

mNGS 在疑似中枢神经系统感染诊断中的应用价值

高晓览¹, 杨宇², 梅清¹, 潘爱军¹

摘要 **目的** 探讨基于宏基因组第二代测序技术(mNGS)在综合重症病房(ICU)疑似中枢神经系统(CNS)感染患者中的应用价值,为综合 ICU 患者 CNS 感染的快速精准诊断提供参考。**方法** 收集行脑脊液 mNGS 检测的患者资料 82 例,根据纳入标准,取 52 例疑似 CNS 感染,同时有送检脑脊液常规、生化、培养和 mNGS 检测结果的患者进行最终数据分析,以临床诊断 CNS 感染为“金标准”,比较传统检测和 mNGS 检测两种方法检出率差异及相对于“金标准”的应用价值。**结果** 52 例患者中,最终 CNS 感染患者 32 例,其中 24 例脑脊液 mNGS 阳性,5 例脑脊液培养阳性,两种方法的灵敏度、特异度分别为 75.00% vs 15.63%、55.00% vs 95.00%,阳性、阴性预测值分别为 72.73% vs 83.33%、57.89% vs 41.00%;两种方法检出率差异无统计学意义($P > 0.05$)。32 例 CNS 感染中,细菌性感染 14 例,病毒性感染 9 例,真菌性感染 2 例以及其他感染 7 例,其中 mNGS 检测病毒感染病原体灵敏度 66.70%,特异度 95.30%,阳性预测值为 75.00%,阴性预测值为 93.20%,与临床最终诊断金标准间具有高度一致(Kappa 值 = 0.649, $P < 0.01$)。**结论** 脑脊液 mNGS 对于中枢病毒感染相较于细菌感染具有更高的诊断准确率,建议采用 mNGS 检测对疑似中枢病毒感染的患者进行快速筛查。

关键词 宏基因组第二代测序;脑脊液;中枢神经系统感染;综合重症病房

中图分类号 R 4

文献标志码 A **文章编号** 1000-1492(2023)09-1584-05
doi:10.19405/j.cnki.issn1000-1492.2023.09.024

中枢神经系统(central nervous system, CNS)感染性疾病具有病程进展快、病死率高等特点,也是 ICU 患者常见病种之一,早期病因诊断、及时治疗对改善患者预后至关重要。据流行病学统计,约 50%

脑炎患者未获得病因诊断^[1],脑脊液培养在脑膜炎的检出率仅为(5.4~24.3)%^[2]。传统脑脊液病原学检测方法(涂片镜检、病原学培养等)敏感性低、耗时较长成为早期诊断与鉴别诊断的主要障碍^[3],近年来随着宏基因组第二代测序(metagenomic next-generation sequencing, mNGS)技术的发展,脑脊液 mNGS 可以无针对性对样本中全部病原基因组进行测序,其无偏性特点受到临床广泛应用,且在 CNS 感染性疾病中对于特殊病原体的诊断价值获得越来越多的验证^[4-6],但在综合 ICU 疑似 CNS 感染患者中的临床应用很少报道。现将研究对象特定为医院综合 ICU 室中疑似 CNS 感染而进行脑脊液 mNGS 检测的患者,旨在探寻脑脊液 mNGS 在上述患者中的诊断价值。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 研究对象 通过中国科学技术大学第一附属医院嘉禾电子病历及联众数字化病案系统,收集 2018 年 4 月至 2021 年 11 月在重症医学科住院期间有脑脊液 mNGS 检测报告的患者 82 例,完善基本临床信息、实验室及影像学检查资料,根据纳入和排除标准进行筛选,选取 52 例患者进行最终数据分析,根据临床诊断“金标准”结果分为 CNS 感染组和非 CNS 感染组。

1.1.2 纳入标准 ① 入住综合 ICU,疑似 CNS 感染的患者;② 完善脑脊液传统检测和脑脊液 mNGS 测序并有完整结果的患者;③ 病史及相关临床资料完整;④ 疑似 CNS 感染患者标准:a. 发热(体温 $> 38^{\circ}\text{C}$)、头痛、意识改变、抽搐中一种或多种症状,伴或不伴有恶心/呕吐、脑膜刺激征及局灶性神经功能缺损;b. 脑脊液细胞数、蛋白、糖和氯化物提示炎症改变;c. 中枢影像学检查显示炎症感染改变。符合上述 a + b 或者 a + c 条诊断,即考虑为疑似 CNS 感染。

