 PML 是一种罕见的 CNS 疾病^[13]，是由 JCV 感染少突胶质细胞和星形胶质细胞导致，致死率及致残率极高，其诊断金标准是脑组织活检找到嗜酸性包涵体，实际临床工作病理取材困难，本研究中通过脑脊液 mNGS 技术较快明确了病原学诊断，增加了病毒检出机会。临床中，艾滋病患者合并结核病原学诊断比较困难，本文 mNGS 技术检测结核菌阳性率 21.2% (11/52)，低于孔娇等报道的 55.6%^[14]，分析原因，可能患者在 mNGS 技术检测前已经过抗结核治疗，导致结核菌负荷量低，且结核菌破壁困难，影响了核酸检测率。《艾滋病合并弓形虫脑炎临床诊疗的专家共识》^[15]指出艾滋病患者合并弓形虫脑炎，临床诊断金标准是脑组织活检术，本研究部分患者影像学检查可见环形强化影伴水肿带，怀疑弓形虫脑炎，通过脑脊液 mNGS 找到刚地弓形虫 14 例，给予抗弓形虫治疗临床症状好转及头颅病灶吸收，结合 mNGS 检测结果综合判断，最终诊断弓形虫脑炎占比为 25.0% (17/68)，提高了弓形虫脑炎的诊断率，体现了 mNGS 技术的诊断价值。对于临床少见的中枢马尔尼菲篮状菌感染，传统脑脊液培养极少培养出马尔尼菲篮状菌，本研究通过脑脊液 mNGS 检出 4 例，充分体现了 mNGS 弥补传统病原学检测难以培养少见真菌的缺点。

二、mNGS 测序诊断效能高于传统病原学检测

进一步比较 mNGS 测序与传统病原学检测诊断效能, mNGS 的检测灵敏度为 76.5%(52/68)、特异性为 100.0%(32/32), 均明显高于传统病原学检测, 与文献报道的脑脊液 mNGS 技术在脑炎与脑膜炎诊断中的灵敏度(73%)和特异性(99%)^[16]相近。本研究 ROC 曲线显示, 脑脊液 mNGS 的 AUC 为 0.838, 传统病原学检测 AUC 为 0.616, 与其他文献报道相似^[17]。可见, mNGS 技术诊断 CNS 感染较传统病原学检测有较高的准确性, 可以作为艾滋病患者 CNS 感染的重要补充诊断手段。

有研究报道, mNGS 技术检出病原体与传统病原学同时阳性比例为 22.5%~52.6%^[9-11], 本研究统计 2 种检测方法检测 Kappa 值为 0.005, 一致性差, 可能有以下原因: ①统计的样本数量小; ②与传统病原学检测技术水平高低有关; ③在检测前抗菌药物的使用会影响传统病原学检测阳性结果。相比而言, mNGS 技术不受抗菌药物的影响, 可直接识别微生物核酸片段, 且可完成微生物分种及分型, 因此灵敏度、阳性预测值较高, 检测范围更广^[18]。当两种方法检测不一致或不完全一致时, 需要综合考虑患者临床特点、影像检查、实验室检查, 同时参考 mNGS 检出病原菌的序列数及病原菌自身特点。

综上所述, mNGS 技术具有高灵敏度、高特异性、广覆盖性的特点, 对于病情复杂危重的艾滋病合并 CNS 感染患者, mNGS 技术可帮助临床医生快速明确病原学诊断, 早期进行针对性抗感染治疗, 从而改善患者的临床结局。本研究同时存在局限性: 一方面, 本研究为单中心、小样本分析, 检测到病原体数量较少, 病例选择可能存在偏倚; 另一方面, 由于脑脊液核酸量稀少, 在很大程度上影响了准确度, 对检测出病原体不能判断是否为活动性及判断致病性无统一标准, 不能作为疗效判断, 今后需要不断研究完善提高其准确度。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

作者贡献声明 何香溪: 酝酿和设计实验、采集并分析数据、撰写文章; 谢小馨、符燕华: 对文章的知识性内容作批评性审阅、支持性贡献; 宋业兵: 采集并分析数据、对文章的知识性内容作批评性审阅; 龙海: 对文章的知识性内容作批评性审阅

