

DOI: 10. 12138/j. issn. 1671-9638. 20244836

· 论 著 ·

流产衣原体非典型重症肺炎的诊断及临床特点

曾海文, 陈巧莉, 丁志荣, 陈伟文, 林天来

(福建医科大学附属泉州第一医院重症医学科, 福建 泉州 362000)

[摘要] **目的** 探讨流产衣原体非典型重症肺炎的诊断及临床特点。**方法** 收集 2021 年 1 月—2022 年 11 月某院收治并诊断为流产衣原体非典型重症肺炎 4 例患者的临床资料, 全面分析该疾病的临床特征、诊治要点及注意事项。**结果** 4 例患者均为男性, 年龄 63~73 岁, 急性起病, 均表现为高热、咳嗽、咳痰; 3 例患者有家禽接触史, 1 例有流产山羊接触史。4 例患者从有临床症状到出现急性呼吸衰竭的间隔时长为 1~6 d, 且入院时氧合指数 ($\text{PaO}_2/\text{FiO}_2$) 均 < 200 mmHg, 随病情发展呈进行性下降, 需积极呼吸机支持。2 例患者白细胞计数升高, 4 例中性粒细胞百分比升高, 3 例血小板计数轻度降低; 4 例患者中 2 例患者天冬氨酸转氨酶升高, 2 例患者丙氨酸转氨酶升高, 3 例患者肌酸激酶升高, 4 例患者血清肌酐均升高, 2 例轻度低钠血症; 4 例 C 反应蛋白、降钙素原、白介素 - 6 明显升高。4 例患者胸部 CT 表现以单个或多个肺叶累及为主, 渗出实变, 后期累及多个肺叶。支气管肺泡灌洗液宏基因组二代测序均检测出流产衣原体 DNA 序列。结合 4 例患者的临床表现、接触史、胸部 CT、宏基因组二代测序等结果, 诊断为流产衣原体非典型重症肺炎, 通过及时调整以多西环素为基础的抗感染治疗方案后, 患者病情好转出院。**结论** 流产衣原体也可能导致人类肺炎发生, 感染后可导致严重临床后果, 当患者有动物接触史时, 需警惕此类疾病; 宏基因组二代测序可以检出流产衣原体。

[关键词] 流产衣原体; 肺炎; 人畜共患病; 宏基因组二代测序; 非典型肺炎

[中图分类号] R518.8

Diagnosis and clinical characteristics of atypical severe pneumonia caused by *Chlamydia abortus*

ZENG Hai-wen, CHEN Qiao-li, DING Zhi-rong, CHEN Wei-wen, LIN Tian-lai (Department of Critical Care Medicine, Quanzhou First Hospital Affiliated to Fujian Medical University, Quanzhou 362000, China)

[Abstract] **Objective** To explore the diagnosis and clinical characteristics of atypical severe pneumonia caused by *Chlamydia abortus* (*C. abortus*). **Methods** Clinical data of 4 patients diagnosed with atypical severe pneumonia caused by *C. abortus* in a hospital from January 2021 to November 2022 were collected. Clinical characteristics, diagnosis and treatment, and precautions of the disease were comprehensively analyzed. **Results** All 4 patients were male, aged 63 - 73 years old, with acute onset, high fever, cough and expectoration. Three patients had a history of contact with poultry, one patient had a history of contact with abortion goat. The interval between the emerging of clinical symptoms and the onset of acute respiratory failure in 4 patients was 1 - 6 days, and the oxygenation index ($\text{PaO}_2/\text{FiO}_2$) at admission was less than 200 mmHg, which gradually decreased with the progression of the disease, active support with a ventilator was necessary. Two patients had an increase in white blood cell count, 4 had an increase in neutrophil percentage, 3 had a mild decrease in platelet count. Among 4 patients, 2, 2, 3 and 4 patients showed elevated levels of aspartate aminotransferase, alanine aminotransferase, creatine kinase, and serum creatinine respectively, 2 patients had mild hyponatremia, 4 patients showed significant increase in C-reactive protein,

[收稿日期] 2023 - 08 - 11

[基金项目] 福建省泉州市医疗卫生领域科技计划项目(2023NS037)

