



[DOI]10.3969/j.issn.1001-9057.2024.03.001

<http://www.lcnkzz.com/CN/10.3969/j.issn.1001-9057.2024.03.001>

· 综述与讲座 ·

肺部感染的微生物谱变迁

邹清华 彭宜红

[摘要] 肺部感染是指由微生物等感染因子引起的肺组织炎症和病变,临床可表现为肺炎、支气管炎和细支气管炎等疾病,甚至危及生命,其发病率高、传播范围广,对人类健康造成严重威胁。由于疫苗及抗生素的普及、人类社会及环境因素变化、临床介入诊疗技术的广泛使用及免疫功能低下人群的增加等因素,导致肺部感染病原谱日趋复杂,主要表现为经典的肺部感染病原体的流行规律发生改变、新发病原体不断出现、耐药性微生物感染日趋严峻、机会感染持续增加,这些变迁给肺部感染性疾病的防治提出了新的挑战。本文围绕肺部感染的微生物谱变迁进行简要综述,以助于采取有效措施对肺部感染进行预防和控制。

[关键词] 肺部感染; 微生物谱; 变迁; 新发病原体; 耐药; 机会感染

[中图分类号] R563.3 **[文献标识码]** A

肺部感染是指肺部因细菌、病毒、真菌或寄生虫等引起的肺组织发生炎症病变,可能导致肺炎、支气管炎等,甚至威胁生命。目前,无论在发达国家还是发展中国家,肺部感染导致的肺炎等肺部感染性疾病仍是一种严重威胁人类健康的常见且高发的疾病,对其进行有效的预防和治疗至关重要。目前,由于疫苗及抗菌药物的使用、人类社会及环境因素变化、介入诊疗技术的广泛使用及免疫功能低下人群增加等因素,引起肺部感染的微生物谱日趋复杂,从过去以肺炎链球菌等细菌为主,到目前包括了细菌、真菌、衣原体、支原体、立克次体、病毒等各种微生物及原虫、吸虫、绦虫等寄生虫,导致肺部感染微生物谱不断变迁,具体综述如下。

一、疫苗及抗菌药物的使用改变了部分肺部感染病原体的流行规律

20 世纪 40 年代,青霉素的成功研制为抗生素研究和生产翻开了新篇章,随后,链霉素、氯霉素、四环素、头孢霉素、红霉素、庆大霉素等抗生素相继被发现并广泛应用于临床,使得细菌引起的感染性疾病得到有效控制。同时,随着生活水平的提高和公共卫生水平的改善,特别是疫苗的广泛应用,使得一些曾经称为人类健康“第一大杀手”的传染病,特别是烈性传染病的发病情况得到有效控制。1980 年,WHO 第 33 届大会正式宣布,人类已消灭了由天花病毒引起的烈性传

染病——天花。此外,一些致病微生物导致的肺部感染,如肺炎链球菌、百日咳、白喉、流感嗜血杆菌(HI)、麻疹病毒等所致的感染也大幅下降。在过去的 20 多年里,肺炎链球菌荚膜多糖疫苗涵盖的型别越来越多(7 价、10 价、13 价、15 价、20 价)^[1]。该疫苗在儿童和成人中广泛应用,对降低肺炎链球菌肺炎的发病率发挥了重要作用。HI 感染的流行病学和临床表现也发生了巨大变化。HI b 型(Hib)结合疫苗的广泛应用,使得儿童中 Hib 肺炎等疾病的发病率显著下降^[2]。我国麻疹曾有很高的发病率,卫生部组织制定的《2006-2012 年全国消除麻疹行动计划》使我国儿童麻疹发病率从 2013 年的 20.4/100 万下降至 2018 年的 2.8/100 万,报告的麻疹相关死亡人数从 2015 年的 32 例减少至 2018 年的 1 例。因此,免疫接种是我国控制儿童麻疹广泛流行的有效手段^[3]。

