

• 临床研究 •

综合重症监护病房多重耐药菌感染预测模型的构建与验证

陶春牡¹, 毛志远¹, 刘 袁¹, 徐 蕾¹, 赵 红¹, 陈月琴¹, 缪 逸¹, 钱 煜², 范丽梅²

(扬州大学附属靖江人民医院: 1. 医院感染管理科; 2. 重症医学科, 江苏 靖江 214500)

[摘要] 目的 分析多重耐药菌(MDRO)在综合重症监护病房(ICU)患者中的检出及分布情况,构建 MDRO 感染预测模型并进行验证,指导临床决策,预防 MDRO 感染及医院内传播。方法 选取 2023 年 1—12 月该院综合 ICU 收治的 632 例患者作为研究对象,分析检出的 MDRO 菌株分布及感染 MDRO 的危险因素,构建 MDRO 感染预测模型,并应用该模型对 2024 年综合 ICU 新收治的 158 例患者进行 MDRO 感染预测以验证其预测效能。结果 632 例患者中 MDRO 感染 129 例,未感染 503 例。外院转入、使用抗菌药物种类、血红蛋白水平、中性粒细胞比例、留置胃管、急性生理学及慢性健康状况评价 II 评分、使用呼吸机及导尿管时间为综合 ICU 患者 MDRO 感染的危险因素($P < 0.05$)。据此构建的 MDRO 感染预测模型具有较好的拟合度($\chi^2 = 2.990, P = 0.935$)。预测 MDRO 感染的受试者工作特征(ROC)曲线下面积(AUC)为 0.891[95%可信区间(95%CI)0.860~0.921],验证阶段的 AUC 为 0.860(95%CI 0.780~0.940),具有较好的预测诊断价值。结论 综合 ICU 患者 MDRO 感染率较高,引起 MDRO 感染的危险因素较多,根据筛选出的危险因素构建的 MDRO 感染预测模型可为预测患者是否发生 MDRO 感染提供参考依据,从而指导医护人员尽早采取措施,防范 MDRO 感染及交叉传播。

[关键词] 重症监护病房; 多重耐药菌; 感染; 预测; 危险因素

DOI:10.3969/j.issn.1009-5519.2026.03.028

中图法分类号:R197.32;R378

文章编号:1009-5519(2026)03-0626-05

文献标识码:A

Construction and validation of a prediction model for multi-drug resistant organisms infection in the comprehensive intensive care unit

TAO Chunmu¹, MAO Zhiyuan¹, LIU Yuan¹, XU Lei¹, ZHAO Hong¹,
CHEN Yueqin¹, MIAO Yi¹, QIAN Yu², FAN Limei²

(1. Department of Infection Management; 2. Department of Intensive Care Unit, Jingjiang People's Hospital Affiliated to Yangzhou University, Jingjiang, Jiangsu 214500, China)

[Abstract] **Objective** To analyze the detection and distribution of multi-drug resistant organisms (MDRO) in patients in the comprehensive intensive care unit (ICU), construct a predictive model and validate it, guide clinical decision-making, and prevent MDRO infections and nosocomial transmission. **Methods** A total of 632 patients admitted to the comprehensive ICU of the hospital from January to December 2023 were included in the study. The distribution of MDRO strains detected and the risk factors of MDRO infection were analyzed, and a prediction model was constructed and its predictive effectiveness was verified. This model was further applied to 158 newly admitted patients in the comprehensive ICU in 2024 to verify its predictive efficiency for MDRO infection. **Results** Among 632 patients, 129 were infected with MDRO and 503 were not. Risk factors for MDRO infection in patients admitted to the comprehensive intensive care unit, including the transfer from other hospitals, the types of antibiotics used, hemoglobin concentration, neutrophil ratio, indwelling gastric tube, and Acute Physiology and Chronic Health Evaluation II, using ventilator and catheter days ($P < 0.05$). The Hosmer-Lemeshow test showed good fit of the constructed MDRO infection prediction model ($\chi^2 = 2.990, P = 0.935$). The area under the receiver operating characteristic (ROC) curve (AUC) for predicting MDRO infection was 0.891 [95% confidence interval (95%CI) 0.860—0.921], and the AUC in the validation stage was 0.860 (95% CI 0.780—0.940), indicating a good predictive diagnostic value. **Conclusion** The infection rate of MDRO in comprehensive ICU is relatively high, and there are many risk factors that can cause MDRO infection. A predictive model constructed based on the screened risk factors can

provide reference for predicting whether patients have MDRO infection, so as to guide medical staff to take measures as early as possible to prevent MDRO infections and cross transmission.