[作者简介] 曾海文(1986-), 男(汉族), 福建省武平县人, 副主任医师, 主要从事事急危重症相关研究。

[通信作者] 林天来 E-mail: ltl688@163.com

procalcitonin, and interleukin-6 levels. Four patients' chest CT findings showed main involvement of single or multiple lung lobes, with exudation and consolidation, and later involvement of multiple lobes of lung. The metagenomic next-generation sequencing of bronchoalveolar lavage fluid detected the DNA sequence of *C. abortus*. Based on the clinical manifestations, contact history, chest CT, and metagenomic next-generation sequencing results of 4 patients, the diagnosis was *C. abortus*, atypical severe pneumonia. After timely adjustment of the treatment of anti-infection regimen based on doxycycline, the patients' condition improved and were discharged. **Conclusion** *C. abortus* may also cause human pneumonia, which can lead to serious clinical outcome after infection. Patient had a history of animal contact should be alert to such diseases. Metagenomic next-generation sequencing can detect *C. abortus*.

[Key words] *Chlamydia abortus*; pneumonia; zoonotic disease; metagenomic next-generation sequencing; atypical pneumonia

“非典型肺炎”一词适用于由肺炎支原体、军团菌和肺炎衣原体引起的肺炎,一些学者主张其他新出现的能够引起非典型肺炎的病原体也应列入^[1]。衣原体(*Chlamydia spp.*)是一种严格胞内寄生的革兰染色阴性的原核细胞微生物。流产衣原体是衣原体科的一种人畜共患病病原体,已被报道可感染多种动物,包括山羊、绵羊、牦牛、猪、马、兔、豚鼠、老鼠和养殖的毛皮动物^[2-8]。此外,流产衣原体也能引起人类流产^[9-10]、死产、妊娠败血症^[11-13]和盆腔炎症性疾病。然而,至今全球仅报告 6 例与流产衣原体相关的肺炎个案^[11, 14-18],其中 2 例来自国内学者^[16, 18]。故本研究对一所医院收治的 4 例由流产衣原体引起的非典型重症肺炎患者的临床特点进行回顾性分析,全面探讨该疾病的临床特征、诊治要点及注意事项。此为国内第一次报告多例由流产衣原体引起的非典型重症肺炎。

1 对象与方法

1.1 研究对象 对 2021 年 1 月—2022 年 11 月福建医科大学附属泉州第一医院重症医学科收治并诊断为流产衣原体非典型重症肺炎的 4 例患者进行回顾性分析。所有数据在分析前均为匿名数据。本研究符合《世界医学协会赫尔辛基宣言》相关要求。

1.2 研究方法

1.2.1 基本资料 收集患者的性别、年龄、临床表现、动物接触史、基础疾病、治疗用药、并发症、转归等基本临床资料。

1.2.2 检验与影像 入院后执行静脉采血程序标准采集患者血标本;检测血常规采用全血细胞分析仪(日本希森美康公司),检测血生化采用生化分析仪(美国 BCs 公司)进行分析,血气分析使用美国 Werfen 公司全自动血气分析仪(GEM3000),检测

C 反应蛋白(CRP)使用普门特定蛋白分析仪,检测降钙素原(PCT)采用全自动免疫荧光分析法(法国梅里埃公司 VIDAS),检测白介素 6(IL-6)使用 cobas8000e801 免疫分析仪(德国罗氏公司)。严格依据临床规范留取上呼吸道标本;检测流感病毒核酸采用 PCR 毛细电泳片段分析法(宁波海尔施),检测新型冠状病毒(SARS-CoV-2)核酸采用新型冠状病毒肺炎(COVID-19)RT-PCR Detection Kit(上海复兴)核酸扩增检测法。严格依据临床规范留取痰及支气管肺泡灌洗液(BALF)标本;痰或 BALF 细菌培养采用 Phoenix100 全自动微生物鉴定药敏分析仪和配套试剂(美国 BD 公司)。胸部 CT 采用 GE Optima CT660 功能型高清 128 层 CT(美国 GE 公司)进行影像扫描。

