



原生生物阿米巴的生物风险与控制

刘飞^{1,2}, 丁吉娟¹, 周敏^{1,2}, 石义静³, 舒龙飞^{1*}

1. 中山大学环境科学与工程学院, 广州 510006

2. 嘉应学院生命科学学院, 梅州 514015

3. 华南师范大学环境学院, 广州 510006

* 联系人, E-mail: shulf@mail.sysu.edu.cn

2025-12-31 收稿, 2026-03-10 修回, 2026-03-18 接受, 2026-03-19 网络版发表

国家自然科学基金(42277382, 31970384)和广东省杰出青年基金(2023B1515020096)资助

摘要 原生生物阿米巴在自然水体、土壤乃至人工系统里几乎无处不在, 它们既可作为自然界的分解者, 也对人类健康具有潜在威胁. 原生生物阿米巴的生物安全风险包含了直接风险与间接风险两个部分. 部分致病性寄生阿米巴(如内阿米巴)带来的直接风险每年导致全球上千万人感染、数万人死亡. 而自由生活阿米巴(FLA)不仅部分具有致病性(如棘阿米巴), 其携带内共生体中有一部分也为致病性细菌, 这又带来了与阿米巴有关的间接风险. 另外, FLA与内共生体相互作用会使其生物风险不断扩大. 临床上对寄生阿米巴已有一些检测及治疗手段, 但缺乏针对FLA感染的检测及治疗手段. 此外, FLA具有强环境耐受性及多传播途径的特性使得防控工作更为严峻. 这些问题需多层面进一步推进相关工作. 包括借助多组学或新型检测技术了解FLA生态习性、分析其与共生体的互作关系; 在公共卫生实践的过程中把物理、化学以及新型处理手段等联合起来实现FLA高效灭活; 在各部门之间实现协同管理, 提高公众对FLA的生物风险的认识. 原生生物阿米巴研究需从传统病原学转向系统的生态与风险管理, 结合分子生物学、环境组学和智能监测等研究方法建立多角度评估防控体系, 这对保障人类健康与生态安全具有至关重要的意义.

关键词 原生生物, 阿米巴, 生物风险, 共生微生物, 微生物风险控制

原生生物阿米巴(amoeba, 以下简称阿米巴)是指一类单细胞真核生物, 其名称源自希腊语“amoibe”(意为“变化”), 形象地反映了它们通过伸缩伪足不断改变形态的特性. 根据生活习性的不同, 阿米巴可分为寄生型和自由生活型(free living amoebae, FLA)两大类. 其中寄生型阿米巴以肠道寄生的溶组织内阿米巴(*Entamoeba histolytica*)为代表, 每年导致全球3000万至5000万人感染, 并有数万人死亡, 是全球排名前三的寄生虫致死病原体^[1]. 而FLA广泛分布于地球的生态系统中, 无论是在海洋、淡水, 还是土壤、森林等陆地中都可以找到它的踪迹, 其系统发育也横跨Tubulinea、Discosea、Evosea等多个真核进化支系^[2]. 绝大多数FLA是生态系

统中不可或缺的重要角色, 但是也有少数特别种类会对人类健康带来危机. 例如福氏耐格里阿米巴(*Naegleria fowleri*)会从鼻腔等黏膜钻入人体后沿着嗅觉神经移动到脑部, 造成原发性阿米巴脑膜脑炎(primary amebic meningo-encephalitis, PAM), 因此*N. fowleri*又被称为“食脑虫”. 此病十分危险, 死亡率高达95%以上^[3]. 2025年, 印度暴发严重了“食脑虫”公共卫生事件, 截至10月底, 喀拉拉邦已累计确诊129例, 其中死亡26例, 超过50名患者仍住院治疗^[4,5].

而除直接致病外, 部分FLA还能充当其他病原微生物的“特洛伊木马”, 构成另一大生物风险. FLA能吞噬细菌并将部分细菌消化, 但军团菌(*Legionella*)、分

引用格式: 刘飞, 丁吉娟, 周敏, 等. 原生生物阿米巴的生物风险与控制. 科学通报

Liu F, Ding J, Zhou M, et al. Biological risks and control of protistan amoebae (in Chinese). Chin Sci Bull, doi: [10.1360/CSB-2025-6021](https://doi.org/10.1360/CSB-2025-6021)

枝杆菌(*Mycobacterium*)和衣原体(*Chlamydia*)等能抵御被FLA消化,并利用FLA作为生存场所.它们可以在FLA细胞内大量繁殖并得到FLA包囊(cysts)的保护^[6].因此,FLA通过与细菌、病毒及其他病原微生物的内共生互作机制,在公共卫生和环境卫生方面构成显著的潜在风险^[7].

目前,学界对寄生型阿米巴的防控、检测及治疗手段具有较为充分的研究,而对于FLA的环境生物风险缺乏系统的认识,尤其是生物风险的产生和扩散机理研究较少,这为全面开展防控工作带来了实质性挑战.本文结合当前的研究动态,从生物特性、生态过程、风险传播途径和防控措施多个方面重点对FLA的环境生物风险进行了总结,并展望了下一步研究的重点方向.本项工作有助于识别FLA生物风险,以全面开展包括寄生型阿米巴和FLA的生物安全防控的研究工作.

1 阿米巴的分布与传播

阿米巴类群在生境依赖性、传播方式及风险形成机制上具有明显差异.寄生型阿米巴主要依赖宿主体内环境维持生活,其传播与宿主分布及卫生条件密切相关;而FLA则广泛存在于自然和人工环境中,具有较强环境适应性,并可通过多种生态过程实现持续传播.因此,有必要分别讨论寄生型阿米巴与FLA的分布和传播特征.

1.1 寄生型阿米巴的分布与传播

寄生型阿米巴主要寄生于人体或其他动物体内,其生存、增殖及传播高度依赖宿主环境.以溶组织内阿米巴(*Entamoeba histolytica*)为代表的内阿米巴是人类阿米巴病的主要病原体,其相关研究自19世纪末以来不断深入.与广泛分布于外环境中的FLA不同,寄生型阿米巴的空间分布首先受宿主分布所决定,同时与饮水卫生、粪便处理条件及社会经济水平等因素密切相关,因此在热带、亚热带及卫生基础设施相对薄弱地区更易持续流行.内阿米巴感染相关疾病(*Entamoeba* infection-associated diseases, EIADs)每年造成数万人死亡^[8],对部分发展中国家构成较重的疾病负担.

从生活史和传播过程来看,寄生型阿米巴虽依赖宿主生存,但其传播并不局限于宿主体内阶段.*E. histolytica*可随感染者粪便排出具有感染性的包囊,后者可在潮湿环境、食物及水体中存活一段时间,并可通

过粪-口传播,在新的易感宿主摄入后完成脱囊和定植.因此,其传播本质上体现为“宿主与体外环境的循环过程”,其中受污染饮用水、食物及不良卫生条件是维持传播链条的关键因素.除显性感染者外,无症状携带者同样是重要传染源,这使得寄生型阿米巴在群体中具有较强的隐匿传播特征.其可感染人类及鼠、牛等多种哺乳动物,从而扩大其宿主范围和传播链条^[9].值得注意的是,寄生型阿米巴感染具有隐性感染与侵袭性病例并存的特点.多数感染者临床表现轻微甚至无症状,但部分病例中滋养体可侵袭肠黏膜,引起阿米巴性结肠炎、痢疾等肠道病变,严重时还可进一步导致肝脓肿等肠外并发症.正因如此,寄生型阿米巴的传播风险并不完全取决于临床重症数量,而更多受无症状排囊者规模、环境卫生条件以及宿主暴露机会共同影响.该特征也提示,在评估其生物风险时,应同时关注疾病负担与隐匿传播两条主线.

此外,寄生型阿米巴的传播还受到人类活动和宿主范围变化的影响.一方面,人口流动、旅行及迁移可促进病原由流行区向非流行区输入;另一方面,其可感染人及部分其他哺乳动物,使传播网络不完全局限于单一宿主.总体而言,寄生型阿米巴的分布和传播更体现为宿主依赖性、卫生条件相关性及隐匿传播性,这与FLA依托自然水体、土壤、生物膜和工程系统实现持续扩散的环境传播模式存在明显差异.

