

· 论 著 · DOI:10.3969/j.issn.1672-9455.2025.15.002

# 急性生理学评分、肠道菌群、PGRN 对重症肺炎患儿预后不良的预测价值\*

李 华<sup>1</sup>, 汪利群<sup>2</sup>, 唐甜甜<sup>2</sup>, 王 昕<sup>1△</sup>, 郭晓波<sup>3</sup>

陕西省西安市儿童医院:1. 儿科;2. 综合内科;3. 检验科, 陕西西安 710000

**摘要:**目的 分析急性生理学评分(APS)、肠道菌群、颗粒蛋白前体(PGRN)对重症肺炎患儿预后不良的预测价值。方法 选取 2022 年 2 月至 2024 年 2 月该院收治的 128 例重症肺炎患儿作为研究对象,根据治疗 28 d 的预后情况分为转归组和预后不良组。比较 2 组 APS、肠道菌群数量、PGRN 水平。采用多因素 Logistic 回归分析重症肺炎患儿预后不良的影响因素。绘制受试者工作特征(ROC)曲线,分析 APS、大肠埃希菌、双歧杆菌、PGRN 对重症肺炎患儿预后不良的预测价值。结果 预后不良组 APS 高于转归组,大肠埃希菌数量多于转归组,双歧杆菌数量少于转归组,血清 PGRN 水平高于转归组,差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。多因素 Logistic 回归分析结果显示,APS 升高、大肠埃希菌数量增多、PGRN 水平升高是重症肺炎患儿预后不良的独立危险因素( $P < 0.05$ ),双歧杆菌数量增多是重症肺炎患儿预后不良的保护因素( $P < 0.05$ )。ROC 曲线分析结果显示,4 项指标联合预测重症肺炎患儿预后不良的曲线下面积(AUC)大于 APS、大肠埃希菌、双歧杆菌、PGRN 单独预测的 AUC( $Z = 2.910, 3.133, 3.332, 3.367$ , 均  $P < 0.05$ )。结论 APS、大肠埃希菌、双歧杆菌、PGRN 联合预测重症肺炎患儿预后不良价值良好,临床可推广应用。

**关键词:**重症肺炎; 儿童; 急性生理学评分; 肠道菌群; 颗粒蛋白前体; 预后; 预测价值

中图法分类号:R725.6;R446.5

文献标志码:A

文章编号:1672-9455(2025)15-2022-05

## Predictive value of acute physiology score, gut microbiota and PGRN for poor prognosis in children with severe pneumonia\*

LI Hua<sup>1</sup>, WANG Liqun<sup>2</sup>, TANG Tiantian<sup>2</sup>, WANG Xin<sup>1△</sup>, GUO Xiaobo<sup>3</sup>

1. Department of Pediatrics; 2. Department of General internal Medicine; 3. Department of Clinical Laboratory, Xi'an Children's Hospital, Xi'an, Shaanxi 710000, China

**Abstract: Objective** To analysis the value of acute physiology score (APS), gut microbiota and granule protein precursor (PGRN) in predicting poor prognosis in children with severe pneumonia. **Methods** A total of 128 children with severe pneumonia admitted to the hospital from February 2022 to February 2024 were selected as the research objects. According to the prognosis of 28 d after treatment, they were divided into outcome group and poor prognosis group. APS, the number of intestinal flora and PGRN levels were compared between the two groups. Multivariate Logistic regression was used to analyze the influencing factors of poor prognosis in children with severe pneumonia, and the receiver operating characteristic (ROC) curve was drawn to analyze the diagnostic value of APS, Escherichia coli, Bifidobacterium and PGRN for poor prognosis in children with severe pneumonia. **Results** The APS in the poor prognosis group was higher than that in the outcome group, and the number of Escherichia coli in the poor prognosis group was greater than that in the outcome group, and the number of Bifidobacterium in the poor prognosis group was less than that in the outcome group, and the serum PGRN level in the poor prognosis group was higher than that in the outcome group, and the differences were all statistically significant ( $P < 0.05$ ). Multivariate Logistic regression analysis showed that increased APS, the number of Escherichia coli and the level of PGRN were independent risk factors for poor prognosis in children with severe pneumonia ( $P < 0.05$ ), and the increased number of Bifidobacterium was a protective factor for poor prognosis in children with severe pneumonia ( $P < 0.05$ ). ROC curve analysis showed that the area under the curve (AUC) of the combination of the 4 indicators in predicting the poor prognosis of children with severe pneumonia was larger than that of APS, Escherichia coli, Bifidobacterium and PGRN alone ( $Z = 2.910, 3.133, 3.332, 3.367$ ; all  $P < 0.05$ ). **Conclusion** APS, Escherichia coli, Bifidobacterium and PGRN have a good value in predicting the poor prognosis of children with severe pneumonia, and