1.1.3 排除标准 ① 仅有脑脊液传统检测或者仅有脑脊液 mNGS 测序结果的患者;② 标本送检不合

2023-08-15 接收

基金项目:安徽省自然科学基金(编号:1808085MH300)

作者单位:¹中国科学技术大学附属第一医院(安徽省立医院)重症医学科,合肥 230001

²安徽医科大学附属省立医院,合肥 230001

作者简介:高晓览,女,硕士研究生;

潘爱军,男,教授,主任医师,硕士生导师,责任作者, E-mail: aijunpan868@ustc.edu.cn

格的患者;③ 仅有外院脑脊液传统病原学或 mNGS 检测结果;④ 临床资料不完整;⑤ 最终临床无法诊断是否 CNS 感染的患者。

1.2 方法

1.2.1 传统 CNS 感染临床判断标准 参照《神经外科中枢神经系统感染诊治中国专家共识(2021 版)》^[7]:① 症状:体温 $>38\text{ }^{\circ}\text{C}$ 或 $<36\text{ }^{\circ}\text{C}$,意识和精神状态下降;痛、呕吐、视乳头水肿等颅高压症状;② 体征:脑膜刺激征、感染病变处引起相应功能缺失;③ 辅助检查:脑脊液浑浊、黄色或呈脓性;脑脊液白细胞数及比例:白细胞总数 $>100 \times 10^6/\text{L}$,中性粒细胞比例 >0.7 ;脑脊液生化:脑脊液中葡萄糖含量降低($<2.2\text{ mmol/L}$),脑脊液葡萄糖含量/血清葡萄糖含量 <0.4 ;颅内压:多数颅内感染患者腰椎穿刺开放压 $>200\text{ mmHg}$;颅内环形强化等改变。

1.2.2 脑脊液 mNGS 阳性标准^[8] ① 细菌、真菌、支原体、衣原体、立克次体 G_SMRN 或 SDG_SMRN ≥ 3 ,种水平 Latin_SMRN 或 SDLatin_SMRN ≥ 3 ;② 病毒:种水平 S_SMRN 或 SD_SMRN ≥ 3 ,型或亚型水平 Latin_SMRN 或 SDLatin_SMRN ≥ 1 ;③ 真菌和寄生虫按照深度比(DepthDepth_Ratio) ≥ 0.5 ,熵值(Shannon_index) ≥ 0.75 进行过滤;④ 结核杆菌复合群:复合群水平 G_SMRN 或 SDG_SMRN ≥ 1 ,种水平 Latin_SMRN 或 SDLatin_SMRN ≥ 1 。不符合上述标准则归为 mNGS 阴性。

1.2.3 CNS 临床诊断“金标准” ① CNS 感染:脑脊液培养阳性和(或) mNGS 阳性,且符合上述 1.2.3 临床标准;如脑脊液培养及 mNGS 检测均阴性,但符合临床标准,抗感染治疗有效,仍归为 CNS 感染组;② 非 CNS 感染:不符合以上诊断标准者。

1.2.4 标本送检

1.2.4.1 脑脊液标本 入选患者脑脊液获取方法来源于严格无菌腰椎穿刺操作、颅脑术后脑室引流管和腰大池引流管脑脊液抽取(电子病历系统附有操作记录)。

1.2.4.2 脑脊液 mNGS 检测^[9] 按照脑脊液采集标准流程采集标本 2~3 ml,干冰冷冻送检,离心富集取沉淀标本进行实验。采用核酸提取试剂盒提取 DNA,经超声波破碎,建立混合文库,利用基因测序仪 MGISEQ-2000 进行上机检测。过滤掉实验背景菌、低质量的低复杂度的序列,去除人类参考基因组序列(<ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genome>),获得高质量的测序数据,与 Microbial Genome Database 进行比对(Genome Database 包含 2 328 种细菌,199 种真