1.2 FLA的分布与传播

FLA在自然环境中分布广泛,包括土壤、淡水、湿地、沉积物、湖沼系统及海岸带等多种生境(图1),其生态位的普遍性表明它们是微食物网和底栖生物群落的关键组分^[10~12].作为初级微消费者,FLA通过捕食细菌参与养分矿化与微生物群落调控,同时构成水体中细菌、藻类及病毒的重要交互节点.在人工和工程化场所的自来水处理系统、二次供水管网、冷却水系统、游泳池、空调冷却塔、医疗机构供水设施、家庭终端装置等也广泛存在FLA^[13~16].尽管上述环境通常营养匮乏且受到温度及水流等情况影响,但FLA可保持稳定群落结构,展现出对多重环境胁迫的强大适应能力.

当外界温度、湿度及营养条件都比较合适时,FLA滋养体会借助伪足活跃地移动、摄取细菌等食源,并且通过二分裂方式迅速增殖^[17].需要额外说明的是,耐格里属阿米巴在阿米巴型滋养体时具有以上特征,

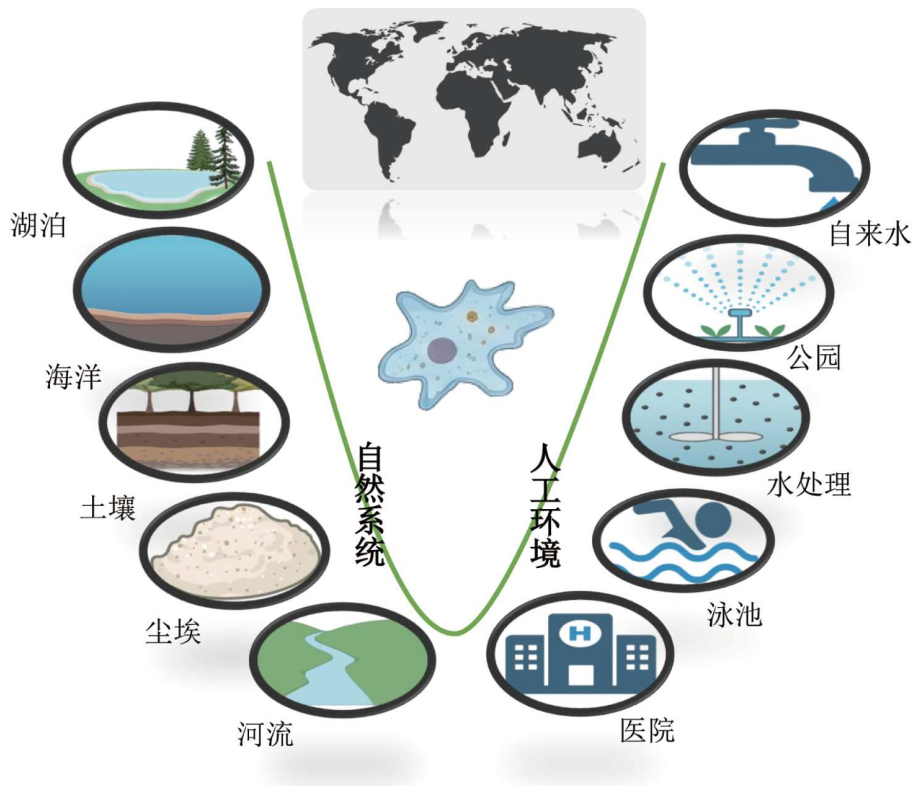


图1 (网络版彩色)FLA广泛分布于自然系统及人工环境中

Figure 1 (Color online) FLA are widely distributed in both natural systems and artificial environments

而在不适环境中, 滋养体可伸出一对或多根鞭毛, 即为鞭毛型阿米巴滋养体, 活泼运动, 不捕食或分裂, 亦不形成包囊, 但可重新转化为阿米巴型滋养体. 当生长环境趋于恶劣时, FLA可形成具备较强生存能力的包囊^[18]. 这些包囊不仅可在环境中长期留存, 还通过多种途径传播. 待环境适宜时, FLA包囊可迅速复苏并转化为滋养体^[19]. 因此, FLA的生物污染容易形成持续性的风险, 对公共卫生构成长期挑战.

从微生物互作角度看, FLA与细菌、真菌及病毒等微生物之间存在包括捕食、共生等复杂的生态互作关系, 并可能影响其在不同环境中的适应性与迁移过程(图2, 3)^[6]. 在自然生态系统中, FLA通过选择性捕食细菌影响微生物群落的结构以及功能变化^[20-22]. 同时其与部分微生物形成的共生关系能提升共生复合体对消毒或干燥等环境胁迫的整体耐受能力^[19,23]. 在供水管网、冷却塔及生物膜系统等人造环境中, FLA可以利用生物膜作为屏障阻挡消毒剂渗透并缓冲水流扰动, 为FLA及其共生微生物提供相对稳定的栖息. 而包囊的抗性使其更易在管网末梢或低流速区域沉积并长期

维持^[24]. 在空调冷却塔、喷淋系统等设施中, FLA及其包囊还可通过气溶胶进入空气并扩散至更远端环境^[14,25]. 综合来看, FLA的广泛分布、特殊生活史与复杂互作关系共同构成了其在环境中持续存在与传播的机制基础, 也为其放大环境风险提供了条件.

FLA的传播具有多途径多维度的特征, 这与其广泛的分布及适应性具有显著联系(图2). 这些特性使得环境中的FLA一次污染很容易演变为长期或周期性风险. 例如, 在管网等系统表面, FLA常与多种微生物形成生物膜复合体^[26], 降低物理与化学控制手段的穿透灭活效率, 从而使得FLA及共生微生物长期存在^[27]. 当生物膜被扰动时, FLA及其共生微生物(细菌、病毒)会被再次释放, 从而出现二次污染传播的事件^[28]. 因此, 仅依靠进水口处的简单或者单一化治理无法做到从根本上规避此问题的发生, 对于整个管网而言, 需要定时对管内微生物生物膜进行维护治理. 另外, 部分微生物具有抵御FLA消化的能力, 甚至在胞内进行特定生命活动(如衣原体寄生在阿米巴细胞内进行代谢活动及生命周期循环^[29]). 其可伴随FLA扩增并释放, 这会导致

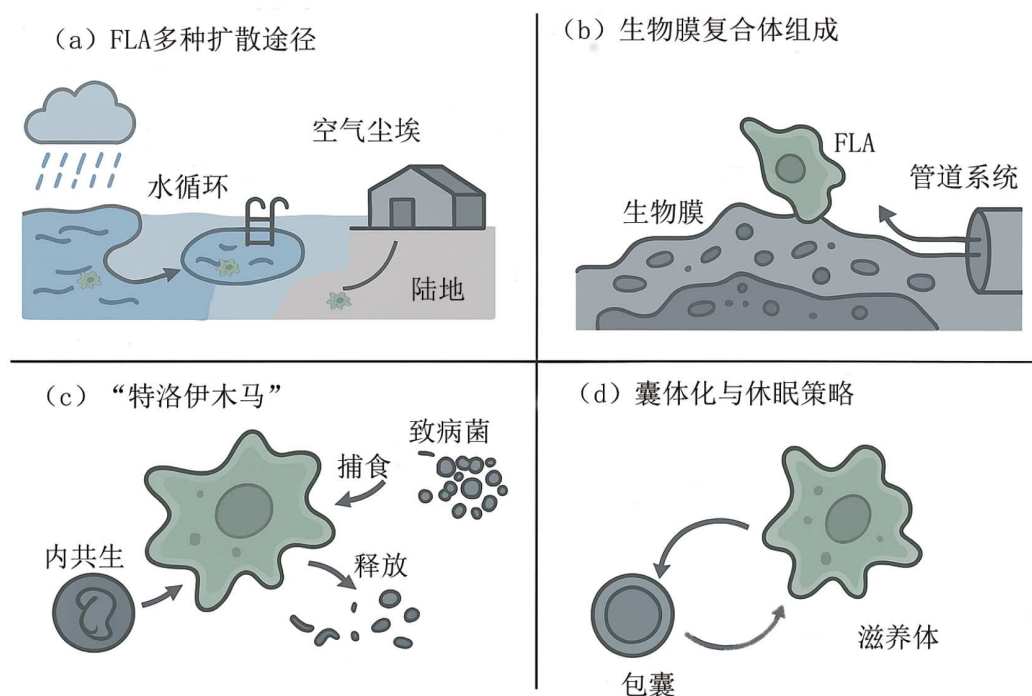


图2 (网络版彩色)FLA的适应性机制及生物风险传播机制。(a) FLA可通过多种途径传播;(b) FLA与其他微生物在多系统中形成生物膜以长期留存;(c) FLA与其他微生物的互作;(d) FLA双向生命周期循环