\* 基金项目:陕西省重点研发计划项目(2022SF-206)。

作者简介:李华,女,主治医师,主要从事小儿内科方向的研究。△ 通信作者, E-mail: wangxindy@163.com。

can be applied in clinical practice.

**Key words:** severe pneumonia; children; acute physiology score; gut microbiota; granule protein precursor; prognosis; predictive value

肺炎是临床常见呼吸系统疾病,由于儿童自身免疫系统、呼吸系统发育不成熟,病原菌抵抗能力较弱,感染后易发展为重症肺炎,影响预后<sup>[1-2]</sup>。重症肺炎临床主要表现为多个脏器功能损伤和全身炎症反应,严重威胁患儿生命健康,故采取有效方式评估病情、预后对改善患儿预后具有重要价值<sup>[3-4]</sup>。急性生理学和慢性健康状况评分 II (APACHE II) 是重症患者常用的预后评分系统,但患儿年龄相关因素、既往健康状况均为 0 分,故临床应采用急性生理学评分 (APS) 评估患儿预后,该评分主要以血液生化指标、重要器官功能生理指标为基础,可直观反映病情严重程度<sup>[5]</sup>。肠道菌群与肺炎之间存在相互作用关系,对于宿主过度的炎症反应有一定促进作用,且肠道中病原菌迁移可导致呼吸道感染,加重临床症状<sup>[6-7]</sup>。颗粒蛋白前体 (PGRN) 在多种重症疾病的预后评估中具有重要意义,重症肺炎患儿血清 PGRN 水平变化可能与病情发生、发展存在一定关系,其在机体中水平升高,可加重炎症反应,对重症肺炎患儿预后产生不利影响<sup>[8-10]</sup>。临床关于以上各项指标单独预测重症肺炎患儿预后的研究较多,但各项指标联合预测重症肺炎患儿预后的研究不够深入,故本研究选取 128 例重症肺炎患儿作为研究对象,分析 APS、肠道菌群、PGRN 预测重症肺炎患儿预后不良的价值,以期为临床早期预测重症肺炎患儿预后提供参考。现报道如下。

## 1 资料与方法

**1.1 一般资料** 选取 2022 年 2 月至 2024 年 2 月本院收治的 128 例重症肺炎患儿作为研究对象。纳入标准:(1)符合文献<sup>[11]</sup>中重症肺炎的诊断标准,如血氧饱和度 $<90\%$ ,痰培养结果阳性,重度呼吸窘迫,呼吸频率 $>60$  次/min,临床症状表现为异常嗜睡、持续呕吐、发绀;(2)有肾功能衰竭,血肌酐 $>177 \mu\text{mol/L}$  或每日尿量 $<400$  mL;(3)进行机械通气;(4)肺部病变范围在 48 h 内扩大超过 50%;(5)临床资料完整;(6)入组前未进行系统治疗;(7)发病 12 h 内无镇静药物治疗史;(8)年龄 $<12$  岁。排除标准:(1)合并自身免疫性疾病;(2)肝肾重要脏器功能不全;(3)入组前有免疫抑制剂、抗菌药物等治疗史;(4)合并其他系统基础疾病;(5)合并其他肺部疾病。本研究经本院医学伦理委员会批准(XAETLL109A),患儿家属均签署知情同意书。

## 1.2 方法

**1.2.1 APS 评估** APS<sup>[12]</sup> 由 12 项生理指标[体温、平均动脉压、心率、呼吸频率、动脉血氧分压、动脉血 pH 值、血钠、血钾、血肌酐、血细胞比容、白细胞计数、格拉斯哥昏迷评分(GCS)]组成,总分为 0~60 分,得

