

新技术“一网打尽”病原微生物

■本报记者 张思玮

新冠肺炎疫情再次将感染性疾病精准诊治问题推到了全球聚光灯下。

“明确病原是感染性疾病诊疗的基础。”近日，在中国医学科学院北京协和医学院主办的第三届感染性疾病精准医学高峰论坛上，中国工程院院士、中国医学科学院北京协和医学院院长王辰表示，感染性疾病对人类健康和全球公共卫生安全形成重大威胁，精准诊断则是实现其精准防控的前提。

但现实中，病原体感染复杂多样，新发病原不断涌现、微生物耐药形势严峻……这都给感染性疾病防治带来巨大挑战。

“传统病原微生物检测技术，类似于钓鱼，愿者上钩。而宏基因组测序技术(mNGS)更像是撒网捕鱼，力争一网打尽。”中国医学科学院北京协和医院检验科主任徐英春说，传统检测手段存在病原体培养周期长、成功率低、功能指标分析能力不足和难以做到广谱检测的问题，而mNGS则为解决这些问题提供了一条新的路径。

如今，mNGS已经越来越多地被应用于临床实验室，但其能否作为常规病原体诊断工具成为业内讨论的热点。

解决临床感染难题的新利器

所谓的宏基因组测序技术(mNGS)是一种对患者样本中微生物和宿主遗传物质(DNA和RNA)序列进行全面分析的检测方法。

“作为一种不依赖于培养的检测技术，mNGS具有广覆盖(细菌、真菌、病毒、寄生虫)、灵敏度高的特点，能够深入提供病原鉴定分析、耐药基因和毒力因子分析。同时，它以序列为基础，可检测新发病原体，并进行溯源分类。”中华医学会呼吸病学分会主任委员、上海交通大学医学院附属瑞金医院党委书记瞿介明认为，mNGS无靶标测定标本中所有微生物，灵敏度高，阴性预测值大。

传统病原检测涵盖临床常见病原菌，具有一定的靶向性，阳性预测价值大，其中微生物培养的方法是目前感染病原检测的金标准，通常需要3~5天才能出报告结果。病毒检测还是以针对已知病原的PCR检测和血清学检测为主，检测目标狭窄，靶标固定，难以检测



中国mNGS解读联盟成立。

“传统病原微生物检测技术，类似于钓鱼，愿者上钩。而宏基因组测序技术(mNGS)更像是撒网捕鱼，力争一网打尽。”

新发、罕见病原以及鉴定疑难混合感染病原。

在新冠肺炎疫情防控中，mNGS大展风采。

“从新冠肺炎病原的发现和鉴定到确定核酸筛查的分子靶标，再到病毒溯源和变异监控，mNGS都发挥了极其重要的作用。”中国医学科学院北京协和医学院副校长王健伟表示。

事实上，自2008年以来，20多个国家的大量研究表明，mNGS在诊断未明确的感染性疾病方面提供了重要的参考数据。

徐英春提供的一组数据显示，通过分析全球有关mNGS的108项研究项目，美国和中国分列研究数量前两位，其中以中枢神经系统和呼吸系统的研究为主。

因此，mNGS被业内人士认为是解决临床感染难题的新利器。

兼具敏感性和特异性

临幊上在探索确定诊断病原微生物方面仍面临巨大问题。

王辰表示，40%以上的重症肺炎、50%的感染中毒症、50%~70%中枢神经

系统感染都无法明确感染病原。这不仅消耗有限的医疗资源，增加医疗开销，还直接影响治疗效果，增加致死率，对整个社会造成重大负担。

“其中，最难控的依然是呼吸道传染病。”王辰直言。

这一点也得到瞿介明的认同。他表示，肺部感染病原构成复杂，新发未知病原流行频现。从病原体构成上来看，有细菌性肺炎、病毒性肺炎、真菌性肺炎、支原体肺炎……与此同时，新发病原层出不穷，病原微生物中超过70%的病毒来源于动物传播，而自然界超过99%的微生物尚未明确。

并且，下呼吸道样本还存在采样难、易污染、甄别难的问题。

mNGS则能较好地解决上述问题。一项对92例急性呼吸衰竭成年患者气管抽吸物的研究发现，mNGS可以一次性提供病原体、下呼吸道微生物组和宿主转录组全谱“画像”，阴性预测值可达到100%。