Figure 2 (Color online) Retention and transmission mechanisms of FLA risks. (a) FLA can spread through multiple pathways. (b) FLA form biofilms with other microorganisms in multiple systems for long-term persistence. (c) Interactions between FLA and other microorganisms. (d) Bidirectional life cycle of amoebae

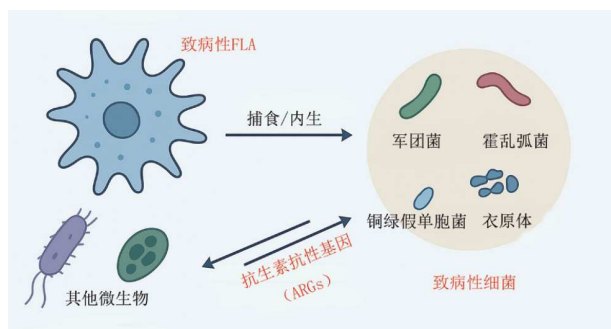


图3 (网络版彩色)FLA生物风险的多维特征

Figure 3 (Color online) Multidimensional characteristics of FLA-related biological risks

这些病原体在环境中隐蔽扩散并出现暴发。FLA与内生菌形成的复合体可改变原有微生物群落结构,并增加某些耐药谱系在环境中累积的可能性。因此从风险评估角度看,FLA并非简单的致病微生物的被动携带者,而是能够动态调节环境中生物风险的分布格局的重要参与者。

而另一个值得注意的问题是FLA的感染呈现上升

趋势^[30],美国疾控中心数据显示与*N. fowleri*感染有关的PAM出现了向高纬度扩散的趋势^[31]。环境污染、气候变化等是引起FLA感染风险升高的主要原因。FLA偏向于更为温暖的气候,而全球气候变暖使得更多地区的人群暴露于FLA感染的风险之下。FLA的感染通常和一些日常活动存在密切关联,一些*N. fowleri*的感染通常通过不洁水体的接触(如游泳)感染;棘阿米巴会通过被污染隐形眼镜护理液感染,引发阿米巴性角膜炎(*Acanthamoeba keratitis*, AK),严重可导致失明^[32]。一项最新研究在麋鹿中同时检测到了棘阿米巴和内阿米巴的感染^[33]。因此系统性认识其存在分布、传播途径及适应性有助于加强对阿米巴生物风险特征的认识。

2 阿米巴的生物风险与健康影响

2.1 阿米巴的直接致病生物风险

阿米巴对人类健康的直接威胁主要来自少数致病性种类。2024年世界卫生组织列出的下一次大流行关注的病原体,其中包括了*N. fowleri*在内的三种不同的

阿米巴，这表明阿米巴的生物风险已经引起全球性的关注。需要强调的是，大多数阿米巴并非典型病原体，但部分种类仍可造成明确的直接生物风险(表1)^[34,35]，其中FLA感染症状往往缺乏特异性且早期难以识别。例如，由*N. fowleri*引起的PAM致死率接近100%，但其早期症状表现为全身不适，易与普通感冒或流感混淆^[36]，这使得FLA的直接感染具有更强的隐匿性。长期以来一直认为FLA感染罕见。但实际上，目前已有超过三十个国家确诊超过数百例*N. fowleri*感染病例^[37]。而一些零星确诊病例表明了少数FLA也具有引起致命感染的能力，如*Sappinia pedate*^[38,39]。

棘阿米巴属(*Acanthamoeba*)可按18S rDNA序列差异分为至少19种基因型(T1~T19)，部分基因型与人类疾病相关^[40]。已有研究表明，T4是人类环境中最常见的致病基因型^[41]，会导致棘阿米巴角膜炎(AK)，其次T3和T11也较为常见。而淡水中普遍出现的致病基因型是T5^[42]。另外，还有T2、T5、T6、T10、T12、T15和T18也被报道对人类具有致病性^[43,44]。AK的感染与隐形眼镜的不规范使用相关，如自来水清洗或在游泳、洗澡时佩戴，可导致阿米巴污染镜片，进而在角膜受损的情况下引发感染^[45]。棘阿米巴同样可侵入脑部引起致命的肉芽肿性阿米巴脑炎(GAE)，其感染主要发生在免疫力低下的人群中，但也有少数免疫正常的GAE病例报道，棘阿米巴造成的GAE死亡率超过95%^[46]。

作为寄生型阿米巴，溶组织内阿米巴是一种重要的肠道病原体，通过独特的“阿米巴胞啃”机制杀伤人类细胞^[47]：它们不会分泌毒素杀死细胞，也不以吞噬人类细胞为主要食物来源，而是不断“啃咬”人体内的细

胞，导致人类细胞质膜完整性丧失，直到细胞死亡。在细胞死亡后，溶组织内阿米巴就会放弃这个死细胞，转而去“啃咬”其他的活细胞，仿佛只是单纯地在享受这一过程。更值得注意的是，通过这种胞啃作用，溶组织内阿米巴能够获取人类细胞中的补体调节蛋白(如CD59和CD46)并置于细胞表面作为“伪装”，从而逃避免疫系统的识别和攻击^[48]。

2.2 阿米巴的间接生物风险：病原传播载体

阿米巴的间接生物风险体现在FLA能够携带多种细菌，并促进其传播，从而形成典型的“特洛伊木马”效应^[49]。一些能抵御FLA消化的细菌，又称为阿米巴抗性细菌(amoeba-resisting bacteria, ARB)^[50]，能够在FLA细胞内存活并在合适的条件下重新释放至环境中。这些能携带内共生微生物的FLA包括了具有潜在致病性的棘阿米巴或不具有明确致病性的社会阿米巴(如*Dictyostelium discoideum*)等广泛的种类^[6]。FLA可携带的细菌部分为典型病原体，包括：军团菌(*Legionella pneumophila*)、非结核分枝杆菌(*Mycobacterium avium complex*)、铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*)、霍乱弧菌(*Vibrio cholerae*)等多种机会致病菌^[20,51,52]，甚至是一些病毒^[53,54]。这些胞内病原体在FLA内可获得显著的保护，使其环境抗逆性得以增强，并获得了更广泛的扩散与传播机会。FLA携带的内共生细菌不仅增强其自身的生态适应性，还可能在胞内与宿主或其他内共生体发生基因水平的相互作用。部分细菌在FLA内可获得额外的抗性基因(抗生素抗性基因或重金属抗性基因，ARGs或MRGs)或毒力因子，促进抗性基因的环

表 1 主要致病性阿米巴种类及其特征
Table 1 Examples of pathogenic amoeba species

主要致病种类	主要风险/所致疾病	主要感染途径
福氏耐格里阿米巴 (<i>Naegleria fowleri</i>)	原发性阿米巴脑膜脑炎(primary amebic meningo-encephaliti, PAM)	接触受污染的水体(如游泳、跳水), 通过鼻腔沿嗅神经侵入脑部
棘阿米巴 例如卡氏棘阿米巴 (<i>Acanthamoeba castellanii</i>)	(1) 肉芽肿性阿米巴脑炎 (granulomatous amoebic encephalitis, GAE) (2) 阿米巴性角膜炎 (<i>Acanthamoeba</i> keratitis, AK)	1. 通过皮肤伤口、呼吸道等入侵 2. 通过角膜(尤其与隐形眼镜使用相关)
狒狒巴拉姆希阿米巴 (<i>Balamuthia mandrillaris</i>)	肉芽肿性阿米巴脑炎 (granulomatous amoebic encephalitis or <i>Balamuthia</i> amoebic encephalitis, BAE)	通过吸入尘土或皮肤伤口入侵
巴氏阿米巴 (<i>Sappinia pedata</i>)	阿米巴脑膜炎 (granulomatous amoebic encephalitis or <i>Sappinia</i> amoebic encephalitis, SAE)	接触被污染的土壤或淡水
溶组织内阿米巴 (<i>Entamoeba histolytica</i>)	(1) 阿米巴痢疾 (2) 肝脓肿等肠外感染	粪-口途径, 摄入被包裹污染的水或食物

境扩散^[55]。

这一现象并不仅仅局限于内共生细菌中。已有研究提出, FLA在土壤生态系统中为噬菌体通过水平基因转移传播ARGs充当载体^[21,56]。部分FLA共生体系中往往可检出多种ARGs与毒力因子(Virulence factors, VFs), 提示FLA可能参与微生物群落中ARGs或VFs的保留与传播^[13]。一项从土壤中分离的社会阿米巴菌株研究表明, 其能够作为土壤ARGs及MRGs的富集载体, 富集包括β内酰胺耐药、多重耐药等多种ARGs以及与Cu、As、Zn等有关的多种MRGs^[56]。这种跨尺度的风险传递, 提示了FLA在环境污染防控与公共卫生风险评估中的重要作用。