分越高,病情越严重。

**1.2.2 肠道菌群检测** 采集患儿入院当天的粪便标本,使用细菌 DNA 提取试剂盒对粪便细菌基因组 DNA 进行分离,设计大肠埃希菌、双歧杆菌 16S 重组 DNA (rDNA) 引物序列,采用荧光定量聚合酶链反应 (PCR) 检测,所提取的 DNA 经过 NanoDrop 分光光度计检测,所有样品  $A_{260}/A_{280}$  比值均为 1.8~2.0。对合格的 DNA 样品采用细菌 16S rDNA 的 V4 区通用引物进行 PCR 扩增,扩增片段长度为 283 bp,引物交由广州基迪奥生物科技有限公司合成。PCR 反应体系为 25  $\mu\text{L}$ 。PCR 产物定量均一化后由广州基迪奥生物科技有限公司进行高通量测序。依据反应曲线、湿便质量计算大肠埃希菌、双歧杆菌菌群数量。

**1.2.3 血清 PGRN 水平检测** 于患儿入院 24 h 内采集 3 mL 空腹静脉血,以 4 500 r/min 离心 15 min,分离血清,使用全自动免疫分析仪(深圳迈瑞生物医疗电子股份有限公司,型号:CL-2000i)及上海康朗生物科技有限公司(货号:KL-PGR-Hu CAS)提供的酶联免疫吸附试验试剂盒检测血清 PGRN 水平。

**1.2.4 随访及分组** 根据治疗 28 d 的预后情况分为转归组和预后不良组。转归组符合以下任意 1 项标准:(1)经治疗后临床症状(如发热、咳嗽、呼吸困难)明显缓解;(2)无需机械通气或血管活性药物支持;(3)生命体征平稳,可正常进食或经口喂养。预后不良组符合以下任意 1 项标准:(1)治疗后病情加重,需升级治疗方案(如增加抗菌药物级别、启动机械通气);(2)治疗 28 d 内死亡。

**1.2.5 资料收集** 收集患儿性别、年龄、发病季节、致病菌种类、体温、氧分压资料。

**1.3 统计学处理** 采用 SPSS26.0 统计软件分析数据。计数资料以例数或百分率表示,组间比较采用  $\chi^2$  检验;符合正态分布的计量资料以  $\bar{x} \pm s$  表示,2 组间比较采用独立样本  $t$  检验。采用多因素 Logistic 回归分析重症肺炎患儿预后不良的影响因素。绘制受试者工作特征 (ROC) 曲线分析 APS、大肠埃希菌、双歧杆菌、PGRN 对重症肺炎患儿预后不良的预测价值。以  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

## 2 结果

**2.1 2 组基线资料比较** 转归组有 85 例患儿,预后不良组有 43 例患儿。2 组性别、年龄、发病季节、致病菌种类、体温、氧分压比较,差异均无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。见表 1。

**2.2 2 组 APS、PGRN 水平及大肠埃希菌、双歧杆菌数量比较** 预后不良组 APS 高于转归组,大肠埃希菌数量多于转归组,双歧杆菌数量少于转归组,血清

PGRN 水平高于转归组,差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。见表 2。

**2.3 重症肺炎患儿预后不良的多因素 Logistic 回归分析** 以重症肺炎患儿预后情况作为因变量(转归 = 0, 预后不良 = 1), 以 APS、大肠埃希菌、双歧杆菌、PGRN(均原值输入)为自变量进行多因素 Logistic 回归分析。结果显示, APS 升高、大肠埃希菌数量增多、PGRN 水平升高是重症肺炎患儿预后不良的独立危险因素( $P < 0.05$ ), 双歧杆菌数量增多是重症肺炎患儿预后不良的保护因素( $P < 0.05$ )。见表 3。

**2.4 APS、PGRN、大肠埃希菌、双歧杆菌对重症肺炎患儿预后不良的预测价值** 以预后不良组为阳性对照, 转归组为阴性对照进行 ROC 曲线分析, 结果显示, 4 项指标联合预测重症肺炎患儿预后不良的曲

下面积(AUC)大于 APS、大肠埃希菌、双歧杆菌、PGRN 单独预测的 AUC( $Z = 2.910, 3.133, 3.332, 3.367$ , 均  $P < 0.05$ )。见图 1、表 4。