[Key words] Intensive care units; Multidrug resistant bacteria; Infection; Prediction; Risk factors

抗微生物耐药给全球人类造成了重大威胁,是导致患者死亡的主要原因,特别是在卫生资源缺乏的国家,有研究预测,到 2025 年每年有 1 000 万人会因细菌耐药而死亡^[1]。为减轻细菌感染引起的疾病负担,制定精准、有效的感染预防控制措施,需对导致感染的多重耐药菌(MDRO)进行深入研究。MDRO 感染是重症监护病房(ICU)患者医院感染防控的重点和难点,早期预测患者 MDRO 感染风险,尽早采取有效措施,可降低 MDRO 感染及传播风险,提高治疗效果^[2]。为此,本研究通过对综合 ICU 患者的临床特征进行分析,旨在筛查 MDRO 感染的危险因素,建立适合本院的 MDRO 感染预测模型,为临床医生早期采取干预措施预防医院内传播提供参考依据。

1 资料与方法

1.1 资料

1.1.1 研究对象 选取 2023 年 1—12 月本院综合 ICU 收治的 632 例患者作为研究对象,建立 MDRO 感染预测模型,另选取 2024 年 1—3 月综合 ICU 收治的 158 例患者进行验证。本研究已通过本院伦理委员会审批(2024-KY-040-01)。

1.1.2 纳入标准 (1)在综合 ICU 住院且进行微生物培养的患者。(2)临床资料完整的患者。

1.1.3 排除标准 (1)急性严重失血性休克患者;(2)微生物培养报告为污染、重复者。

1.2 方法

1.2.1 细菌培养及鉴定 根据患者不同临床表现确定标本类型,如血液、痰液、尿液、脑脊液、伤口分泌物等,遵循标本采集规程,规范采集后及时送检。细菌的分离培养按《全国临床检验操作规程》^[3]进行,采用全自动布鲁克质谱仪对目的菌进行鉴定,采用 VITEK2 COMPACT 全自动微生物鉴定系统进行药敏试验。按美国临床实验室标准化委员会标准判读药敏试验结果。质控菌株为大肠埃希菌(ATCC25922)、金黄色葡萄球菌(ATCC29213)、粪肠球菌(ATCC29212)、铜绿假单胞菌(ATCC27853)等。

1.2.2 资料收集 通过医院信息系统收集患者年龄、性别、身体质量指数(BMI)、合并基础疾病、留置导管类型(胃管、导尿管、呼吸机、中心静脉导管)、意识状态、感染前住院时间、营养风险指数、血红蛋白及清蛋白水平、中性粒细胞比例(中性比)、联合应用广谱抗菌药物种类及时间、糖皮质激素应用情况、入院状态(急诊、门诊、外院转入、ICU 周转)等。

1.3 统计学处理 应用 SPSS23.0 统计软件进行数据分析,计数资料以率或构成比表示,采用 χ^2 检验;

采用 logistic 回归模型筛选危险因素, Hosmer-Lemeshow 检验模型拟合度, $P > 0.05$ 表示模型拟合度好,应用 Zstats1.0 软件构建列线图,对 MDRO 感染预测模型进行可视化。绘制受试者工作特征(ROC)曲线评估模型的预测价值,计算优势比(OR)及 95%可信区间(95%CI)。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 MDRO 检出情况 632 例患者中 MDRO 感染 129 例,未感染 503 例,检出 MDRO 187 株。见表 1。

表 1 MDRO 检出情况($n=187$)

