·案例分析·

# 重症鹦鹉热衣原体肺炎合并急性呼吸窘迫综合征 1 例临床特征及预后分析*

蓝官引，孙雪皎△

（广西医科大学附属柳州市人民医院呼吸与危重症医学科，广西 柳州 545006）

［摘　要］ 分析该院收治的 1 例高龄重症鹦鹉热衣原体肺炎合并急性呼吸窘迫综合征患者的临床特征及预后。通过宏基因组二代测序技术（mNGS）辅助诊断鹦鹉热衣原体肺炎，经治疗好转出院。提示 mNGS 对诊断这种少见、复杂的感染性疾病是有效的补充手段，可尽早明确病原学依据，早期实现精准治疗，降低漏诊、误诊率。

［关键词］ 鹦鹉热衣原体；　肺炎；　急性呼吸窘迫综合征；　基因二代测序；　病例报告

**DOI**：10.3969/j.issn.1009-5519.2023.15.036　　**中图法分类号**：R374＋.2；R563.1

**文章编号**：1009-5519(2023)15-2690-04　　**文献标识码**：B

社区获得性肺炎（CAP）是指在医院外感染的肺炎，包括有明确潜伏期的病原体、入院后潜伏期内发病的肺炎。我国成人 CAP 最常见致病的病原体为肺炎支原体及肺炎链球菌，其他常见的病原体有流感嗜血杆菌、肺炎克雷伯杆菌和金黄色葡萄球菌[1]。YANG 等[2]研究表明，79.3％的患者年龄大于 50 岁，说明感染鹦鹉热的患者中老年患者占比增加。人类感染鹦鹉热后主要表现为 CAP，约 1％的 CAP 病例是由鹦鹉热引起的[3]。本院收治 1 例高龄重症鹦鹉热衣原体肺炎合并急性呼吸窘迫综合征患者，总结其临床资料、影像学及疾病转归，以提高临床医师对该病的认识，并探讨宏基因组二代测序技术（mNGS）在鹦鹉热衣原体肺炎诊断中的应用价值。

