

感染性疾病新方法新技术专题·论著

基于宏基因组二代测序的寄生虫感染病原谱与
临床特征分析

张为利¹,袁珍朝²,徐 漂³,陆思芬⁴,肖 侠⁴,谢 轶^{1△}

1. 四川大学华西医院实验医学科/四川大学华西医院临床检验医学研究中心/四川省医学检验临床医学研究中心,四川成都 610041;2. 会理市人民医院检验科,四川凉山 615100;3. 古蔺县人民医院医学检验科,四川泸州 646500;4. 四川大学华西医院精准医学中心,四川成都 610041

摘要:目的 利用宏基因组二代测序(mNGS)分析寄生虫感染的病原谱构成,并探讨其与患者临床特征的关系。**方法** 回顾性收集 2022 年 1 月至 2024 年 12 月经 mNGS 检出寄生虫患者的临床资料,分析病原谱特征及实验室炎症指标[白细胞介素-6(IL-6)、C 反应蛋白(CRP)、降钙素原(PCT)、白细胞计数(WBC)及各类细胞百分比等],比较原虫与蠕虫感染的差异。**结果** 共检出 29 例寄生虫,其中原虫占 55.2%(16/29),以刚地弓形虫为主(31.3%);蠕虫占 44.8%(13/29),以多房棘球绦虫为主(46.2%)。实验室指标分析结果显示,蠕虫组嗜酸性粒细胞百分比和计数均显著高于原虫组($P<0.01$),而 CRP、PCT、IL-6 其他炎症指标在两组间差异无统计学意义($P>0.05$)。**结论** mNGS 可揭示寄生虫感染的病原谱特征,伴有蠕虫感染时嗜酸性粒细胞明显升高的特点。mNGS 联合常规血清学检测可提升诊断准确性,为寄生虫感染的精准诊治提供重要依据。

关键词:宏基因组二代测序; 寄生虫感染; 病原谱; 原虫; 蠕虫

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2026.15.004 **中图法分类号:**R446

文章编号:1673-4130(2026)15-1816-06 **文献标识码:**A

Analysis of parasite infection pathogen spectrum and clinical characteristics
based on next-generation sequencing of metagenomics

Zhang Weili¹,Yuan Zhenzhao²,Xu Piao³,Lu Sifen⁴,Xiao Xia⁴,Xie Yi^{1△}

1. Department of Laboratory Medicine,West China Hospital,Sichuan University/Clinical Laboratory Medicine Research Center,West China Hospital,Sichuan University/Sichuan Clinical Research Center for Laboratory Medicine,Chengdu,Sichuan 610041,China ;
2. Department of Clinical Laboratory,People's Hospital of HuiLi City,Liangshan , Sichuan 615100,China ;3. Department of Clinical Laboratory,Gulin People's Hospital,Luzhou ,Sichuan 646500,China ;4. Precision Medicine Center,West China Hospital,Sichuan University,Chengdu,Sichuan 610041,China

Abstract: Objective To analyze the composition of the pathogen spectrum of parasitic infections using metagenomic next-generation sequencing (mNGS) and to explore its relationship with the clinical characteristics of patients. **Methods** Clinical data of patients with parasitic infections detected by mNGS from January 2022 to December 2024 were retrospectively collected. The characteristics of the pathogen spectrum and laboratory inflammatory indicators [interleukin-6 (IL-6), C-reactive protein (CRP), procalcitonin (PCT), white blood cell count (WBC), and various cell percentages, etc.] were analyzed. The differences between protozoan and helminth infections were compared. **Results** Totally 29 cases of parasitic infections were detected. Protozoa accounted for 55.2% (16/29), predominantly *Toxoplasma gondii* (31.3%), Helminths accounted for 44.8% (13/29), predominantly *Echinococcus multilocularis* (46.2%). The analysis of laboratory indicators showed that the percentage and count of eosinophils in the helminth group were significantly higher than those in the protozoan group, and the difference was statistically significant ($P<0.01$), while other inflammatory indicators such as CRP, PCT, IL-6, showed no statistically significant difference between the two groups ($P>0.05$). **Conclusion** mNGS provides a comprehensive characterization of the pathogen spectrum in parasitic infections, with helminth infections exhibiting a marked elevation in eosinophils. The infection by helminth shows a distinct feature of elevated eosinophils. The combination of mNGS and conventional serological tests

作者简介:张为利,女,主管技师,主要从事临床检验诊断学方向的研究。 △ 通信作者,E-mail:xieyi@scu.edu.cn。

can improve the diagnostic accuracy and provide an important basis for the precise diagnosis and treatment of parasitic infections.