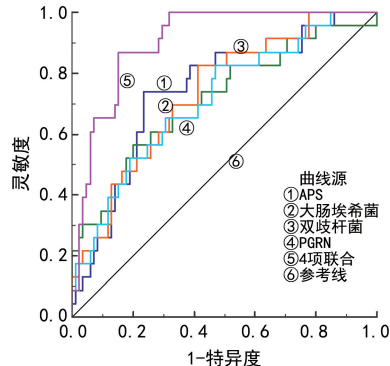


图 1 APS、PGRN、大肠埃希菌、双歧杆菌预测重症肺炎患儿预后不良的 ROC 曲线

表 1 2 组基线资料比较 [ $n(\%)$  或  $\bar{x} \pm s$ ]

组别	<i>n</i>	性别 (男)	年龄 (岁)	发病季节 (春、夏)	致病菌种类 ( $< 2$ 种)	体温 ( $^{\circ}\text{C}$ )	氧分压 (mmHg)
转归组	85	47(55.29)	7.82 $\pm$ 2.03	25(29.41)	51(60.00)	37.79 $\pm$ 0.75	83.41 $\pm$ 13.24
预后不良组	43	23(53.49)	8.03 $\pm$ 2.12	15(34.88)	27(62.79)	38.06 $\pm$ 0.82	80.59 $\pm$ 12.78
$\chi^2/t$		0.038	-0.545	0.398	0.093	-1.864	1.151
<i>P</i>		0.846	0.587	0.528	0.760	0.065	0.252

表 2 2 组 APS、PGRN 水平及大肠埃希菌、双歧杆菌数量比较 ( $\bar{x} \pm s$ )

组别	<i>n</i>	APS(分)	大肠埃希菌(copy/g)	双歧杆菌(copy/g)	PGRN( $\mu\text{g/L}$ )
转归组	85	18.72 $\pm$ 1.85	5.69 $\pm$ 0.75	5.15 $\pm$ 1.08	34.59 $\pm$ 4.86
预后不良组	43	20.73 $\pm$ 1.94	6.54 $\pm$ 0.93	4.06 $\pm$ 0.81	39.77 $\pm$ 5.02
<i>t</i>		-5.712	-5.577	5.835	-5.633
<i>P</i>		$< 0.001$	$< 0.001$	$< 0.001$	$< 0.001$

表 3 重症肺炎患儿预后不良的多因素 Logistic 回归分析

因素	$\beta$	SE	Wald $\chi^2$	<i>P</i>	OR	OR 的 95%CI
APS	0.361	0.161	5.029	0.025	1.435	1.047~1.968
大肠埃希菌	1.793	0.491	13.317	$< 0.001$	6.009	2.294~15.742
双歧杆菌	-1.320	0.387	11.635	0.001	0.267	0.125~0.570
PGRN	0.220	0.072	9.274	0.002	1.246	1.081~1.435

表 4 APS、PGRN、大肠埃希菌、双歧杆菌对重症肺炎患儿预后不良的预测价值

指标	AUC	AUC 的 95%CI	最佳截数值	约登指数	<i>P</i>	灵敏度(%)	特异度(%)
APS	0.743	0.650~0.822	19.845 分	0.504	$< 0.001$	73.91	76.47
大肠埃希菌	0.713	0.617~0.796	6.234 copy/g	0.365	0.001	56.52	80.00
双歧杆菌	0.734	0.640~0.814	4.897 copy/g	0.414	$< 0.001$	82.61	58.82
PGRN	0.713	0.618~0.796	34.548 $\mu\text{g/L}$	0.356	$< 0.001$	82.61	52.94
4 项联合	0.905	0.833~0.953	—	0.717	$< 0.001$	86.96	84.71

注:—表示无数据。

### 3 讨论

重症肺炎是导致学龄前儿童死亡的主要因素之一, 随病情进展可导致多器官衰竭, 严重威胁生命健康, 临床常采用单一评分指标或血清学指标评估患儿预后, 但单一指标评估的准确率较低, 故临床需采取更优的方式早期评估患儿病情, 积极采取合理治疗对策改

善患儿预后。本研究重点对肠道菌群、血清特异性指标在重症肺炎患儿疾病发生、发展中作用机制分析, 为临床医师有效治疗此类疾病提供科学指导<sup>[13-15]</sup>。