另一方面,疫苗接种曾大幅度降低了百日咳、白喉等的发病率,但目前这些传染病在人群中的流行情况再次抬头。百日咳在全球范围内持续存在,并在多个国家发生周期性流行^[4]。我国也发生了百日咳在幼儿、青少年和成人人群中持续传播的情况^[5]。与此同时,白喉在东欧几个国家死灰复燃。这些传染病流行情况再度上升的原因主要是由于婴幼儿的免疫覆盖率不足及接种疫苗的成人人群免疫保护力下降所致^[6]。百日咳鲍特菌变异菌株的出现也是百日咳大幅回升的一个重要因素^[7]。百日咳鲍特菌变异株因不表达百日咳死疫苗中所包含的抗原成分,如黏附素蛋白等,从而导致疫苗保护力下降。此外,流感等经典的呼吸道病毒

基金项目:国家重点研发计划(2021YFC230170104)

作者单位:100191 北京,北京大学医学部病原生物学系

通讯作者:彭宜红,E-mail:ypeng78@bjmu.edu.cn

性传染病仍引起不同程度的流行。2009 年“甲型 H1N1 流感”是由甲型 H1N1 流感病毒新变异株 [A(H1N1) pdm09] 引起,其源自于墨西哥和美国加州流行的“猪流感”,并迅速导致全球人类感染大流行,估计造成 20 万~50 万人死亡^[8-9]。由于流感病毒的变异性,WHO 要求每年在流感病毒监测数据的基础上更新下一年度流感疫苗的病毒流行株组份,以保持疫苗的有效性,从而应对流感对人类的持续挑战。

由此可见,经典的肺部感染微生物谱的流行情况呈现为下降、下降后再度上升及持续流行的复杂多变规律。

二、引起肺部感染的新发病原体不断出现,对人类健康造成巨大威胁

近半个世纪以来,由于全球气候变暖、经济高速发展及扩张对生态环境的改变、全球化进程加速导致的国际交往日趋频繁等因素,新的传染病病原体不断出现,人类面临新发和再现病原体的双重威胁。新发传染病病原体种类繁多,以病毒居多,且多为人畜共患。新发传染病通常具有突发性、高度传染性和高致病性,人群缺乏免疫力,因此可以迅速传播,甚至导致重症呼吸道疾病和高死亡率。此外,新发传染病病原体通常具有高度变异性,可迅速产生新的变异株,使疫苗和药物的研发更加复杂,增加了控制和防止传播的难度。

据统计,自 1972 年以来,全球新发现的病原微生物已有近 40 余种,其中 30 余种已在我国出现^[10]。新发传染病中,以通过呼吸道传播、呼吸道症状先发及为主,突发性、暴发性、全球性、高发病率和高死亡人数的病毒性肺炎最为突出。21 世纪初起,严重急性呼吸综合征(SARS)冠状病毒(SARS-CoV)、中东呼吸综合征(MERS)冠状病毒(MERS-CoV)和 SARS 冠状病毒 2(SARS-CoV-2)成为新发肺部感染病原体的典型代表。SARS 最早于 2002 年冬季暴发,随后从东南亚扩散至十余个国家,直至 2003 年中旬才得到控制。MERS-CoV 最早于 2012 年在沙特阿拉伯发现,其传播途径主要涉及与骆驼的接触,导致严重的 MERS。SARS-CoV-2 于 2019 年底暴发,该病毒的高度传染性使其迅速传播,导致全世界 COVID-19 大流行。截至 2024 年 3 月 3 日,SARS-CoV-2 感染的报告病例已达 774 834 251 人次,造成全世界 7 037 007 例死亡(<https://data.who.int/dashboards/covid19/>)。这 3 种新型冠状病毒通常以野生动物为宿主,通过人类与动物的密切接触而传播。此外,由于甲型流感病毒不断变异,出现了跨物种传播的病毒株。1997 年,我国香港首次发现了人感染高致病性禽流感病毒(如甲型 H5N1 流感病毒)所致的重症呼吸道感

染病例,2013 年又发现甲型 H7N9 禽流感病毒等通过跨物种传播由禽类至人类,引起重症呼吸道感染。此外,2014 年美国报道了由肠道病毒 D68 导致的 1 000 多例感染患者,其中部分重症患儿出现肺炎和急性弛缓性脊髓炎等呼吸系统和神经系统症状。我国自 2006 年起不断有肠道病毒 D68 散发病例报告^[11]。此外,人呼吸道合胞病毒可引起婴幼儿(特别是 2~6 个月婴幼儿)严重的呼吸道疾病,如细支气管炎和肺炎^[12]。

