

DOI:10.13350/j.cjpb.250812

• 论著 •

重症肺炎患者菌群分布特点及预后不良风险 预测模型构建和验证

卢亚楠*, 李童星, 胡焕丽
(许昌学院医学院, 河南许昌 461000)

【摘要】 目的 探究重症肺炎患者的菌群分布特点,分析重症肺炎患者预后不良的危险因素,构建并验证其预后不良风险预测模型。**方法** 以2021年12月至2024年12月河南大学淮河医院重症医学科收治的257例重症肺炎患者为研究对象,收取患者痰液标本进行病原菌培养,分析病原菌分布特点;根据治疗1月后患者的生存情况将其分为预后良好(生存)组($n=215$)和预后不良(死亡)组($n=42$);采用LASSO回归及logistic回归分析探究重症肺炎患者发生预后不良的危险因素;采用R 4.2.6语言“rms”包构建风险预测列线图模型,并通过绘制决策曲线、校准曲线、ROC曲线评估模型的预测效能。**结果** 共培养出菌株281株,其中革兰阴性菌197株,主要为肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌和鲍曼不动杆菌;革兰阳性菌66株,主要为肺炎链球菌、金黄色葡萄球菌和表皮葡萄球菌;真菌16株,主要为白色假丝酵母菌。采用LASSO回归模型筛选出11个潜在的危险因素,分别为预后营养指数(PNI)、急性生理与慢性健康(APACHE II)评分、序贯器官衰竭评估(SOFA)评分、中性粒细胞/淋巴细胞比值(NLR)、血小板/淋巴细胞比值(PLR)、体重质量指数(BMI)、乳酸水平、C-反应蛋白、机械通气、肾功能不全、心力衰竭等;Logistic回归分析结果显示,PNI、SOFA评分、乳酸水平、NLR、PLR、机械通气及心力衰竭是重症肺炎患者发生预后不良的危险因素($P<0.05$);基于以上7个危险因素构建了重症肺炎患者发生预后不良风险的列线图模型,模型的受试者工作曲线下面积(AUC)为 $0.938[95\%CI(0.852, 1.000)]$;模型的校准曲线和理想曲线重合度较好;模型的决策曲线提示模型具有较好预测效能的概率阈值为 $0.210\sim0.885$ 。**结论** 重症肺炎患者病原菌以革兰阴性杆菌为主,其次为革兰阳性球菌,最后为真菌,其中肺炎克雷伯菌是最常见菌种。重症肺炎患者发生预后不良的危险因素有SOFA评分、心力衰竭、乳酸水平、NLR、PNI、机械通气及PLR等,其中SOFA评分是最重要的危险因素,构建的重症肺炎患者发生预后不良的风险预测列线图模型的预测性能较好。

【关键词】 重症肺炎;菌群分布;预后不良;危险因素;列线图模型

【文献标识码】 A

【文章编号】 1673-5234(2025)08-1035-06

[Journal of Pathogen Biology. 2025 Aug.;20(08):1035-1040.]

Characteristics of bacterial flora distribution and risk prediction for poor prognosis in severe pneumonia patients

LU Yanan, LI Tongxing, HU Huanli (Medical College of Xuchang University, Xuchang 461000, Henan, China) *

【Abstract】 Objective To examine the bacterial flora distribution in severe pneumonia patients, identify factors influencing poor prognosis, and develop and validate a risk prediction model. **Methods** A total of 257 patients with severe pneumonia admitted to the Department of Critical Care Medicine of Huaihe Hospital of Henan University from December 2021 to December 2024 were selected as the research subjects. Sputum specimens were collected from the patients for pathogen culture and the distribution characteristics of pathogens were analyzed. Based on the one-month survival status, patients were categorized into the good prognosis (survival, $n=215$) and poor prognosis (death, $n=42$) groups. Risk factors for poor prognosis were explored through LASSO and logistic regression. A nomogram for poor prognosis risk was developed using R 4.2.6, and model performance was evaluated with decision curves, calibration curves, and ROC curves. **Results** A total of 281 pathogens were identified: 197 Gram-negative bacilli (mainly *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Acinetobacter baumannii*), 66 Gram-positive cocci (primarily *Streptococcus pneumoniae*, *Staphylococcus aureus*, and *Staphylococcus epidermidis*), and 16 fungi (mostly *Candida albicans*). The LASSO regression model was used to screen out 11 potential risk factors, including prognostic nutrition index (PNI), acute physiology and chronic health evaluation (APACHE II) score, sequential organ failure assessment (SOFA) score, neutrophil/lymphocyte ratio (NLR), platelet/lymphocyte ratio (PLR), body mass index (BMI), lactate level, C-reactive protein, mechanical ventilation, renal insufficiency, and heart failure. Logistic regression analysis showed