Key words: metagenomic next-generation sequencing; parasitic infections; pathogen spectrum; protozoa; helminths

寄生虫感染是全球范围内重要的公共卫生问题,其临床表现复杂多样且缺乏特异性,传统诊断方法如病原体镜检、血清学抗体检测及靶向 PCR 技术存在灵敏度低、依赖先验假设等局限性,尤其在混合感染及罕见寄生虫感染中易导致漏诊或误诊^[1]。病原宏基因组二代测序(mNGS)是不基于培养,直接从环境或临床样本中提取全部微生物核酸,利用基因组学的研究策略研究样本中所包含的全部微生物的遗传组成及其群落功能,可广泛分析临床样本微生物组(细菌、真菌、病毒和寄生虫)的高通量测序方法。mNGS 的优点在于不需要培养,不需要前提假设,能够基本达到对细菌、病毒、真菌和寄生虫等所有已知基因序列的病原微生物全覆盖,且具有检测新发病原体和罕见病原体的能力。近年来, mNGS 凭借其无偏倚、广覆盖和高通量的优势,逐渐成为感染性疾病病原学诊断的重要工具,尤其在免疫抑制患者和危重症感染中展现出显著价值^[2-4]。多项研究证实, mNGS 在脑囊虫病、阿米巴脑炎及利什曼原虫感染等复杂寄生虫病的诊断中具有突破性意义,检测灵敏度显著高于传统方法^[5-7]。然而,目前关于 mNGS 在寄生虫感染中的应用多局限于个案报道,缺乏系统性研究,尤其是原虫与蠕虫感染在流行病学、宿主免疫反应及实验室指标方面的差异尚未明确。因此,本研究旨在通过回顾性分析 mNGS 检出的寄生虫病例,进一步探讨寄生虫感染人群的人口学特征及炎症标志物变化规律。

1 资料与方法

1.1 一般资料 收集 2022 年 1 月至 2024 年 12 月在四川大学华西医院精准医学中心进行 mNGS 检出寄生虫的 29 例患者临床资料。根据 mNGS 检出的寄生虫种类,将患者分为原虫感染组与蠕虫感染组。本研究所用样本类型包括血液、脑脊液、肺泡灌洗液、肝脏穿刺液、胆汁、肾脏脓液等,均为临床疑诊感染并行 mNGS 检测的常规送检样本。收集患者基本信息,以及白细胞介素-6(IL-6)、C 反应蛋白(CRP)、降钙素原(PCT)、白细胞计数(WBC)、中性粒细胞计数(NEU)、中性粒细胞百分比(NEU%)、淋巴细胞计数(LYM)、淋巴细胞百分比(LYM%)、嗜酸性粒细胞计数(EOS)、嗜酸性粒细胞百分比(EOS%)等指标。

1.2 mNGS 检测分析 (1)样本处理与 DNA 提取:临床样本经玻璃珠振荡混匀后,取 0.5~3.0 mL 样本,加入 7.2 μ L 溶菌酶(天根生化科技)进行细胞壁