菌株名称	<i>n</i>	构成比(%)
革兰阳性菌	18	9.63
耐甲氧西林金黄色葡萄球菌	18	9.63
革兰阴性菌	169	90.37
耐第 3、4 代头孢菌素大肠埃希菌	19	10.16
耐第 3、4 代头孢菌素肺炎克雷伯菌	13	6.95
耐碳青霉烯类不动杆菌	92	49.20
耐碳青霉烯类大肠埃希菌	4	2.13
耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌	35	18.72
耐碳青霉烯铜绿假单胞菌	6	3.21

2.2 MDRO 感染影响因素的单因素 logistic 回归模型分析 综合 ICU 患者 MDRO 感染与住院大于或等于 3 次、外院转入、ICU 住院史、昏迷、抗菌药物使用、留置胃管、血红蛋白及清蛋白水平、中性比、急性生理学和慢性健康状况评价 II (APACHE II) 评分、感染前住院时间,以及使用呼吸机、中心静脉导管、导尿管明显相关($P < 0.05$)。见表 2。

2.3 MDRO 感染影响因素的多因素 logistic 回归模型分析 外院转入、使用抗菌药物种类、血红蛋白水平、中性比、留置胃管、APACHE II 评分、使用呼吸机及导尿管时间为 ICU 患者 MDRO 感染的危险因素($P < 0.05$)。见表 3。

2.4 MDRO 感染预测模型列线图及评价 根据筛选的风险因素构建的 MDRO 感染预测模型列线图见图 1。MDRO 感染预测模型有较好的拟合度($\chi^2 = 2.990, P = 0.935$),总体预测正确率为 82.7%。预测概率与实际概率相接近。MDRO 感染预测模型预测 MDRO 感染的 ROC 曲线下面积(AUC)为 0.891(95%CI 0.860~0.921),灵敏度为 80.7%,特异度为 83.6%。见图 2。验证阶段的 AUC 为 0.860(95%CI 0.780~0.940),灵敏度为 81.4%,特异度为 82.5%。见图 3。

表 2 MDRO 感染影响因素的单因素 logistic 回归模型分析

变量	回归系数	标准误	χ^2	<i>P</i>	<i>OR</i>	95% <i>CI</i>
住院大于或等于 3 次	0.383	0.183	4.357	0.037	1.466	1.024~2.100
长期使用激素	0.871	0.483	3.248	0.072	2.390	0.927~6.163
外院转入	0.962	0.318	9.170	0.002	2.617	1.404~4.879
ICU 住院史	1.404	0.369	14.481	<0.001	4.071	1.976~8.391
昏迷	0.845	0.189	20.053	<0.001	2.328	1.608~3.370
抗菌药物种类	0.873	0.108	65.156	<0.001	2.394	1.937~2.959
使用抗菌药物时间	0.146	0.020	54.235	<0.001	1.157	1.113~1.202
血红蛋白水平	-0.023	0.004	35.134	<0.001	0.977	0.970~0.985
中性比	0.020	0.009	5.078	0.024	1.021	1.003~1.039
清蛋白水平	-0.059	0.015	14.928	<0.001	0.943	0.915~0.972
留置胃管	2.707	0.240	127.717	<0.001	14.985	9.370~23.963
营养评分	-0.045	0.066	0.479	0.489	0.956	0.840~1.087
BMI	0.009	0.024	0.154	0.694	1.009	0.963~1.058
APACHE II 评分	0.138	0.018	59.775	<0.001	1.148	1.108~1.189
空腹血糖	0.012	0.017	0.535	0.464	1.012	0.980~1.046
感染前住院时间	0.067	0.012	30.481	<0.001	1.069	1.044~1.094
年龄	0.002	0.006	0.072	0.789	1.002	0.989~1.014
性别	-0.152	0.190	0.636	0.425	0.859	0.591~1.248
使用呼吸机	1.010	0.202	29.808	<0.001	3.007	2.025~4.464
使用呼吸机时间	0.020	0.005	16.061	<0.001	1.020	1.010~1.031
使用导尿管	0.986	0.368	7.159	0.007	2.680	1.302~5.517
使用导尿管时间	0.038	0.006	47.335	<0.001	1.039	1.028~1.051
使用中心静脉导管	0.664	0.187	12.605	0.001	1.942	1.346~2.802
使用中心静脉导管时间	0.018	0.006	9.188	0.002	1.018	1.060~1.030