1.2.3 宏基因组二代测序(mNGS) 收集 4 例患者 BALF 标本以及 1 例患者外周血标本进行 mNGS 检测(上海宝腾生物医药科技股份有限公司)。具体测序方法:(1)DNA 提取。使用 HostZEROTM Microbial DNA Kit 试剂盒(D4310, ZYMO RESEARCH)提取 DNA。(2)文库构建和测序。使用 KAPA HyperPlus Library Preparation Kit 试剂盒(KK8514, KAPA),按照操作说明构建文库;使用 Agilent 2100 Bioanalyzer 对文库插入片段的长度进行质控分析,应用 Qubit dsDNA HS Assay Kit (Thermo Fisher Scientific Inc.)质控文库浓度;测序使用 NextSeq CN500 平台。通过分析去除低质量和长度<35 bp 的序列进行生物信息分析;然后对比计算减去人类参考基因组使用 Burrows-Wheeler,去除的低复杂度的序列的数据同时对比到病毒、细菌、真菌和寄生虫 4 个微生物基因组数据进行分类,生成高质量的测序数据。下载自国家生物技术信息中心数据分类参考(<ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/>)。

2 结果

2.1 基本资料 4 例流产衣原体非典型重症肺炎患者均为男性,急性起病,均表现为发热(体温高峰 39.0~39.8℃),咳嗽、咳痰且痰量不多。3 例患者有家禽接触史,1 例有流产羊接触史,见表 1。4 例患者年龄为 63~73 岁,均为老年患者,从有临床症状到出现急性呼吸衰竭的间隔时长为 1~6 d;病例 1、4 是以神经系统为首发表现收治于神经专科,出

现呼吸衰竭后转入重症监护病房(ICU),病例 2、3 收住呼吸内科普通病房后短期内出现呼吸衰竭转入 ICU;4 例患者肺部听诊均有呼吸急促,病肺呼吸音减低,有少许湿性啰音。4 例患者病情均危重,在氧流量 5 L/min 吸氧下血氧饱和度(SPO₂)明显下降(<88%),入院时氧合指数(PaO₂/FiO₂)均<200 mmHg,随病情发展呈进行性下降,需积极呼吸机支持,入住 ICU 第 1 天急性生理和慢性健康评分 II (APACHE II)为 16~25 分,序贯器官衰竭评分(SOFA)为 4~11 分,见表 2。

表 1 4 例患者基本信息及临床表现

Table 1 Basic information and clinical manifestations of 4 patients

病例	年龄(岁)	性别	临床表现	基础疾病	接触史
病例 1	64	男	四肢无力、咳嗽、气喘,入院后出现寒战、高热	慢性阻塞性肺疾病	长期家禽鸭接触史,最后一次接触在发病前 1 d
病例 2	63	男	畏冷、寒战、高热、咳嗽、气喘、头痛、意识障碍、肌肉酸痛	2 型糖尿病,慢性阻塞性肺疾病	长期近距离接触家禽鸭,最后一次接触在发病前 1 d
病例 3	71	男	咳嗽、咳痰且痰中带血,入院后出现高热	尘肺,慢性阻塞性肺疾病	长期接触家禽鸭,最后一次接触在发病前 2 d
病例 4	73	男	头痛、头晕、高热、气喘、咳嗽、咳痰	高血压病	家养家畜山羊,发病前 3 d 处理了流产的山羊

表 2 4 例患者入住 ICU 第 1~3 天临床相关指标结果

Table 2 Clinical related indicators of 4 patients from day 1 to day 3 of admitting to the ICU

入住 ICU 日数	APACHE II 评分	SOFA 评分	PaO ₂ /FiO ₂ (mmHg)
第 1 d			
病例 1	25	8	120
病例 2	16	11	91
病例 3	19	4	55
病例 4	16	6	86
第 2 d			
病例 1	21	6	140
病例 2	17	8	125
病例 3	22	5	80
病例 4	18	2	89
第 3 d			
病例 1	30	7	105
病例 2	17	10	103
病例 3	23	5	202
病例 4	24	6	107