* **【通信作者(简介)】** 卢亚楠(1987-),女,河南许昌人,讲师,硕士,主要研究方向:护理学、基础医学。E-mail:lyn1093727643@163.com

that PNI, SOFA score, lactate level, NLR, PLR, mechanical ventilation, and heart failure were risk factors for poor prognosis in patients with severe pneumonia ($P < 0.05$). A nomogram model for the risk of poor prognosis in patients with severe pneumonia was constructed based on the above 7 risk factors, and the area under the receiver operating curve (AUC) of the model was 0.938 [95%CI (0.852, 1.000)]; the calibration curve of the model has a good coincidence with the ideal curve; the decision curve of the model suggests that the probability threshold of the model with good prediction efficiency is 0.210-0.885. **Conclusion** The pathogens of severe pneumonia patients are mainly Gram-negative bacilli, followed by Gram-positive cocci, and finally fungi, among which *Klebsiella pneumoniae* is the most common species. The risk factors for poor prognosis in patients with severe pneumonia include SOFA score, heart failure, lactate level, NLR, PNI, mechanical ventilation and PLR, among which SOFA score is the most important risk factor. The constructed risk prediction nomogram model for poor prognosis in patients with severe pneumonia has good predictive performance.

【Keywords】 severe pneumonia; bacterial flora distribution; poor prognosis; risk factors; nomogram model

重症肺炎是一种严重的呼吸系统疾病,是指由病原微生物感染引起的急性肺部损伤伴有严重的全身炎症反应综合征,是重症监护病房常见的危重症之一^[1]。该病以病变范围大、病变侵袭周围组织器官、多器官功能障碍为特征表现^[2],具有高发病率和高死亡率的特点^[3]。近年来,越来越多的证据表明,肺部菌群在重症肺炎的发生、发展及预后中扮演着重要角色^[4]。重症肺炎患者菌群分布受到多种因素的影响,包括抗生素使用、基础疾病、机械通气等,这些因素不仅影响菌群的多样性,还可能导致菌群失调,进一步加重感染^[5-6]。研究重症肺炎患者的菌群分布特点,对提高诊断的精准性、优化治疗策略及改善患者预后具有重要意义。

重症肺炎患者病情复杂多变,预后受到多种因素如患者基础健康状况、病原体类型、炎症反应程度等交互影响^[7]。及时识别预后不良高风险患者,对其进行早期干预是降低病死率、改善临床结局的重要策略。然而,传统的临床评估方法和单一的生物标志物往往难以全面、精准地评估患者的预后风险^[8]。近年来,随着数据科学和统计学的发展,多因素联合分析和机器学习技术在医学领域的应用逐渐增多,为疾病风险预测提供了新的工具和思路^[9]。因此,针对重症肺炎患者,建立一套科学、有效的预后不良风险预测模型,可以帮助临床医生快速、客观地识别高风险患者。

本研究旨在通过回顾性收集重症肺炎患者的临床数据,分析重症肺炎患者的菌群分布特征,探究重症肺炎患者预后不良相关的危险因素,构建并验证其预后不良风险预测列线图模型,以期改善重症肺炎患者的预后提供一定临床参考。

对象与方法

1 研究对象

根据纳入及排除标准筛选河南大学淮河医院重症医学科2021年12月至2024年12月收治的257例重症肺炎患者,诊断依据《ERS/ESICM/ESCMID/

ALAT重症社区获得性肺炎管理指南解读》^[10]。患者按治疗1月后的生存情况分为预后良好组(生存)和预后不良组(死亡)。纳入标准:符合重症肺炎诊断标准,住院期间完成痰培养检查,年龄 ≥ 18 岁。排除标准:病历资料不完整,缺少联系方式无法随访,或患活动期恶性肿瘤者。

本研究获得河南大学淮河医院伦理委员会批准(批号:2025-01)。

2 方法

2.1 病原菌分离鉴定 患者晨起漱口后咳出第一口痰或吸痰管采集样本,抗生素使用前采样。连续培养两次分离到同一病原菌确认为感染致病菌,鉴定采用法国生物梅里埃ATB系统。