酶解破碎。混匀振荡后取 300 μ L 样本,按照 TIANa-mp 微量 DNA 提取试剂盒(天根生化科技)说明书进行 DNA 提取,用于后续文库构建。(2)文库构建与测序:提取的核酸经酶切片段化、末端修复、接头连接及 PCR 扩增完成文库构建。采用安捷伦 2100 生物分析仪(Agilent 2100 Bioanalyzer)进行文库质控,文库片段大小控制在 200~300 bp。使用 Qubit dsDNA HS 检测试剂盒(Thermo Fisher Scientific)测定 DNA 文库浓度。根据检测浓度等量混合文库,经环化形成单链环状结构,通过滚环扩增长成 DNA 纳米球后,加载至测序芯片,采用 MGI2000 测序平台进行高通量 mNGS 测序。(3)质量控制:每个样本的数据量不低于 20 兆序列数且内参检出,若未达到要求需重新进行检测。每一批次均设置阳性对照和阴性对照,要求阳性对照的序列能够成功检出,且其基因组覆盖度与测序深度符合预期,否则该批次所有样本均需重新进行检测。(4)数据分析:原始测序数据首先经质控过滤去除低质量及接头污染序列,随后通过 BWA 软件(<http://biobwa.sourceforge.net/>)与人类参考基因组比对去除宿主序列。剩余数据经低复杂度序列过滤后,比对至华大微生物参考数据库 PMDB(涵盖 6 350 种细菌、1 064 种真菌、4 945 种病毒及 234 种寄生虫),最终按细菌、真菌、病毒、寄生虫、支原体/衣原体等分类输出 mNGS 检测结果。

1.3 统计学处理 采用 SPSS26.0 软件进行统计分析。计量资料以频数或百分率描述,组间差异分析采用 χ^2 或 Fisher 确切概率法,符合正态分布的连续变量以 $\bar{x} \pm s$ 表示,组间比较采用独立样本 *t* 检验,非正态分布的连续变量以 $M(P_{25}, P_{75})$ 表示,组间比较采用 Mann-Whitney *U* 检验。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 寄生虫种类分布特征及实验室检查结果 共计检出 29 例寄生虫,其中原虫 16 例(55.2%),蠕虫 13 例(44.8%)。检出的原虫中,刚地弓形虫占比最高[31.3%(5/16)];蠕虫中,多房棘球绦虫占比最高[46.2%(6/13)]。蠕虫组与原虫组患者在性别及年龄上比较差异无统计学意义($P > 0.05$)。在炎症反应指标中,蠕虫组的 EOS% 和 EOS 显著高于原虫组($P < 0.05$);两组 PCT、CRP、IL-6、WBC、NEU% 和 LYM% 等炎症标志物比较,差异无统计学意义($P > 0.05$)。见表 1。

表 1 蠕虫组与原虫组基线特征及实验室指标比较[$n(\%)$ 或 $\bar{x}\pm s$ 或 $M(P_{25}, P_{75})$]

变量	总体($n=29$)	蠕虫组($n=13$)	原虫组($n=16$)	P
性别				0.688 ^a
男	20 (69.0)	8 (61.5)	12 (75)	
女	9 (31.0)	5 (38.5)	4 (25)	
年龄	40.8±14.1	38.1±14.1	43.1±14.2	0.354 ^b
序列数	565(183,3 088)	1 651(276,4 785)	529(143,1 721)	0.511 ^d
T(℃)	37.6±1.5	37.6±1.6	37.6±1.4	0.971 ^b
PCT(ng/mL)	0.3(0.1,0.6)	0.2(0.1,0.5)	0.5(0.2,1.4)	0.143 ^d
CRP(mg/L)	30.3(14.1,104.0)	26.6(15.2,74.0)	30.3(16.0,115.5)	0.637 ^d
IL-6(pg/mL)	42.8(13.1,81.3)	25.7(10.7,42.8)	53.3(15.9,94.4)	0.207 ^d
WBC($\times 10^9/L$)	7.9±5.2	9.1±4.1	6.9±5.8	0.264 ^a
NEU%	69.7±18.7	72.6±13.2	67.4±22.4	0.461 ^a
EOS%	1.5(0.1,4.7)	6.4(1.7,14.8)	0.3(0.0,1.6)	0.003 ^d
EOS($\times 10^9/L$)	0.1(0.0,0.3)	0.3(0.1,1.6)	0.0(0.0,0.1)	0.006 ^d
LYM%	14.9(6.4,25.5)	10.9(7.4,17.7)	16.6(6.2,32.8)	0.430 ^d

注：T 为体温；^a 表示 Fisher 精确检验，^b 表示 t 检验，^c 表示 χ^2 检验，^d 表示 Mann-Whitney U 检验；—表示无数据。