2.2 检验及影像 2 例患者白细胞计数(WBC)升

高,4 例患者中性粒细胞百分比(NEUT%)均升高,3 例患者血小板计数(PLT)轻度降低;4 例患者出现天冬氨酸转氨酶(AST)升高,2 例患者丙氨酸转氨酶(ALT)升高,3 例患者肌酸激酶升高,2 例患者出现轻度低钠血症,4 例患者均出现不同程度血清肌酐上升;4 例患者 CRP、PCT、IL-6 明显升高;4 例患者胸部 CT 表现以单个或多个肺叶累及为主,渗出实变,可伴有少许胸腔积液,其中病例 1 的肺部病变快速进展,短期内累及多个肺叶。见表 3、图 1。

2.3 微生物检测结果 4 例患者 BALF mNGS 均检出不同序列数的其他病原体,见表 4;病例 2 的外周血 mNGS 检测出流产衣原体(74 个序列数)和鸮鹑热衣原体(7 个序列数)。4 例患者上呼吸道标本流感病毒、SARS-CoV-2 核酸检测均为阴性。4 例患者痰或 BALF 标本一般细菌培养均为阴性。

2.4 治疗与转归 结合患者的临床表现、接触史、胸部 CT、mNGS 等结果,诊断为流产衣原体导致的非典型重症肺炎,治疗调整以多西环素为基础的抗感染治疗方案后,4 例患者体温逐渐降至正常,PaO₂/FiO₂ 改善,复查胸部 CT 肺部炎性病变消散吸收,好转出院。见表 5。

表 3 4 例患者实验室及影像学检查

Table 3 Laboratory and imaging examinations of 4 patients

病例	血常规			血生化								胸部 CT 表现
	WBC ($\times 10^9/L$)	NEUT% (%)	PLT ($\times 10^{12}/L$)	AST (U/L)	ALT (U/L)	肌酸激酶 (U/L)	血钠 (mmol/L)	血清肌酐 ($\mu\text{mol}/L$)	CRP ($\mu\text{g}/\text{mL}$)	PCT (ng/mL)	IL-6 (pg/L)	
参考值范围	3.5~9.5	40~75	125~350	15~40	9~50	50~310	137~147	57~111	≤ 8	0~0.1	0~7.0	/
病例 1	16.9	97.2	165	284	90	4 494	133.8	226.7	190.9	17.99	821.8	左下肺大片实变炎症, 少许胸腔积液
病例 2	12.5	95.0	101	201	41	4 957	142.1	114.3	224.7	37.60	982.1	左下肺大片实变性炎症, 少许胸腔积液
病例 3	6.9	94.3	91	66	33	164	138.6	175.0	260.3	21.86	1 213.6	双肺炎症, 部分实变, 双侧少量积液
病例 4	9.3	95.1	121	389	107	754	129.4	123.4	301.6	42.19	1 432.5	双下肺大片炎症, 大部分实变, 少许胸腔积液



注: ①②为病例 1 入院第 1 天胸部 CT 情况; ③④为病例 1 入院第 5 天胸部 CT 情况; 病例 1 病变累及双肺, 以左肺为著, 大片实变(如箭头所指), 累及胸膜可见胸腔积液, 入院后病变仍进展, 以右肺进展为著(③④较①②进展)。

图 1 病例 1 胸部 CT 肺部病变进展情况

Figure 1 Progress of lung lesions on chest CT in case 1

表 4 4 例患者 BALF mNGS 检测结果

Table 4 BALF mNGS detection results of 4 patients

病例	流产衣原体序列数	流产衣原体相对丰度(%)	其他主要病原体(序列数)
病例 1	7 146	90.86	鸚鵡热衣原体(107)、白念珠菌(17)
病例 2	263	77.58	鸚鵡热衣原体(45)、金黄色葡萄球菌(8)
病例 3	6 846	98.40	鸚鵡热衣原体(489)
病例 4	12 601	98.49	白念珠菌(8)

表 5 4 例流产衣原体非典型重症肺炎患者的治疗与转归

Table 5 Treatment and outcomes of 4 patients with *C. abortus*, atypical severe pneumonia