2.2 临床资料收集 采取回顾性分析法收集两组患者相关临床资料,包括年龄、预后营养指数(Prognostic Nutritional Index, PNI)、急性生理与慢性健康(Acute Physiology and Chronic Health Evaluation, APACHE II)评分、序贯器官衰竭评估(Sequential Organ Failure Assessment, SOFA)评分、乳酸水平、降钙素原、C-反应蛋白、血红蛋白、白细胞计数、中性粒细胞/淋巴细胞比值(Neutrophil-lymphocyte ratio, NLR)、血小板/淋巴细胞比值(Platelet-lymphocyte ratio, PLR)、体重质量指数(Body Mass Index, BMI)、性别、慢阻肺病史、糖尿病病史、高血压病史、冠心病病史、机械通气、肝功能不全、肾功能不全、心力衰竭等。

3 统计学方法

计量资料用 t 检验($\bar{x} \pm s$),计数资料用 χ^2 检验(百分比表示)。通过LASSO和Logistic回归分析危险因素,利用Python工具计算重要性评分,并评估模型预测性能(ROC曲线、校准曲线、决策曲线)。内部验证采用Bootstrap重复抽样1000次,统计分析通过SPSS 24.0和R语言完成, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1 病原菌分布

共培养出菌株 281 株,其中革兰阴性菌 197 株,占总菌株的 70. 11%(197/281),主要为肺炎克雷伯菌(60 株,占 21. 35%)、鲍曼不动杆菌(38 株,占 13. 52%)和铜绿假单胞菌(33 株,占 11. 74%),大肠埃希菌(33 株,占 11. 74%),其他菌 23 株(占 8. 19%);革兰阳性菌 66 株,占总菌株的 23. 49%(66/281),主要为肺炎链球菌(28 株,占 9. 96%)、金黄色葡萄球菌(16 株,占 5. 69%)和表皮葡萄球菌(9 株,占 3. 20%),溶血葡萄球菌 2 株(占 0. 71%),其他菌 11 株(占 3. 91%);真菌 16 株,占总菌株的 6. 41%(16/281),主要为白色假丝酵母菌(16 株,占 5. 69%),曲霉菌 2 株(占 0. 71%)。

2 两组患者临床资料单因素分析

单因素分析结果显示,两组患者在 PNI、APACHE II 评分、SOFA 评分、乳酸水平、C-反应蛋白、NLR、PLR、BMI、糖尿病病史、冠心病病史、机械通气、肾功能不全、心力衰竭等方面比较,差异有统计学意义($P<0.05$)。见表 1。

表 1 两组患者临床资料单因分析结果
Table 1 Results of univariate analysis of clinical data between the two groups

危险因素	预后良好组 (215 例)	预后不良组 (42 例)	统计值	P
年龄(岁)	67.83±8.58	69.25±6.89	1.010	0.313
PNI	39.10±2.36	36.33±3.53	6.354	0.000
APACHE II 评分	15.33±3.86	17.89±3.95	3.916	0.000
SOFA 评分	7.52±1.66	9.28±1.67	6.279	0.000
乳酸水平(mmol/L)	2.67±0.73	3.94±0.83	10.078	0.000
降钙素原(ng/L)	3.26±1.32	3.61±1.60	0.231	0.131
C-反应蛋白(mg/L)	82.66±17.36	88.58±17.78	2.013	0.045
血红蛋白(g/L)	100.03±13.32	98.06±14.69	0.862	0.390
白细胞计数(10 ⁹ /L)	10.64±2.99	11.12±2.45	0.978	0.329
NLR	5.07±0.80	7.12±0.63	15.676	0.000
PLR	133.97±7.76	141.67±9.24	5.694	0.000
BMI(kg/m ²)	22.24±7.61	18.30±8.07	3.039	0.003
男性[n(%)]	83(38.83)	17(40.18)	0.032	0.858
慢阻肺病史[n(%)]	100(46.55)	20(48.52)	0.060	0.807
糖尿病病史[n(%)]	80(37.52)	18(42.82)	0.454	0.500
冠心病病史[n(%)]	73(34.24)	17(41.43)	0.821	0.365
高血压病史[n(%)]	75(35.24)	15(37.12)	0.059	0.808
机械通气[n(%)]	28(13.02)	12(27.92)	6.418	0.011
肝功能不全[n(%)]	67(31.28)	14(33.53)	0.090	0.764
肾功能不全[n(%)]	49(22.79)	17(40.48)	5.758	0.016
心力衰竭[n(%)]	51(23.72)	18(42.86)	6.551	0.010

