

mNGS在基于CURB-65风险分层社区获得性肺炎的诊治及评估预后中的价值

徐健, 郑凌*

安徽医科大学第二附属医院呼吸与危重症医学科, 安徽 合肥

收稿日期: 2026年3月28日; 录用日期: 2026年4月22日; 发布日期: 2026年4月28日

摘要

目的: 探讨宏基因组二代测序(mNGS)在基于CURB-65风险分层的社区获得性肺炎(CAP)患者的诊断、指导抗感染治疗以及评估预后中的应用价值。方法: 回顾性纳入2020年12月~2025年12月安徽医科大学呼吸与危重症医学科收治的120例CAP患者, 根据CURB-65评分分为低危组($n = 65$)和高危组($n = 55$)。收集两组基线特征、实验室指标、mNGS与常规病原学检测结果、抗感染方案调整及临床转归数据, 采用统计学方法比较组间差异, 分析mNGS在不同CURB-65风险分层组内的诊治和评估预后价值。结果: 高危组平均年龄(74.0 ± 7.5 岁)、基础疾病比例(83.6%)及白细胞水平、中性粒细胞、降钙素原水平显著高于低危组($P < 0.05$), 淋巴细胞水平显著低于低危组。mNGS阳性率(94.55% vs 64.62%)、常规培养阳性率(50.91% vs 30.77%)、混合感染比例(65.45% vs 30.77%)及抗生素调整率(54.55% vs 32.31%)在高危组均显著更高($P < 0.01$)。mNGS共检出病原体253例, 以鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌为主; 常规检测检出病原体81例, 以白色假丝酵母、肺炎克雷伯菌为主, mNGS对特殊病原体的检出更具优势。两组病原体类型分布存在显著差异($\chi^2 = 10.299, P = 0.016$), 高危组真菌占比(69.49%)显著高于低危组(30.51%)。高危组不良转归率(54.55%)高于低危组(6.15%), 在常规培养阴性的高危组患者中, mNGS可以显著改善不良转归率($P = 0.028$)。多因素Logistic回归显示CURB-65分组是不良转归的独立预测因素($OR = 13.46, 95\% CI [3.54 \sim 51.17], P < 0.001$)。根据mNGS调整抗感染方案后, 预后无差异但无统计学意义($OR = 0.533, 95\% CI [0.22 \sim 1.32], P = 0.174$)。结论: 不同CURB-65风险分层CAP患者的mNGS诊断阳性率及其指导抗感染方案调整率存在显著差异, mNGS在高危组病原学诊断中优势突出, 可作为常规病原学检测阴性的补充, 提高诊断阳性率并指导抗感染方案调整, 有效改善预后。

关键词

社区获得性肺炎, CURB-65评分, 宏基因组测序, 病原体检出, 临床转归

*通讯作者。

The Value of Metagenomic Next-Generation Sequencing (mNGS) in the Diagnosis, Treatment and Prognostic Evaluation of Community-Acquired Pneumonia Based on CURB-65 Risk Stratification

Jian Xu, Ling Zheng*

Department of Respiratory and Critical Care Medicine, The Second Affiliated Hospital of Anhui Medical University, Hefei Anhui

