

DOI:10.13350/j.cjpb.241210

• 论著 •

胸腔积液患者病原菌分布及胸水中 sTREM-1、Presepsin 水平对良恶性的诊断价值^{*}

刘秋霞^{**}, 顾玉, 龚志平, 王媛媛
(承德市中心医院检验科, 河北承德 067000)

【摘要】 **目的** 探究胸腔积液患者病原菌分布及胸水中可溶性髓系细胞触发受体-1(sTREM-1)、可溶性白细胞分化抗原 14 亚型(Presepsin)水平对良恶性的诊断价值。 **方法** 选择本院诊治的胸腔积液患者,其中良性胸水 67 例记为良性组,恶性胸水 133 例记为恶性组。全自动细菌鉴定及药敏分析仪对患者胸水中病原菌分布进行鉴定,全自动生化分析仪检测患者肌酐(Cre)、白蛋白(Alb)、乳酸脱氢酶(LDH)、腺苷脱氨酶(ADA)、癌胚抗原(CEA)、免疫球蛋白 G(IgG)水平。ELISA 检测患者 C-反应蛋白(CRP)、肿瘤坏死因子- α (TNF- α)(88-7346-88)、降钙素原(PCT)、sTREM-1、Presepsin 水平。多因素 Logistic 回归分析胸水良恶性的影响因素;Pearson 相关性分析 sTREM-1、Presepsin 水平与生化指标、炎症指标的相关性;ROC 曲线分析 sTREM-1、Presepsin 水平对恶性胸水的诊断价值,Z 检验比较 AUC 的差异。 **结果** 200 例胸水样本中,共检测出 384 株病原菌,结核分枝杆菌占比最高,为 55.99%;恶性组 Alb、Cre 水平降低,ADA、CEA、CRP、TNF- α 、PCT、sTREM-1、Presepsin 水平升高($P < 0.05$);sTREM-1、Presepsin 水平与 Alb 水平呈负相关,与 ADA、CRP、TNF- α 、PCT 水平呈正相关($P < 0.05$);sTREM-1、Presepsin 诊断恶性胸腔积液的 AUC 为 0.809、0.813,联合诊断的 AUC 为 0.922,优于各自单独诊断($Z_{\text{两者联合-sTREM-1}} = 4.506$ 、 $Z_{\text{两者联合-Presepsin}} = 2.957$,均 $P < 0.05$)。 **结论** 恶性胸水中,sTREM-1、Presepsin 水平升高,并与生化指标和炎症指标水平相关,两者联合诊断患者恶性胸水价值高于单独诊断,为临床诊断提供理论支持。

【关键词】 胸腔积液;病原菌分布;可溶性髓系细胞触发受体-1;可溶性白细胞分化抗原 14 亚型;良恶性

【文献标识码】 A **【文章编号】** 1673-5234(2024)12-1442-05

[Journal of Pathogen Biology. 2024 Dec.;19(12):1442-1446.]

Distribution of pathogens in patients with pleural effusion and the diagnostic value of sTREM-1 and Presepsin levels in pleural effusion for benign and malignant pleural effusion

LIU Qiuxia, GU Yu, GONG Zhiping, WANG Yuanyuan (Laboratory Department, Chengde Central Hospital, Chengde, Hebei 067000, China)^{***}

【Abstract】 **Objective** To investigate the distribution of pathogens in patients with pleural effusion and the diagnostic value of soluble triggering receptor expressed on myeloid cells-1 (sTREM-1) and soluble cluster of differentiation 14 subtype (Presepsin) levels in pleural effusion for benign and malignant pleural effusion. **Methods** This study selected patients with pleural effusion who were treated in our hospital, among them, 67 cases of benign pleural effusion were recorded as the benign group, and 133 cases of malignant pleural effusion were recorded as the malignant group. Fully automated bacterial identification and drug sensitivity analyzer were applied to identify the distribution of pathogens in the pleural effusion. Fully automated biochemical analyzer was applied to detect the levels of creatinine (Cre), albumin (Alb), lactate dehydrogenase (LDH), adenosine deaminase (ADA), carcinoembryonic antigen (CEA), and immunoglobulin G (IgG) in patients. ELISA was applied to detect levels of C-reactive protein (CRP), tumor necrosis factor- α (TNF- α), procalcitonin (PCT), sTREM-1, and Presepsin in patients. Multivariate logistic regression was applied to analyze the influencing factors of benign and malignant pleural effusion. Pearson correlation was applied to analyze the correlation between sTREM-1, Presepsin levels and biochemical and inflammatory indicators. The ROC curve was applied to analyze the diagnostic value of sTREM-1 and Presepsin levels for malignant pleural effusion. Z-test was applied to compare the differences in AUC. **Results** Out of 200 pleural effusion samples, a total of 384 strains of pathogens were detected, with the highest proportion being Mycobacterium tuberculosis, accounting for 55.99%. The levels of Alb and Cre decreased in the malignant group, while the levels of ADA, CEA, CRP, TNF- α , PCT, sTREM-1, and Presepsin increased ($P < 0.05$). The levels of sTREM-1 and Presepsin were negatively correlated with the level of Alb, and