此外，还有研究显示，mNGS诊断感染性疾病敏感性和特异性分别为50.7%和85.7%，尤其在结核分枝杆菌、病毒、厌氧菌和真菌检测方面，均

优于培养法。

技术发展仍须规范

“无论是经典检测(形态学检查、分离培养、免疫学方法)，还是快速检测(核酸检测技术)，都应结合流行病学、临床特征等综合分析，去伪存真，确定其是否为真正致病菌。”瞿介明说，有了新方法不能就抛弃老方法，当然更不能固步在老方法上，而拒绝新方法，而是应该看清不同的检测方法的适用情况。两种方法互为补充，平行送检可有效提高检出率。

瞿介明提醒，任何新技术，不能“扔进篮子就是菜”。“我们做好了，这也是对新技术的尊重，如果拿到篮子里全都是菜，很可能造成鱼龙混杂，毁了这项技术。”

并且，mNGS技术应用于临床也的确存在亟待解决的问题。

王健伟举例说，标本采样过程中对样本造成的污染、人类基因组的干扰、生物信息学分析、结果判断和解释等，特别是呼吸道本身为非无菌状态，大量定植或携带微生物核酸的存在也给临床结果的判断带来了挑战。

鉴于中国mNGS解读规范尚未统一、解读水平发展不均衡、解读领域人才匮乏的现状，王健伟、徐英春和复旦大学附属华山医院感染科主任张文宏等人发起成立了中国mNGS解读联盟。据悉，该联盟旨在加速mNGS解读标准制定，推进mNGS临床规范应用，助力感染性疾病精准诊断。

当然，分子诊断与测序成为感染性疾病精准诊断的重要工具，这一趋势已经无法阻挡。

“从病原体鉴定走向耐药和宿主感染等特征诊断，mNGS将逐渐迈入2.0时代。与此同时，在分级诊疗体系政策影响下，床旁快速诊断与分子诊断联手提升医疗机构对感染性疾病诊治水平。”王辰认为，未来，mNGS将朝着规范化、规模化、精细化、自动化方向发展。

“最终希望通过多学科的协作，利用更多的新技术及早发现病例，把病例控制在早期，让重症的病人更早得到救治，大幅度提高临床治疗水平。”张文宏说。

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1073/pnas.1809700115>

<https://doi.org/10.1093/cid/ciy693>

||新知

Treg细胞下调MondoA-TXNIP转录调控轴功能，增加葡萄糖转运蛋白Glut1表达和细胞膜定位，诱导糖酵解代谢模式下的Th17-like Treg细胞，削弱其免疫抑制功能，进一步促进Th17型炎症，抑制CD8⁺T细胞的抗肿瘤功能，并最终导致结直肠癌的发生发展。

结直肠癌免疫检查点抑制剂疗法在错配修复缺陷的微卫星不稳定型亚型患者中显示出较好的疗效，而占据结直肠癌病人80%~90%的微卫星稳定性亚型患者对于肿瘤免疫治疗几乎不响应，已有报道显示微卫星稳定性的结直肠癌中Th17细胞大量富集。童雪梅团队这项工作证实靶向IL-17A的anti-IL17A抗体治疗能显著抑制结直肠癌发生发展，并且anti-IL-17A抗体联合anti-PD-1抗体治疗效果更佳。研究人员创新性地探索了靶向炎症的中和抗体和免疫检查点抑制剂联合治疗结直肠癌的新方案，为微卫星稳定性亚型的结直肠癌病人从肿瘤免疫治疗中获益提供了可能的新干预靶点。

(黄辛)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1053/j.gastro.2021.04.041>

结直肠癌微环境—细胞代谢调控新机制获揭示

3小时药敏检测 让抗生素精准狙击细菌

■本报记者 沈春蕾 通讯员 郑兴旺

抗生素能救命，但抗生素滥用带来的超级细菌耐药也能致命。世界卫生组织专家估计，到2050年，由于细菌对抗生素耐药导致的死亡人数可能从目前估计的每年70万人增加到每年1000万人，世界生产总值的损失将达到100万亿美元。

近日，中国科学院苏州生物医学工程技术研究所(以下简称苏州医工所)联合复旦大学附属华山医院、英国牛津大学的科研团队，开发了一种适用于血液和尿液标本的快速药敏检测方法(FRAST)。相关研究成果发表于《分析化学》。

论文第一作者、苏州医工所研究员宋一之告诉《中国科学报》：“FRAST将尿液和血清标本的药敏检测时间由3~4天分别缩短为3小时和21小时，有望让抗生素精准狙击细菌。”

不够快、不够准

“药敏检测如果能在获得标本当天完成，是最理想的。”论文作者之一、复旦大学附属华山医院主任医师徐晓刚向《中国科学报》解释道，“只有拿到药敏报告后，才可以实现精准用药。”