## 1　临床资料

患者，男，84 岁。2021 年 12 月 14 日受凉后出现发热，最高体温 39 ℃，伴畏寒、寒战，具体热型不详，伴头痛。2021 年 12 月 15 日到本院就诊，查血常规：白细胞计数 $9.23\times10^{9}$ $L^{-1}$，血红蛋白 106 g/L，血小板计数 $123\times10^{9}$ $L^{-1}$，中性粒细胞百分数 83.7％。C 反应蛋白（CRP）162.44 mg/L。肾功能：肌酐 261.1 μmol/L，尿素 15.90 mmol/L，尿酸 532.2 μmol/L。心肌酶谱：乳酸脱氢酶 265.2 U/L，α 羟基丁酸脱氢酶 196.9 U/L，肌酸激酶 842.5 U/L。电解质、凝血功能大致正常。新型冠状病毒核酸检测阴性。肺部 CT：左肺渗出实变，考虑炎症；右肺上叶结节，拟纤维结节。见图 1。急诊予头孢曲松、奥司他韦抗感染、退热处理后拟“肺部感染”收入院。既往有高血压、糖尿病、冠心病（2018 年行心脏支架置入术）、慢性胃炎、肾结石病史。有饮酒史 50 余年，每天 100 mL，未戒酒。无吸烟史。流行病学调查史阴性。入院查体：体温 38.9 ℃，脉搏 91 次/分，呼吸频率 21 次/分，血压 158/71 mm Hg（1 mm Hg＝0.133 kPa）；神清，急性病面容。双肺呼吸音粗，左肺可闻及湿性啰音。心、腹查体无特殊。初步诊断：（1）肺部感染；（2）冠心病，心功能Ⅱ级；（3）高血压 3 级（极高危）；（4）2 型糖尿病；（5）肾功能不全；（6）高尿酸血症；（7）头皮挫伤；（8）腔隙性脑梗死。入院考虑为 CAP，予哌拉西林他唑巴坦 4.5 g，每 12 小时 1 次抗感染等对症治疗。2021 年 12 月 16 日患者氧饱和度下降，复查 CRP 268.04 mg/L，降钙素原（PCT）6.360 ng/mL，考虑肺部感染加重，升级抗菌药物为美罗培南 0.5 g，每 8 小时 1 次。并予心电监护、高流量氧疗（流速 35 L/min，浓度 50％）、解痉平喘等治疗。2021 年 12 月 18 日血气分析：pH 7.344，二氧化碳分压 31.1 mm Hg，氧分压 93.1 mm Hg，氧合指数 129 mm Hg，考虑患者出现急性呼吸窘迫综合征（ARDS），继续予面罩高流量吸氧、按原方案继续抗感染后体温降至正常。继续予美罗培南抗感染，下调高流量氧疗流速。2021 年 12 月 20 日患者出现双侧鼻腔出血，考虑出血量多，予手术止血处理，术后指脉氧饱和度 82％，考虑患者病情危重，遂转入重症监护病房（ICU）。2021 年 12 月 21 日复查血常规：白细胞计数 $7.69\times10^{9}$ $L^{-1}$，血红蛋白 70 g/L，中性粒细胞百分数 86.9％。肾功能：胱抑素 3.61 mg/L，肌酐 275.1 μmol/L，尿素 22.42 mmol/L，尿酸 487.6 μmol/L。CRP 137.56 mg/L。血气分析：pH 7.52，氧分压 74 mm Hg，二氧化碳分压 24 mm Hg，碳酸氢盐 19.6 mmol/L，乳酸 1.1 mmol/L，钾 3.6 mmol/L，钠 138 mmol/L，氧合指数 135 mm Hg。复查肺部 CT 提示双肺炎症较前增多。见图 2。调整抗菌药物方案为美罗培南 0.5 g、每 8 小时 1 次＋莫西沙星 250 mL、每天 1 次＋米卡芬净 150 mg、每天 1 次抗感染，持续呼吸机辅助通气、及时调整

*　**基金项目**：广西壮族自治区自然科学基金项目（2020GXNSFBA159055）；广西壮族自治区柳州市科技计划项目（2020NBAB0830）。

△　**通信作者**，E-mail：jiao_27@163.com。

呼吸机参数潮气量，辅以镇静镇痛减少耗氧、血管活性药维持血压、营养支持等治疗，并进行纤维支气管镜检查，于各肺叶进行肺泡灌洗，回收 5 mL 灌洗液送基因二代测序技术（NGS）检测。2021 年 12 月 25 日病原微生物高通量基因检测结果（Q-mNGS™）检出细菌列表：鹦鹉热衣原体，序列数为 104，相对丰度为 11.57%。结合患者临床表现及病原学检查结果诊断为鹦鹉热衣原体肺炎，调整抗菌药物为美罗培南 0.5 g、每 8 小时 1 次＋莫西沙星 250 mL、每天 1 次＋多西环素 100 mg、每 12 小时 1 次抗感染。经治疗好转后调整抗菌药物方案为哌拉西林他唑巴坦 4.5 g、每 8 小时 1 次＋莫西沙星 250 mL、每天 1 次＋多西环素 100 mg、每 12 小时 1 次，复查 CRP 64.47 mg/L。1 周后各项指标均下降。2021 年 12 月 29 日（入 ICU 第 8 天）顺利停机拔管，复查 CRP 35.03 mg/L。2021 年 12 月 31 日患者神志清，自主呼吸好，氧合指数可，血流动力学稳定，复查 CRP 17.58 mg/L，转普通病房继续治疗。2021 年 12 月 31 日复查胸部 CT 提示双肺炎症（病灶较前吸收），双肺胸膜增厚，双肺少量胸腔积液较前明显吸收减少。见图 3。2022 年 1 月 4 日复查血常规：白细胞计数 $5.23\times10^{9}$ $L^{-1}$，血红蛋白 77 g/L，中性粒细胞百分数 67.6%。肾功能：肌酐 212.5 μmol/L，尿素 22.38 mmol/L，尿酸 366.4 μmol/L。患者好转出院，出院嘱患者继续口服盐酸多西环素及盐酸莫西沙星片。患者临床特征见表 1。