Received: March 28, 2026; accepted: April 22, 2026; published: April 28, 2026

Abstract

Objective: To investigate the clinical value of metagenomic next-generation sequencing (mNGS) in the diagnosis, guidance of anti-infective therapy, and prognostic evaluation of patients with community-acquired pneumonia (CAP) stratified by CURB-65 risk. **Methods:** A total of 120 patients with CAP admitted to the Department of Respiratory and Critical Care Medicine, Anhui Medical University from December 2020 to December 2025 were retrospectively enrolled. According to the CURB-65 score, the patients were divided into the low-risk group (n = 65) and the high-risk group (n = 55). Baseline characteristics, laboratory parameters, results of mNGS and conventional etiological tests, adjustments of antimicrobial regimens, and clinical outcome data were collected from both groups. Statistical analyses were performed to compare differences between the two groups and to evaluate the value of mNGS in the diagnosis, treatment, and prognostic assessment among patients with different CURB-65 risk stratifications. **Results:** Compared with the low-risk group, the high-risk group had a significantly higher mean age (74.0 ± 7.5 years), proportion of underlying comorbidities (83.6%), white blood cell count, neutrophil count, and procalcitonin level (all $P < 0.05$), while the lymphocyte count was significantly lower. The positive rate of mNGS (94.55% vs 64.62%), positive rate of conventional culture (50.91% vs 30.77%), proportion of mixed infections (65.45% vs 30.77%), and antibiotic adjustment rate (54.55% vs 32.31%) were significantly higher in the high-risk group (all $P < 0.01$). A total of 253 pathogens were detected by mNGS, mainly *Acinetobacter baumannii* and *Klebsiella pneumoniae*; 81 pathogens were detected by conventional tests, mainly *Candida albicans* and *Klebsiella pneumoniae*. mNGS exhibited superior performance in detecting special pathogens. There was a significant difference in the distribution of pathogen types between the two groups ($\chi^2 = 10.299, P = 0.016$), with the proportion of fungi in the high-risk group (69.49%) being significantly higher than that in the low-risk group (30.51%). The adverse outcome rate was higher in the high-risk group (54.55%) than in the low-risk group (6.15%). Among high-risk patients with negative conventional culture, mNGS significantly improved the adverse outcome rate ($P = 0.028$). Multivariate logistic regression analysis revealed that CURB-65 stratification was an independent predictor of adverse outcomes (OR = 13.46, 95%CI [3.54~51.17], $P < 0.001$). There was a difference in prognosis after adjusting antimicrobial regimens according to mNGS, but this difference was not statistically significant (OR = 0.533, 95%CI [0.22~1.32], $P = 0.174$). **Conclusion:** Significant differences exist in the diagnostic positive rate of mNGS and the rate of antimicrobial regimen adjustment guided by mNGS among CAP patients with different CURB-65 risk stratifications. mNGS exhibits prominent advantages in etiological diagnosis of the high-risk group, and can serve as a supplement to negative

conventional etiological tests to improve the diagnostic yield, guide the adjustment of antimicrobial regimens, and effectively improve patient prognosis.

Keywords

Community-Acquired Pneumonia, CURB-65 Score, Metagenomic Sequencing, Pathogen Detection, Clinical Outcome

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

社区获得性肺炎(community-acquired pneumonia, CAP)是一种发病率较高的感染性疾病,通常是指在医院外罹患的肺部炎症反应,包括具有明确潜伏期的病原体感染在入院后于潜伏期内发病的肺炎[1]。在CAP的临床管理中,快速准确的病原学诊断和评估病情严重程度是制定合理治疗方案和评估预后的关键环节。CURB-65评分系统是临床常用的CAP病情分层工具,可有效指导治疗决策与预后判断[2]。但CAP病原学精准诊断仍是临床难题,传统检测方法耗时久、阳性率低(低于20%),易导致经验性用药不合理及抗生素耐药风险增加。

近年来,宏基因组二代测序(metagenomic next-generation sequencing, mNGS)技术凭借其高通量、无偏倚检测的优势,为肺部感染的精准诊断提供了新途径[3][4],但存在明显局限性,比如:价格昂贵增加患者经济负担,获取最有诊断价值的肺泡灌洗液标本可能增加患者承担有创操作的风险等,还存在检出的病原体并非均为致病菌的问题,需结合临床综合分析,否则可能干扰抗感染方案制定[5]。

因此,本研究旨在通过分析120例CAP患者的临床数据,深入探讨mNGS在CURB-65不同风险分层患者中的病原学诊断、指导抗感染方案调整以及评估预后中的应用价值,以期能为mNGS技术优化CAP的精准管理提供本土化循证依据。

2. 资料与方法

2.1. 研究对象

对象

回顾性纳入2020年12月~2025年12月安徽医科大学呼吸与危重症医学科收治的社区获得性肺炎患者,所有患者均符合CAP诊断标准,且接受肺泡灌洗液mNGS检测。纳入标准:①符合《中国成人社区获得性肺炎诊断和治疗指南(2016年版)》[6]。②年龄 ≥ 18 岁;③签署知情同意书;④临床资料完整,均完成CURB-65评分评估病情严重程度。排除标准:①医院获得性肺炎;②合并其他严重脏器功能衰竭;③排除有支扩、肺囊性纤维化等结构性肺病患者;④拒绝参与本研究或中途退出者。