* **【基金项目】** 承德市科技计划项目(No. 202002A081)。

** **【通讯作者(简介)]** 刘秋霞(1977-),女(满族),河北阜城人,硕士,副主任技师,研究方向:肿瘤免疫。E-mail:13031401949@163.com

positively correlated with the levels of ADA, CRP, TNF- α , and PCT ($P < 0.05$). The AUC of sTREM-1 and Presepsin in diagnosing malignant pleural effusion was 0.809 and 0.813, while the AUC of the combined diagnosis was 0.922, which was better than their respective individual diagnoses ($Z_{\text{combination-sTREM-1}} = 4.506, Z_{\text{combination-Presepsin}} = 2.957$, both $P < 0.05$).

Conclusion In malignant pleural effusion, the levels of sTREM-1 and Presepsin are elevated and correlated with biochemical and inflammatory markers. The combined diagnosis for malignant pleural effusion is more valuable than individual diagnosis, providing theoretical support for clinical diagnosis.

【Keywords】 pleural effusion; distribution of pathogens; soluble triggering receptor expressed on myeloid cells-1; soluble cluster of differentiation 14 subtype; benign and malignant

胸腔积液是胸腔内液体的病理性积聚,在常规医疗实践中非常常见。其病因差异很大,最常见的病因是充血性心力衰竭、癌症、肺炎和肺栓塞等^[1]。大部分恶性胸腔积液常表现为大规模单侧渗出性积液,大多数患者出现呼吸困难,胸腔积液的治疗和患者预后取决于对积液精确的鉴别诊断与分类^[2]。因此,寻找准确简便的生物标记物对判断胸水良恶性具有较高的价值。

髓系细胞触发受体-1 (Triggering receptor expressed on myeloid cells-1, TREM-1)是髓系细胞触发受体家族的免疫球蛋白样膜受体成员,选择表达于中性粒细胞和巨噬细胞表面,可溶性 TREM-1 (soluble TREM-1, sTREM-1)是一种在金属蛋白酶以及促炎介质刺激后释放的可溶性分子^[3]。sTREM-1已被证明可作为可作为机体炎症严重程度的预测因子, TREM-1通路的激活导致中性粒细胞、树突状细胞等快速产生炎症因子(白细胞介素-6等),在不同病原菌感染期间以及慢性炎症疾病中增加炎症^[4]。可溶性白细胞分化抗原 14 亚型 (soluble cluster of differentiation 14 subtype, sCD-14-ST)即 Presepsin,是分化标志蛋白 CD14 簇的可溶性 N 末端片段,可识别病原体相关分子模式并启动先天免疫反应,表达并存在于巨噬细胞、单核细胞等,负责内毒素信号的细胞内转导^[5]。在炎症过程中,Presepsin 水平升高,并对病原体感染相对特异,可作为炎症反应的生物标记物^[6]。本研究选择炎症相关因子 sTREM-1、Presepsin 为研究对象,探究两者对胸腔积液良恶性的诊断价值。

对象与方法

1 研究对象

本研究选择 2021 年 2 月至 2024 年 2 月在本院诊治的 200 例胸腔积液患者,其中良性胸水 67 例记为良性组,恶性胸水 133 例记为恶性组。良性组胸水来源为肺炎患者,其中男 32 例,女 35 例,年龄(57.22 ± 11.35)岁,糖尿病 12 例,高血脂 17 例,高血压 23 例,冠心病 8 例,恶性组胸水样本来自肺癌患者 105 例,胃癌患者 28 例,其中男 74 例,女 59 例,年龄(58.36 ±