2.3 阿米巴生物风险诊断与评估的挑战

阿米巴生物风险的诊断与评估面临多重挑战。一方面, 阿米巴谱系广泛, 在系统发育关系相近的类群中, 不同菌株的致病性也可能存在显著差异, 由于缺乏统一的诊断手段, 致病与非致病株系难以区分^[57], 如溶组织内阿米巴与迪斯帕内阿米巴在形态上无法区分, 但前者致病性强, 后者则通常不具备致病性^[58]。另一方面, FLA的滋养体形态不固定, 不同株系包囊也具备相似性, 这使得仅依靠形态特征难以准确鉴定FLA种类与致病潜力。

常用的传统镜检方法存在明显局限性: 其一是操作繁琐, 需自行配制染色液对样品进行染色才能观察; 其二是检出率较低, 且对显微镜操作者要求较高, 操作者需非常熟悉各类阿米巴及包囊形态, 否则难以找到目标; 其三是大批量的样品检测需耗费大量的人力物力。免疫学检测方法, 如ELISA, 虽然较病原学诊断方法简单客观, 但其阴性检测结果也无法排除急性阿米巴感染的可能性^[59]。

分子生物学检测技术在阿米巴检测方面具有优势。聚合酶链式反应(PCR)比传统镜检的方法具有时间短、准确度高优势, 其结果与临床诊断的一致性最好^[60]。通过针对小亚基核糖体RNA基因设计特异性引物, PCR法能够区分形态相似但致病性不同的阿米巴种类, 如溶组织内阿米巴和迪斯帕内阿米巴^[61]。然而, 分子生物学检测技术无法分辨阿米巴细胞是否存活, 因此不利于阿米巴检测结果的标准化, 也不便于人群大规模筛查以及疾病监测预警。

现有研究对于FLA生物风险评价过程中存在不确定性: 一是目前对环境中FLA的种群动态和分布特征

了解不足; 二是FLA的复杂互作机制使风险传播路径变得复杂; 三是不同人群(如免疫正常与免疫抑制个体)对FLA感染的敏感性存在显著差异。因此, 当前的风险评估往往陷入两难: 要么过于保守, 对所有检出的FLA都采取高成本的控制措施; 要么过于疏忽, 默认其为非致病株而忽视潜在的健康风险。FLA的生物风险包含由部分FLA致病性带来的直接风险与FLA携带病原微生物并增强双方抗逆性及传播能力的间接风险(图3)。对FLA的生态分布特征及风险传播机制的系统研究, 不仅有助于揭示环境病原体的存活与扩散机制, 也有助于建立多层次环境健康监测体系。

3 阿米巴的控制与管理策略

3.1 监测技术

医学上对溶组织内阿米巴为代表的寄生型阿米巴已有系统的诊断方法, 但对于FLA的准确识别尚显不足(图4)。对FLA进行准确识别, 是评估其潜在健康风险的重要基础^[62]。传统镜检方法较为耗时且依赖检验者经验; 免疫学方法虽提升了检测一致性, 但仍难以有效区分致病与非致病株系。相比之下, 基于特异性引物的PCR技术具有更高的灵敏度与特异性。而随着宏基因组测序技术的发展, FLA的检测识别技术得到进一步优化^[2]。例如, 中山大学阿米巴团队对粤港澳大湾区水体开展的调查显示, 广州等城市自来水终端FLA检出率可达80%^[62], 现有水厂工艺对其去除效果有限, 且FLA携带的内生菌对常规消毒具有较强的抗性^[63]。在全球范围内, 多个研究团队也在关注环境FLA的多样性及其相关风险。Delafont等人利用扩增子焦磷酸测序分析了饮用水网络中的FLA群落, 发现 *Vermamoeba vermiformis*是最丰富的物种, 其次为*Acanthamoeba*^[64]。另一项研究发现, 温暖的水体中检测到的FLA数量多于较冷水中, 其中*V. vermiformis*也是最丰富的物种^[65]。目前, FLA生物多样性的形成与留存机制日益受到重视。研究显示, 亚热带淡水水库中FLA群落的构建由随机过程与确定性过程共同驱动, 且随机过程占主导^[66]。因此, 借助高通量测序技术准确定量FLA多样性并解析其生态驱动因素, 对监测相关生物风险具有重要意义。

FLA涵盖多个系统发育谱系, 其物种鉴定所用的保守序列较为多样。中山大学阿米巴团队的研究表明, 引物选择会明显影响对FLA群落组成的检测结果: 短

读片段引物可能导致分类匹配偏差,不适用于系统发育分析;而全长引物虽能检测到更多FLA谱系,并可注释约80%已知物种的读段,但其实际检出的FLA种类却不及短读片段引物^[67]。这说明,需要建立更精准的引物体系,并结合全长与短读序列分析,才能更完整地反映环境样本中FLA的群落组成与多样性。

3.2 环境风险控制

除监测环境中FLA的组成及多样性外,采取多种手段控制FLA污染同样至关重要。FLA的环境控制主要包括物理灭活、化学消毒和生物控制三大类策略(图4)。

3.2.1 物理灭活方法

物理灭活主要包括热处理、紫外辐照、机械过滤和干燥处理。一些具有潜在致病性的FLA具有相比于细菌更强的高温耐受性。例如*Acanthamoeba*可在42℃下生长^[68]。耐格里属阿米巴在实验室测定的温度生长上限为46℃,甚至可在一些温泉等水体中检测到^[69]。而包裹对热处理具有更高的耐受性,高于65℃的持续热处理才能对包裹产生有效的处理效果^[70]。研究表明多种FLA滋养

体与包裹在70℃分别热处理45与60 min,可达到4-log的灭活效果^[71]。基于热消毒是一种简单有效的方法,在医疗设备等不适合化学消毒的场景中,利用热处理并保持设备表面干燥可有效预防FLA长期定植^[72]。

紫外线(UV-C, 254 nm)可通过破坏DNA结构与细胞膜功能实现对多种病原体的灭活^[73]。与热处理类似,短时间高强度辐照可通过直接损伤DNA或产生活性氧引起蛋白质变性从而杀死FLA滋养体。由于具有厚壁的保护及特定的代谢产物,FLA包裹可呈现较高的紫外耐受能力^[74],因此单一的紫外线照射难以对FLA进行有效灭活。根据世界卫生组织报告,*N. fowleri*的滋养体及包裹分别在13及63 mJ/cm²的剂量下可达到2-log的灭活效率。

FLA包裹约10 μmol/L,而滋养体普遍较包裹更大。利用FLA滋养体及包裹较细菌直径更大的特点,使用机械过滤的方法可有效去除FLA。过滤的方法是水处理过程中常用的物理去除技术,利用微滤(microfiltration, MF)去除相比反渗透法更加节约成本(reverse osmosis, RO)^[75]。然而,FLA及其伴生细菌可在膜表面形成生物膜^[62],导致过滤效果衰减,因此应定期对滤膜进



图4 (网络版彩色)FLA生物风险管理与控制手段研究进展

Figure 4 (Color online) Research progress on biological risk management and control measures of FLA

行反冲洗与杀菌以维持其系统性能。

3.2.2 化学消毒策略

化学消毒剂在FLA控制中应用广泛,但其效果有限。中山大学阿米巴团队的前期研究表明,FLA滋养体对氯较为敏感,但包囊可在50 mg/L氯浓度下存活10 min以上,远高于常规饮用水处理水平^[23,76]。因此,常规单一氯消毒难以确保其完全灭活。另有研究发现,臭氧联合太阳光、氯在20 min后对FLA包囊及其内生菌的灭活效果分别达到5.1和5.2 log,在无臭氧的条件下,太阳光联合氯对FLA包囊灭活率降至2.97 log^[76]。过氧化氢(H₂O₂)与过氧乙酸(PAA)等氧化剂在联合紫外辐照时能产生协同效应,提高对多种水体中FLA的杀灭效率^[77,78]。这些复合消毒策略能通过多重氧化与光化反应破坏病原微生物的细胞结构,从而有望提升对FLA及其内生菌的总灭活率。这些策略适用于再生水回用、冷却塔循环水和医院污水等领域的消毒。