3 重症肺炎患者预后不良的危险因素筛选

通过 LASSO 回归初步筛选危险因素,因变量为重症肺炎患者是否发生预后不良,自变量为两组单因素分析差异具有统计学意义的因素。结果显示,PNI、APACHE II 评分、SOFA 评分、乳酸水平、C-反应

蛋白、NLR、PLR、BMI、机械通气、肾功能不全、心力衰竭等为潜在危险因素,见图 1 和图 2。

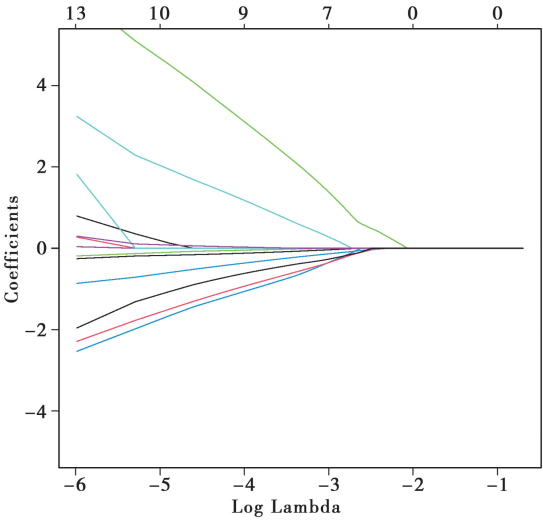


图 1 LASSO 回归的系数路径
Fig. 1 Coefficient path of LASSO regression

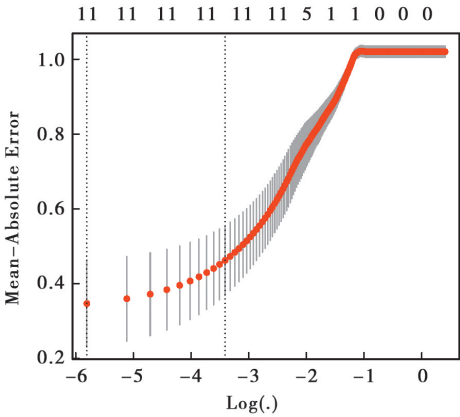


图 2 LASSO 回归验证结果
Fig. 2 Validation results of LASSO regression

4 重症肺炎患者预后不良危险因素 logistic 回归分析

因变量为重症肺炎患者是否发生预后不良,自变量为 PNI、APACHE II 评分、SOFA 评分、乳酸水平、C-反应蛋白、NLR、PLR、BMI、机械通气史、肾功能不全病史、心力衰竭病史等潜在危险因素。结果显示,PNI、SOFA 评分、乳酸水平、NLR、PLR、机械通气及心力衰竭是重症肺炎患者发生预后不良的独立危险因素($P<0.05$) (表 2)。采用模型的 feature_importances_ 功能计算 7 项危险因素相对重要性评分,得到危险因素重要性排名依次为:SOFA 评分、心力衰竭、乳酸水平、NLR、PNI、机械通气及 PLR (图 3)。

5 列线图模型构建及验证

如图 4 所示,基于 PNI、SOFA 评分、乳酸水平、NLR、PLR、机械通气及心力衰竭等 7 个危险因素构

建重症肺炎患者发生预后不良的列线图模型。如图 5 所示,列线图模型的曲线下面积 (Area under curve, AUC) 为 0.938[95%CI(0.852-1.000)],提示模型的区分度较好;如图 6 所示,模型的校准曲线和理想曲线基本重合,提示模型的校准度较好。如图 7 所示,决策曲线提示模型具有较好预测效能的概率阈值为 0.210~0.885。

表 2 重症肺炎患者发生预后不良危险因素 logistic 回归分析

Table 2 Logistic regression analysis of risk factors for poor prognosis in patients with severe pneumonia