嗜肺军团菌是 1976 年从美国费城暴发的不明原因肺炎死亡者的肺组织中首次分离出^[13]。该菌广泛分布于自然界淡水、土壤和人工管道水源中,经污染的空气传播,主要引起军团菌病,也是引起医院感染的重要病原菌。

上述情况提示,新发病原体成为肺部感染的重要微生物病原谱成员。

三、肺部感染病原体耐药现象日益严重,对疾病防控提出了新的挑战

自抗生素问世以来,由于不规范用药及畜牧业养殖中滥用抗生素等原因,导致细菌耐药现象日益严重。与肺部感染相关的金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌、HI 等均出现了较高的耐药率。来自我国多中心 6 年的数据显示,肺炎链球菌对大环内酯类和克林霉素耐药的比例高达 95%^[14]。HI 是最常见的导致社区获得性肺炎的病原体之一。在 20 世纪 70 年代初,氨苄青霉素为治疗 HI 感染的首选药物。然而,随着抗生素在全球范围内使用越来越广泛,HI 菌株对氨苄青霉素的耐药性也逐渐增强^[15],目前我国一半以的 HI 菌株对氨苄青霉素耐药,主要是由于菌株产生 β -内酰胺酶^[16]。与此同时,耐药菌种也更加广泛,以粪肠球菌(*Enterococcus faecium*)、金黄色葡萄球菌(*Staphylococcus aureus*)、肺炎克雷伯菌(*Klebsiella pneumoniae*)、鲍曼不动杆菌(*Acinetobacter baumannii*)、铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*)和肠杆菌属细菌(*Enterobacter species*)为代表的 ESKAPE 超级耐药菌给肺部感染的治疗带来了巨大挑战。这些细菌通过基因突变和获得可移动遗传元件对噁唑烷酮类、大环内酯类、喹诺酮类、四环素类、 β -内酰胺类抗生素及作为最后防线的抗生素包括碳青霉烯类、糖肽类和多粘菌素类均产生了耐药性^[17]。

结核病曾因抗菌药物的使用而出现显著下降,然而由于抗生素耐药问题及免疫缺陷人群的增加等原因,近年来全球范围内结核病的发病率大幅回升^[18],这种曾经被有效控制传染病的卷土重来,无疑是全球所面临的严峻挑战。据 WHO 发布的《2022 年全球结核病报告》,2021 年全球仍有超过 1 060 万新发结核病

病例,因结核病死亡人数超过 160 万。2020 年,我国估算的结核病新发患者人数为 84.2 万,从 2019 年的全球第 3 位上升至第 2 位,为全球结核病高负担国家之一。同时结核分枝杆菌耐药率处于较高水平,且更趋向于对主要一线药物耐药和对多种药物耐药,尤其是多重耐药结核分枝杆菌发生率高,应引起重视。

此外,真菌感染的发病率和地理范围都在全球扩大。真菌耐药性的迅速出现及诊断和治疗手段的限制加剧了侵袭性真菌病对全球人类健康的威胁。从上个世纪 70 年代开始,农业使用杀真菌剂保护作物不受真菌如烟曲霉的侵害。随后,欧洲国家由唑类药物耐药的烟曲霉导致肺部等侵袭性曲霉病的流行病学趋势不断上升^[19];此外,可导致肺部侵袭性感染且对氟康唑和棘白菌素耐药的光滑念珠菌和热带念珠菌也逐步出现^[20];新出现的病原真菌如耳念珠菌、毛霉、镰刀菌、赛多孢菌对多种药物均不敏感。在我国,耐药的念珠菌和曲霉菌株也不断出现^[21-22]。

金刚烷胺类或神经氨酸酶抑制剂类曾经是预防和治疗流感的有效药物。但甲型流感病毒很快对金刚烷胺类药物产生了耐药^[23],继而对神经氨酸酶抑制剂类也产生了耐药^[24]。鉴于流感病毒对金刚烷胺类药物的高度耐药性,美国疾病控制与预防中心建议不再使用金刚烷胺预防和治疗甲型流感病毒感染^[25]。