针对传统消毒方法难以灭活FLA及其胞内共生细菌和耐药基因的问题,中山大学阿米巴团队开发了基于二电子水氧化(2e-WOR)的电催化水氧化原位活化系统。该系统通过产生羟基自由基(•OH)和碳酸盐自由基(•CO³⁻),有效灭活FLA包囊及其胞内共生细菌,并降低耐药基因的相对丰度^[79]。以MoS₂/rGO压电催化系统对FLA及其内生菌灭活实验表明,该系统同时能从物理角度损伤细胞壁及细胞膜,也能促进活性氧的生成从而在化学角度进行灭活,该方法对FLA及其包囊能分别达到4.18 log和5.02 log的灭活效果^[80]。另一种新型的FeP系统能对FLA包囊及其内生菌分别达到一个对数和四个对数的灭活效果^[81]。

3.2.3 生物控制策略

除了物理和化学方法以外,生物控制策略正成为阿米巴治理的新兴方向^[82]。基于生物之间的相互作用,某些细菌和真菌可产生对阿米巴具有抑制作用的代谢物,如抗阿米巴肽(amoebicidal peptides)。研究发现,抗菌肽类似物RK-758对FLA滋养体或其包囊具有良好的灭活效果,可成为隐形眼镜护理液中的抗阿米巴消毒剂^[83]。*Pseudomonas*在单独存在时会被FLA捕食,但与其他微生物共存时能分泌代谢物并杀死捕食者FLA。基于此类拮抗微生物的生态平衡系统可在水处理与环境修复中对FLA实现长期稳定控制^[84]。部分感染FLA的巨型病毒(如*Acanthamoeba polyphaga mimivirus*)可干扰宿主代谢甚至诱导其死亡,这提示了病毒介导的生态控制可能具备自然生态系统的调节作用与治疗

FLA感染的潜力^[85]。另外,植物来源化合物(如茶多酚、蒜素、黄酮类物质)展现出的抗FLA活性^[86]在绿色水处理及生态消毒领域具有潜在应用前景。尽管目前相关研究多处于实验阶段,但这些探索为开发基于微生物互作的环境防控策略开辟了新的途径。

3.3 诊断与治疗

感染后的诊断与治疗也是阿米巴生物风险控制中的重要一环(图4)。FLA在条件有限的情况下更难确诊,这或许是医疗条件相对落后的地区感染率低的原因之一^[87]。PAM在巴基斯坦的首例感染确诊于2008年,至今仅有100多例感染病例。FLA感染的确诊需要生化、微生物学、分子生物学,甚至是高通量测序的方法全面检查。另外,由于血脑屏障的存在,许多大分子药物穿越困难,这导致*N. fowleri*等造成的脑部感染治疗困难。对于其他寄生型阿米巴感染,临床上一流程会使用药物控制组织内感染以控制急性症状,但若后续未使用药物彻底清除残余病原体,则患者可能会变为无症状排包囊者,成为传染源,进一步加剧了阿米巴环境生物风险。

阿米巴感染的临床诊断,正在从传统经验判断发展为分子生物学检测。以实时定量PCR(qPCR)为代表的快速检测技术发展迅速,不仅能在数小时内定性鉴别*N. fowleri*或*Acanthamoeba*,还可通过载量检测辅助评估病情^[88]。宏基因组二代测序(mNGS)的应用,进一步拓宽人们对阿米巴感染的认知边界。这种无差别筛查对临床症状复杂的PAM或GAE具有突出的诊断价值^[36]。治疗方面,寄生型内阿米巴的治疗手段较为成熟,可口服巴龙霉素、甲硝唑或替硝唑以进行治疗^[89]。而对于FLA感染的治疗,则会复杂得多。*Acanthamoeba* spp.感染造成的AK常用羟乙磺酸丙氧苯脲、聚六甲基双胍、氯己定等治疗^[68]。而*Acanthamoeba* spp.或*N. fowleri*等造成的脑膜炎,目前缺乏特效疗法。这是由于单一药物往往难以彻底清除病原,因此临床上多采用包含两性霉素B、甲硝唑、阿奇霉素及抗真菌药等的联合用药方案,以提升疗效^[90]。米替福新(Miltefosine)作为一种具备疗效的杀FLA药物,它已成为多药联合方案(“鸡尾酒疗法”)的核心^[88]。

总体而言,FLA感染的诊断与治疗正朝着快速、联合与精准的方向发展。未来突破可能集中在开发更经济的床旁检测工具,以及研制能靶向破坏包囊结构的新型抗菌药物。例如,使用*rNfaI*蛋白作为黏膜佐剂

的小鼠实验实现了对*N. fowleri*的保护性免疫,但该方法并未实际在人体中进行^[91]。此外,人工智能也有望辅助FLA相关疾病的诊断,通过对海量病理切片与共聚焦显微镜图像的学习,人工智能系统或能比人眼更敏锐地识别FLA形态。

4 总结与展望

尽管寄生型阿米巴在临床研究中已取得显著进展,但FLA的生态功能、微生物互作及风险传播机制仍存在不少空白。未来研究可集中于生态地位解析、内共生体发掘、控制手段开发与新型风险评估等多个方面展开,从而为后续的风险管控与管理政策的落地提供可靠依据(图5)。

需要进一步解析FLA的生态地位与功能。已有研究多集中于形态观察和分类命名层面,而对其代谢特性、生态功能以及分布传播机制的认识仍不足。下一步可综合运用宏基因组(metagenomics)、蛋白质组(proteomics)与代谢组(metabolomics)等高通量测序技术,从能量传递、共生网络及对微生物群落的影响等方面揭示不同生态位的FLA功能特征。在诸如富营养水体、供水管网等复杂生境中,更应着力阐明FLA与细菌、真菌或病毒等微生物之间的相互作用网络,从而理解其传播与扩散机制。

应加强对FLA内共生体的发掘与研究。FLA除自身致病性外,还可能携带并保护其他致病微生物。后续研

究可聚焦未知共生体的系统发掘,并在胞内存活、基因交换与ARGs扩散等环节上明确机制链条。结合原位显微成像与多组学追踪技术,进一步研究FLA作为ARGs热点的潜在作用,从而为传播风险评价提供可验证证据。

亟需开发新型有效控制手段。传统单一的物理或化学方法对FLA灭活效果有限,但中山大学阿米巴团队前期的研究工作指出物理与化学的联合应用将会是一种有效的处理手段。且有研究证实,维持FLA在生态系统中的稳定性也是一种有效的控制途径。未来可探索基于微生态调控(microbial manipulation)与生态修复(ecological restoration)的可持续控制路径,如利用特定拮抗微生物群(如产抗FLA代谢物的 *Bacillus*或*Pseudomonas*)构建生态共抑系统。结合生态建模与实验生态学,可进一步优化不同环境条件下的控制策略。

有必要建立新型风险评估策略,构建面向多环境介质的FLA分子监测与风险评估平台。通过高通量检测技术(如qPCR、数字PCR、宏基因组测序等),建立标准化的检测指标体系,并融合地理信息系统(GIS)与人工智能算法,开发可量化的风险预测模型。以此实现对FLA分布格局、携带病原谱及环境因子的动态监测,为饮用水系统、土壤生态和公共设施提供早期预警。

此外,标准体系与治理机制仍需完善。FLA的生物风险管控涵盖多学科交叉领域,因此应推动生态科学与政策管理的深度融合,将FLA监测与控制纳入国家

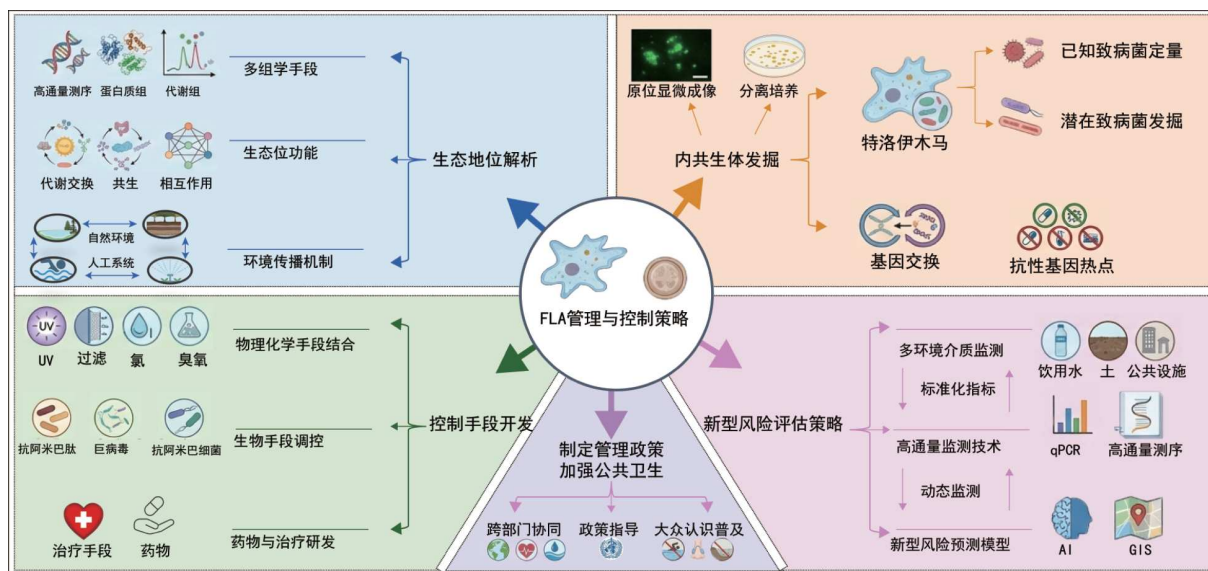


图5 (网络版彩色)FLA管理与控制策略研究方向

Figure 5 (Color online) Research directions of FLA management and control strategies