在本研究中, APS、血清 PGRN 水平在重症肺炎患儿预后不良组中更高, 大肠埃希菌数量在重症肺炎患儿预后不良组中更多, 而双歧杆菌数量在重症肺炎



患儿预后不良组中更少。APS 是以血液化验为基础,评价机体器官生理功能的评分系统,临床应用于重症肺炎患儿中可较为全面分析患儿生命体征,分值提高,提示患儿病情进展,可能出现心动过速、血流动力学异常,致使肝肾等多器官功能损伤,增加临床治疗难度,导致不良预后。张婷婷等<sup>[16]</sup>研究发现,重症肺炎患儿预后不良组 APS 高于转归组,即随着 APS 升高,患儿多个重要器官功能损伤加重,生理体征越差,病情越严重,更易导致不良预后发生,这与本研究结果基本一致。本研究多因素 Logistic 回归分析结果显示,APS 升高是重症肺炎患儿预后不良的独立危险因素( $P < 0.05$ ),提示临床可将 APS 作为辅助评估重症肺炎患儿预后情况指标,为临床医师针对此类疾病的治疗提供参考。

肠道微生态是机体最重要微生态系统,机体处于健康状况时,肠道微生态处于平衡状态,可抵挡细菌入侵,防止细菌定植,分解肠道有害物质。重症肺炎患儿肠道菌群平衡状况可反映病情进展及预后情况,重症肺炎促使机体免疫系统激活,发生强烈的炎症反应,可能导致肠道屏障功能异常,促使肠道菌群更易进入血液循环,加重患儿临床症状。大肠埃希菌是肠道常见细菌,在健康机体中以共生状态存在,但重症肺炎患儿机体免疫系统异常,肠道屏障功能降低,对大肠埃希菌防御能力减弱,更易致使大肠埃希菌在体内增殖,进入血液循环,加重病情,造成不良预后。双歧杆菌是肠道中重要的有益微生物,可参与形成肠黏膜屏障,抑制有害菌种繁殖,保持肠道菌群稳定,若在重症肺炎患儿机体内数量增多,则有利于患儿预后转归<sup>[17]</sup>。贺姣姣等<sup>[18]</sup>研究发现,重症肺炎新生儿肠道菌群乳酸杆菌、肠杆菌、大肠埃希菌数量增多,双歧杆菌数量减少,表明肠道菌群对于患儿病情有一定影响,而采取益生菌治疗使肠道菌群稳定后,机体应激反应和炎症反应减轻,提示有益菌增多,更有利于疾病恢复,这与本研究结果具有一致性。本研究多因素 Logistic 回归分析结果显示,大肠埃希菌数量增多是重症肺炎患儿预后不良的危险因素( $P < 0.05$ ),双歧杆菌数量增多是重症肺炎患儿预后不良的保护因素( $P < 0.05$ ),故临床需重点对肠道菌群组成成分进行研究,了解肠道菌群与重症肺炎之间的作用机制,优化临床治疗策略,改善患儿预后。

PGRN 是多功能分泌蛋白,由氨基酸组成,在多种免疫性疾病和炎症反应中发挥重要作用,当机体出现急性炎症反应时,血清 PGRN 水平代偿性升高可加重炎症级联反应,重症肺炎患儿血清 PGRN 水平升高可促进多种生物活性物质生成,破坏肺实质,促使气道炎症反应发生,还可促进巨噬细胞迁移和炎症因子表达,破坏肺部组织结构,损伤肺功能,导致不良预后<sup>[19-21]</sup>。赵坤杰等<sup>[22]</sup>研究结果显示,新生儿重症肺炎预后不良组血清 PGRN 水平高于预后良好组,提示血

清 PGRN 水平升高会增加预后不良发生风险,与本研究结果基本一致。本研究多因素 Logistic 回归分析结果显示,血清 PGRN 水平升高是重症肺炎患儿预后不良的危险因素( $P < 0.05$ ),表明临床可重点分析 PGRN 在重症肺炎患儿中具体作用机制,将其作为潜在治疗靶点,为临床后续研究提供科学依据。