12.14)岁,糖尿病 28 例,高血脂 42 例,高血压 54 例,冠心病 24 例。比较分析两组一般资料。纳入标准:(1)患者胸水良恶性经细胞学确诊;(2)临床资料完整;(3)恶性组患者为初诊,未经化疗、手术等治疗;(4)患者本人及家属详知本项研究内容并同意参与并配合。排除标准:(1)有重大手术史者;(2)合并免疫性疾病者;(3)合并血液性疾病者;(4)重要脏器功能不全者。

本研究经医院伦理委员会批准认可。

2 研究方法

2.1 病原菌培养及检测 无菌状态下穿刺取胸腔积液患者胸水样本 10 mL, 2 h 内在无菌实验室将样本接种到培养瓶中进行培养,使用全自动细菌鉴定及药敏分析仪(梅里埃, VITEK 2 Compac)对培养基上的菌株进行鉴定。

2.2 生化指标、炎症指标以及 sTREM-1、Presepsin 水平检测 以患者胸水样本为实验材料,全自动生化分析仪(普朗医疗, PUZSN-300X/A)检测患者肌酐(creatinine, Cre)、白蛋白(albumin, Alb)、乳酸脱氢酶(lactate dehydrogenase, LDH)、腺苷脱氨酶(Adenosine deaminase, ADA)、癌胚抗原(carcinoembryonic antigen, CEA)、免疫球蛋白 G (Immunoglobulin G, IgG)水平。ELISA 检测患者 C-反应蛋白(C-reactive protein, CRP)(赛默飞, KHA0031)、肿瘤坏死因子- α (Tumor Necrosis Factor- α , TNF- α)(赛默飞, 88-7346-88)、降钙素原(procalcitonin, PCT)(赛默飞, EHPCT)、sTREM-1(伊莱瑞特, E-EL-H6177)、Presepsin (biocompare, EH4114)水平。Alb 水平升高为恶性胸水的独立保护因素, ADA、CRP、TNF- α 、PCT、sTREM-1、Presepsin 水平升高为恶性胸水的独立危险因素($P < 0.05$)。

3 统计分析

SPSS 25.0 软件对数据进行分析。计量资料(生化指标、炎症指标以及 sTREM-1、Presepsin 水平等)以($\bar{x} \pm s$)表示,两组之间比较用 t 检验,计数资料(性别、合并基础病等)以[$n(\%)$]表示,两组之间比较用 χ^2 检验;多因素 Logistic 回归分析胸水良恶性的影响因素; Pearson 相关性分析 sTREM-1、Presepsin 水平

与生化指标、炎症指标的相关性; ROC 曲线分析 sTREM-1、Presepsin 水平对恶性胸水的诊断价值, Z 检验比较 AUC 的差异。P<0.05 差异有统计学意义。

结 果

1 胸腔积液患者病原菌分布情况

200 例胸水样本中,共检测出 384 株病原菌,其中,结核分枝杆菌最多,为 215 株(占 55.99%),需氧革兰阳性杆菌 73 株(占 19.01%),需氧革兰阴性性杆菌 68 株(占 17.71%),真菌 16 株(占 4.17%),专性厌氧菌 4 株(占 1.04%),舟型梭杆菌 2 株(占 0.52%),微小消化链球菌 1 株(占 0.26%),其他 5 株(占 1.30%)。

需氧革兰阳性杆菌中,链球菌属 28 株(占 7.29%)、凝固酶阴性葡萄球菌 20 株(占 5.21%)、金黄色葡萄球菌 16 株(占 4.17%)、粪肠球菌 5 株(占 1.30%)、其他 4 株(占 1.04%);需氧革兰阴性性杆菌中,假单胞菌 22 株(占 5.73%)、嗜血杆菌 15 株(占 3.91%)、克雷伯菌 12 株(占 3.13%)、阴沟肠杆菌 8 株(占 2.08%)、噬麦芽窄食单胞菌 5 株(占 1.30%)、鲍曼不动杆菌 3 株(占 0.78%)、其他 3 株(占 0.78%);真菌中,白色念珠菌 5 株(占 1.30%)、黄曲霉菌 4 株(占 1.04%)、热带念珠菌 2 株(占 0.52%)、烟曲霉菌 2 株(占 0.52%)、拟平念珠菌 2 株(占 0.52%)、近平念珠菌 1 株(占 0.26%)。