参 考 文 献

- [1] Xia H, Guan Y, Zaongo SD, et al. Progressive multifocal leukoencephalopathy diagnosed by metagenomic next-generation sequencing of cerebrospinal fluid in an HIV patient[J]. *Front Neurol*, 2019, 10: 1202. DOI: 10.3389/fneur.2019.01202.
- [2] Wilson MR, Sample HA, Zorn KC, et al. Clinical metagenomic sequencing for diagnosis of meningitis and encephalitis[J]. *N Engl J Med*, 2019, 380(24): 2327-2340. DOI: 10.1056/NEJMoa1803396.
- [3] Miao Q, Ma Y, Wang Q, et al. Microbiological diagnostic performance of metagenomic next-generation sequencing when applied to clinical practice[J]. *Clin Infect Dis*, 2018, 67(suppl_2): S231-S240. DOI: 10.1093/cid/ciy693.
- [4] Huppatz C, Durrheim DN, Levi C, et al. Etiology of encephalitis in Australia, 1990-2007[J]. *Emerg Infect Dis*, 2009, 15(9): 1359-1365. DOI: 10.3201/eid1509.081540.
- [5] 中华医学会感染病学分会艾滋病丙型肝炎学组, 中国疾病预防控制中心. 中国艾滋病诊疗指南(2018 版) [J]. *国际流行病学传染病学杂志*, 2018, 45 (6): 361-378. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673-4149.2018.06.001.
- [6] 中华医学会神经病学分会感染性疾病与脑脊液细胞学学组. 中枢神经系统感染性疾病的脑脊液宏基因组学第二代测序应用专家共识[J]. *中华神经科杂志*, 2021, 54(12): 1234-1240. DOI: 10.3760/cma.j.cn113694-20210730-00532.
- [7] Martinez-Almoyna L, De Broucker T, Mailles A, et al. Management of infectious encephalitis in adults: Highlights from the French guidelines (short version)[J]. *Rev Neurol (Paris)*, 2019, 175(7-8): 436-441. DOI: 10.1016/j.neurol.2019.07.009.
- [8] Wilson MR, Naccache SN, Samayoa E, et al. Actionable diagnosis of neuroleptospirosis by next-generation sequencing[J]. *N Engl J Med*, 2014, 370(25): 2408-2417. DOI: 10.1056/NEJMoa1401268.
- [9] Guan H, Shen A, Lv X, et al. Detection of virus in CSF from the cases with meningoencephalitis by next-generation sequencing[J]. *J Neurovirol*, 2016, 22(2): 240-245. DOI: 10.1007/s13365-015-0390-7.
- [10] Manso CF, Bibby DF, Mohamed H, et al. Enhanced detection of DNA viruses in the cerebrospinal fluid of encephalitis patients using metagenomic next-generation sequencing[J]. *Front Microbiol*, 2020, 11:1879. DOI: 10.3389/fmicb.2020.01879.
- [11] Naccache SN, Peggs KS, Mattes FM, et al. Diagnosis of neuroinvasive astrovirus infection in an immunocompromised adult with encephalitis by unbiased next-generation sequencing[J]. *Clin Infect Dis*, 2015, 60(6): 919-923. DOI: 10.1093/cid/ciu912.
- [12] “十三五”国家科技重大专项艾滋病机会性感染课题组. 艾滋病合并巨细胞病毒病临床诊疗的专家共识[J]. *西南大学学报(自然科学版)*, 2020, 42(7): 20-37. DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2020.07.002.
- [13] Harypursat V, Zhou Y, Tang S, et al. JC polyomavirus, progressive multifocal leukoencephalopathy and immune reconstitution inflammatory syndrome: A review[J]. *AIDS Res Ther*, 2020, 17(1):

37. DOI: 10.1186/s12981-020-00293-0.

[14] 孔娇, 蔡青山, 喻义杭, 等. 宏基因组学二代测序对结核性脑膜炎的诊断价值[J]. 中华传染病杂志, 2023, 41(7): 454-458. DOI: 10.3760/cma.j.cn311365-20221213-00501.

[15] “十三五”国家科技重大专项艾滋病机会性感染课题组. 艾滋病合并弓形虫脑炎临床诊疗的专家共识[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2020, 42(7): 38-48. DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2020.07.003.

[16] Miller S, Naccache SN, Samayoa E, et al. Laboratory validation of a clinical metagenomic sequencing assay for pathogen detection in cerebrospinal fluid[J]. Genome Res, 2019, 29(5): 831-842. DOI: 10.1101/gr.238170.118.