危险因素	β	SE	Wald	OR(95%CI)	P
NLR	0.780	0.366	4.531	2.182(1.064~4.474)	0.033
PLR	0.808	0.347	5.424	2.243(1.137~4.428)	0.020
BMI	0.790	0.480	2.701	2.203(0.859~5.648)	0.100
PNI	-0.067	0.032	4.537	0.935(0.879~0.995)	0.032
APACHE II 评分	0.172	0.199	0.741	1.187(0.803~1.754)	0.389
SOFA 评分	0.365	0.166	4.820	1.440(1.040~1.995)	0.028
乳酸水平	0.489	0.226	4.674	1.631(1.047~2.543)	0.031
C-反应蛋白	0.081	0.647	.016	1.084(0.305~3.854)	0.903
肾功能不全	0.161	0.150	1.149	1.175(0.875~1.576)	0.284
机械通气	0.758	0.314	5.824	2.133(1.153~3.947)	0.016
心力衰竭	0.380	0.177	4.595	1.462(1.033~2.068)	0.035

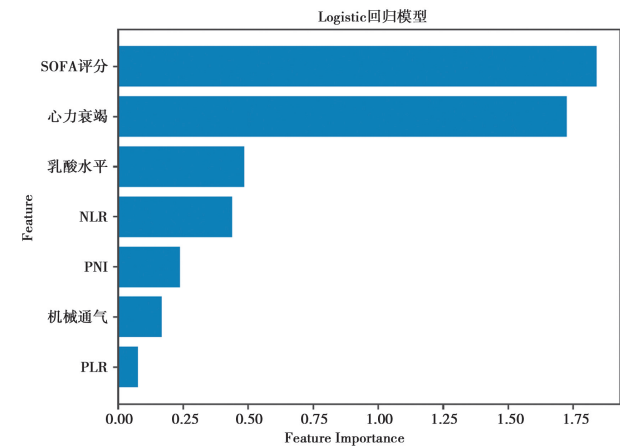


图 3 危险因素重要性排序

Fig. 3 Ranking of importance of risk factors

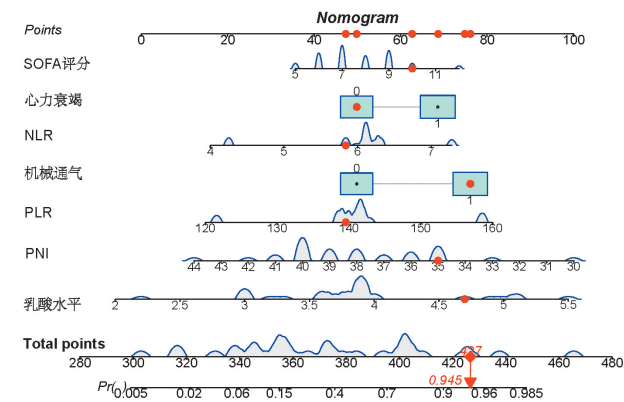


图 4 重症肺炎患者发生预后不良的风险预测列线图模型

Fig. 4 Nomogram model for risk prediction of poor prognosis in patients with severe pneumonia