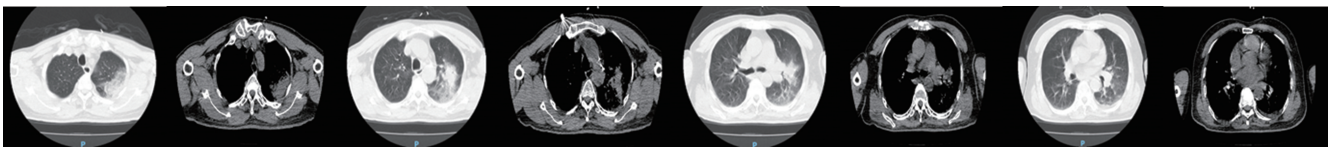

**图 1　2021 年 12 月 15 日胸部 CT 检查**

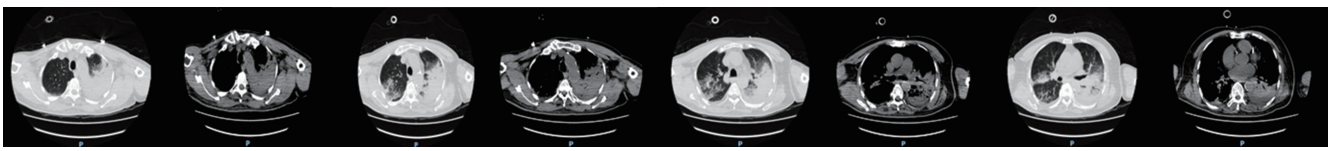

**图 2　2021 年 12 月 21 日胸部 CT 检查**

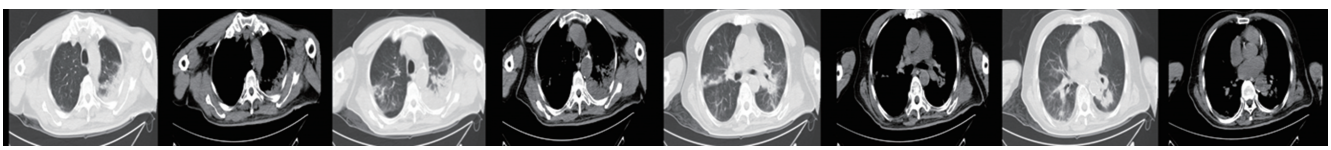

**图 3　2021 年 12 月 31 日胸部 CT 检查**

**表 1　本例患者临床特征**

| 特征 | 病例特点 |
|---|---|
| 职业 | 离退休人员 |
| 感染途径 | 不明 |
| 临床表现 | 高热（最高 39 ℃）、左肺闻及湿啰音 |
| 实验室检查 | 中性粒细胞百分数 83.7%、CRP 162.44 mg/L、PCT 6.360 ng/mL、红细胞沉降率 92 mm/h、白细胞介素-6 58.82 pg/mL；细菌抗体、真菌 D-葡聚糖、细菌培养鉴定及药敏未见异常 |
| mNGS | 鹦鹉热衣原体，序列数为 104，相对丰度为 11.57% |
| 影像学特点 | 双肺炎症、双肺胸腔积液 |
| 抗菌药物方案 | 入院予哌拉西林他唑巴坦（2021 年 12 月 15 日），升级为美罗培南（2021 年 12 月 17 日），调整为美罗培南 0.5 g、每 8 小时 1 次＋莫西沙星 250 mL、每天 1 次＋米卡芬净 150 mg、每天 1 次（2021 年 12 月 21 日），再调整为美罗培南 0.5 g、每 8 小时 1 次＋莫西沙星 250 mL、每天 1 次＋多西环素 100 mg、每 12 小时 1 次抗感染（2021 年 12 月 25 日），出院后予盐酸多西环素及盐酸莫西沙星片 |
| 并发症 | 无 |
| 治疗结局 | 好转后出院 |