2.2. 方法

2.2.1. 方法

入院病例患者在签署电子支气管镜检查同意书且排查无气管镜检查禁忌症后,为了确保治疗的安全性及有效性,由操作经验丰富的医生实施。经标准流程获取肺泡灌洗液标本后送检mNGS。

2.2.2. 临床资料收集

患者的一般信息, 包括: 性别、年龄、有无基础疾病(如心血管/代谢病); CURB-65 评分[7]; 实验室指标; 抗感染方案的调整及临床转归。mNGS 检测和常规病原体检测结果。依据 CURB-65 评分进行分组, ≤ 2 分为低危组, > 2 分为高危组。

2.2.3. mNGS 结果解读

(1) 对于除结核杆菌外的细菌、除隐球菌外的真菌以及寄生虫, 满足以下条件之一可判定为阳性: 其一, 该病原体的测序覆盖率在所有检测出的病原体里位列前 10, 并且在阴性对照(NTC)样本中未被检测到; 其二, 样品中的该病原体 RPM 值(每百万比对读取数, reads per million mapped reads)与阴性对照(NTC)中的 RPM 值之比大于 10;

(2) 对于病毒、结核杆菌以及隐球菌, 若符合以下条件之一, 可判定为检测阳性: 一是至少检测出 1 条该病原体的特异性序列, 且在阴性对照(NTC)样本中未出现; 二是样品中该病原体的 RPM 值(每百万比对读取数, reads per million mapped reads)与阴性对照(NTC)中该值的比值大于 5。并且结合宿主炎症反应指标和临床表现(影像学肺部实变、发热持续等)进行综合判断[8]。

3. 统计与分析

采用 SPSS 26.0 软件进行分析。连续变量经正态性检验, 符合正态分布者以均数 \pm 标准差($\bar{x} \pm s$)表示, 组间比较采用独立样本 t 检验; 偏态分布的连续变量以中位数(P25, P75)描述, 组间比较采用 Mann-Whitney U 检验。分类变量以频数(%)表示, 组间比较采用卡方检验。采用二元 Logistic 回归分析评估各变量对不良转归的预测价值。首先进行单因素分析, 将 $P < 0.10$ 的变量纳入多因素 Logistic 回归模型(采用全进入法), 计算优势比(OR)及其 95% 置信区间(CI)模型拟合度用 Nagelkerke R^2 和似然比 χ^2 评估。 $P < 0.05$ 为统计学显著。

3.1. 结果

基线特征及实验室指标

本研究共纳入 120 例研究对象, 其中低危组 65 例, 高危组 55 例。两组基线资料比较显示, 低危组和高危组在年龄和基础疾病方面存在显著差异。高危组平均年龄为 74.0 ± 7.5 岁, 显著高于低危组的 54.9 ± 17.6 岁($t = 7.485, P < 0.001$); 高危组基础疾病比例为 83.6%, 显著高于低危组的 50.8% ($P < 0.001$)。实验室指标比较结果显示, 高危组白细胞计数(WBC)、中性粒细胞计数(NEUT)均高于低危组, 淋巴细胞计数(LYM)低于低危组, 差异均具有统计学意义($Z = 2.830, P = 0.005; Z = 3.213, P = 0.001; Z = 2.589, P = 0.010$); 高危组降钙素原(PCT)水平显著高于低危组, 差异具有统计学意义($Z = 3.864, P < 0.001^{**}$)。两组性别构成及 CRP 水平比较, 差异均无统计学意义($P > 0.05$) (见表 1)。

3.2. 病原学检测 results 和抗感染方案调整

3.2.1. 病原学检测结果

mNGS 检测共检出病原体 253 例, 其中鲍曼不动杆菌检出最多, 为 21 例, 占比 8.30%; 其次为肺炎克雷伯菌(16 例, 6.32%)、铜绿假单胞菌(15 例, 5.93%)、肺炎链球菌(13 例, 5.14%); 烟曲霉、结核分枝杆菌复合群、黄曲霉等均为主要检出病原体; 同时 mNGS 对甲型流感病毒、EB 病毒、肺炎支原体、鹦鹉热衣原体等病毒及非典型病原体亦有较高检出率。常规病原学检测共检出病原体 81 例, 其中白色假丝酵母菌检出最高(23 例, 28.40%), 其次为肺炎克雷伯菌(11 例, 13.58%)、铜绿假单胞菌与鲍曼不动杆菌(各 6 例, 7.41%), 烟曲霉、甲型流感病毒、黄曲霉、EB 病毒等检出构成比相对较低(见表 2)。