进一步分析 APS、大肠埃希菌、双歧杆菌、PGRN 联合及单独检测预测重症肺炎患儿预后不良的价值发现,4 项指标联合相比单一指标检测的 AUC 更大,表明 4 项指标联合检测对重症肺炎患儿预后不良预测价值更高,分析主要原因:多指标联合可更大程度发挥自身优势,多角度反映患儿临床症状,获得更全面信息,准确分析预后情况,临床可将 APS、大肠埃希菌、双歧杆菌、PGRN 联合检测应用于早期对重症肺炎患儿预后不良的预测,为临床对于疾病早期干预提供依据。

综上所述,APS、大肠埃希菌、双歧杆菌、PGRN 联合预测重症肺炎患儿预后不良价值良好,临床可应用推广。本研究不足在于,因时间、临床实际条件限制研究纳入研究样本量较少,可能存在数据偏倚,后续可收集更多样本进行深入研究。

## 参考文献

- [1] ZHANG C Y, LIU T Y, WANG Y X, et al. Metagenomic next-generation sequencing of bronchoalveolar lavage fluid from children with severe pneumonia in pediatric intensive care unit [J]. *Front Cell Infect Microbiol*, 2023, 13: 1082925.
- [2] CHEN D, CAO L, LI W. Clinical characteristics of severe pneumonia in pediatric intensive care unit (PICU) [J]. *BMC Pediatr*, 2023, 23(1): 362.
- [3] LA VECCHIA A, TEKLIE B G, MULU D A, et al. Adherence to WHO guidelines on severe pneumonia management in children and its impact on outcome: an observational study at Jinka General Hospital in Ethiopia [J]. *Front Public Health*, 2023, 11: 1189684.
- [4] ZHANG X, SUN R Y, JIA W Y, et al. A new dynamic nomogram for predicting the risk of severe *Mycoplasma pneumoniae pneumoniae* pneumonia in children [J]. *Sci Rep*, 2024, 14(1): 8260.
- [5] 李涛, 宋超, 王妍. 血清 presepsin、Ghrelin 及 APACHE II 评分评估老年重症肺炎患者预后的价值研究 [J]. *国际检验医学杂志*, 2022, 43(8): 940-944.
- [6] 王丹阳, 王水利, 王贵佐. 肠道菌群与重症肺炎关系的研究进展 [J]. *中国临床研究*, 2023, 36(4): 492-495.
- [7] 钟佩燕, 许怡梦, 叶世贤, 等. 肠道菌群移植对重症肺炎恢复期患者及其肠道微生态影响的初步研究 [J]. *中华危重病急救医学*, 2023, 35(4): 352-357.
- [8] HUANG Q, WENG D L, YAO S F, et al. Progranulin deficiency suppresses allergic asthma and enhances efferocytosis via PPAR- $\gamma$ /MFG-E8 regulation in macrophages [J]. *Immun Inflamm Dis*, 2023, 11(2): e779. (下转第 2032 页)

· 论 著 · DOI:10.3969/j.issn.1672-9455.2025.15.003

# 耐药肺炎克雷伯菌感染脓毒症患者血清 NLRP3、PCT、CCL25 水平及与预后的关系\*

谭晓梅<sup>1</sup>, 谭茂华<sup>1△</sup>, 谭雪梅<sup>1</sup>, 熊琴<sup>1</sup>, 高丽萍<sup>2</sup>