肺炎支原体在全球范围内每 4~7 年出现 1 次流行或地方性的暴发。从 1968~1999 年,大环内酯类耐药支原体仅在少数几个国家有报道,然而自 2000 年开始,肺炎支原体的耐药性显著且持续增加。肺炎支原体的耐药性检测在我国起步较晚,但在一开始就呈现出高耐药率。2015~2020 年北京地区肺炎支原体对大环内酯类药物的耐药率在 90% 以上^[26]。尽管肺炎支原体的耐药性不能增强其毒力,但会增加临床治疗的难度,限制抗生素的选择,如治疗不及时,还会引起更多的并发症。因此,有必要继续推动耐药性的监测。

目前对引起肺部感染的这类耐药性微生物尚无有效的防治措施,感染者多为免疫低下人群,其死亡率高,由此增加了肺部感染病原谱的复杂性及其防控的严峻性。

四、机会感染和医院感染不断增多,严重威胁患者的生命

随着介入诊疗技术的不断普及、器官移植和免疫抑制剂的使用、慢性病和肿瘤患者寿命的延长,使得免疫功能低下或异常人群也相对增多,导致机会致病菌引起的感染及医院感染的发病率持续增加,临床上引起肺部感染的微生物谱呈现出由致病微生物到机会致

病微生物的逐渐变迁。机会致病微生物如大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、沙雷氏菌、阴沟肠杆菌、鲍曼不动杆菌、假单胞菌和念珠菌的感染逐渐增加,甚至以前较为罕见的非结核分枝杆菌引起的肺部感染也屡见不鲜^[27]。呼吸道霉菌感染在有基础性疾病及多脏器功能受损的老年患者中也颇为多见,主要包括白色念珠菌、隐球菌、曲霉菌、毛霉菌等机会致病性真菌,感染与机体抵抗力及菌群失调密切相关。目前,肺部感染的易感人群已从正常人群转变为免疫力低下或缺陷的人群。

自 1981 年发现 HIV 感染者以来,肺部并发症一直是艾滋病患者发病和死亡的常见原因。艾滋病患者通常会合并感染一些在正常人群中罕见的机会致病菌,如粗球孢子菌、组织胞浆菌、马尔尼菲蓝状菌、肺孢子菌、马红球菌、弓形虫等^[28];此外,其他病原体如非结核分枝杆菌(包括鸟胞内分枝杆菌、堪萨斯分枝杆菌等)、隐球菌、曲霉菌属(尤其烟曲霉)引起的肺部感染在艾滋病患者中也较为常见。艾滋病患者肺部感染病原体多样,且多为混合感染,常常是导致其死亡的一个重要原因。

机会致病微生物导致的机会感染和医院感染不断增多,进一步增加了肺部感染病原谱的复杂性及其防控的严峻性。

五、展望

引起肺部感染微生物谱的演变是一个复杂而多层次的过程,是微生物-人类-环境之间复杂相互作用的结果,反映了科学技术发展、社会生活方式的演变及环境的变迁。新发病原体不断出现及耐药现象日益严重,将成为未来肺部感染防治的主要挑战。在面对不断变化的微生物谱时,我们需要深入研究微生物的致病机制、建立有效的微生物病原学诊断方法、研制特效抗感染药物及新型微生物疫苗、积极应对微生物变异引发的严峻耐药问题,有效地监测、控制和预防传染病的发生和流行,结合人工智能等新型技术,从宏观及整体的视角研究微生物与人类健康和疾病的关系,积极应对肺部感染的挑战,逐步实现控制或消灭传染病,维护人类生命健康的目的。

参 考 文 献

- [1] Shirley M. 20-Valent Pneumococcal Conjugate Vaccine: A Review of Its Use in Adults[J]. *Drugs*, 2022, 82(9): 989-999.
- [2] Agrawal A, Murphy TF. Haemophilus influenzae infections in the H. influenzae type b conjugate vaccine era[J]. *J Clin Microbiol*, 2011, 49(11): 3728-3732.
- [3] Ma C, Rodewald L, Hao L, et al. Progress Toward Measles Elimination—China, January 2013–June 2019[J]. *China CDC Wkly*, 2019, 1(2): 21-25.
- [4] Domenech de Cellès M, Magpantay FM, King AA, et al. The pertussis e-