菌,4 189 种病毒,135 种寄生虫,83 种分枝杆菌以及 41 种支原体/衣原体)。

1.3 统计学处理 将收集数据导入 SPSS 23.0 软件进行统计学分析,对患者一般资料及临床资料进行描述,对正态计量资料采用 $\bar{x} \pm s$ 表示,两组间比较采用 t 检验;非正态分布定量资料采用 $M(P_{25}, P_{75})$ 表示,两组间比较采用 Mann-Whitney U 检验;对计数资料采用例数(n)和频率($\%$)表示,采用卡方检验进行统计分析。采用 Fisher 确切概率法比较 mNGS 检测和传统脑脊液培养两种方法的检出率差异,根据交叉表计算灵敏度、特异度,阳性预测值,阴性预测值,并进行一致性检验;判断 mNGS 检测和传统脑脊液培养与金标准间一致性,以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 患者一般资料 在 52 例疑似 CNS 感染者中,32 例最终临床诊断为 CNS 感染。CNS 感染者与非 CNS 感染者,在入院 GCS 评分、潘氏试验结果、脑脊液有核细胞总数、脑脊液氯含量、治疗调整上差异具有统计学意义($P < 0.05$)。见表 1。32 例 CNS 感染者,年龄(44.66 ± 17.82)岁,男性 22 人,女性 10 人;感染类型有,细菌感染 14 例(44%);病毒感染 9 例(28%),猪 α 疱疹病毒(4 例),人类疱疹病毒(3 例),单纯疱疹病毒(2 例);真菌感染 2 例(6%),混合感染 5 例(16%),屎肠球菌 + 聚多曲霉(1 例),杰氏棒状杆菌 + 金黄色葡萄球菌 + 沃利斯葡萄球菌(1 例),沙门氏菌 + 发热伴热综合征病毒 HB29 + 鲍曼不动杆菌(1 例);斯氏假单胞菌 + 人类 α 疱疹病毒(1 例),巨细胞病毒 + 链格孢菌 + 皮炎外瓶霉(1 例);不明原因感染 2 例(6%)。

2.2 脑脊液 mNGS 测序与传统脑脊液培养的比较

52 例疑似 CNS 感染者中,33 例脑脊液病原体 mNGS 检测呈阳性,阳性率为 63.46%;6 例脑脊液培养呈阳性,阳性率为 9.62%。Fisher 确切概率法统计学分析结果显示,mNGS 检测和脑脊液培养两种方法的检出率差异不具有统计学意义($P = 0.28$),对两种检测方法行一致性分析,Kappa 值为 0.082,结果不具有统计学意义($P = 0.28$)。见表 2。

2.3 脑脊液 mNGS 测序、脑脊液培养与临床诊断的比较 以临床最终诊断为金标准,在 32 例 CNS 感染患者中,24 例 mNGS 测序呈阳性,灵敏度为 75.00%、特异度为 55.00%,阳性预测值为 72.73%,阴性预测值为 57.89%;与金标准间的一

表1 CNS感染与非CNS感染者的一般及临床特征比较[n(%), $\bar{x} \pm s$]

分组	非CNS感染	CNS感染	t/Z/ χ^2 值	P值
年龄	51.75 ± 13.94	44.66 ± 17.82	1.512	0.137
性别(男)	13(65.00)	22(68.75)	0.078	0.779
疾病严重程度				
mNGS前体温	39.06 ± 1.17	39.02 ± 1.31	0.101	0.920
mNGS后体温	38.63 ± 0.99	38.61 ± 0.99	0.066	0.947
入院GCS评分	4.60 ± 1.14	6.69 ± 2.17	-3.966	<0.001
APACHE-II评分	17.22 ± 4.98	18.14 ± 4.35	-0.708	0.482
使用机械通气	18(90.00)	23(71.88)	2.424	0.119
使用血管活性药物	9(45.00)	17(53.13)	0.325	0.569
实验室检查				
潘氏试验阳性	8(40.00)	31(96.88)	21.233	<0.001
脑脊液浑浊微黄	11(55.00)	12(37.50)	1.528	0.216
脑脊液葡萄糖含量(mmol/L)	4.80 ± 2.00	3.78 ± 2.15	1.703	0.095
脑脊液总蛋白含量(mg/L)	1.42(0.53,7.10)	3.40(0.53,402.00)	-0.892	0.372
脑脊液氯含量(mmol/L)	126.15 ± 9.00	120.03 ± 8.42	2.480	0.017
白细胞计数(WBC)($10^6/L$)	11.64 ± 6.62	9.58 ± 3.81	1.426	0.160
中性粒细胞百分率(N)	80.95(68.15,86.43)	81.15(74.83,89.50)	-1.501	0.458
C反应蛋白(CRP)(mg/L)	18.01(7.85,103.36)	45.40(11.28,93.67)	-1.173	0.463
降钙素原(PCT)(ng/L)	0.29(0.08,0.64)	0.20(0.10,0.65)	-0.845	0.858
住院及预后				
有基础疾病	9(45.00)	12(37.50)	0.288	0.592
ICU住院时间(days)	13.50(7.25,20.75)	12.50(0,21.75)	-0.917	0.359
总住院时间(days)	25.50(16.25,44.75)	32.00(22.25,50.00)	-1.110	0.267
治疗调整	3(15.00)	16(63.50)	6.502	0.011
在院死亡	3(15.00)	2(6.30)	1.084	0.298