[17] 刘磊, 张景晓, 狄晓萌, 等. 送检脑脊液病原宏基因组第二代测序技术客观标准再探讨[J]. 中国现代神经疾病杂志, 2021, 21(5): 350-357. DOI: 10.3969/j.issn.1672-6731.2021.05.004.

[18] Duan H, Li X, Mei A, et al. The diagnostic value of metagenomic next generation sequencing in infectious diseases[J]. BMC Infect Dis, 2021, 21(1): 62. DOI: 10.1186/s12879-020-05746-5.

(收稿日期: 2023-05-04)

· 读者 · 作者 · 编者 ·

本刊可直接使用的缩略语

下列缩略语为本刊常用词汇, 第一次出现时, 可以不标注中文, 它们是:

- | | | |
|-------------------------|----------------------|-----------------------------|
| 甲胎蛋白(AFP) | 乙型肝炎 e 抗原(HBeAg) | 脉冲场凝胶电泳(PFGE) |
| 艾滋病(AIDS) | 血红蛋白(Hb) | 血小板(PLT) |
| 碱性磷酸酶(ALP) | 肝细胞癌(HCC) | 精制结核菌素试验(PPD) |
| 丙氨酸转氨酶(ALT) | 丙型肝炎病毒(HCV) | 凝血酶原时间(PT) |
| 抗原提呈细胞(APC) | 丁型肝炎病毒(HDV) | 相对危险度(RR) |
| 天冬氨酸转氨酶(AST) | 戊型肝炎病毒(HEV) | 逆转录-聚合酶链反应(RT-PCR) |
| 体质量指数(BMI) | 人类免疫缺陷病毒(HIV) | 严重急性呼吸道综合征(SARS) |
| 共价闭合环状脱氧核糖核酸(cccDNA) | 风险比(HR) | 十二烷基硫酸钠-聚丙烯酰胺凝胶电泳(SDS-PAGE) |
| 四氯化碳(CCl ₄) | 辣根过氧化物酶(HRP) | 性传播疾病(STD) |
| 疾病预防控制中心(CDC) | 人乳头状瘤病毒(HPV) | 结核(TB) |
| 慢性乙型肝炎(CHB) | 重症监护病房(ICU) | 总胆红素(TBil) |
| 慢性丙型肝炎(CHC) | 干扰素(IFN) | 总胆固醇(TC) |
| 肌酸激酶同工酶(CK-MB) | 白细胞介素(IL) | 甘油三酯(TG) |
| 巨细胞病毒(CMV) | 国际标准化比值(INR) | 辅助性 T 淋巴细胞(Th) |
| 新型冠状病毒感染(COVID-19) | 异丙基-β-D-硫代半乳糖苷(IPTG) | Toll 样受体(TLR) |
| C 反应蛋白(CRP) | 主要组织相容性复合体(MHC) | 肿瘤坏死因子(TNF) |
| 计算机断层成像(CT) | 微小 RNA(miRNA) | 调节性 T 淋巴细胞(Treg) |
| 细胞毒性 T 淋巴细胞(CTL) | 磁共振成像(MRI) | 结核感染 T 淋巴细胞斑点试验(T-SPOT.TB) |
| 直接胆红素(DBil) | 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA) | 白细胞(WBC) |
| 树突细胞(DC) | 男男性行为者(MSM) | 世界卫生组织(WHO) |
| 弥漫性血管内凝血(DIC) | 核苷(酸)类似物(NAs) | γ-谷氨酰转肽酶(γ-GT) |
| 酶联免疫吸附试验(ELISA) | 核因子-κB(NF-κB) | 乙型肝炎病毒表面抗体(抗-HBs) |
| 高效抗逆转录病毒治疗(HAART) | 自然杀伤细胞(NK 细胞) | 乙型肝炎病毒 e 抗体(抗-HBe) |
| 甲型肝炎病毒(HAV) | 比值比(OR) | 乙型肝炎病毒核心抗体(抗-HBc) |
| 乙型肝炎病毒(HBV) | 外周血单核细胞(PBMC) | 95%可信区间(95%CI) |
| 乙型肝炎核心抗原(HBeAg) | 磷酸盐缓冲液(PBS) | |
| 乙型肝炎表面抗原(HBsAg) | 聚合酶链反应(PCR) | |
| | 正电子发射计算机断层成像(PET-CT) | |