2 不同性质的胸腔积液患者一般资料分析

良性组与恶性组在合并基础病、LDH、IgG 水平等一般资料上比较没有差异(P>0.05),但恶性组 Alb、Cre 水平低于良性组,ADA、CEA、CRP、TNF-α、PCT、sTREM-1、Presepsin 水平高于良性组(P<0.05)。见表 1。

3 多因素 Logistic 回归分析恶性胸腔积液的影响因素

以患者胸水良恶性为因变量(0=良性,1=恶性),以生化指标 Alb、Cre、ADA、CEA,炎症指标 CRP、TNF-α、PCT 以及 sTREM-1、Presepsin 水平为自变量(实测值)进行分析,结果见表 2。Alb 水平升高为恶性胸水的独立保护因素,ADA、CRP、TNF-α、PCT、sTREM-1、Presepsin 水平升高为恶性胸水的独立危险因素(P<0.05)。

4 胸水中 sTREM-1、Presepsin 水平与生化因子和炎症因子相关性分析

sTREM-1、Presepsin 水平与 Alb 水平呈负相关,与 ADA、CRP、TNF-α、PCT 水平呈正相关(P<0.05)。见表 3。

表 1 不同性质的胸腔积液患者一般资料分析[n(%),($\bar{x}\pm s$)]
Table 1 General data analysis of patients with different types of pleural effusion

项目 Project	良性组 Benign group (n=67)	恶性组 Malignant group (n=133)	t/χ ²	P
性别(男)	32(47.76)	74(55.64)	1.110	0.292
年龄(岁)	57.22±11.35	58.36±12.14	0.640	0.523
合并基础病				
糖尿病	12(17.91)	28(21.05)	0.275	0.600
高血脂	17(25.37)	42(31.58)	0.825	0.364
高血压	23(34.33)	54(40.60)	0.741	0.389
冠心病	8(11.94)	24(18.05)	1.235	0.266
吸烟	34(50.75)	82(61.65)	2.176	0.140
饮酒	21(31.34)	57(42.86)	2.483	0.115
生化指标				
Alb(g/L)	24.38±8.24	20.23±6.37	3.930	0.000
LDH(U/L)	287.45±83.58	313.72±101.26	1.832	0.068
ADA(U/L)	28.54±8.63	37.83±10.85	6.101	0.000
CEA(ng/mL)	3.76±1.13	4.37±1.28	3.305	0.000
IgG(g/L)	11.72±3.54	12.54±3.87	1.454	0.147
Cre(mmol/L)	63.24±12.85	57.37±10.34	3.486	0.001
炎症因子				
CRP(mg/L)	8.13±2.04	9.85±2.87	4.378	0.000
TNF-α(ng/L)	22.87±6.27	28.74±7.63	5.438	0.000
PCT(μg/L)	5.67±1.32	8.26±2.48	7.991	0.000
sTREM-1(mg/mL)	684.15±136.58	832.73±158.24	6.552	0.000
Presepsin(ng/mL)	164.56±48.64	247.23±76.37	8.069	0.000

表 2 多因素 Logistic 回归分析恶性胸腔积液的影响因素
Table 2 Multivariate logistic regression analysis of the influencing factors of malignant pleural effusion

自变量 Independent variable	β	SE	Wald χ ²	P	OR	95%CI
Alb	-0.451	0.221	4.164	0.041	0.637	0.413~0.982
ADA	0.423	0.186	5.179	0.023	1.527	1.061~2.199
CEA	0.486	0.325	2.243	0.134	1.627	0.860~3.076
Cre	-0.641	0.482	1.766	0.184	0.527	0.205~1.355
CRP	0.546	0.261	4.382	0.036	1.727	1.035~2.880
TNF-α	0.453	0.217	4.358	0.037	1.573	1.028~2.407
PCT	0.521	0.256	4.145	0.042	1.684	1.020~2.781
sTREM-1	0.622	0.254	6.000	0.014	1.863	1.132~3.065
Presepsin	0.421	0.183	5.301	0.021	1.524	1.064~2.182

表 3 胸水中 sTREM-1、Presepsin 水平与生化因子和炎症因子相关性分析
Table 3 Correlation analysis between sTREM-1 and Presepsin levels in pleural effusion and biochemical and inflammatory factors