2.2 原虫感染患者一般资料 16 例原虫组感染患者中,男 12 例,女 4 例,年龄 16~72 岁,中位年龄 45 岁。原虫感染组合并基础疾病者占 68.8%(11/16),其中 8 例进行了病原学或免疫学检测,检测结果与 mNGS 检测结果一致。mNGS 共检出 6 类原虫:刚地弓形虫 5 例,主要分布于脑脊液(3 例)、肺泡灌洗液(1 例)及血液(1 例),序列数为 47~24 217;杜氏利什曼原虫 3 例,均通过血液样本检出,序列数为 386~1 265;恶性疟原虫 2 例,血液及脑脊液样本各 1 例,序列数为 81~13 252;溶组织内阿米巴 3 例,来源于血液(2 例)和肝脏穿刺液(1 例),序列数为 24~565;血液中检出狒狒巴拉姆希阿米巴 1 例,序列数为 729;肾脏脓液及肺泡灌洗液样本各检出 1 例阴道毛滴虫,序列数分别为 298 和 673。见表 2。

2.3 蠕虫感染患者一般资料 13 例蠕虫组感染患者中,男 8 例(61.5%),女 5 例(38.5%),年龄 18~66 岁,中位年龄 45 岁。合并基础疾病者占 23.1%(3/13),其中 9 例完善了病原学或免疫学检测,8 例结果与 mNGS 相符。通过 mNGS 共检出 8 种蠕虫:多房棘球绦虫(6 例),标本分布于脑脊液(2 例)、血液(2 例)、肝脏穿刺液(1 例)及胆汁(1 例),序列数为 78~8 141;肺泡灌洗液检出加拿大棘球绦虫 1 例,序列数为 276;脑脊液检出链状带绦虫 1 例,序列数为 183;脑脊液检出曼氏迭宫绦虫 1 例,序列数为 14 265;肝脏穿刺液检出细粒棘球绦虫 1 例,序列数为 5;肝脏穿刺液检出肝片吸虫 1 例,序列数为 1 659;肾脏灌注液检出华支睾吸虫 1 例,序列数为 4 785;血液检出旋毛虫 1 例,序列数为 691。见表 3。

表 2 原虫组患者一般资料

患者 ID	性别	年龄 (岁)	基础疾病	mNGS 检测 样本类型	寄生虫种类	序列数	病原学和 免疫学检查	基于宏基因组 测序的诊断	抗寄生虫 治疗药物	预后
P1	男	57	高血压	血液	杜氏利什曼原虫	509	—	黑热病(重症)	葡萄糖酸 锑钠	自动出院
P2	男	33	肺结核	血液	杜氏利什曼原虫	1 265	黑热病 rk 抗体:阳性	黑热病	葡萄糖酸 锑钠	好转
P3	男	49	慢性乙型肝炎	血液	杜氏利什曼原虫	386	黑热病 rk 抗体:阳性	黑热病	—	好转
P4	男	31	—	脑脊液	恶性疟原虫	81	恶性疟原虫抗原 T1:阳性	脑型疟疾 (恶性疟)	青蒿琥酯	好转
P5	男	24	—	血液	恶性疟原虫	13 252	恶性疟原虫抗原 T1:阳性;血液疟原虫涂片:阳性	恶性疟疾	青蒿琥酯	好转