## 2　讨　论

该例患者无明确家禽、鸟类等动物接触史，而据文献报道，27%的患者可无直接接触禽类病史[4]。说明与本例患者相似的病例不在少数。此外，鹦鹉热衣原体是严格细胞内寄生的革兰阴性细菌，常暴露在受感染的分泌物、粪便或羽毛中，主要通过呼吸道传播

进入人体[5]。经追问病史，患者的家属代诉患者发病前曾到市场买菜、逛公园，不排除其有间接接触家禽、鸟类史的可能。相关研究表明，对鹦鹉热的流行病学史而言，鹦鹉热衣原体不仅存在于鹦鹉亚科和鸽子中，也存在于家禽中，包括鸡和鸭，是中国最主要的传染源[6]。鹦鹉热衣原体感染宿主细胞后主要存在于细胞包涵体内[7]。由于鹦鹉热衣原体属非典型病原菌，其引起的呼吸道症状不具有典型性，可被误诊为其他常见或罕见病原菌肺炎的可能，具体表现为非典型肺炎。

临床常规肺炎病原学检测方法，如血清学检查、血培养鉴定及药敏试验等对一些非典型或重症肺炎患者在明确病原学诊断的及时性及特异性方面存在一定局限性[8]。传统肺部 X 线和超声等影像学检查并不能体现鹦鹉热衣原体肺炎的病原学特征，在新型冠状病毒感染（新冠感染）流行的大背景下其影像学表现与新冠感染难以区分。因此，这些方法不能取代包括聚合酶链反应、NGS 在内的其他检测手段。目前，基因 NGS 逐渐走向临床，可快速明确病原体[9]。mNGS 还可提供关于鹦鹉热衣原体载量的半定量信息（基于序列读取），这些信息对确定特定微生物是否为多菌样本中的病原体至关重要[5]。如该例患者鹦鹉热衣原体检出的序列数为 104，相对丰度为 11.57%。由此可见，NGS 在临床上的应用不仅可快速明确病原学诊断，更为临床医师在临床用药的选择方面提供了巨大帮助，在一定程度上缩短了患者住院时间及阻止病情进展恶化的可能，减轻了患者的经济负担。

鹦鹉热影像学检查主要表现为间质-实质改变，早期为间质改变，然后可迅速进展为实质受累，进而表现为与大叶性肺炎相似的实变影，并伴有明显的胸腔积液，以单侧为主，该例患者肺部 CT 表现与以往文献报道一致。LEI 等[10]在筛查新冠感染患者时发现 4 名医护人员被鹦鹉热衣原体感染，肺部 CT 改变与新冠感染非常相似，留取支气管肺泡灌洗液送检 mNGS 检测病原学后检测出鹦鹉热衣原体，最后被诊断为鹦鹉热衣原体肺炎。由此可见，就鹦鹉热衣原体肺炎的非典型性而言，精准诊断与精准治疗是必须的。

目前，对重症 CAP 患者的治疗仍以经验性抗感染治疗为主，广谱抗菌药物的选择包括典型病原体和非典型病原体的覆盖。因此，微生物学诊断与肺炎患者的预后极其重要，鹦鹉热衣原体肺炎的推荐治疗方法包括四环素、大环内酯类和喹诺酮类[11]。该例患者使用 β-内酰胺类＋碳青霉烯类＋喹诺酮类＋抗真菌类药物抗感染后复查炎症指标下降趋势不明显，故调整为 β-内酰胺类＋喹诺酮类＋四环素类药物后病情明显得到控制，影像学检查也显示病灶明显吸收，与相关研究结果一致[12]。对不典型病原体仍以四环素类治疗为主[13]。喹诺酮类抗菌药物对鹦鹉热衣原体也具有一定疗效，但四环素类药物现今仍是治疗鹦鹉热衣原体肺炎的一线用药。