表2 脑脊液mNGS测序与传统脑脊液培养的比较(n=52)

脑脊液培养	脑脊液mNGS检测		
	阳性	阴性	合计
阳性	5	1	6
阴性	28	18	46
合计	33	19	52

致性分析结果显示,Kappa值为0.303,结果具有显著统计学意义,但一致性较低($P=0.029$)。在32例CNS感染患者中,5例脑脊液培养呈阳性,灵敏度为15.63%、特异度为95.00%,阳性预测值为83.33%,阴性预测值为41.00%;与金标准间的一致性分析结果显示,Kappa值为0.085,不具有显著统计学意义($P=0.243$)。见表3。

表3 脑脊液病原mNGS测序、脑脊液培养与临床诊断的比较(n=52)

最终诊断	脑脊液病原mNGS检测			脑脊液培养		
	阳性	阴性	合计	阳性	阴性	合计
阳性	24	8	32	5	27	32
阴性	9	11	20	1	19	20
合计	33	19	52	6	46	52

2.4 脑脊液mNGS测序在不同CNS感染类型中的比较 本研究将感染类型分为4类,分别为细菌

性感染14例,病毒性感染9例,真菌性感染2例以及其他感染7例(混合感染5例,不明原因感染2例),分别在不同感染类型中分析mNGS检测方法的诊断价值。结果显示,mNGS检测细菌性感染病原体灵敏度为71.40%,特异度为73.70%,阳性预测值为50.00%,阴性预测值为87.50%,与临床最终诊断金标准间具有较低一致性(Kappa值=0.397, $P<0.01$);mNGS检测病毒性感染病原体灵敏度为66.70%,特异度为95.30%,阳性预测值为75.00%,阴性预测值为93.20%,与临床最终诊断金标准间具有高度一致(Kappa值=0.649, $P<0.01$);mNGS检测其他类型感染灵敏度为28.60%,特异度为97.80%,阳性预测值为66.70%,阴性预测值为89.80%,与临床最终诊断金标准间具有较低一致性(Kappa值=0.347, $P<0.01$);mNGS检测真菌性感染灵敏度和特异度均为100.00%,但因例数较低,结果可能不具代表性。见表4。

4 讨论

神经系统感染的病原学诊断一直是临床难题之一,传统脑脊液常规、生化受患者疾病病程、抗生素应用而产生非特异性表现,脑脊液培养、镜检及PCR

表4 脑脊液病原 mNGS 检测在不同感染类型中与临床诊断的比较[n (%)]

感染类型	灵敏度	特异度	阳性预测值	阴性预测值	Kappa 值	P 值
细菌性感染	71.40	73.70	50.00	87.50	0.397	<0.01
病毒性感染	66.70	95.30	75.00	93.20	0.649	<0.01
真菌性感染	100.00	100.00	100.00	100.00	1.000	<0.01
其他类型感染	28.60	97.80	66.70	89.80	0.347	<0.01

检测阳性率低且培养时间长,从而无法给予早期及时的临床指导^[10]。mNGS 可以快速对脑脊液中所有遗传物质进行检测,无需特异性扩增,已经逐步应用于临床中枢神经系统感染的诊断中,对于重症患者是否具有同等诊断效能尚待验证。