因子 Factor	sTREM-1		Presepsin	
	r	P	r	P
Alb	-0.415	0.000	-0.408	0.000
ADA	0.434	0.000	0.427	0.000
CRP	0.417	0.000	0.413	0.000
TNF-α	0.412	0.000	0.414	0.000
PCT	0.426	0.000	0.428	0.000

5 sTREM-1、Presepsin 对恶性胸腔积液的诊断价值

sTREM-1、Presepsin 单独诊断恶性胸腔积液的 AUC 分别为 0.809 (95%CI:0.747~0.861)、0.813 (95%CI:0.752~0.864)。两者联合诊断的 AUC 为 0.922(95%CI:0.875~0.955), 优于各自单独诊断 ($Z_{\text{两者联合-sTREM-1}} = 4.506$ 、 $Z_{\text{两者联合-Presepsin}} = 2.957$, $P = 0.000$ 、 $P = 0.003$)。见表 4 和图 1。

表 4 sTREM-1、Presepsin 对恶性胸腔积液的诊断价值
Table 4 Diagnostic value of sTREM-1 and Presepsin for malignant pleural effusion

指标 Index	AUC	95%CI	P	截断值 Truncation value	敏感度 Sensitivity (%)	特异度 Specificity (%)	约登指数 Yoden index
sTREM-1	0.809	0.747~0.861	<0.01	752.365 mg/mL	97.74	46.27	0.440
Presepsin	0.813	0.752~0.864	<0.01	201.764 ng/mL	96.99	52.24	0.492
联合诊断	0.922	0.875~0.955	<0.01	-	90.23	83.58	0.738

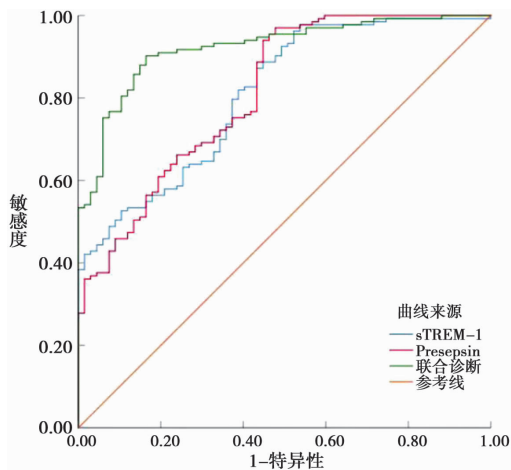


图 1 sTREM-1、Presepsin 诊断恶性胸腔积液的 ROC
Fig. 1 ROC of sTREM-1 and Presepsin diagnosing malignant pleural effusion

讨论

胸膜腔通常只含有几毫升的胸水,这在影像学检查中是看不到的,因此,当影像学检查显示胸膜腔积水时是异常的,许多疾病都会导致积液发生,鉴别诊断胸腔积液最有效的方法是诊断性胸腔穿刺术,渗出性积液主要由肺部或胸膜的原发性疾病引起,需进一步检查^[7]。胸腔积液是癌症患者常见的并发症,恶性积液是在积液类型中占比较高,其发生意味着癌症患者疾病进入晚期、发生转移以及预期寿命减少等。任何恶性肿瘤都可能累积胸腔,但恶性积液最常见的病因是肺癌、乳腺癌等^[8]。胸腔积液的存在影响了患者肺部功能,如肝移植后患者胸腔积液与肺感染呈正相关,当患者持续性胸腔积液是,肺功能下降、炎症因子水平上升,肺感染加剧。因此,关注患者胸腔积液能够有效预防和减少肺部感染的发生^[9]。病原菌感染也是临床发生胸腔积液的原因之一,其发病率也逐年上升,对患者

胸水中病原菌分布的检测有助于病因诊断,精准治疗,还可以减少治疗周期^[10]。本研究所纳入样本中,共检测出 384 株病原菌,其中,占比最高的前三中病原菌种类分别为结核分歧杆菌、需氧革兰阳性杆菌、需氧革兰阴性性杆菌。以往研究结果显示,胸腔积液良恶性的诊断能够区分疾病种类、调整治疗方案、延长癌症患者的生存期^[11]。因此,关注胸腔积液中相关因子水平的变化来判断其良恶性,提升诊断的准确性,是临床研究的重点。