- nigma: reconciling epidemiology, immunology and evolution [J]. Proc Biol Sci, 2016, 283 (1822): 20152309.
- [5] Macina D, Evans KE. Bordetella pertussis in School-Age Children, Adolescents, and Adults: A Systematic Review of Epidemiology, Burden, and Mortality in Asia [J]. Infect Dis Ther, 2021, 10(3): 1115-1140.
- [6] Raza A, Montenegro-Idrogo JJ, Rodriguez-Morales AJ, et al. Vaccination gaps and resurgence of diphtheria in Nigeria: An outbreak simmering for a catastrophe [J]. New Microbes New Infect, 2023, 55: 101187.
- [7] Lam C, Octavia S, Ricafort L, et al. Rapid increase in pertactin-deficient Bordetella pertussis isolates, Australia [J]. Emerg Infect Dis, 2014, 20(4): 626-633.
- [8] Novel Swine-Origin Influenza A (H1N1) Virus Investigation Team, Dawood FS, Jain S, et al. Emergence of a novel swine-origin influenza A (H1N1) virus in humans [J]. N Engl J Med, 2009, 360(25): 2605-2615.
- [9] Garten RJ, Davis CT, Russell CA, et al. Antigenic and genetic characteristics of swine-origin 2009 A (H1N1) influenza viruses circulating in humans [J]. Science, 2009, 325(5937): 197-201.
- [10] 张耿林, 高志良. 新发传染病及防控策略 [J]. 中国病毒病杂志, 2018, 8(4): 252-256.
- [11] Messacar K, Asturias EJ, Hixon AM, et al. Enterovirus D68 and acute flaccid myelitis—evaluating the evidence for causality [J]. Lancet Infect Dis, 2018, 18(8): e239-e247.
- [12] Kim YI, Murphy R, Majumdar S, et al. Relating plaque morphology to respiratory syncytial virus subgroup, viral load, and disease severity in children [J]. Pediatr Res, 2015, 78(4): 380-388.
- [13] McDade JE, Shepard CC, Fraser DW, et al. Legionnaires' disease: isolation of a bacterium and demonstration of its role in other respiratory disease [J]. N Engl J Med, 297(22): 1197-1203.
- [14] Zhou M, Wang Z, Zhang L, et al. Serotype Distribution, Antimicrobial Susceptibility, Multilocus Sequencing Type and Virulence of Invasive Streptococcus pneumoniae in China: A Six-Year Multicenter Study [J]. Front Microbiol, 2021, 12: 798750.
- [15] Hu F, Zhu D, Wang F, et al. Results from the Survey of Antibiotic Resistance (SOAR) 2009-11 and 2013-14 in China [J]. J Antimicrob Chemother, 2016, 71 Suppl 1 (Suppl 1): i33-i43.
- [16] Wang HJ, Wang CQ, Hua CZ, et al. Antibiotic Resistance Profiles of Haemophilus influenzae Isolates from Children in 2016: A Multicenter Study in China [J]. Can J Infect Dis Med Microbiol, 2019, 2019: 6456321.
- [17] De Oliveira DMP, Forde BM, Kidd TJ, et al. Antimicrobial Resistance in ESKAPE Pathogens [J]. Clin Microbiol Rev, 2020, 33(3): e00181-19.
- [18] Iademarco MF, Castro KG. Epidemiology of tuberculosis [J]. Semin Respir Infect, 2003, 18(4): 225-240.
- [19] Bueid A, Howard SJ, Moore CB, et al. Azole antifungal resistance in Aspergillus fumigatus: 2008 and 2009 [J]. J Antimicrob Chemother, 2010, 65(10): 116-118.
- [20] Pfaller MA, Diekema DJ, Turnidge JD, et al. Twenty Years of the SENTRY Antifungal Surveillance Program: Results for Candida Species From 1997-2016 [J]. Open Forum Infect Dis, 2019, 6(Suppl 1): S79-S94.
- [21] Yang X, Chen W, Liang T, et al. A 20-Year Antifungal Susceptibility Surveillance (From 1999 to 2019) for Aspergillus spp. and Proposed Epidemiological Cutoff Values for Aspergillus fumigatus and Aspergillus flavus: A Study in a Tertiary Hospital in China [J]. Front Microbiol, 2021, 12: 680884.
- [22] Wang Q, Cai X, Li Y, et al. Molecular identification, antifungal susceptibility, and resistance mechanisms of pathogenic yeasts from the China antifungal resistance surveillance trial (CARST-fungi) study [J]. Front Microbiol, 2022, 13: 1006375.
- [23] Zhou J, Zou L, Zhang X, et al. Adamantane- and oseltamivir-resistant seasonal A (H1N1) and pandemic A (H1N1) 2009 influenza viruses in Guangdong, China, during 2008 and 2009 [J]. J Clin Microbiol, 2011, 49(7): 2651-2655.
- [24] Hurt AC, Ernest J, Deng YM, et al. Emergence and spread of oseltamivir-resistant A (H1N1) influenza viruses in Oceania, South East Asia and South Africa [J]. Antiviral Res, 2009, 83(1): 90-93.
- [25] Centers for Disease Control and Prevention (CDC). High levels of adamantane resistance among influenza A (H3N2) viruses and interim guidelines for use of antiviral agents—United States, 2005-06 influenza season [J]. MMWR Morb Mortal Wkly Rep, 2006, 55(2): 44-46.
- [26] Wang X, Li MZ, Luo M, et al. Mycoplasma pneumoniae triggers pneumonia epidemic in autumn and winter in Beijing: a multicentre, population-based epidemiological study between 2015 and 2020 [J]. Emerg Microbes Infect, 2022, 11(1): 1508-1517.
- [27] Bryant JM, Grogono DM, Rodriguez-Rincon D, et al. Emergence and spread of a human-transmissible multidrug-resistant nontuberculous mycobacterium [J]. Science, 2016, 354(6313): 751-757.
- [28] Huang L, Crothers K. HIV-associated opportunistic pneumonias [J]. Respirology, 2009, 14(4): 474-485.