本资料显示,综合重症病房中疑似 CNS 感染患者脑脊液 mNGS 检测阳性率高于传统脑脊液培养方法,mNGS 在 CNS 感染检出率上具有明显优势。依据最终临床诊断标准,61.54% (32/52) 的患者诊断为 CNS 感染,高于普通病房患者 CNS 感染确诊比例 (0.9% - 36%)^[11-12],病原菌以细菌(14/32)、病毒(9/32)多见。同时课题组也发现,在临床最终判定为非感染患者中,仍有 9 例脑脊液 mNGS 检出阳性,因此造成 mNGS 检测方法虽具有较高的灵敏度和阴性预测值,但特异度(15%)明显低于传统脑脊液培养法(95%),在 9 例 mNGS 假阳性患者中,鲍曼不动杆菌 2 例,肺炎克雷伯菌 1 例,虽然鲍曼不动杆菌和肺炎克雷伯菌符合 mNGS 的阳性判读标准,但是 mNGS 序列数均较低(3 和 10)、且脑脊液细胞数正常,因此课题组认为对于脑脊液 mNGS 检出鲍曼不动杆菌和肺炎克雷伯菌需高度警惕,如果序列数不超过两位数,需结合临床综合判定。此次研究资料为回顾性分析,无法保证脑脊液取样过程中的严格无菌操作,可能是导致此次 mNGS 假阳性结果的主要因素。若标本中混有血液,残留有病原菌的 DNA 片段,也有假阳性的可能。在 32 例临床诊断 CNS 感染的患者中出现 8 例 mNGS 阴性,其中 3 例考虑细菌感染,3 例考虑病毒感染,另外 2 例脑脊液浑浊细胞数增高,因合并有全身多处感染予以广谱抗生素应用病情逐渐改善,病原菌无法分类,2 例细菌感染中,其中 1 例传统脑脊液培养为鲍曼不动杆菌,复检仍未发现鲍曼不动杆菌 DNA 片段,假阴性细菌感染病例均在测序前给予抗生素治疗,该患者因病情重,同样经验性治疗予广谱抗生素,可能是造成此次假阴性结果的主要原因。本次数据中送检的脑脊液 mNGS 均为 DNA 片段,会造成 RNA 病毒的遗漏。

本研究发现,mNGS 在诊断中枢神经系统细菌感染灵敏度 71.40%,与 zhang et al^[13] 对于 mNGS 诊

断细菌性脑膜炎的灵敏度几乎一致(70.3%),但是特异度(73.70%)明显低于其团队的分析结果(特异度 93.9%),这可能与重症患者经验性广谱抗生素的早期应用、脑脊液取样中是否混有血液和污染相关。本资料中,mNGS 对于脑脊液病毒感染的特异度、阳性预测值、阴性预测值均高于细菌感染。真菌检出 2 例、结核 1 例,且完全符合临床最终诊断,因此灵敏度、特异度、阴性和阳性预测值均为 100%,需更大的样本量进行进一步验证。mNGS 对于特殊、罕见病原菌的诊断能力已经陆续得到验证^[14],遗憾的是本次病例中均为常见病原菌,课题组会在后续前瞻性临床研究中继续关注这方面的内容。

综上所述,mNGS 对于重症病房疑似 CNS 感染患者具有较高的阳性检出率,但是检出结果需要结合临床做出综合判断,具有很好的协同诊断价值,但不能将 mNGS 结果作为重症患者 CNS 的独立病原菌诊断标准;相较于中枢细菌感染,mNGS 对于病毒感染,以及真菌、结核感染诊断准确性更高,可为重症患者快速、精准诊疗提供强有力依据。

参考文献

- [1] Glaser C A, Honarmand S, Anderson L J, et al. Beyond viruses: clinical profiles and etiologies associated with encephalitis[J]. Clin Infect Dis, 2006, 43(12):1565-77.
- [2] Li Y, Yin Z, Shao Z, et al. Population-based surveillance for bacterial meningitis in China, September 2006 - December 2009 [J]. Emerg Infect Dis, 2014, 20(1):61-9.
- [3] Leber A L, Everhart K, Balada-Llasat J M, et al. Multicenter evaluation of BioFire FilmArray meningitis/encephalitis panel for detection of bacteria, viruses, and yeast in cerebrospinal fluid specimens[J]. J Clin Microbiol, 2016, 54(9):2251-61.
- [4] Stahl J P, Azouvi P, Bruneel F, et al. Guidelines on the management of infectious encephalitis in adults [J]. Med Mal Infect, 2017, 47(3):179-194
- [5] Zhu Y, Xu M, Ding C, et al. Metagenomic next-generation sequencing vs traditional microbiological tests for diagnosing varicella-zoster virus central nervous system infection [J]. Front Public Health, 2022, 9:738412.
- [6] Zhu Y, Zhao W, Yang X, et al. Metagenomic next-generation sequencing for identification of central nervous system pathogens in