1. 重庆三峡医药高等专科学校附属人民医院检验科, 重庆 404000; 2. 重庆市中医院肿瘤科, 重庆 400021

**摘要:**目的 探讨耐药肺炎克雷伯菌(KP)感染脓毒症患者血清核苷酸结合寡聚化结构域样受体蛋白 3 (NLRP3)、降钙素原(PCT)、趋化因子配体 25(CCL25)水平及与预后的关系。方法 选取 2019 年 3 月至 2024 年 3 月重庆三峡医药高等专科学校附属人民医院收治的 205 例 KP 感染脓毒症患者作为研究组, 根据是否耐药, 将其中 98 例耐药 KP 感染脓毒症患者作为耐药组, 107 例非耐药 KP 感染脓毒症患者作为非耐药组。根据脓毒症严重程度将 205 例 KP 感染脓毒症患者分为严重脓毒症组(89 例)、脓毒症组(116 例)。另选取同期在重庆三峡医药高等专科学校附属人民医院体检的 205 例健康志愿者为对照组。测定耐药 KP 对临床药物的耐药性。根据耐药 KP 感染脓毒症患者入院 28 d 存活情况, 将其分为生存组和死亡组。采用酶联免疫吸附试验检测血清 NLRP3 水平, 采用化学发光法测定血清 PCT、CCL25 水平。采用受试者工作特征(ROC)曲线分析血清 NLRP3、PCT、CCL25 对耐药 KP 感染脓毒症的诊断价值及其对耐药 KP 感染脓毒症患者死亡的预测价值。采用多因素 Logistic 回归分析耐药 KP 感染脓毒症患者死亡的影响因素。结果 98 例耐药 KP 感染脓毒症患者共检出 125 株耐药 KP, 其对头孢唑啉、头孢曲松、头孢他啶、氨曲南、亚胺培南、美洛培南的耐药率 > 90%。严重脓毒症组血清 NLRP3、PCT、CCL25 水平高于对照组和脓毒症组, 且脓毒症组高于对照组, 差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。耐药组血清 NLRP3、PCT、CCL25 水平高于非耐药组, 差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。死亡组血清清蛋白(ALB)水平低于生存组, 血清 NLRP3、PCT、CCL25 水平、急性生理学和慢性健康状况评分 II (APACHE II 评分)及感染相关器官衰竭评分(SOFA)评分高于生存组, 差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。多因素 Logistic 回归分析结果显示, 血清 NLRP3、PCT、CCL25 水平升高是耐药 KP 感染脓毒症患者死亡的危险因素( $P < 0.05$ ), 血清 ALB 水平升高是耐药 KP 感染脓毒症患者死亡的保护因素( $P < 0.05$ )。ROC 曲线分析结果显示, 血清 NLRP3、PCT、CCL25 及 3 项指标联合诊断耐药 KP 感染脓毒症的曲线下面积(AUC)大于 NLRP3、PCT、CCL25 单独诊断的 AUC( $P < 0.05$ ), 3 项指标联合预测耐药 KP 感染脓毒症患者死亡的 AUC 大于 NLRP3、PCT、CCL25 单独预测的 AUC( $P < 0.05$ )。结论 耐药 KP 感染脓毒症患者血清 NLRP3、PCT、CCL25 水平较高, 3 项指标联合检测对耐药 KP 感染脓毒症具有较高的诊断价值, 且与患者死亡有关。

**关键词:**脓毒症; 耐药; 肺炎克雷伯菌; 核苷酸结合寡聚化结构域样受体蛋白 3; 降钙素原; 趋化因子配体 25; 诊断; 预后

中图法分类号: R515.3; R631

文献标志码: A

文章编号: 1672-9455(2025)15-2026-07

## Serum levels of NLRP3, PCT and CCL25 in patients with sepsis caused by drug-resistant *Klebsiella pneumoniae* infection and their relationship with prognosis\*

TAN Xiaomei<sup>1</sup>, TAN Maohua<sup>1△</sup>, TAN Xuemei<sup>1</sup>, XIONG Qin<sup>1</sup>, GAO Liping<sup>2</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Affiliated People's Hospital of Chongqing Three Gorges Medical College, Chongqing 404000, China; 2. Department of Oncology, Chongqing Hospital of Traditional Chinese Medicine, Chongqing 400021, China

**Abstract: Objective** To investigate the serum levels of nucleotide-binding oligomerization domain-like receptor protein 3 (NLRP3), procalcitonin (PCT), chemokine ligand 25 (CCL25) in patients with sepsis caused by drug-resistant *Klebsiella pneumoniae*(KP) infection and their relationship with prognosis. **Methods** A total of 205 patients with sepsis caused by KP infection admitted to the Affiliated People's Hospital of Chongqing Three Gorges Medical College from March 2019 to March 2024 were selected as the study group. According to whether they were drug-resistant or not, 98 patients with sepsis caused by drug-resistant KP infection were classified as the drug-resistant group, and 107 patients with sepsis caused by non-drug-resistant

\* 基金项目: 重庆市 2021 年科卫联合中医药技术创新与应用发展项目(2021ZY023924)。

作者简介: 谭晓梅, 女, 主管技师, 主要从事微生物细菌耐药性方向的研究。△ 通信作者, E-mail: Tan163163111@163.com。