(收稿日期: 2024-02-29)

(本文编辑: 周三凤)

· 读者 · 作者 · 编者 ·

2024 年 3 期《临床内科杂志》综述与讲座——“临床肺部感染”栏目导读

肺部感染是临床常见的感染性疾病之一。近年来, 由于疫苗及抗菌药物的使用、人类社会及环境因素变化、介入诊疗技术的广泛使用及免疫功能低下人群增加等因素, 肺部感染的微生物谱及其对抗菌药物的反应等均发生较大变化, 临床医生应根据感染部位、严重程度、合并基础疾病情况、病原体流行病学情况和耐药性等合理选择相应抗菌药物, 提高合理应用抗菌药物的意识, 避免滥用、误用, 减少细菌耐药性的产生。本期“综述与讲座”栏目特别邀请北京大学人民医院呼吸与危重症医学科何权瀛教授为“临床肺部感染”专栏组稿, 并邀请该领域资深专家撰稿。北京大学医学部病原生物学系彭宜红教授撰写的《肺部感染的微生物谱变迁》主要阐述近年来肺部感染微生物谱变迁的原因及其演变情况。北京大学人民医院全科医学科曹照龙教授撰写的《呼吸系统细菌感染的抗菌药物合理使用》对急性上呼吸道感染、急性支气管炎、社区获得性肺炎、慢性阻塞性肺疾病及支气管扩张症合并感染的抗菌药物合理使用进行了系统阐述。北京大学人民医院药学部文睿婷教授撰写的《抗菌药物不良反应监测与评估》主要对抗菌药物常见不良反应的监测进行分类综述, 并对药物不良反应严重程度和关联性的评价方法进行总结分析。北京大学人民医院呼吸与危重症医学科倪文涛教授撰写的《细菌耐药水平的检测及监测》总结了目前检测细菌耐药的经典方法、各种分子技术、新型技术及我国细菌耐药监测体系, 强调监测细菌耐药水平、合理应用抗菌药物的重要性。近年来, 以机器学习和深度学习为代表的人工智能 (AI) 技术相继出现并不断发展, 并逐步应用到医学领域中, 为传统医学带来改革。何权瀛教授撰写的《人工智能在肺炎诊断评估和治疗中的应用》主要阐述 AI 技术在 COVID-19 疫情分析、预测及疾病诊断、评估和治疗中发挥的重要作用, 提出对影像 AI 辅助肺炎诊断研究的建议, 内容前沿。限于篇幅, 更多精彩内容请参阅本期杂志“综述与讲座”栏目各篇文章。您可登陆万方数据库、中国知网、维普网及本刊官方网站 (www.lcnkzz.com) 搜索本期杂志。感谢您持续关注《临床内科杂志》!

本刊编辑部