3.2.2. 低危组与高危组的病原体分布情况

低危组与高危组病原体类型分布存在差异。高危组真菌构成比高于低危组, 低危组非典型病原体构成比高于高危组, 差异具有统计学意义($\chi^2 = 10.299, P = 0.016$); 两组细菌、病毒的分布比较, 差异无统计学意义($P > 0.05$) (见表 3)。

Table 1. Comparison of baseline and laboratory parameters between two groups

表 1. 两组基线特征及实验室指标比较

一般资料	全体样本(n = 120)	低危组(n = 65)	高危组(n = 55)	t/Z/ χ^2 值	P 值
年龄(岁)	63.6 ± 16.8	54.9 ± 17.6	74.0 ± 7.5	7.485	<0.001
性别(例, %)					
男	82 (68.3)	40 (61.5)	42 (76.4)		
女	38 (31.7)	25 (38.5)	13 (23.6)	2.380	0.123
基础疾病(例, %)					
有	79 (65.8)	33 (50.8)	46 (83.6)		
无	41 (34.2)	32 (49.2)	9 (16.4)		<0.001
WBC ($\times 10^9$ /L)	9.02 (5.80, 14.79)	7.43 (5.17, 11.91)	10.58 (7.42, 14.27)	2.830	0.005
NEUT ($\times 10^9$ /L)	7.42 (2.95, 13.62)	5.93 (3.35, 9.97)	9.13 (6.27, 13.30)	3.213	0.001
LYM ($\times 10^9$ /L)	0.78 (0.30, 1.30)	1.05 (0.58, 1.38)	0.66 (0.32, 1.04)	2.589	0.010
CRP (mg/L)	90.35 (35.00, 171.70)	85.90 (18.71, 152.10)	92.10 (58.00, 171.70)	1.394	0.164
PCT (ng/mL)	0.30 (0.08, 1.39)	0.15 (0.05, 0.77)	0.71 (0.21, 3.12)	3.864	<0.001

注: 偏态分布的连续变量以中位数(P25, P75)描述, 组间比较采用 Mann-Whitney U 检验; 正态分布变量以均值 ± 标准差描述, 组间比较采用独立样本 t 检验。因部分病例存在数据缺失, CRP 有效样本量为 104 例, PCT 有效样本量为 111 例。

Table 2. Detection of pathogens by mNGS versus conventional culture

表 2. mNGS 与常规培养检测病原体情况

病原微生物(mNGS)	例数	构成比(%)	病原微生物(常规)	例数	构成比(%)
鲍曼不动杆菌	21	8.30	白色假丝酵母	23	28.40
肺炎克雷伯菌	16	6.32	肺炎克雷伯菌	11	13.58
铜绿假单胞菌	15	5.93	铜绿假单胞菌	6	7.41
肺炎链球菌	13	5.14	鲍曼不动杆菌	6	7.41
白色假丝酵母	11	4.35	烟曲霉	3	3.70
耶氏肺孢子菌	11	4.35	甲型流感病毒	3	3.70
烟曲霉	10	3.95	黄曲霉	2	2.47
结核分枝杆菌复合群	9	3.56	EB 病毒	2	2.47
黄曲霉	9	3.56	热带假丝酵母	2	2.47
人疱疹病毒 1 型	8	3.16	金黄色葡萄球菌	2	2.47
甲型流感病毒	8	3.16	乙型冠状病毒	1	1.23
鸚鵡热衣原体	8	3.16	克柔假丝酵母	1	1.23

续表

巨细胞病毒	7	2.77	卡他莫拉氏菌	1	1.23
肺炎支原体	5	1.98	呼吸道合胞病毒	1	1.23
克柔假丝酵母	4	1.58	大肠埃希菌	1	1.23
流感嗜血杆菌	4	1.58	巨细胞病毒	1	1.23
米曲霉	4	1.58	支原体	1	1.23
纹带棒状杆菌	4	1.58	流感嗜血杆菌	1	1.23
金黄色葡萄球菌	4	1.58	肺炎支原体	1	1.23
EB 病毒	3	1.19	肺炎链球菌	1	1.23
中间普雷沃氏菌	3	1.19	衣原体	1	1.27