该例患者入院诊断为 CAP，考虑患者高龄、基础疾病较多，入院初期病原学诊断不明确，故经验性选择 β-内酰胺类/β-内酰胺酶抑制剂哌拉西林他唑巴坦抗革兰阴性杆菌、革兰阳性球菌，但用药后体温高峰持续不下降，复查感染指标无明显下降，不能排除耐药菌感染，随后调整抗菌药物为碳青霉烯类美罗培南。但病原学结果仍未回报，患者病情急剧加重，炎症指标居高不下且影像学表现进展迅速，加用氟喹诺酮类莫西沙星抗不典型病原菌如支原体、衣原体等，以及予米卡芬净抗真菌，并将肺泡灌洗液送检 mNGS。病原学回报提示鹦鹉热衣原体肺炎后及时调整抗菌药物为美罗培南＋莫西沙星＋多西环素抗感染，实现了对该例患者感染性疾病的精准治疗，患者临床症状、氧合指数、炎症指标及影像学表现较前明显改善。

该例患者经验性使用广谱抗菌药物抗感染后疗效不明显，病情急剧变化，入院第 11 天才明确病原学诊断。由此提示临床医师，不明原因发热且年龄大、基础疾病多的患者应在入院第一时间或经验用药 3～5 d 后疗效不明显时，尽早进行病原学检测排除不典型病原菌感染，并给予积极的精准治疗，避免应用广谱抗菌药物引起细菌耐药、延长患者住院时间，以减轻患者经济负担，降低病死率及改善患者预后。

近年来，鹦鹉热衣原体肺部感染呈逐年上升趋势，与该例患者一样，不少文献报道鹦鹉热可致重症肺炎或合并 ARDS 的发生，但经治疗后均好转出院[14-16]。该例患者入院时炎症指标明显偏高，但氧合指数相对稳定，随着病情发展，氧合指数急剧下降后转入 ICU 进一步治疗，转入后第 4 天明确病原学诊断，经治疗好转出院，电话随访患者表示目前无明显不适。

综上所述，该例鹦鹉热衣原体肺炎患者临床特征大致与其他文献报道类似，其预后良好。而 mNGS 在临床的应用越来越广泛，对诊断这种少见、复杂的感染性疾病是有效的补充手段。

## 参考文献

[1] 程齐俭. 关于“中国成人社区获得性肺炎诊断和治疗指南（2016 年版）中重症肺炎诊断标准的商榷”的回复[J]. 中华结核和呼吸杂志，2017，40(8)：640.

[2] YANG M，YANG D H，YANG H，et al. Clinical characteristics of chlamydia psittaci pneumonia infection in central south China[J]. Infect Dis Ther，2022，11(4)：1631-1647.

[3] HOGERWERF L，DE GIER B，BAAN B，et al. Chlamydia psittaci（psittacosis）as a cause of