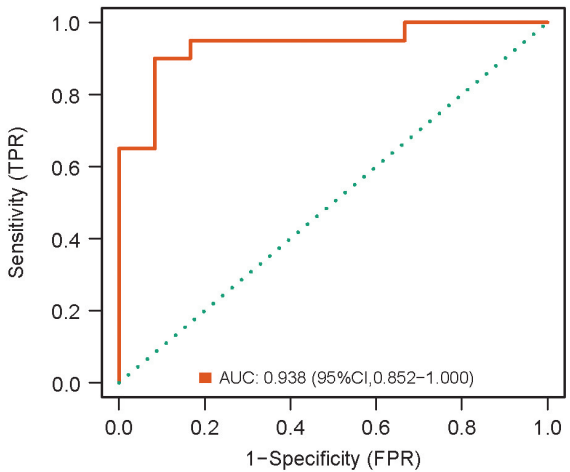


图 5 列线图模型的 AUC 曲线

Fig. 5 AUC curve of the nomogram model

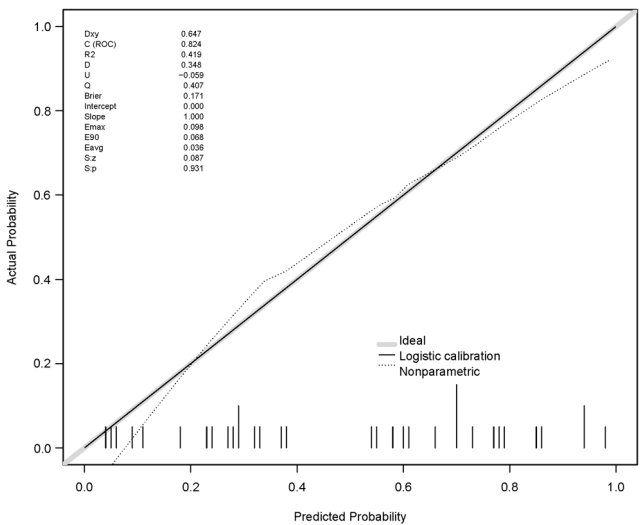


图 6 列线图模型的校准曲线

Fig. 6 Calibration curve of the nomogram model

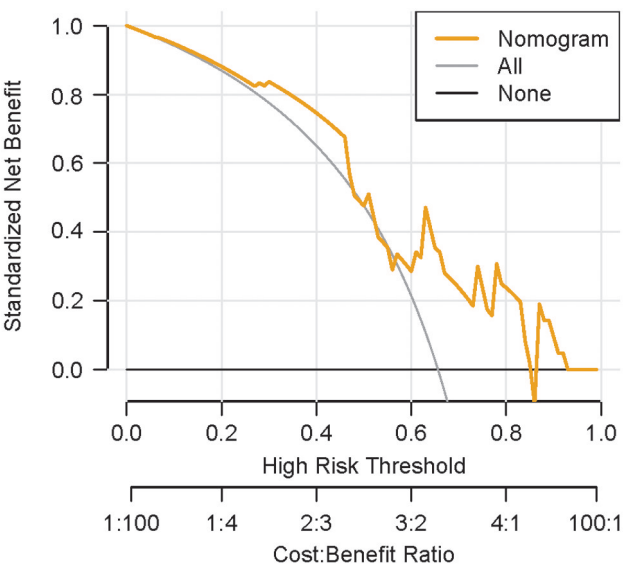


图 7 列线图模型的决策曲线

Fig. 7 Decision curve of the nomogram model

讨 论

重症肺炎是由细菌、病毒、真菌等病原体感染引起的一种严重肺部炎症,其流行病学特点因地域、季节和病原体种类的不同而有所差异,重症肺炎是全球住院和死亡的主要原因之一^[11]。重症肺炎的预后情况因患者年龄、基础疾病、病原体类型、治疗时机等因素而异^[12],老年人、儿童及免疫功能低下者的病情通常预后较差,伴随慢性基础疾病(如慢阻肺、糖尿病、肾功能衰竭)的患者发生预后不良风险更高^[13]。目前关于重症肺炎患者的菌群分布特点及预后不良的危险因素仍未完全明确,且缺乏有效准确的预测重症肺炎患者发生预后不良的列线图模型。本研究分析了重症肺炎患者的菌群分布特点,探究了重症肺炎患者预后不良的危险因素,并构建和评价了重症肺炎患者发生预后不良的风险预测模型。

本研究结果显示,重症肺炎患者病原菌以革兰阴性杆菌为主,其次为革兰阳性球菌,最后为真菌。重症肺炎患者的菌群分布特点表现为多样性降低和特定病原菌的富集,其呼吸道菌群通常呈现失衡状态,病原菌如肺炎克雷伯菌、不动杆菌属和铜绿假单胞菌等显著增多,病毒感染或真菌感染也常合并出现。这种分布特点不仅与疾病严重程度相关,还对治疗策略和预后具有重要影响^[14]。

本研究结果提示,SOFA评分、心力衰竭、乳酸水平、NLR、PNI、机械通气及PLR等,其中SOFA评分是最重要的危险因素。SOFA评分通过评估呼吸、循环、凝血、肝脏、肾脏和中枢神经系统功能状态,量化器官衰竭程度,是评估重症患者器官功能损伤程度的重要工具,其与重症肺炎患者的预后密切相关^[15]。研究表明,重症肺炎患者入院时的SOFA评分越高,病死率越高,预后越差,特别是随着评分的动态变化,可以反映病情的改善或恶化趋势^[16]。本研究亦显示,SOFA评分越高,则重症肺炎患者发生预后不良风险越高,与上述研究结果一致。研究表明,心力衰竭与重症肺炎患者的预后密切相关,心力衰竭是重症肺炎患者常见的合并症,显著增加了病死率和不良结局的风险^[17]。心力衰竭会导致全身循环功能障碍,影响肺部的氧合能力,加重呼吸功能的负担,使肺炎病情更复杂;重症肺炎引发的炎症因子释放和氧供不足也可能加剧心功能恶化,形成恶性循环;这种相互作用不仅延长患者的住院时间,还显著提高了多器官功能衰竭的发生率^[18]。本研究亦提示,并发心力衰竭是重症肺炎患者发生预后不良的重要危险因素,与上述研究结果一致。研究表明,初始乳酸水平升高以及乳酸清除率低与重症肺炎患者的高病死率和较差预后密切相