注: 本表仅列示主要检出病原体, 未包含全部检测菌株; 构成比以各组总检出例数为分母计算。

Table 3. Pathogen distribution in low-risk group versus high-risk group

表 3. 低危组与高危组病原体分布情况

病原体类型	低危组例数(%)	高危组例数(%)	总计例数
细菌	68 (51.52%)	64 (48.48%)	132
真菌	18 (30.51%)	41 (69.49%)	59
病毒	24 (53.33%)	21 (46.67%)	45
非典型病原体	11 (64.71%)	6 (35.29%)	17

注: $P < 0.05$, 差异具有统计学意义。

3.2.3. 低危组与高危组病原学检出阳性率及抗感染方案调整的对比

mNGS 阳性率在低危组中为 64.62% (42/65), 高危组中达 94.55% (52/55), 组间差异具有统计学意义 ($\chi^2 = 8.87, P = 0.003$); 常规培养阳性率低危组为 30.77% (20/65), 高危组为 50.91% (28/55), 差异同样具有统计学意义 ($\chi^2 = 7.58, P = 0.006$)。混合感染比例方面, 低危组为 30.77% (20/65), 高危组为 65.45% (36/55), 高危组中以肺炎克雷伯杆菌组合最频。组间对比差异显著 ($\chi^2 = 13.04, P = 0.001$); 抗感染方案调整情况低危组为 32.31% (21/65), 高危组为 54.55% (30/55), 差异具有统计学意义 ($\chi^2 = 9.27, P = 0.002$) (见表 4)。

3.3. mNGS 指导抗感染方案调整对预后的影响及临床转归影响因素 Logistic 回归分析

3.3.1. mNGS 指导抗感染方案调整对预后的影响

高危组不良转归率(54.55%)高于低危组(6.15%), 进一步对高危组中常规培养阴性而 mNGS 结果阳性的 CAP 患者进行亚组分析, 共纳入该亚组患者 19 例, 根据 mNGS 结果抗感染方案是否调整分为未调整组($n = 5$)与调整组($n = 14$)。未调整组中仅 1 例(20.00%)获得良好转归, 4 例(80.00%)为不良转归; 调整组中 10 例(71.43%)实现良好转归, 4 例(28.57%)为不良转归。采用 Fisher 确切概率法检验(检验水准 $\alpha = 0.05$), 结果显示 $P = 0.028 < 0.05$, 差异具有统计学意义(见表 5)。

3.3.2. 临床转归影响因素 Logistic 回归分析

单因素 Logistic 回归分析显示, 年龄($OR = 1.08, 95\% CI [1.03 \sim 1.12], P < 0.001$)、基础疾病($OR = 4.18, 95\% CI [1.47 \sim 11.83], P = 0.007$)和分组($OR = 18.30, 95\% CI [5.84 \sim 57.36], P < 0.001$)是不良转归的显著预测因素; 根据 mNGS 调整抗感染方案后差异无统计学意义($OR = 1.326, 95\% CI [0.67 \sim 2.62], P = 0.66$)。采用

多因素二元逻辑回归模型(全进入法),以临床结局为因变量,纳入年龄、有无基础疾病、分组及 mNGS 结果调整抗感染作为自变量,评估这些因素对患者不良转归风险的独立预测作用。模型整体拟合优度良好, Nagelkerke R^2 值为 0.419, 似然比检验显著($\chi^2 = 41.36, P < 0.001$)。该结果为患者预后评估提供了可靠的统计证据,支持临床分层管理策略。在调整年龄、有无基础疾病及抗感染调整等混杂因素后, CURB-65 风险分组是临床不良转归的独立强预测因子(OR = 13.46, 95% CI [3.54~51.17], $P < 0.001$) (见表 6)。

Table 4. Comparison of etiological test results and adjustment of anti-infective regimens between low-risk and high-risk groups
表 4. 低危组与高危组病原学检测 results 和抗感染方案调整的对比

变量	低危组例(%)	高危组例(%)	χ^2 值	P 值
mNGS 阳性率	42 (64.62%)	52 (94.55%)	8.77	0.003
常规培养阳性率	20 (30.77%)	28 (50.91%)	7.58	0.006
混合感染比例	20 (30.77%)	36 (65.45%)	13.04	0.001
抗感染方案调整	21 (32.31%)	30 (54.55%)	9.27	0.002