续表 2 原虫组患者一般资料

患者 ID	性别	年龄 (岁)	基础疾病	mNGS 检测样本类型	寄生虫种类	序列数	病原学和免疫学检查	基于宏基因组测序的诊断	抗寄生虫治疗药物	预后
P6	女	55	急性白血病	脑脊液	刚地弓形虫	3 088	弓形虫 IgG: 0.5; 弓形虫抗体 IgM: 0.4	颅内感染 (弓形虫)	磺胺、克林霉素	自动出院
P7	男	49	高血压、获得性免疫缺陷综合征	脑脊液	刚地弓形虫	24 217	弓形虫抗体 IgG > 650 ↑; 弓形虫抗体 IgM: 1.69 ↑	弓形虫感染	磺胺	自动出院
P8	男	45	慢性乙型肝炎、肺腺瘤	肺泡灌洗液	刚地弓形虫	47	—	肺部感染	—	自动出院
P9	男	31	获得性免疫缺陷综合征、梅毒	脑脊液	刚地弓形虫	386	弓形虫 IgG: 206 ↑; 弓形虫抗体 IgM: 0.345	颅内感染	—	自动出院
P10	男	56	异体心脏移植术后	血液	刚地弓形虫	549	弓形虫 IgG: 23.0 ↑; 弓形虫抗体 IgM: 44.4 ↑	弓形虫病	克林霉素、磺胺	好转
P11	女	72	甲状腺功能减退	血液	狒狒巴拉姆希阿米巴	729	—	颅内感染	—	自动出院
P12	男	41	—	肝脏穿刺液	溶组织内阿米巴	565	—	阿米巴肝脓肿	甲硝唑	好转
P13	男	34	—	血液	溶组织内阿米巴	35	—	颅内感染待查	—	自动出院
P14	女	16	—	血液	溶组织内阿米巴	24	—	阿米巴肝脓肿	甲硝唑	好转
P15	女	49	高血压、糖尿病	肾脓液	阴道毛滴虫	71 170	—	—	甲硝唑	好转
P16	男	47	慢性乙型肝炎	肺泡灌洗液	阴道毛滴虫	406	—	—	—	自动出院

注:弓形虫抗体 IgG 单位为 IU/mL,参考范围为 0~1.0 IU/mL,弓形虫抗体 IgM 单位 COI,参考范围为 0~0.8;—表示无数据。

表 3 蠕虫组一般资料

患者 ID	性别	年龄 (岁)	基础疾病	mNGS 检测样本类型	寄生虫种类	序列数	病原学和免疫学检查	基于宏基因组测序的诊断	抗寄生虫治疗药物	预后
H1	男	45	腰椎结核	胆汁	多房棘球绦虫	436	包虫抗体 IgG: 2.32 ↑	肝包虫病	阿苯达唑	自动出院
H2	女	41	—	脑脊液	多房棘球绦虫	1 651	包虫抗体 IgG: 2.74 ↑	肝包虫病	阿苯达唑	好转
H3	男	26	—	脑脊液	多房棘球绦虫	5 846	包虫抗体: 1.86 ↑	颅内感染 (多房棘球绦虫)	阿苯达唑	好转
H4	女	22	—	血液	多房棘球绦虫	78	包虫抗体 IgG: 3.5 ↑	—	—	自动出院
H5	男	18	—	肝脏穿刺液	多房棘球绦虫	3 021	—	左肝占位: 寄生虫感染	阿苯达唑	自动出院
H6	男	66	—	血液	多房棘球绦虫	8 141	—	肝包虫	阿苯达唑	好转
H7	女	52	—	肺泡灌洗液	加拿大棘球绦虫	276	包虫抗体 IgG: 6.69 ↑	肺包虫病	阿苯达唑	好转
H8	男	24	—	脑脊液	链状带绦虫	183	包虫抗体 IgG: 1.10 ↑	脑囊虫病	阿苯达唑	好转
H9	男	48	—	脑脊液	曼氏迭宫绦虫	14 265	—	寄生虫感染	吡喹酮	好转
H10	女	45	慢性乙型肝炎	肝脏穿刺液	细粒棘球绦虫	5	包虫抗体 IgG: 7.18 ↑; 病理诊断: 包虫病	肝包虫	阿苯达唑	自动出院
H11	男	47	—	肝脏穿刺液	肝片吸虫	1 659	包虫抗体 IgG: 1.64 ↑	肝吸虫病	三氯苯达唑	自动出院
H12	女	31	高血压、慢性肾脏病 5 期	肾脏灌注液	华支睾吸虫	4 785	—	—	—	好转
H13	男	30	—	血液	旋毛虫	691	旋毛虫抗体 IgG: 阳性	旋毛虫感染	阿苯达唑	好转