TREM-1 存在于 6 号染色体,是一种细胞表面受体,在中性粒细胞、单核细胞和小胶质细胞上表达,该受体通过激活转录因子控制信使 RNA 表达。TREM-1 在炎症及病原菌疾病中表现出较强的特异性,如参与麻风病的发病机制,可作为诊断麻风病的潜在生物标记物^[12]。TREM-1 的激活处理提高该基因的表达和细胞活化标记物的表面表达外,还会触发促炎细胞因子和化学因子的释放,加剧机体炎症反应,其水平越高,脓毒症患者死亡风险也越高^[13]。TREM-1 可溶性形态是通过分裂细胞外膜或 mRNA 释放到体液中,并以可溶性单体形式存在,sTREM-1 可作为诱饵受体,竞争性地与 TREM-1 受体结合,并在多重传染性和慢性炎症疾病中水平上升,因此,人们认为,sTREM-1 可能是 TREM-1 激活的标志,也可能是诊断炎症疾病的生物标记物^[14]。在小儿多系统炎症综合征中,sTREM-1 与炎症因子白细胞介素-12、TNF- α 呈正相关,可作为早期筛查工具,并具有良好的预测准确性^[15]。骨折患者病原菌感染后,血清 sTREM-1、PCT 水平升高,两者对鉴别感染病原菌种类以及感染呈具有一定的价值^[16]。本研究中,恶性组 sTREM-1 与炎症因子水平(CRP、TNF- α 、PCT)高于良性组,sTREM-1 与炎症因子水平呈正相关,是发生恶性胸水的独立危险因素。提示,该结果表明,sTREM-1 水平越高,患者机体炎症程度也越高。生化因子水平在疾病发展过程中变化明显,如,ADA 对胸水的良恶性及患者预后评估具有较高的价值,是胸水恶化的影响因素^[17]。本研究中,恶性组胸水中 Alb、Cre、ADA、CEA 水平变化明显,Alb、ADA 是恶性胸水发生的影响因素,sTREM-1 水平与 Alb、ADA 也存在相关性。提示,sTREM-1 水平的变化,影响了多种生化指标水平的变化,它们共同促进疾病进展。sTREM-1 在评估肺部感染方面具有一定的价值,其水平升高,是患者病情恶化的影响因素,可作为肺炎早期诊断的辅助手段^[18]。本研究中,sTREM-1 诊断胸水良恶性也具有一定的价值,为进一步疾病诊断与治疗打下基础。

Presepsin 是不同感染的早期标记物,在识别革兰氏阳性和阴性菌的不同配体和刺激炎症反应方面发挥

作用,细菌感染后 Presepsin 水平升高,在抗生素治疗后下降,因此可以作为免疫细胞对入侵病原体反应激活的标准^[19]。Presepsin 被广泛用作脓毒症的生物标记物,其水平与 PCT 在患者感染后显著升高,可共同用于评估脓毒症发展的风险^[20]。本研究中,恶性组 Presepsin 水平升高,是发生恶性胸水的影响因素,并与 Alb、ADA、CRP、TNF- α 、PCT 水平相关。提示,Presepsin 可能参与机体一系列生化反应调控胸水的恶性发展。Presepsin 与 TREM-1 参与儿童血流感染过程,感染患者两者水平不断升高,两者对诊断疾病严重程度具有一定的价值^[21]。本研究中 Presepsin 与 sTREM-1 联合诊断恶性胸水发生的 AUC 为 0.922,优于单独诊断,同时,联合诊断的特异度也显著提升。提示,两者联合诊断临床价值更高。

综上所述,200 例胸水样本中,共检测出 384 株病原菌,其中,占比最多的为结核分枝杆菌,Presepsin 与 sTREM-1 在恶性胸水样本中水平更高,两者水平与患者炎症程度及生化因子水平相关,联合诊断胸水良恶性价值更高。