关^[19]。乳酸水平是评估重症肺炎患者预后的重要生物标志物之一,高乳酸水平通常反映组织缺氧、代谢紊乱和全身炎症反应增强,提示病情较重,预后较差^[20]。本研究亦显示,乳酸水平越高,则重症肺炎患者发生预后不良的风险越高,与上述研究结果一致。NLR是一种简单且经济的炎症标志物,反映了机体炎症反应和免疫抑制的不平衡,在重症肺炎患者的预后评估中具有重要意义^[21]。研究表明,NLR升高与重症肺炎患者的不良结局密切相关,包括更高的病死率、较长的住院时间以及更高的多器官功能衰竭风险^[22]。本研究亦显示,NLR值越高,则重症肺炎患者发生预后不良的风险越高,与上述研究结果一致。研究表明,营养状态对重症肺炎患者的预后有重要影响,PNI常用于评估患者的营养和免疫状态,PNI值低可能反映了患者营养不良和免疫功能受损,低PNI值与重症肺炎患者的不良结局密切相关^[23]。本研究亦显示,PNI值越低,则重症肺炎患者发生预后不良的风险越高,与上述研究结果一致。机械通气在重症肺炎患者的治疗中起着至关重要的作用,对于因严重呼吸衰竭而无法维持有效通气和氧合的患者,机械通气可以提供及时的支持,改善氧合和二氧化碳排除^[24]。研究表明,年龄>75岁的机械通气患者的住院死亡率较高,功能预后可能更差,虚弱的慢性病和功能受损患者可能使患者无法在长期机械通气中存活,导致死亡率较高^[25]。本研究亦提示,机械通气是重症肺炎患者发生预后的危险因素之一,推测可能与不当的机械通气策略(如过高的潮气量或过高的气道压力)导致通气相关性肺损伤,加重肺部炎症相关。研究表明,PLR能够反映机体的免疫炎症状态,当PLR水平升高时,可能提示患者体内炎症反应加剧和免疫功能紊乱,这与重症肺炎患者病情严重程度及不良预后显著相关^[26]。本研究亦提示,PLR值越高,则重症肺炎患者发生预后不良的风险越高,与上述研究结果一致。因此,在重症肺炎患者的治疗过程中,应优化心肺功能支持,密切关注SOFA评分、乳酸水平、NLR、PNI及PLR水平变化,以便及时调整治疗方案,提高治疗效果,改善患者的预后。

综上所述,重症肺炎患者病原菌以革兰阴性杆菌为主,其次为革兰阳性球菌,最后为真菌,其中肺炎克雷伯菌是最常见菌种。重症肺炎患者发生预后不良的危险因素有SOFA评分、心力衰竭、乳酸水平、NLR、PNI、机械通气及PLR等,其中SOFA评分是最重要的危险因素,构建的重症肺炎患者发生预后不良的风险预测列线图模型的预测性能较好。