注:包虫抗体 IgG 单位为 S/CO,参考范围为 0~1.0;—表示无数据。

3 讨 论

寄生虫病的诊断是病原学、免疫学和分子生物学

诊断技术相结合的诊断^[8]。目前,寄生虫感染的确诊主要依靠患者的体液、分泌物、排泄物的镜检或临床

免疫学检查,但是这些方法都对样本类型、收集时间等有严格要求,检验者的经验也对检验结果有较大影响^[9]。分子生物学检查有更高的灵敏度和特异性,且操作相对简便、易行,结果客观、准确,重复性好,结合病原学检查结果,可以极大地提高寄生虫的检测效率^[10]。mNGS 是对临床样本中提取的所有核酸进行高通量测序,根据检出的序列信息与生物数据库进行比对,鉴定样品中所含的病原微生物,从而实现对病毒、细菌、真菌、寄生虫及非典型病原体等的识别和检测。mNGS 主要检测细胞外的游离核酸,游离核酸可存在于血液、尿液或其他体液中。mNGS 也被用于寄生虫的检测,寄生虫在宿主体内的代谢活动及宿主的自身免疫反应,会导致寄生虫的核酸释放至血液中,其可能的机制包括主动分泌和被动释放。mNGS 优于传统的检测方法,具有快速、准确的优点^[11]。利用 mNGS 已成功诊断多种寄生虫病,包括弓形虫引起的脑炎^[12],阴道毛滴虫引起的肾周围脓肿^[13]等。

mNGS 检出寄生虫的报道大多为个案报道,本研究纳入了较大样本进行统计分析。研究结果显示,蠕虫和原虫是检出的主要寄生虫病类型。原虫组中弓形虫的检出率最高,在免疫功能正常人群中,弓形虫感染者常无明显症状,器官移植、人类免疫缺陷病毒感染/获得性免疫缺陷综合征、恶性肿瘤等免疫功能低下者弓形虫感染率增加,感染者常出现相应临床症状,严重者甚至死亡^[14]。本研究的检出的 5 例弓形虫中,其中 4 例合并了基础疾病,也证实了弓形虫感染易发生在免疫功能低下的患者。原虫组患者中 8 例进行了病原学检测或者抗体检测,与 mNGS 结果一致。病原学和免疫学检测在寄生虫诊断中,由于其方便快速及价格低廉,常作为首选的寄生虫检测方法,但病原学检测对样本类型、收集部位、收集时间、样本储存运输都有严格的要求,同时由于检验者经验等因素对结果影响较大。由于病原学检测存在局限性,mNGS 可辅助诊断寄生虫感染,提高诊断阳性率,及时准确地为临床早期诊治提供病原体感染证据。

蠕虫组中,棘球绦虫检出率高达 61.5%(8/13)。棘球绦虫感染导致的疾病棘球蚴病又称包虫病,主要由多房棘球绦虫和细粒棘球绦虫引起,四川省总患病率约 0.328%^[15],患病早期无症状,不易被发现,患病病程长,药物治疗作用有限,多房棘球绦虫病死率高^[16]。人类棘球绦虫感染主要发生在肝脏和肺,但也会影响到腹腔、心脏、骨骼、肌肉、神经系统或其他部位^[17-18]。mNGS 检出的 8 例棘球绦虫中,6 例进行了血清学抗体检测,并结果均为包虫抗体阳性。从侧面证实了两种检测方法的一致性,由于抗体检测操作简便,价格便宜,可在短时间内出具报告,因此在临床怀疑包虫病时,可优先考虑血清学抗体检测,结合临床

症状,决定是否进一步进行 mNGS 检测。

在蠕虫组和原虫组的实验室检查结果中,本研究发现,蠕虫感染组的嗜酸性粒细胞水平显著高于原虫组($P<0.05$),其机制在于蠕虫特异性激活的 Th2 免疫应答通过关键细胞因子 IL-5 驱动了嗜酸性粒细胞的升高^[19]。同时有体外实验观察到棘球绦虫微囊、虫体分泌抗原丝氨酸蛋白酶(SP)、SP 与补体活性片段 C5a 相互作用后对巨噬细胞和嗜酸性粒细胞等炎症细胞具有趋化作用^[20]。寄生虫感染患者的临床特征多样,体温、PCT、CRP 和 IL-6 等炎症指标在不同类型寄生虫感染中均有升高,但升高程度不同。