- HIV-infected patients[J]. *Front Microbiol*, 2022, 13:1055996.
- [7] 中华医学会神经外科学分会, 中国神经外科重症管理协作组. 中国神经外科重症患者感染诊治专家共识(2017)[J]. *中华医学杂志*, 2017, 97:1607-14.
- [8] 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(2):S231-S240.
- [9] Khatib U, van de Beek D, Lees J A, et al. Adults with suspected central nervous system infection: a prospective study of diagnostic accuracy[J]. *J Infect*, 2017, 74:1-9.
- [10] 张 赞, 石晓丹, 杜 芳, 等. 宏基因组二代测序技术在中枢神经系统感染性疾病病原诊断中的应用及发展[J]. *中国临床神经科学*, 2020, 28(3):328-33.
- [11] 肖金平, 程 娜, 向天新, 等. 多重耐药鲍曼不动杆菌颅内感染耐药性危险因素研究[J]. *安徽医科大学学报*, 2020, 55(2):308-11.
- [12] 俞 洁, 纪媛媛, 王 军, 等. 神经外科重症监护室病人继发中枢神经系统感染的相关危险因素[J]. *中国临床神经外科杂志*, 2019, 24(4):204-6.
- [13] Zhang X X, Guo L Y, Liu L L, et al. The diagnostic value of metagenomic next-generation sequencing for identifying *Streptococcus pneumoniae* in paediatric bacterial meningitis[J]. *BMC Infect Dis*, 2019, 19(1):495.
- [14] Wong G, Lu J, Zhang W, et al. Pseudorabies virus: a neglected zoonotic pathogen in humans[J]. *Emerg Microbes Infect*, 2019, 8(1):150-4.

The application value of mNGS in the diagnosis of suspected central nervous system infection

Gao Xiaolan¹, Yang Yu², Mei Qing¹, Pan Aijun¹

¹*Dept of Critical Care Medicine, The First Affiliated Hospital of University of Science and Technology of China(Anhui Provincial Hospital), Hefei 230001*; ²*Provincial Hospital affiliated of Anhui Medical University, Hefei 230001*

Abstract Objective To explore the application value of metagenomic second-generation sequencing (mNGS) in patients with suspected central nervous system (CNS) infection in the general intensive care unit (ICU), and to provide reference for rapid and accurate diagnosis of central nervous system infection patients in the general ICU.

Methods The data of 82 patients who underwent cerebrospinal fluid mNGS examination in the general ICU of our hospital from 2018 to 2021 were collected. According to the inclusion criteria, 52 patients with suspected CNS infection, who had undergone routine biochemical and culture testing as well as mNGS on cerebrospinal fluid samples, were included in the final data analysis. The clinical diagnosis of CNS infection was taken as the "gold standard", and the application value of the two methods, traditional culture and mNGS, for clinical diagnosis were compared. **Results** Among the 52 patients, 32 were finally diagnosed with CNS infection, 24 of them were positive for mNGS in cerebrospinal fluid, and 5 were positive in culture of cerebrospinal fluid. The sensitivity and specificity of the two methods were 75.00% vs 15.63% and 55.00% vs 95.00%, The negative predictive values were 72.73% vs 83.33%, and 57.89% vs 41.00%, respectively; there was no significant difference in the detection rates between the two methods ($P > 0.05$). Of the 32 patients with CNS infection, 14 had bacterial infection, 9 had viral infection, 2 had fungal infection and 7 had other pathogenic bacteria infection. The sensitivity of mNGS to detect pathogens of viral infection was 66.70%, the specificity was 95.30%, and the positive predictive value was 75.00%, and the negative predictive value was 93.20%, which was highly consistent with the gold standard of clinical final diagnosis (Kappa value = 0.649, $P < 0.01$). **Conclusion** Cerebrospinal fluid mNGS has a higher diagnostic accuracy for central viral infection compared to bacterial infection, and it is recommended to use mNGS for rapid screening of patients with suspected central virus infection.

Key words metagenomic next-generation sequencing; cerebrospinal fluid; central nervous system infection; general intensive care unit