Table 5. Prognostic analysis of conventional culture-negative CAP patients in the high-risk group
表 5. 高危组中常规培养阴性 CAP 患者的预后分析

分组	合计	良好转归 n (%)	不良转归 n (%)	P 值(Fisher)
未调整组	5	1 (20.00%)	4 (80.00%)	0.028
调整组	14	10 (71.43%)	4 (28.57%)	

采用 Fisher 确切概率法检验, 检验水准 $\alpha = 0.05$; * $P < 0.05$ 。

Table 6. Results of multivariate logistic regression
表 6. 多因素 Logistic 回归结果

变量	B	SE	Wald χ^2	OR	95%CI	P 值
年龄	0.029	0.027	1.187	1.03	(0.98, 1.09)	0.276
基础疾病	0.633	0.632	1.001	1.882	(0.55, 6.50)	0.317
分组	2.600	0.681	14.567	13.46	(3.54, 51.17)	<0.001
抗感染方案调整	-0.629	0.463	1.845	0.533	(0.22, 1.32)	0.174

注: 因变量为临床结局 McFadden's $R^2 = 0.289$; Cox & Snell $R^2 = 0.292$; Nagelkerke $R^2 = 0.419$ 。* $P < 0.05$ 为差异具有统计学意义。

4. 讨论

CAP 具有发病率高、重症患者病死率高等特点,已成为全球主要公共卫生问题之一[9]。本研究以 CURB-65 风险分层为核心切入点,围绕 CAP 患者分层诊疗的核心逻辑展开分析,重点探讨不同风险组患者 mNGS 在病原学精准诊断、指导抗感染方案调整、改善预后上的应用价值,为 CAP 精准管理提供多维度循证支撑。CURB-65 评分作为临床便捷高效的病情分层工具,其分层差异本质上反映了患者免疫功能状态、感染复杂性及病情严重程度的异质性,这种异质性不仅体现在基线特征的差异上,更直接影响病原学检测效能、病原体构成及临床转归,构成了 CAP 分层诊疗的核心理论基础。

病原学检测的分层差异,本质上是不同风险组患者感染特征与检测技术特性共同作用的结果。mNGS 与常规培养在检测效能上的分层差异,核心源于高危组患者感染更重、病原体载量更高,且常伴随前期

抗菌药物干预, 而 mNGS 的技术优势恰好能够弥补常规检测的短板——其高通量、无偏倚的检测特性, 可不受抗菌药物使用影响, 快速完成各类病原微生物的广谱筛查, 尤其适用于罕见病原体、混合感染及病毒等传统检测难以识别的病原体检测, 这与既往相关研究结论一致[10]-[12]。相比之下, 常规培养依赖病原体体外增殖, 易受抗生素预处理、病原体营养需求等因素限制, 导致假阴性率偏高, 其临床价值更集中于常见病原体的初步筛查。值得注意的是, 混合感染比例的分层分化, 进一步凸显了 mNGS 在高危组患者中的应用价值, 高危组患者因免疫功能紊乱、黏膜屏障受损, 更易发生多重感染, 而 mNGS 能够精准识别此类复杂感染模式, 为临床治疗调整提供关键依据。同时需客观认识 mNGS 的技术局限, 临床标本中宿主 DNA 占比偏高可能掩盖低丰度病原体信号, 操作过程中的污染风险也可能影响检测准确性[13][14], 且检出的微生物需结合临床症状、体征综合判断, 避免将定植菌、污染菌误判为致病菌, 这也是临床应用中需重点关注的问题。

病原体类型分布的分层差异, 为 CAP 分层抗感染治疗提供了明确的靶向依据, 其背后与不同风险组患者的临床特征密切相关。高危组真菌检出比例显著高于低危组, 主要与该群体高龄、合并多种基础疾病、免疫功能低下, 以及侵入性操作、广谱抗生素不合理使用等危险因素相关, 此类患者更易发生耶氏肺孢子菌、曲霉属等机会性真菌感染, 而这类感染往往是导致病情进展、预后不佳的重要驱动因素。本研究中, 两种检测方法的病原谱差异, 提示临床需基于 CURB-65 分层合理选择检测策略: 高危组患者优先采用 mNGS 检测, 可快速明确复杂感染的病原体类型, 为抗感染方案调整提供精准指导, 尤其适用于常规培养阴性的患者; 低危组患者则可采用常规检测结合经验性治疗, 在保证诊疗效果的同时避免过度医疗, 减少医疗资源浪费及患者经济负担。