本研究存在一定的局限性。首先,作为一项回顾性研究,其分析依赖于既有的临床病历资料,部分病例的实验室检查或临床随访数据存在缺失,这可能会对结果的全面性造成影响。其次,纳入分析的病例数量相对较少,这主要源于在临床实践中,寄生虫感染总体发病率较低,且并非所有疑似患者均会接受 mNGS 检测。尽管如此,本研究聚焦于经 mNGS 确诊的寄生虫感染病例进行系统分析,在当前相关领域仍以个案报告为主的背景下,其发现仍为理解 mNGS 在寄生虫诊断中的价值,以及不同类别寄生虫感染的临床特征差异提供了有益的初步证据。未来需要开展更大样本量、多中心的前瞻性研究,并结合病原学、血清学等多重诊断方法进行联合验证,以进一步巩固本研究结论。

综上所述,寄生虫感染的诊断和治疗需要综合考虑患者的临床特征、实验室指标、寄生虫抗体检测结果以及 mNGS 检测结果。对于诊断不明,临床怀疑寄生虫感染时,可以通过 mNGS 检测提高寄生虫感染的检出率,为临床治疗提供更有力的支持。

参考文献

- [1] 王曼媛,魏慕筠,李敏.宏基因组测序技术在虫媒传播疾病诊断中的应用与思考[J].中华检验医学杂志,2023,46(2):119-126.
- [2] Xing X W,Zhang J T,Ma Y B,et al. Metagenomic next-generation sequencing for diagnosis of infectious encephalitis and meningitis:a large,prospective case series of 213 patients[J]. Front Cell Infect Microbiol,2020,10:88.
- [3] Jiang J,Bai L,Yang W,et al. Metagenomic next-generation sequencing for the diagnosis of *Pneumocystis jirovecii* pneumonia in non-HIV-infected patients:a retrospective study[J]. Infect Dis Ther,2021,10(3):1733-1745.
- [4] Nan X,Yu J,Liang Y,et al. Application of different sampling methods combined with metagenomic next-generation sequencing to detect pathogens in children with severe pneumonia on mechanical ventilation[J]. Infect Drug Resist,2023,16:4545-4553.

[5] Xu W B, Fu J J, Yuan X J, et al. Metagenomic next-generation sequencing in the diagnosis of neurocysticercosis: a case report[J]. World J Clin Cases, 2023, 11(20): 4912-4919.

[6] Feng Y, Feng H, Yu X, et al. Next-generation sequencing for diagnosis of fatal Balamuthia Amoebic encephalitis: a case report[J]. Diagnostics (Basel), 2025, 15(20): 2590.

[7] Song P, Chen S, Tan X, et al. Metagenomic analysis identifying a rare Leishmania infection in an adult with AIDS [J]. Front Cell Infect Microbiol, 2021, 11: 764142.

[8] 邹洋, 李晶晶, 贾永根, 等. 寄生虫病分子生物学诊断进展 [J]. 热带医学杂志, 2018(6): 830-834.

[9] 胡晓熠. 宏基因组二代测序在感染性疾病中的应用进展 [J]. 微循环学杂志, 2021, 31(2): 70-73.

[10] 蔡祺, 王剑飏. 寄生虫病的实验室检查方法 [J]. 检验医学, 2021, 36(10): 1001-1007.

[11] Akaçin İ, Ersoy Ş, Doluca O, et al. Comparing the significance of the utilization of next generation and third generation sequencing technologies in microbial metagenomics [J]. Microbiol Res, 2022, 264: 127154.

[12] Hu Z, Weng X, Xu C, et al. Metagenomic next-generation sequencing as a diagnostic tool for toxoplasmic encephalitis[J]. Ann Clin Microbiol Antimicrob, 2018, 17(1): 45.

[13] Lu S, Xie G, Yuan M, et al. Metagenomic next-generation sequencing in diagnosing perinephric abscess infection caused by Trichomonas vaginalis [J]. Precis Clin Med, 2024, 7(4): pbae027.