【参考文献】

- [1] 凌萍,周麟永,陈烨,等. 基于宏基因组学与呼气末二氧化碳监测的重症肺炎患儿抗菌耐药预测模型构建[J]. 中国病原生物学杂

- 志, 2025, 20(1): 46-51.
- [2] Woo S, Park SY, Kim Y, et al. The dynamics of respiratory microbiota during mechanical ventilation in patients with pneumonia[J]. *J Clin Med*, 2020, 9(3): 638.
- [3] 潘晓萌, 仲盛年. 重症社区获得性肺炎病原学及检测技术研究进展[J]. *临床个性化医学*, 2024, 3(1): 135-140.
- [4] Li N, Yan X, Lu Z, et al. Pathogenic features and clinical characteristics of acute community-acquired lower respiratory tract infections[J]. *Pak J Med Sci*, 2024, 40(7): 1355-1360.
- [5] Baek MS, Park S, Choi JH, et al. Mortality and prognostic prediction in very elderly patients with severe pneumonia[J]. *J Intens Care Med*, 2020, 35(12): 1405-1410.
- [6] 曾凤, 李强, 杨健. 我院重症监护室肺部感染菌群特征及影响因素分析[J]. *中外医学研究*, 2024, 22(24): 156-159.
- [7] Respiratory Branch of Chinese Geriatrics Society. Chinese expert consensus on the diagnosis and treatment of pneumonia in the elderly (2024 Edition)[J]. *Zhonghua Jie He He Hu Xi Za Zhi*, 2025, 48(1): 18-34.
- [8] 何梦, 何正光. 重症肺炎相关生物标志物的研究进展[J]. *系统医学*, 2023, 8(20): 190-193.
- [9] Pan J, Guo T, Kong H, et al. Prediction of mortality risk in patients with severe community-acquired pneumonia in the intensive care unit using machine learning[J]. *Sci Rep*, 2025, 15(1): 1566.
- [10] 赵铁梅. ERS/ESICM/ESCMID/ALAT 重症社区获得性肺炎管理指南解读[J]. *河北医科大学学报*, 2024, 45(7): 745-749.
- [11] Niederman MS, Torres A. Severe community-acquired pneumonia[J]. *Euro Resp Rev*, 2022, 31(166): 220123.
- [12] 陶智, 李仙丽, 刘琼. 基于高通量测序技术对脑卒中相关性肺炎多重耐药病原微生物分析[J]. *中国病原生物学杂志*, 2025, 20(2): 176-181.
- [13] Goyal JP, Kumar P, Mukherjee A, et al. Risk factors for the development of pneumonia and severe pneumonia in children[J]. *Indian Pediatr*, 2021, 58: 1036-1039.
- [14] Musher DM, Jesudasan SJ, Barwatt JW, et al. Normal respiratory flora as a cause of community-acquired pneumonia [C]//Open forum infectious diseases[J]. US: Oxford University Press, 2020, 7(9): ofaa307.
- [15] Zhang K, Ji W, Kong X, et al. Predictive efficacies of SOFA score, CURB-65 score and PSI score for 28-day mortality in patients with severe pneumonia: A comparative study [J]. *Chinese Gen Pract*, 2023, 26(18): 2217.
- [16] Zhou H, Lan T, Guo S. Prognostic prediction value of qSOFA, SOFA, and admission lactate in septic patients with community - acquired pneumonia in emergency department[J]. *Em Med Int*, 2020, 2020(1): 7979353.
- [17] Zhang T. Nursing observation and experience of comfort nursing intervention in severe pneumonia complicated with heart failure [J]. *Arch Clin Psychiat*, 2022, 49(4).
- [18] Shen L, Jhund PS, Anand IS, et al. Incidence and outcomes of pneumonia in patients with heart failure [J]. *J Am College Cardiol*, 2021, 77(16): 1961-1973.
- [19] Celikhisar H, Dasdemir Ilkhan G, Arabaci C. Prognostic factors in elderly patients admitted to the intensive care unit with community-acquired pneumonia[J]. *Aging Male*, 2020, 23(5): 1425-1431.
- [20] Vassiliou AG, Jahaj E, Ilias I, et al. Lactate kinetics reflect organ dysfunction and are associated with adverse outcomes in intensive care unit patients with COVID-19 pneumonia: preliminary results from a Greek single-centre study [J]. *Metabolites*, 2020, 10(10): 386.
- [21] Kuikel S, Pathak N, Poudel S, et al. Neutrophil lymphocyte ratio as a predictor of adverse outcome in patients with community - acquired pneumonia: A systematic review[J]. *Health Sci Rep*, 2022, 5(3): e630.
- [22] 王珊珊. NGAL 和 NLR 在革兰阴性菌感染重症肺炎中的鉴别以及预后的研究[D]. 安徽: 安徽医科大学, 2023.
- [23] Wang G, Wang N, Liu T, et al. Association between prognostic nutritional index and mortality risk in patients with community-acquired pneumonia: a retrospective study[J]. *BMC Pulm Med*, 2024, 24(1): 555.
- [24] Cilloniz C, Torres A, Niederman MS. Management of pneumonia in critically ill patients[J]. *BMJ*, 2021: 375.
- [25] Papazian L, Klompas M, Luyt CE. Ventilator-associated pneumonia in adults: a narrative review[J]. *Intens Care Med*, 2020, 46(5): 888-906.
- [26] Luo S, Yang WS, Shen YQ, et al. The clinical value of neutrophil-to-lymphocyte ratio, platelet-to-lymphocyte ratio, and D-dimer-to-fibrinogen ratio for predicting pneumonia and poor outcomes in patients with acute intracerebral hemorrhage[J]. *Front Immunol*, 2022, 13: 1037255.

【收稿日期】 2025-02-25 【修回日期】 2025-05-11