community-acquired pneumonia：A systematic review and meta-analysis[J]. Epidemiol Infect，2017，145(15)：3096-3105.
[4] BALSAMO G，MAXTED A M，MIDLA J W，et al. Compendium of measures to control chlamydia psittaci infection among humans (psittacosis) and pet birds (avian chlamydiosis)，2017[J]. J Avian Med Surg，2017，31(3)：262-282.
[5] WU H H，FENG L F，FANG S Y. Application of metagenomic next-generation sequencing in the diagnosis of severe pneumonia caused by chlamydia psittaci[J]. BMC Pulm Med，2021，21(1)：300.
[6] CHEN X，CAO K，WEI Y，et al. Metagenomic next-generation sequencing in the diagnosis of severe pneumonias caused by chlamydia psittaci[J]. Infection，2020，48(4)：535-542.
[7] KIM S H，KWON Y K，PARK C K，et al. Identification of campylobacter jejuni and chlamydia psittaci from cockatiel (nymphicus hollandicus) using metagenomics[J]. BMC Genomics，2021，22(1)：797.
[8] 王欠欠，封继宏，李云辉，等. 宏基因组二代测序诊断鹦鹉热衣原体肺炎 4 例[J]. 江苏医药，2022，48(9)：895-900.
[9] 《中华传染病杂志》编辑委员会. 中国宏基因组学第二代测序技术检测感染病原体的临床应用专家共识[J]. 中华传染病杂志，2020，38(11)：681-689.
[10] LEI J H，XU Y，JIANG Y F，et al. Clustering cases of chlamydia psittaci pneumonia in coronavirus disease 2019 screening ward staff[J]. Clin Infect Dis，2021，73(9)：e3261-e3265.
[11] CILLÓNIZ C，TORRES A，NIEDERMAN M，et al. Community-acquired pneumonia related to intracellular pathogens[J]. Intensive Care Med，2016，42(9)：1374-1386.
[12] SHI Y，CHEN J，SHI X，et al. A case of chlamydia psittaci caused severe pneumonia and meningitis diagnosed by metagenome next-generation sequencing and clinical analysis：A case report and literature review[J]. BMC Infect Dis，2021，21(1)：621.
[13] ESHWARA V K，MUKHOPADHYAY C，RELLO J. Community-acquired bacterial pneumonia in adults：An update[J]. Indian J Med Res，2020，151(4)：287-302.
[14] 丁振洋，朱飞，刘芳. 鹦鹉热衣原体重症社区获得性肺炎 1 例[J]. 医学理论与实践，2021，34(20)：3603-3605.
[15] 蒋云，杨秋香，邓玎玎. 鹦鹉热衣原体致重症社区获得性肺炎 1 例[J]. 中国感染与化疗杂志，2021，21(6)：732-733.
[16] 张文弢，任长娟，张瑞侠. 鹦鹉热衣原体致重症社区获得性肺炎 1 例[J]. 安徽医学，2022，43(5)：615-616.

（收稿日期：2022-11-09　修回日期：2023-03-08）

**· 案例分析 ·**

# 人工智能与 3D 打印技术辅助二次翻修无菌性松动人工全髋关节 1 例

朱家庆，夏天卫，沈计荣△
（南京中医药大学附属医院/江苏省中医院骨伤科，江苏 南京 210029）

**［摘　要］** 术后感染造成的无菌性松动是导致人工全髋关节置换术翻修的最主要原因，骨缺损的处理及术后假体的稳定性是术中一直存在的难题。人工智能术前规划及 3D 打印技术的出现可为翻修手术提供更多帮助，降低手术失败风险。回顾性分析 2022 年 7 月 18 日该院收治的 1 例全髋关节翻修术后出现无菌性松动二次翻修患者的临床资料，并结合术中难点及术中使用的新技术进行讨论，以期为新技术的推广应用提供参考依据。

**［关键词］** 全髋关节置换术；　人工智能；　3D 打印技术；　无菌性松动；　病例报告
**DOI**：10.3969/j.issn.1009-5519.2023.15.037　　**中图法分类号**：R687.4＋2
**文章编号**：1009-5519(2023)15-2693-06　　**文献标识码**：B

人工髋关节翻修术是目前解决全髋关节置换（THA）术后出现假体松动、关节感染、患肢运动障碍等问题最直接、有效的方法[1]。THA 术虽然可帮助髋关节疾病患者减轻痛苦，提高生活质量，改善髋关

△ **通信作者**，E-mail：joint66118@sina.com。