[14] Wang Z D, Liu H H, Ma Z X, et al. Toxoplasma gondii infection in immunocompromised patients: a systematic review and meta-analysis [J]. Front Microbiol, 2017, 8: 389.

[15] 廖沙, 张仲双, 杨柳, 等. 2021—2023 年四川省棘球蚴病监测结果分析 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2025, 43(1): 14-19.

[16] Wang Q, Yang L, Wang Y, et al. Disease burden of echinococcosis in Tibetan communities—a significant public health issue in an underdeveloped region of western China [J]. Acta Trop, 2020, 203: 105283.

[17] Wen H, Vuitton L, Tuxun T, et al. Echinococcosis: advances in the 21st century [J]. Clin Microbiol Rev, 2019, 32(2): e00075-e00018.

[18] 秦毅, 李倩倩, 苏贵金, 等. 青藏高原地区主要疾病流行特征及健康评价方法 [J]. 环境化学, 2021, 40(6): 1668-1682.

[19] Haddad E B, Cyr S L, Arima K, et al. Current and emerging strategies to inhibit type 2 inflammation in atopic dermatitis [J]. Dermatol Ther, 2022, 12(7): 1501-1533.

[20] 张慧. 虫体抗原与细胞因子对两型棘球绦虫-宿主肝脏界面淋巴细胞/浆细胞趋化作用的研究 [D]. 乌鲁木齐: 新疆医科大学, 2022.

(收稿日期: 2025-11-16 修回日期: 2026-03-02)

(上接第 1815 页)

[13] Shen S, Wang W, Ma Y, et al. Affinity molecular assay for detecting Candida albicans using chitin affinity and RPA-CRISPR/Cas12a [J]. Nat Commun, 2024, 15(1): 9304.

[14] Wu Y, Chang Y, Sun Y, et al. A multi-AS-PCR-coupled CRISPR/Cas12a assay for the detection of ten single-base mutations [J]. Anal Chim Acta, 2024, 1320: 343027.

[15] Chen D, Huang W, Zhang Y, et al. CRISPR-mediated profiling of viral RNA at single-nucleotide resolution [J]. Angew Chem Int Ed, 2023, 62(30): e202304298.

[16] Kleinstiver B P, Tsai S Q, Prew M S, et al. Genome-wide specificities of CRISPR-Cas Cpf1 nucleases in human cells [J]. Nat Biotechnol, 2016, 34(8): 869-874.

[17] Augustin L, Agarwal N. Designing a Cas9/gRNA-assisted quantitative Real-Time PCR (CARP) assay for identification of point mutations leading to rifampicin resistance in the human pathogen Mycobacterium tuberculosis [J]. Gene, 2023, 857: 147173.

[18] Ma Y, Wei H, Wang Y, et al. Efficient magnetic enrichment cascade single-step RPA-CRISPR/Cas12a assay for rapid and ultrasensitive detection of Staphylococcus aureus in food samples [J]. J Hazard Mater, 2024, 465: 133494.

[19] Feng W, Peng H, Xu J, et al. Integrating reverse transcription recombinase polymerase amplification with CRISPR technology for the one-tube assay of RNA [J]. Anal Chem, 2021, 93(37): 12808-12816.

[20] Lin M, Yue H, Tian T, et al. Glycerol additive boosts 100-fold sensitivity enhancement for one-pot RPA-CRISPR/Cas12a assay [J]. Anal Chem, 2022, 94(23): 8277-8284.

[21] Cao G, Yang N, Xiong Y, et al. Completely free from PAM limitations: asymmetric RPA with CRISPR/Cas12a for nucleic acid assays [J]. ACS Sens, 2023, 8(12): 4655-4663.

[22] Gootenberg J S, Abudayyeh O O, Kellner M J, et al. Multiplexed and portable nucleic acid detection platform with Cas13, Cas12a, and Csm6 [J]. Science, 2018, 360(6387): 439-444.

[23] Zhang Y, Guo Y, Liu G, et al. Portable all-in-one microfluidic system for CRISPR-Cas13a-based fully integrated multiplexed nucleic acid detection [J]. Lab Chip, 2024, 24(14): 3367-3376.

(收稿日期: 2025-10-14 修回日期: 2026-03-04)