本研究的 CURB-65 分层发现与使用 PSI/PORT 分层的国际 mNGS 文献高度一致, 但本研究贡献独特, 位置突出。一项 CAP 研究按 PORT score I (低危组, $n = 25$)-IV (高危组, $n = 6$) 分层 BALF mNGS, 结果显示高危 PORT IV 组阳性率达 100% (常规检测较低), 混合感染及耐药谱显著升高[15]; 另一 CAP 研究采用 PSI I-III (轻症组) vs IV-V (重症组) 分层, 发现重症组真菌等机会病原占比明显升高[16]; 多中心 CAP 研究则以 PSI low (轻症, $n = 14$) vs high (重症 SCAP, $n = 75$) 分层, BALF mNGS 阳性率更高, 并指导预后评估[17]。这些直接基于 PSI/PORT 评分的分层结果, 与本研究高危组 (CURB-65 > 2 分) mNGS 阳性率 94.55%、混合感染比例 65.45%、真菌占比 69.49% 高度吻合, 进一步验证了严重度分层下 mNGS 的差异化优势。与 PSI/PORT 评分 (变量多、计算复杂, 多达 20 余项实验室指标, 不利于床旁快速应用) 相比, CURB-65 评分仅需 5 项临床指标, 操作简便、适用性强, 更适合基层和急诊场景。本研究首次系统以 CURB-65 作为风险分层工具, 精准量化 mNGS 在 CAP 不同风险组的诊治价值 (抗感染方案调整率提升 22.24%、高危培养阴性亚组预后显著改善 $P = 0.028$), 填补了本土化简易评分与 mNGS 结合的证据空白, 有助于推动 mNGS 在低资源区 CAP 诊疗指南的优化与合理应用。进一步验证了 CURB-65 评分在 CAP 临床管理中的核心价值, 其作为不良转归独立预测因素的结论, 明确了该评分系统在病情评估、预后判断中的实用价值。单因素分析中年龄、基础疾病对预后的影响, 最终可通过 CURB-65 评分实现综合整合, 说明该评分能够全面反映患者的整体病情严重程度, 可为临床预后评估提供更高效、便捷的综合工具。但需客观认识本研究的局限性, 多因素模型拟合结果提示, 仍有耐药性、治疗时机、患者依从性等未纳入因素影响预后, 这也为后续研究指明了方向——未来可扩大样本量, 纳入更多潜在影响因素, 进一步优化 CAP 分层诊疗策略, 提升预后评估的准确性。

综上, CURB-65 分层下 CAP 患者的临床特征、病原学表现及预后存在显著异质性, 这种异质性决定了分层诊疗的必要性。mNGS 与常规病原体检测在不同风险组患者中各有其适用场景, 临床需结合分层结果合理选择检测技术及治疗方案: 对高危组患者, 优先采用 mNGS 检测明确病原体, 精准调整抗感染方案, 对低危组患者, 采用常规检测结合经验性治疗, 避免过度医疗。