或地区环境健康标准. 建立跨部门协同机制, 形成从科学研究到风险治理的完整闭环. 世界卫生组织已于2025年发布专门针对饮用水中*N. fowleri*控制的指导手

册^[7], 反映出国际层面对该类风险的持续关注. 在此基础上, 加强风险沟通与公众认知同样重要, 可降低高风险暴露行为带来的感染概率.

参考文献

- 1 Ralston K S, Petri Jr W A. Tissue destruction and invasion by *Entamoeba histolytica*. *Trends Parasitology*, 2011, 27: 254–263
- 2 Samba-Louaka A, Delafont V, Rodier M H, et al. Free-living amoebae and squatters in the wild: ecological and molecular features. *FEMS Microbiol Rev*, 2019, 43: 415–434
- 3 Maciver S K, Piñero J E, Lorenzo-Morales J. Is *Naegleria fowleri* an emerging parasite? *Trends Parasitology*, 2020, 36: 19–28
- 4 Ghosh R, León-Ruiz M, Dubey S, et al. *Naegleria fowleri* in Kerala, India: prevention over panic. *Lancet*, 2025, 406: 1945
- 5 Nagi N. Kerala's strategy against amoebic meningoencephalitis. *Lancet Microbe*, 2025, 7: 101305
- 6 Shi Y, Queller D C, Tian Y, et al. The ecology and evolution of amoeba-bacterium interactions. *Appl Environ Microbiol*, 2021, 87: e01866-20
- 7 Zheng J, Hu R, Shi Y, et al. The rising threat of amoebae: a global public health challenge. *Biocontaminant*, 2025, 1: e015
- 8 Fotedar R, Stark D, Beebe N, et al. Laboratory diagnostic techniques for *Entamoeba* species. *Clin Microbiol Rev*, 2007, 20: 511–532
- 9 Mendoza Cavazos C, Heredia M Y, Owens L A, et al. Using *Entamoeba muris* to model fecal-oral transmission of *Entamoeba* in mice. *mBio*, 2023, 14: e03008-22
- 10 Ren K, Xue Y, Rønn R, et al. Dynamics and determinants of amoeba community, occurrence and abundance in subtropical reservoirs and rivers. *Water Res*, 2018, 146: 177–186
- 11 Chaúque B J M, Da Silva T C B, Dos Santos D L, et al. Global prevalence of free-living amoebae in solid matrices – A systematic review with meta-analysis. *Acta Trop*, 2023, 247: 107006
- 12 Liu F, Ding J, Zeng J, et al. Mangrove sediments are environmental hotspots for pathogenic protists. *J Hazard Mater*, 2024, 467: 133643
- 13 Ma L, Liu F, Zhou M, et al. Amoebae contribute to the diversity and fate of antibiotic resistance genes in drinking water system. *Environ Int*, 2025, 204: 109867
- 14 Berk S G, Gunderson J H, Newsome A L, et al. Occurrence of infected amoebae in cooling towers compared with natural aquatic environments: implications for emerging pathogens. *Environ Sci Technol*, 2006, 40: 7440–7444
- 15 Nasrallah J, Akhoundi M, Haoouchine D, et al. Updates on the worldwide burden of amoebiasis: a case series and literature review. *J Infect Public Health*, 2022, 15: 1134–1141
- 16 Hu Y, Jiang K, Xia S, et al. Amoeba community dynamics and assembly mechanisms in full-scale drinking water distribution networks under various disinfectant regimens. *Water Res*, 2025, 271: 122861
- 17 Wiser M F. Feeding mechanisms of pathogenic protozoa with a focus on endocytosis and the digestive vacuole. *Parasitologia*, 2024, 4: 222–237
- 18 Khan N A, Iqbal J, Siddiqui R. Stress management in cyst-forming free-living protists: programmed cell death and/or encystment. *Biomed Res Int*, 2015, 2015: 437534
- 19 Wang Z, Huang W, Mai Y, et al. Environmental stress promotes the persistence of facultative bacterial symbionts in amoebae. *Ecol Evol*, 2023, 13: e9899
- 20 Shu L, He Z, Guan X, et al. A dormant amoeba species can selectively sense and predate on different soil bacteria. *Funct Ecol*, 2021, 35: 1708–1721
- 21 Lin C, Li L J, Yang K, et al. Protozoa-enhanced conjugation frequency alters the dissemination of soil antibiotic resistance. *ISME J*, 2025, 19: wraf009
- 22 Yu H, He Z, He Z, et al. Soil amoebae affect iron and chromium reduction through preferential predation between two metal-reducing bacteria. *Environ Sci Technol*, 2022, 56: 9052–9062
- 23 He Z, Wang L, Ge Y, et al. Both viable and inactivated amoeba spores protect their intracellular bacteria from drinking water disinfection. *J Hazard Mater*, 2021, 417: 126006
- 24 Jin C, Mo Y, Zhao L, et al. Host–endosymbiont relationship impacts the retention of bacteria-containing amoeba spores in porous media. *Environ Sci Technol*, 2022, 56: 12347–12357
- 25 Scheikl U, Tsao H F, Horn M, et al. Free-living amoebae and their associated bacteria in Austrian cooling towers: a 1-year routine screening. *Parasitol Res*, 2016, 115: 3365–3374
- 26 Margot C, Rhoads W, Gabrielli M, et al. Dynamics of drinking water biofilm formation associated with *Legionella* spp. colonization. *npj Biofilms Microbiomes*, 2024, 10: 101