药敏定量试验中的MIC(minimum inhibitory concentration)值，即在体外抑制细菌生长的最低药物浓度，一直是微生物药敏试验、抗菌药效评价和临床抗菌方案制定的主要标准与主要依据之一。

徐晓刚介绍说，普通细菌的培养至少需要一天时间，厌氧菌可能需要72个小时，之后再做药敏试验还需要大概20个小时。

由于尿液细菌含量相对血液来说要多，节约了细菌培养的时间，使尿液药敏检测比血液药敏检测用时短，但仍无法在一个工作日内完成。并且现在的药敏检测对体外生长缓慢的病菌无能为力。

研究人员还发现，MIC只能从抑制细胞数目扩增这一角度反映与测量药效，却无法检测处于NGMA(Non-Growing but Metabolically Active)状态的病菌，即在药物作用下已经不再

增殖但仍然具备代谢活性的存活细胞。如果在抗菌治疗中成为漏网之鱼，将贻误病情，引起复发性感染。

徐晓刚在临床中发现，这种状态的病菌也是十分常见的，带来的结果是在治疗感染类疾病时，存在滥用和过度使用抗生素的情况，进而诱导耐药菌乃至“超级细菌”的频繁出现。

那么，如何准确且快速地判断感染细菌的药敏特性呢？

为什么用拉曼光谱

近年来，英国牛津大学副教授黄巍一直利用拉曼光谱进行单细胞的研究工作，同时也开发了拉曼与稳定同位素标记联用技术。

细菌多是单细胞。黄巍曾在采访中提及，单细胞拉曼图谱最大的特点就是无需外源标记，展现的是细胞的内在信号，可以视为细胞的化学指纹或者化学图像，又称为细胞的表型，是基因和环境互相作用的结果。

细菌耐药是全球性危机，中国科技部与英国卫生部2016年12月签署了《关于中英两国抗生素耐药性科研与创新合作谅解备忘录》。

宋一之曾师从于黄巍学习拉曼光谱技术，通过学术交流活动，他们与华山医院抗生素研究所所长王明贵和徐晓刚相识。在两位具有丰富临床一线和科研经验的医生介绍临床药敏检测的困局之后，宋一之和黄巍立刻启动了单细胞拉曼光谱—重水标记联用技术对耐药菌的检测研究，华山医院提供临床数据。

为什么选择该项技术？宋一之介绍道，单细胞拉曼图谱可以看作一个细胞所有分子拉曼光谱指纹的总和，而细胞代谢的变化或者其他内在差异都会引起细胞表型的变化继而反映在细胞拉曼光谱信息中。

研究人员将采集到的拉曼光谱利用机器学习模型，与团队已经建立的革兰氏阴性菌和阳性菌的拉曼光谱数据库进行比对，预测样品中细菌的革兰氏阴性菌，并以此选择合适的药敏板。在重水环境中与不同种类和不同浓度的抗生素作用1~2小时后，细菌的拉曼光谱再次被采集，并通过算法分析其碳一氘峰强度特征。

研究发现，具有代谢活性的细菌在重水(氘代水)环境中会将氘元素整合进细胞内，这一过程称为氘标记。氘标记后的细菌的拉曼光谱中产生新的碳一氘特

征峰，则成为了单细胞水平细菌代谢活动的生物标记物。

宋一之说：“在抗生素作用下，易感菌代谢活性会受到抑制，而耐药菌则不受影响并产生明显的碳一氘峰，这一过程不依赖细菌的增殖，对样品中细菌的数量要求也很低。因此通过单细胞拉曼光谱检测细胞活性，可以克服临床微生物试验对长时间培养的要求，使快速药敏成为可能。”这就是基于拉曼光谱—重水标记联用技术的FRASST方法。

“从样本到报告”的快速诊断

据悉，拉曼光谱—重水标记联用技术可以直接作用于单细胞而无需培养，并在几分钟内鉴定病原微生物种类，通过标记后(1~2小时)的拉曼特征峰，判定感染细菌的代谢活性，快速筛选有效抗生素种类。

以尿液感染标本检测为例，宋一之介绍了FRASST方法：“首先通过离心收集尿液中的细菌，之后在共聚焦显微拉曼系统下，对细菌观察并进行拉曼指纹图谱的采集，这一过程可判断尿液中是否有菌及菌量。”

研究人员将采集到的拉曼光谱利用机器学习模型，与团队已经建立的革兰氏阴性菌和阳性菌的拉曼光谱数据库进行比对，预测样品中细菌的革兰氏阴性菌，并以此选择合适的药敏板。在重水环境中与不同种类和不同浓度的抗生素作用1~2小时后，细菌的拉曼光谱再次被采集，并通过算法分析其碳一氘峰强度特征。