病例	诊断前用药	诊断后用药	并发症	转归
病例 1	比阿培南	多西环素、莫西沙星、美罗培南	呼吸衰竭、休克、急性肾损伤 3 期、消化道出血、呼吸机相关肺炎	好转
病例 2	左氧氟沙星、头孢哌酮/舒巴坦	左氧氟沙星、多西环素、头孢哌酮/舒巴坦	呼吸衰竭、休克、急性肾损伤 3 期	好转
病例 3	比阿培南、莫西沙星	多西环素、莫西沙星、比阿培南	呼吸衰竭, 急性肾损伤 1 期	好转
病例 4	头孢曲松、哌拉西林/他唑巴坦	多西环素、左氧氟沙星、哌拉西林/他唑巴坦	呼吸衰竭, 急性肾损伤 1 期	好转

3 讨论

衣原体门包括 1 个衣原体纲(*Chlamydia*), 1 个衣原体目(*Chlamydiales*); 衣原体目下设 8 个科,

其中衣原体科(*Chlamydiaceae*)是引起人和动物患病的相关衣原体种, 目前总共有 14 个衣原体种, 包括沙眼衣原体(*C. trachomatis*)、流产衣原体(*C. abortus*)、肺炎衣原体(*C. pneumoniae*)、鸚鵡热衣原体(*C. psittaci*)、猪衣原体(*C. suis*)、豚鼠衣原体

(*C. muridarum*)、猫衣原体(*C. felis*)、家畜衣原体(*C. pecorum*)、豚鼠衣原体(*C. caviae*)、鸟衣原体(*C. avium*)、家禽衣原体(*C. gallinacea*)、变温衣原体(*C. poikilothermis*)、蛇衣原体(*C. serpentis*)和伪鸚衣原体(*C. buteonis*)，还有 4 种候选种，包括朱鹭衣原体(*C. ibidis*)、美洲树蚧(*C. corallus*)、马岛蚧衣原体(*C. sanzinia*)和龟衣原体(*C. testudinis*)^[19]。衣原体广泛分布于世界各地，流产衣原体是其中的一种^[20]，可引起人类和动物的各种疾病。

流产衣原体感染通常见于孕妇^[11, 15, 17]，开始时为流感样疾病，然后发展为血小板减少和凝血功能障碍，通常导致胎儿死亡。流产衣原体通过患病动物的尿、粪便、乳汁、羊水、胎盘、流产胎儿等途径排出体外。既往报道^[14-15]直接接触流产衣原体可引起人类感染，也有病例报告^[11, 17]描述居住或到过受地方性流产影响的农场或附近间接接触流产衣原体而引起的人类感染，这表明临床医生应特别注意与受感染畜群动物有过直接或间接接触的人群。目前，根据文献^[11, 14]，流产衣原体感染主要采用聚合酶链式反应(PCR)诊断，而本病例报告中通过 BALF mNGS 明确流产衣原体感染，且 1 例患者外周血 mNGS 也同时检出流产衣原体。NGS，又称高通量测序，可对标本中所有核酸进行测序^[21-22]，NGS 具有检测速度快、精度高、成本低、覆盖范围广等特点^[23]。理论上可以检测临床标本的所有病原体，尤其适用于非典型、罕见、新型病原体。2014 年 Wilson 等在儿童脑脊液标本中应用 NGS 检测钩端螺旋体，这是 NGS 首次应用于传染病诊断^[24]。mNGS 的出现使我们发现病原体能力得到了提升，特别是鉴定新发病原体，Miao 等^[25]关于 mNGS 检测传染病病原体的回顾性研究中报道了 mNGS 的灵敏度和特异性分别为 50.7%、85.7%，明显高于传统的检测方法，特别是在检测结核分枝杆菌、病毒、真菌和厌氧细菌，此外，mNGS 的结果几乎不受既往使用抗菌药物的影响。仅通过血清学分析或细菌学技术可能漏诊流产衣原体，有报道对福尔马林固定石蜡包埋的胎盘材料进行 mNGS，可检测出流产衣原体，所以 mNGS 的应用在某种程度上对疾病诊断非常有帮助。

流产衣原体虽然是人类肺炎罕见的病原体，但在全身感染后可引起严重的并发症，值得临床医生重视^[26]。本次病例报告中，患者均高龄且具有基础疾病，流产衣原体感染后出现肺炎到呼吸衰竭、急性肾损伤等症状，临床医生应尽快识别并积极干预。