声明

本研究已获得本院医学伦理委员会审核通过(伦理批号: YJ-YX2021-147), 患者知情同意, 并签署相关文书。

基金项目

安徽省教育厅高校科学研究(自然科学类)重点项目(2025AHGXZK 31456)。

参考文献

- [1] Davis, D., Thadhani, J., Choudhary, V., *et al.* (2023) Advancements in the Management of Severe Community-Acquired Pneumonia: A Comprehensive Narrative Review. *Cureus*, **15**, e46893.
- [2] Lim, W.S., van der Eerden, M.M., Laing, R., *et al.* (2003) Defining Community Acquired Pneumonia Severity on Presentation to Hospital: An International Derivation and Validation Study. *Thorax*, **58**, 377-382. <https://doi.org/10.1136/thorax.58.5.377>
- [3] 倪月艳, 施毅, 苏欣. 宏基因组高通量测序在肺部感染诊疗中的应用研究进展[J]. 中国呼吸与危重监护杂志, 2022, 21(2): 142-147.
- [4] Han, D., Li, Z., Li, R., Tan, P., Zhang, R. and Li, J. (2019) mNGS in Clinical Microbiology Laboratories: On the Road to Maturity. *Critical Reviews in Microbiology*, **45**, 668-685. <https://doi.org/10.1080/1040841x.2019.1681933>
- [5] He, D., Liu, M., Chen, Q., Liu, Y., Tang, Y., Shen, F., *et al.* (2022) Clinical Characteristics and the Effect of Timing for Metagenomic Next-Generation Sequencing in Critically Ill Patients with Sepsis. *Infection and Drug Resistance*, **15**, 7377-7387. <https://doi.org/10.2147/idr.s390256>
- [6] 中华医学会呼吸病学分会. 中国成人社区获得性肺炎诊断和治疗指南(2016年版)[J]. 中华结核和呼吸杂志, 2016, 39(4): 253-279.
- [7] 冯耘, 程挺, 刘嘉琳, 等. 多个评估系统对社区获得性肺炎严重度评估的荟萃分析[J]. 诊断学理论与实践, 2016, 15(6): 586-594.
- [8] Lai, L.M., Chen, Q., Liu, Y., Zhao, R., Cao, M.L. and Yuan, L. (2025) The Value of Metagenomic Next-Generation Sequencing in the Diagnosis of Fever of Unknown Origin. *Scientific Reports*, **15**, Article No. 1963. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-86295-2>
- [9] 柴豆豆, 王晓苗, 邢柏. 全身免疫炎症指数对低中危社区获得性肺炎发生脓毒症的预测价值[J]. 海南医学院学报, 2024, 30(2): 113-119.
- [10] Wu, Y., Wu, J., Xu, N., Lin, M., Yue, W., Chen, Y., *et al.* (2024) Clinical Application Value of Metagenome Next-Generation Sequencing in Pulmonary Diffuse Exudative Lesions: A Retrospective Study. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, **14**, Article 1367885. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2024.1367885>
- [11] 何德华, 刘明, 陈启敏, 等. 宏基因组二代测序在重症肺炎患者病原学中的应用[J]. 实用医学杂志, 2023, 39(8): 948-952.
- [12] Xiang, C., Wu, X., Li, T., Tang, X., Zhang, Y., Zeng, F., *et al.* (2024) Effect of Metagenomic Next-Generation Sequencing on Clinical Outcomes in Adults with Severe Pneumonia Post-Cardiac Surgery: A Single-Center Retrospective Study. *Scientific Reports*, **14**, Article No. 28907. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-79843-9>
- [13] Batool, M. and Galloway-Peña, J. (2023) Clinical Metagenomics—Challenges and Future Prospects. *Frontiers in Microbiology*, **14**, Article 1186424. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1186424>
- [14] Chen, Y., Liao, P., Chen, Y., Yen, D.H., How, C. and Chang, C. (2025) Optimization of Metagenomic Next-Generation Sequencing Workflow with a Novel Host Depletion Method for Enhanced Pathogen Detection. *Molecular Diagnosis & Therapy*, **29**, 689-699. <https://doi.org/10.1007/s40291-025-00797-3>
- [15] Chen, S., Hou, C., Kang, Y., Li, D., Rong, J. and Li, Z. (2023) Application of Metagenomic Next-Generation Sequencing in the Diagnosis and Resistome Analysis of Community-Acquired Pneumonia Pathogens from Bronchoalveolar Lavage Samples. *Journal of Applied Microbiology*, **134**, 1xad102. <https://doi.org/10.1093/jambio/1xad102>
- [16] Cui, S., Wen, B., Wang, Y., Yang, X., Fan, F., Zhao, M., *et al.* (2026) Targeted Next-Generation Sequencing Reveals Distinct Pathogen Profiles in Community-Acquired Pneumonia across Age and Disease Severity. *Infection and Drug Resistance*, **19**, 1-13. <https://doi.org/10.2147/idr.s587244>
- [17] Song, W., Yang, Q., Lv, H., Lv, Y., Jiang, Y., Qu, J., *et al.* (2025) Prospective Multicenter Study Identifying Prognostic Biomarkers and Microbial Profiles in Severe CAP Using BALF, Blood mNGS, and PBMC Transcriptomics. *Scientific Reports*, **15**, Article No. 16252. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-00812-x>