未来，宋一之等研究者希望借助拉曼信号增强技术和自动化手段，进一步缩短时间、提升灵敏度，使其能更好地用于人类与病原菌的斗争中。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1021/acsnanochem0c04709>



菌株和血液与尿液原始标本在内的超过3000个样本中，采集了6万余张单细胞拉曼光谱，并与临床金标准(微量肉汤稀释法或临床自动药敏系统)进行了对比，结果显示，FRASST方法对革兰氏染色结果的预测准确率为100%，药敏结果与金标准总体一致率大于88%。

这是迄今为止拉曼—重水标记联用技术在病原菌药敏检测中最完整的研究数据集，因此对于该技术的临床应用具有重要的指导作用。

宋一之表示，基于拉曼的革兰氏染色预测方法的整合，使得FRASST成为相对独立完整的测试方法，临床医生可以无需其他手段辅助，完成“从样本到报告”的快速诊断。

该方法的优势在于，在显微拉曼系统下，仅需几十个细胞就可以获得有代表性的结果；氘标记不依赖细菌的生长，因此可以有效缩短时间。另外，与近年来发展较快的耐药基因的分子诊断技术相比，FRASST药敏是基于抗生素对细菌作用的表型，因此该结果不会受未知的耐药机制或基因表达调控影响而产生对药物的误判。

宋一之同时指出该方法在技术层面存在的困难——快速检测拉曼信号。“由于拉曼信号本身较弱，细菌个体比较小，如何快速、高灵敏地检测到拉曼信号是一个挑战。”

未来，宋一之等研究者希望借助拉曼信号增强技术和自动化手段，进一步缩短时间、提升灵敏度，使其能更好地用于人类与病原菌的斗争中。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1021/acsnanochem0c04709>

罕见“腹茧症”患者重获新生

本报讯 近日，上海交通大学医学院附属仁济医院教授刘颖斌团队为一名罕见“腹茧症”患者施行了高难度的复杂肠粘连松解术和小肠排列术，彻底解决了折磨患者一年多的腹痛和梗阻症状。术后，患者恢复良好，已出院。

“腹茧症”是一种罕见的腹部疾病，术前诊断率仅4.6%。该病通常因先天畸形、结核、恶性肿瘤、自身免疫反应、腹膜炎史、腹腔内灌注化疗、腹膜透析、病毒感染等引起。

刘颖斌说：“该病通常需要剖腹探查才能确诊，术前腹部X线常提示肠梗阻，小肠钡剂造影与CT可确诊，术后病理往往为纤维化组织。若患者存在肠梗阻反复发作的情况，则需手术切除包块。患者通常表现为反复腹痛腹胀、呕吐便秘等。”

“腹茧症”是一种罕见的腹部疾病，术前诊断率仅4.6%。该病通常因先天畸形、结核、恶性肿瘤、自身免疫反应、腹膜炎史、腹腔内灌注化疗、腹膜透析、病毒感染等引起。

刘颖斌说：“该病通常需要剖腹探查才能确诊，术前腹部X线常提示肠梗阻，小肠钡剂造影与CT可确诊，术后病理往往为纤维化组织。若患者存在肠梗阻反复发作的情况，则需手术切除包块。患者通常表现为反复腹痛腹胀、呕吐便秘等。”

刘颖斌说：“该病通常需要剖腹探查才能确诊，术前腹部X线常提示肠梗阻，小肠钡剂造影与CT可确诊，术后病理往往为纤维化组织。若患者存在肠梗阻反复发作的情况，则需手术切除包块。患者通常表现为反复腹痛腹胀、呕吐便秘等。”

刘颖斌说：“该病通常需要剖腹探查才能确诊，术前腹部X线常提示肠梗阻，小肠钡剂造影与CT可确诊，术后病理往往为纤维化组织。若患者存在肠梗阻反复发作的情况，则需手术切除包块。患者通常表现为反复腹痛腹胀、呕吐便秘等。”

刘颖斌说：“该病通常需要剖腹探查才能确诊，术前腹部X线常提示肠梗阻，小肠钡剂造影与CT可确诊，术后病理往往为纤维化组织。若患者存在肠梗阻反复发作的情况，则需手术切除包块。患者通常表现为反复腹痛腹胀、呕吐便秘等。”

刘颖斌说：“该病通常需要剖腹探查才能确诊，术前腹部X线常提示肠梗阻，小肠