本病例报告中有 3 例患者检出少量鸚鹑热衣原体，考虑与流产衣原体和鸚鹑热衣原体物种具有相似特征有关^[19]。衣原体感染也容易合并其他病原体感染，继发呼吸衰竭后气管插管机械通气也容易并发呼吸机相关肺炎，故本病例选择以多西环素为基础的联合抗感染方案，经治疗后患者临床症状及炎症指标、呼吸衰竭、急性肾损伤和休克得到改善，4 例患者最终都好转出院。

自 2019 年以来，由 SARS-CoV-2 引起的人类肺炎，使我们在临床疾病诊疗上不堪重负，而包括人畜共患细菌在内的其他病原体也可能导致人类肺炎发生，需要在临床上进行鉴别诊断。目前，我国已进入新型冠状病毒感染常态化，当患者 SARS-CoV-2 检测阴性，且既往有禽类及动物接触史时，此类接触史可以追溯到养殖畜牧业或宠物饲养，在临床病史评估期间详细了解与哺乳动物、鸟类和爬行动物接触的情况。

总之，在临床上加强对此类人畜共患疾病的认识和监测是非常有必要的，本次病例报告 4 例患者的流产衣原体非典型肺炎均非常严重，不及时正确诊疗可能导致不良临床结局。mNGS 可以识别流产衣原体，缩短流产衣原体非典型肺炎的诊断时间，为抢救危重症患者争取时间，从而改善了患者预后。

本研究具有一定的局限性。首先，本次研究为单中心的回顾性研究，可能存在一定的偏倚。第二，本研究有 3 例(75.0%)患者检出少量序列数的鸚鹑热衣原体，尤其是病例 2 的 BALF 标本及外周血标本均有检出，不能排除存在混合感染的可能。第三，本研究样本量非常小，不能全面阐述流产衣原体非典型重症肺炎的全部特点。

利益冲突：所有作者均声明不存在利益冲突。

[参 考 文 献]

- [1] Marrie TJ, Costain N, La Scola B, et al. The role of atypical pathogens in community-acquired pneumonia[J]. *Semin Respir Crit Care Med*, 2012, 33(3): 244-256.
- [2] Li ZC, Cao XA, Fu BQ, et al. Identification and characterization of *Chlamydia abortus* isolates from yaks in Qinghai, China[J]. *Biomed Res Int*, 2015, 2015: 658519.
- [3] Li ZC, Liu P, Cao XA, et al. First report of *Chlamydia abortus* in farmed fur animals[J]. *Biomed Res Int*, 2018, 2018: 4289648.
- [4] Campos-Hernández E, Vázquez-Chagoyán JC, Salem AZM, et al. Prevalence and molecular identification of *Chlamydia abortus*