- 27 Weber D J, Rutala W A, Anderson D J, et al. Biofilms on medical instruments and surfaces: do they interfere with instrument reprocessing and surface disinfection. [Am J Infect Control](#), 2023, 51: A114–A119
- 28 Scheid P L. Free-living amoebae and their impact on the origin of pathogens and on evolutionary processes. In: Mehlhorn H, ed. *Encyclopedia of Parasitology*. Berlin, Heidelberg: Springer, 2016. 1076–1078
- 29 Dharamshi J E, Köstlbacher S, Schön M E, et al. Gene gain facilitated endosymbiotic evolution of Chlamydiae. [Nat Microbiol](#), 2023, 8: 40–54
- 30 Fu X, Zhong Y, Chen L, et al. Global burden and trends of the Entamoeba infection-associated diseases from 1990 to 2019: an observational trend study. [Acta Tropica](#), 2023, 240: 106866
- 31 Cope J R, Ali I K. Primary amebic meningoencephalitis: what have we learned in the last 5 years? *Curr Infect Dis Rep*, 2016, 18: 31
- 32 Imam A M, Mahgoub El S. Blindness due to *Acanthamoeba*: first case report from Sudan. *Int J Health Sci (Qassim)*, 2008, 2(2): 163–6
- 33 Li Z, Long H, Liu H, et al. First report on the infection of *Acanthamoeba* and *Entamoeba* in the endangered Chinese Milu deer (*Elaphurus davidianus*) in China. [One Health](#), 2025, 21: 101112
- 34 Siddiqui R, Makhlof Z, Maciver S K, et al. *Sappinia* spp.: an update. [Microbe](#), 2024, 3: 100095
- 35 Da Rocha-Azevedo B, Tanowitz H B, Marciano-Cabral F. Diagnosis of infections caused by pathogenic free-living amoebae. *Interdiscip Perspect Infect Dis*, 2009, 2009: 251406
- 36 Chen R, Yuan Q H, Xia W B, et al. Laboratory diagnosis of a rare case of primary amebic meningoencephalitis (in Chinese). *Chin J Parasitol Parasit Diseases*, 2022, 40: 616–621 [陈睿, 袁琼辉, 夏万宝. 1例罕见原发性阿米巴脑膜脑炎病例的实验室诊断. *中国寄生虫学与寄生虫病杂志*, 2022, 40: 616–621]
- 37 Marri A R, Hamer D H, Sherchan S, et al. *Naegleria fowleri* and the future of surveillance: a one-health call to action. [One Health](#), 2025, 21: 101215
- 38 Qvarnstrom Y, Da Silva A J, Schuster F L, et al. Molecular confirmation of sappinia pedata as a causative agent of amoebic encephalitis. *J Pediatr Inf Dis Soc*, 2009, 199: 1139–1142
- 39 Sarica F B, Tufan K, Cekinmez M, et al. A rare but fatal case of granulomatous amebic encephalitis with brain abscess: the first case reported from Turkey. *Turk Neurosurg*, 2009, 19: 256–259
- 40 Magnet A, Henriques-Gil N, Galván-Díaz A L, et al. Novel *Acanthamoeba* 18S rRNA gene sequence type from an environmental isolate. [Parasitol Res](#), 2014, 113: 2845–2850
- 41 Booton G C, Visvesvara G S, Byers T J, et al. Identification and distribution of *Acanthamoeba* species genotypes associated with nonkeratitis infections. *J Clin Microbiol*, 2005, 43: 1689–1693
- 42 Maciver S K, Asif M, Simmen M W, et al. A systematic analysis of *Acanthamoeba* genotype frequency correlated with source and pathogenicity: T4 is confirmed as a pathogen-rich genotype. [Eur J Protistology](#), 2013, 49: 217–221
- 43 Qvarnstrom Y, Nerad T A, Visvesvara G S. Characterization of a new pathogenic *Acanthamoeba* species, *A. byersi* n. sp., isolated from a human with fatal amoebic encephalitis. [J Eukaryotic Microbiol](#), 2013, 60: 626–633
- 44 Walochnik J, Aichelburg A, Assadian O, et al. Granulomatous amoebic encephalitis caused by *Acanthamoeba* amoebae of genotype T2 in a human immunodeficiency virus-negative patient. *J Clin Microbiol*, 2008, 46: 338–340
- 45 Carnt N, Minassian D C, Dart J K G. *Acanthamoeba* keratitis risk factors for daily wear contact lens users. [Ophthalmology](#), 2023, 130: 48–55
- 46 Kalra S K, Sharma P, Shyam K, et al. *Acanthamoeba* and its pathogenic role in granulomatous amebic encephalitis. [Exp Parasitology](#), 2020, 208: 107788
- 47 Ralston K S, Solga M D, Mackey-Lawrence N M, et al. Trophocytosis by *Entamoeba histolytica* contributes to cell killing and tissue invasion. [Nature](#), 2014, 508: 526–530
- 48 Miller H W, Tam T S Y, Ralston K S, et al. *Entamoeba histolytica* develops resistance to complement deposition and lysis after acquisition of human complement-regulatory proteins through trophocytosis. [mBio](#), 2022, 13: e03163-21
- 49 Huang K, Mao Y, Zhao F, et al. Free-living bacteria and potential bacterial pathogens in sewage treatment plants. [Appl Microbiol Biotechnol](#), 2018, 102: 2455–2464
- 50 Greub G, Raoult D. Microorganisms resistant to free-living amoebae. [Clin Microbiol Rev](#), 2004, 17: 413–433
- 51 Nisar M A, Ross K E, Brown M H, et al. Molecular screening and characterization of *Legionella pneumophila* associated free-living amoebae in domestic and hospital water systems. [Water Res](#), 2022, 226: 119238
- 52 Wang Y, Jiang L, Zhou F, et al. The hidden dancers in water: the symbiotic mystery of *Legionella pneumophila* and free-living amoebae. [Front Microbiol](#), 2025, 16: 1634806
- 53 Mungroo M R, Siddiqui R, Khan N A. War of the microbial world: *Acanthamoeba* spp. interactions with microorganisms. [Folia Microbiol](#), 2021, 66: 689–699
- 54 Chelkha N, Hasni I, Louazani A C, et al. Vermamoeba vermiformis CDC-19 draft genome sequence reveals considerable gene trafficking including with candidate phyla radiation and giant viruses. [Sci Rep](#), 2020, 10: 5928

- 55 Nguyen T B A, Bonkowski M, Dumack K, et al. Protistan predation selects for antibiotic resistance in soil bacterial communities. *ISME J*, 2023, 17: 2182–2189
- 56 Shi Y, Liang M, Zeng J, et al. Soil amoebae are unexpected hotspots of environmental antibiotics and antibiotic resistance genes. *Environ Sci Technol*, 2024, 58: 21475–21488
- 57 Cavalier-Smith T, Fiore-Donno A M, Chao E, et al. Multigene phylogeny resolves deep branching of Amoebozoa. *Mol Phylogenet Evol*, 2015, 83: 293–304
- 58 Jackson T F H G. *Entamoeba histolytica* and *Entamoeba dispar* are distinct species; clinical, epidemiological and serological evidence. *Int J Parasitology*, 1998, 28: 181–186
- 59 Flores M S, Carrillo P, Tamez E, et al. Diagnostic parameters of serological ELISA for invasive amoebiasis, using antigens preserved without enzymatic inhibitors. *Exp Parasitology*, 2016, 161: 48–53
- 60 Chang C W, Wu Y C, Ming K W. Evaluation of real-time PCR methods for quantification of *Acanthamoeba* in anthropogenic water and biofilms. *J Appl Microbiol*, 2010, 109: 799–807
- 61 Hamzah Z, Petmitr S, Mungthin M, et al. Differential detection of *Entamoeba histolytica*, *Entamoeba dispar*, and *Entamoeba moshkovskii* by a single-round PCR Assay. *J Clin Microbiol*, 2006, 44: 3196–3200
- 62 Mai Y, Zheng J, Zeng J, et al. Protozoa as hotspots for potential pathogens in the drinking water of a subtropical megacity: diversity, treatment, and health risk. *Environ Sci Technol*, 2023, 57: 6108–6118
- 63 Ma L, Zhang L, Zhang S, et al. Soil protists are more resilient to the combined effect of microplastics and heavy metals than bacterial communities. *Sci Total Environ*, 2024, 906: 167645
- 64 Delafont V, Bouchon D, Héchard Y, et al. Environmental factors shaping cultured free-living amoebae and their associated bacterial community within drinking water network. *Water Res*, 2016, 100: 382–392
- 65 Buse H Y, Lu J, Lu X, et al. Microbial diversities (16S and 18S rRNA gene pyrosequencing) and environmental pathogens within drinking water biofilms grown on the common premise plumbing materials unplasticized polyvinylchloride and copper. *FEMS Microbiol Ecol*, 2014, 88: 280–295
- 66 Wang W, Ren K, Chen H, et al. Seven-year dynamics of testate amoeba communities driven more by stochastic than deterministic processes in two subtropical reservoirs. *Water Res*, 2020, 185: 116232
- 67 Zheng X, He Z, Wang C, et al. Evaluation of different primers of the 18S rRNA gene to profile amoeba communities in environmental samples. *Water Biol Security*, 2022, 1: 100057
- 68 Salazar-Ardiles C, Asserella-Rebollo L, Andrade D C. Free-living amoebas in extreme environments: the true survival in our planet. *Biomed Res Int*, 2022, 2022: 2359883
- 69 Barnhart E P, Kinsey S M, Wright P R, et al. *Naegleria fowleri* detected in Grand Teton National Park hot springs. *ACS EST Water*, 2024, 4: 628–637
- 70 Cervero - Aragón S, Rodríguez - Martínez S, Canals O, et al. Effect of thermal treatment on free-living amoeba inactivation. *J Appl Microbiol*, 2014, 116: 728–736
- 71 Nisar M A, Hayward C, Ross K E, et al. Efficacy of physical and chemical disinfection against clinically relevant free-living amoebae isolated from drinking water and plumbing biofilms. *Front Microbiol*, 2025, 16: 1654984
- 72 Coulon C, Collignon A, McDonnell G, et al. Resistance of *Acanthamoeba* cysts to disinfection treatments used in health care settings. *J Clin Microbiol*, 2010, 48: 2689–2697
- 73 Zhao J, Zhao L, Wu J H, et al. Progress in research on ultraviolet disinfection technology for inhibiting pathogen transmission in built environment (in Chinese). *Chin J Public Health*, 2023, 39: 1630–1634 [赵洁, 赵蕾, 吴金辉, 等. 紫外线消毒技术在抑制建筑环境内病原体传播研究进展. 中国公共卫生, 2023, 39: 1630–1634]
- 74 Uchiyama S, Hatakeyama I. Protection of spores from ultraviolet-C irradiation by auto-fluorescent substances in the spore mass of the cellular slime mold *Dictyostelium discoideum*. *Pteridines*, 2014, 25: 7–10
- 75 Włodarczyk R, Kwarciak-Kozłowska A. Chapter 4-Treatment of waterborne pathogens by reverse osmosis. In: Vara Prasad M N, Grobelak A, eds. *Waterborne Pathogens*: Butterworth-Heinemann, 2020: 57–80
- 76 Wang L, Mai Y, Li S, et al. Efficient inactivation of amoeba spores and their intraspore bacteria by solar/chlorine: kinetics and mechanisms. *Water Res*, 2023, 242: 120288
- 77 Cao R, Wan Q, Li Y, et al. Synergistic mechanism of combined UV-LEDs and peracetic acid treatment on inactivation of fungal spores. *Separation Purification Tech*, 2025, 357: 130161
- 78 Zhu T, Liu B. Mechanism study on the effect of peracetic acid (PAA), UV/PAA and ultrasonic/PAA oxidation on ultrafiltration performance during algae-laden water treatment. *Water Res*, 2022, 220: 118705
- 79 Ou Z, Wang Z, Duan C, et al. Simultaneously disinfection of amoebae, endosymbiotic bacteria, and resistance genes using a novel two-electron water oxidation strategy. *Water Res*, 2025, 284: 123894