【参考文献】

- [1] Husnain SMN, Shojaee S. Hepatic hydrothorax and congestive heart failure induced pleural effusion[J]. Clin Chest Med, 2021, 42(4):625-635.
- [2] Gayen S. Malignant Pleural Effusion: presentation, diagnosis, and management[J]. Am J Med, 2022, 135(10):1188-1192.
- [3] Dholariya S, Parchwani DN, Singh R, et al. Utility of P-SEP, sTREM-1 and suPAR as novel sepsis biomarkers in SARS-CoV-2 infection[J]. Indian J Clin Biochem, 2022, 37(2):131-138.
- [4] de Oliveira Matos A, Dos Santos Dantas PH, Figueira Marques Silva-Sales M, et al. The role of the triggering receptor expressed on myeloid cells-1 (TREM-1) in non-bacterial infections[J]. Crit Rev Microbiol, 2020, 46(3):237-252.
- [5] Velissaris D, Zareifopoulos N, Karamouz V, et al. Presepsin as a diagnostic and prognostic biomarker in sepsis[J]. Cureus, 2021, 13(5):e15019.
- [6] Memar MY, Baghi HB. Presepsin: A promising biomarker for the detection of bacterial infections[J]. Biomed Pharmacother, 2019, 111(23):649-656.
- [7] Chae G, Jun JB, Jung HS, et al. Histiocytic pleural effusion; the strong clue to malignancy[J]. World J Surg Oncol, 2021, 19(1):180-187.
- [8] Yang Y, Du J, Wang YS, et al. Prognostic impact of pleural effusion in patients with malignancy: A systematic review and meta-analysis[J]. Clin Transl Sci, 2022, 15(6):1340-1354.
- [9] Xu C, Zhang W, Wang X, et al. Correlation analysis of pleural effusion and lung infection after liver transplantation[J]. Clin Lab, 2021, 67(9):2546-2557.
- [10] 王东萍,何瑶,赵京黎,等. 结核病专科医院患者胸腔积液中病原菌分布及耐药情况分析[J]. 临床肺科杂志, 2022, 27(5):726-730.
- [11] Luo L, Deng S, Tang W, et al. Monocytes subtypes from pleural effusion reveal biomarker candidates for the diagnosis of tuberculosis and malignancy[J]. J Clin Lab Anal, 2022, 36(8):e24579.
- [12] Bezerra-Santos M, Bomfim LGS, Santos CNO, et al. sTREM-1 and TNF- α levels are associated with the clinical outcome of leprosy patients[J]. Front Med (Lausanne), 2023, 29(10):117-124.
- [13] Francois B, Lambden S, Gibot S, et al. Rationale and protocol for the efficacy, safety and tolerability of nangibotide in patients with septic shock (ASTONISH) phase IIb randomised controlled trial[J]. BMJ Open, 2021, 11(7):e42921.
- [14] Lu L, Liu X, Fu J, et al. sTREM-1 promotes the phagocytic function of microglia to induce hippocampus damage via the PI3K-AKT signaling pathway[J]. Sci Rep, 2022, 12(1):7047-7054.
- [15] Gon alves GS, Correa-Silva S, Zheng Y, et al. Circulating sTREM-1 as a predictive biomarker of pediatric multisystemic inflammatory syndrome (MIS-C)[J]. Cytokine, 2023, 161(24):156084-156093.
- [16] 宋小强,胡兵,秦谊,等. 骨折患者内固定术后病原菌感染及其与血清 sTREM-1、PCT 的关系[J]. 中国病原生物学杂志, 2021, 16(9):1073-1076.
- [17] 杨黎,刘孝焱,张茹,等. 去甲肾上腺素水平在胸腔积液鉴别诊断及预后评估中的价值[J]. 中国肿瘤临床, 2023, 50(14):714-719.
- [18] 罗源,许继梅,王继灵. 肺部超声联合 CRP、PCT、sTREM-1 检测及 CPIS 评分在呼吸机相关性肺炎早期诊断中的价值[J]. 分子诊断与治疗杂志, 2022, 14(1):58-62.
- [19] Galliera E, Massaccesi L, de Vecchi E, et al. Clinical application of presepsin as diagnostic biomarker of infection: overview and updates[J]. Clin Chem Lab Med, 2019, 58(1):11-17.
- [20] Capossela L, Margiotta G, Ferretti S, et al. Presepsin as a diagnostic marker of sepsis in children and adolescents: a short critical update[J]. Acta Biomed, 2023, 94(3):e2023062.
- [21] 刘新光,李清涛,张玉东,等. 儿童血流感染病原菌分布情况及 mNAP、Presepsin、TREM-1 的早期预测价值[J]. 疑难病杂志, 2021, 20(4):378-382.

【收稿日期】 2024-06-23 【修回日期】 2024-09-15