- tus in commercial dairy goat farms in a hot region in Mexico [J]. Trop Anim Health Prod, 2014, 46(6): 919–924.
- [5] Teankum K, Pospischil A, Janett F, et al. Prevalence of *Chlamydiae* in semen and genital tracts of bulls, rams and bucks[J]. Theriogenology, 2007, 67(2): 303–310.
- [6] Ruhl S, Goy G, Casson N, et al. *Parachlamydia acanthamoebae* infection and abortion in small ruminants[J]. Emerg Infect Dis, 2008, 14(12): 1966–1968.
- [7] Salinas J, Ortega N, Borge C, et al. Abortion associated with *Chlamydia abortus* in extensively reared Iberian sows[J]. Vet J, 2012, 194(1): 133–134.
- [8] Szymańska-Czerwińska M, Mitura A, Zaręba K, et al. Poultry in Poland as *Chlamydiaceae* carrier[J]. J Vet Res, 2017, 61(4): 411–419.
- [9] Walder G, Meusburger H, Hotzel H, et al. *Chlamydophila abortus* pelvic inflammatory disease [J]. Emerg Infect Dis, 2003, 9(12): 1642–1644.
- [10] Pospischil A, Thoma R, Hilbe M, et al. Abortion in woman caused by caprine *Chlamydophila abortus* (*Chlamydia psittaci* serovar 1)[J]. Swiss Med Wkly, 2002, 132(5/6): 64–66.
- [11] Pichon N, Guindre L, Laroucau K, et al. *Chlamydia abortus* in pregnant woman with acute respiratory distress syndrome [J]. Emerg Infect Dis, 2020, 26(3): 628–629.
- [12] Walder G, Hotzel H, Brezinka C, et al. An unusual cause of sepsis during pregnancy: recognizing infection with *Chlamydophila abortus* [J]. Obstet Gynecol, 2005, 106(5 Pt 2): 1215–1217.
- [13] Roberts W, Grist NR, Giroud P. Human abortion associated with infection by ovine abortion agent[J]. Br Med J, 1967, 4(5570): 37.
- [14] Ortega N, Caro MR, Gallego MC, et al. Isolation of *Chlamydia abortus* from a laboratory worker diagnosed with atypical pneumonia[J]. Ir Vet J, 2016, 69: 8.
- [15] Imkamp F, Albin S, Karbach M, et al. Zoonotic *Chlamydiae* as rare causes of severe pneumonia [J]. Swiss Med Wkly, 2022, 152: w30102.
- [16] Liu MT, Wen Y, Ding HG, et al. Septic shock with *Chlamydia abortus* infection[J]. Lancet Infect Dis, 2022, 22(6): 912.
- [17] Burgener AV, Seth-Smith HMB, Kern-Baumann S, et al. A case study of zoonotic *Chlamydia abortus* infection; diagnostic challenges from clinical and microbiological perspectives[J]. Open Forum Infect Dis, 2022, 9(10): ofac524.
- [18] Zhu CJ, Lv MJ, Huang JL, et al. Bloodstream infection and pneumonia caused by *Chlamydia abortus* infection in China: a case report[J]. BMC Infect Dis, 2022, 22(1): 181.
- [19] Longbottom D, Livingstone M, Ribeca P, et al. Whole genome de novo sequencing and comparative genomic analyses suggests that *Chlamydia psittaci* strain 84/2334 should be reclassified as *Chlamydia abortus* species[J]. BMC Genomics, 2021, 22(1): 159.
- [20] Longbottom D, Coulter LJ. Animal chlamydioses and zoonotic implications[J]. J Comp Pathol, 2003, 128(4): 217–244.
- [21] McCombie WR, McPherson JD, Mardis ER. Next-generation sequencing technologies[J]. Cold Spring Harb Perspect Med, 2019, 9(11): a036798.
- [22] Lecuit M, Eloit M. The potential of whole genome NGS for infectious disease diagnosis[J]. Expert Rev Mol Diagn, 2015, 15(12): 1517–1519.
- [23] Steuernagel B, Taudien S, Gundlach H, et al. *De novo* 454 sequencing of barcoded BAC pools for comprehensive gene survey and genome analysis in the complex genome of barley[J]. BMC Genomics, 2009, 10: 547.
- [24] Wilson MR, Naccache SN, Samayoa E, et al. Actionable diagnosis of neuroleptospirosis by next-generation sequencing[J]. N Engl J Med, 2014, 370(25): 2408–2417.
- [25] Miao Q, Ma YY, Wang QQ, et al. Microbiological diagnostic performance of metagenomic next-generation sequencing when applied to clinical practice[J]. Clin Infect Dis, 2018, 67(Suppl 2): S231–S240.
- [26] Rohde G, Straube E, Essig A, et al. Chlamydial zoonoses[J]. Dtsch Arztebl Int, 2010, 107(10): 174–180.

(本文编辑:刘思娣、陈玉华)

本文引用格式:曾海文,陈巧莉,丁志荣,等. 流产衣原体非典型重症肺炎的诊断及临床特点[J]. 中国感染控制杂志, 2024, 23(3): 358–363. DOI:10.12138/j.issn.1671-9638.20244836.

Cite this article as: ZENG Hai-wen, CHEN Qiao-li, DING Zhi-rong, et al. Diagnosis and clinical characteristics of atypical severe pneumonia caused by *Chlamydia abortus* [J]. Chin J Infect Control, 2024, 23(3): 358–363. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20244836.