- 80 Zhao H, Zheng J, Huang W, et al. “Nano knife” for efficient piezocatalytic inactivation of amoeba spores and their intracellular bacteria: synergetic effect between physical damage and chemical oxidation. *J Hazard Mater*, 2024, 480: 136387
- 81 He Z, Zheng N, Zhang L, et al. Efficient inactivation of intracellular bacteria in dormant amoeba spores by FeP. *J Hazard Mater*, 2022, 425: 127996
- 82 Dinda S K, Hazra S, De A, et al. Amoebae: beyond pathogens- exploring their benefits and future potential. *Front Cell Infect Microbiol*, 2024, 14: 1518925
- 83 Peguda H K, Carnt N A, Gu Z, et al. The anti-amoebic activity of a peptidomimetic against *Acanthamoeba castellanii*. *Microorganisms*, 2022, 10: 2377
- 84 Zhang S, Mukherji R, Chowdhury S, et al. Lipopeptide-mediated bacterial interaction enables cooperative predator defense. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2021, 118: e2013759118
- 85 Abrahão J S, Dornas F P, Silva L C, et al. *Acanthamoeba* polyphaga mimivirus and other giant viruses: an open field to outstanding discoveries. *Virol J*, 2014, 11: 120
- 86 Chaúque B J M, Da Silva T C B, Rott E B, et al. Effectiveness of phytoproducts against pathogenic free-living amoebae - A scoping and critical review paving the way toward plant-based pharmaceuticals. *Fitoterapia*, 2025, 182: 106404
- 87 Saidin S, Othman N, Noordin R. Update on laboratory diagnosis of amoebiasis. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*, 2019, 38: 15–38
- 88 Alli A, Ortiz J F, Morillo Cox Á, et al. Miltefosine: a miracle drug for meningoencephalitis caused by free-living amoebas. *Cureus*, 2021, 13: e13698
- 89 Stauffer W, Ravdin J I. *Entamoeba histolytica*: an update. *Curr Opin Infect Dis*, 2003, 16: 479–485
- 90 Haapanen S, Parkkila S. Management of *Entamoeba histolytica* infection: treatment strategies and possible new drug targets. In: Vermelho A B, Supuran C T, eds. *Antiprotozoal Drug Development and Delivery*. Cham: Springer International Publishing, 2022. 259–269
- 91 Lee J, Yoo J K, Sohn H J, et al. Protective immunity against *Naegleria fowleri* infection on mice immunized with the rNfaI protein using mucosal adjuvants. *Parasitol Res*, 2015, 114: 1377–1385

Summary for “原生生物阿米巴的生物风险与控制”

Biological risks and control of protistan amoebae

Fei Liu^{1,2}, Jijuan Ding¹, Min Zhou^{1,2}, Yijing Shi³ & Longfei Shu^{1*}

¹ School of Environmental Science and Engineering, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510006, China

² School of Life Sciences, Jiaying University, Meizhou 514015, China

³ School of Environment, South China Normal University, Guangzhou 510006, China

* Corresponding author, E-mail: shulf@mail.sysu.edu.cn

Amoebae are unicellular eukaryotes characterized by their remarkable ability to continually alter their shape, a feature that inspired their name. They inhabit nearly all types of environments and, despite their morphological simplicity, are distributed across diverse phylogenetic lineages. Importantly, several amoebae species pose substantial threats to human health. For instance, *Naegleria fowleri*, widely known as the “brain-eating amoeba”, causes primary amebic meningoencephalitis (PAM), an acute and usually fatal infection of the central nervous system that attracted renewed attention following the 2025 outbreak in India. Another key pathogen, the intestinal parasite *Entamoeba histolytica*, accounts for millions of new infections around the world each year. Beyond direct amoebic infection, an even greater concern is the role of free-living amoebae (FLA) as environmental reservoirs for bacteria such as *Legionella* and *Mycobacterium*. These so-called amoeba-resisting bacteria can survive and replicate within amoebic trophozoites or cysts, thereby enhancing their persistence and dissemination in the environment through what is often referred to as the “Trojan horse” effect.

The remarkable adaptability of FLA is largely attributable to their two-stage life cycle, which alternates between an active, feeding trophozoite and a dormant, thick-walled cyst. During the trophozoite stage, most FLA are metabolically active and capable of rapid proliferation under favorable conditions. The cyst form confers pronounced resistance to environmental stressors, including desiccation, conventional chemical disinfectants, and temperature fluctuations, allowing these organisms to persist until conditions become favorable again. FLA also readily colonize biofilms and establish close associations with bacteria, fungi, and other microorganisms. Within these complex microbial communities, FLA may provide protective niches that enhance the survival of associated microbes and reduce the efficacy of eradication measures. In addition, such interactions may facilitate the environmental dissemination of antibiotic resistance genes (ARGs) through intensified microbial exchange and selection within shared microhabitats.

The health risks associated with amoebae arise through two distinct yet interconnected pathways. First, some amoebae species act as primary pathogens, such as *Naegleria fowleri*, *Acanthamoeba* spp., or *Entamoeba histolytica*, all of which are capable of directly invading human tissues. Second, even non-pathogenic FLA can indirectly elevate public health risks by harboring pathogenic bacteria within their cells, a relationship that may enhance bacterial virulence, persistence, and antimicrobial resistance. Accurately assessing the magnitude of these risks remains challenging. Harmful strains are often difficult to distinguish from non-pathogenic relatives, conventional microscopy offers limited taxonomic resolution, and molecular methods such as PCR detect nucleic acids without reliably indicating organism viability. Effective control of FLA therefore requires integrated and multi-barrier strategies. Evidence from PCR- and metagenomics-based studies indicates that FLA are more diverse and more widespread in water systems than previously recognized. Their cysts exhibit substantial resistance to conventional treatments, including heat, ultraviolet irradiation, filtration, and chlorination when applied individually. More promising approaches include combined disinfection strategies, such as sequential ozone, UV, and residual chlorine treatment, as well as emerging technologies including electrocatalytic oxidation and antimicrobial peptides. Once infection has occurred, particularly in the central nervous system, treatment remains difficult. Combination therapy, often including miltefosine, is commonly used, but drug delivery to the infection site is limited, and surviving cysts may contribute to relapse. Overall, amoebae represent a multidimensional biological risk. They are not merely independent pathogens, but integral components of microbial networks capable of accumulating, protecting, and disseminating health threats. Future efforts should therefore integrate advanced monitoring technologies, innovative combined control strategies, and interdisciplinary research spanning ecology, environmental engineering, and public health to better mitigate these pervasive risks.

protozoa, amoebae, biological risks, symbionts, microbial risk control

doi: [10.1360/CSB-2025-6021](https://doi.org/10.1360/CSB-2025-6021)