表 3 MDRO 感染影响因素的多因素 logistic 回归模型分析

因素	回归系数	标准误	χ^2	<i>P</i>	<i>OR</i>	95% <i>CI</i>
常量	-5.977	1.414	17.874	<0.001	0.003	-
住院大于或等于 3 次	0.005	0.290	0.000	0.985	1.005	0.570~1.773
外院转入	1.088	0.480	5.131	0.024	2.969	1.158~7.613
ICU 住院史	1.637	1.199	1.864	0.172	5.141	0.490~53.924
昏迷	-0.038	0.330	0.013	0.908	0.963	0.504~1.838
抗菌药物种类	0.624	0.170	13.469	<0.001	1.867	1.338~2.605
使用抗菌药物时间	0.032	0.048	0.443	0.506	1.033	0.940~1.135
血红蛋白水平	-0.016	0.006	7.227	0.007	0.984	0.973~0.996
中性比	0.032	0.013	5.612	0.018	1.032	1.006~1.060
清蛋白水平	-0.011	0.025	0.200	0.655	0.989	0.943~1.038
留置胃管	1.690	0.344	24.198	<0.001	5.419	2.764~10.624
APACHE II 评分	0.122	0.022	30.208	<0.001	1.129	1.081~1.180
使用呼吸机	0.741	0.340	4.759	0.029	2.099	1.078~4.086
使用导尿管时间	0.026	0.009	8.509	0.004	1.027	1.009~1.045

注：- 表示无此项。

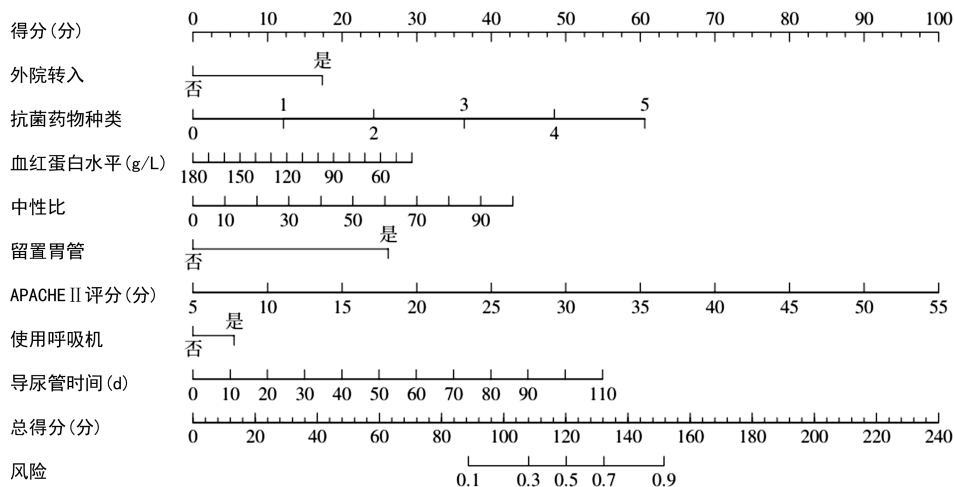


图 1 MDRO 感染预测模型的列线图

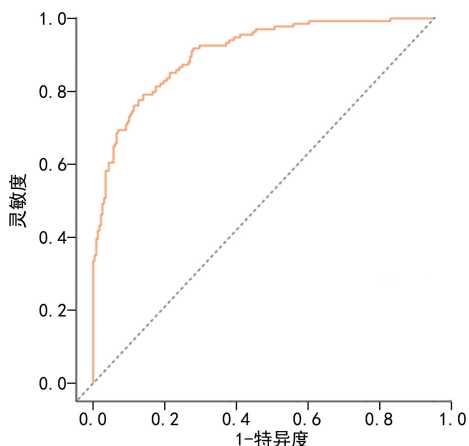


图 2 MDRO 感染预测模型预测 MDRO 感染的 ROC 曲线

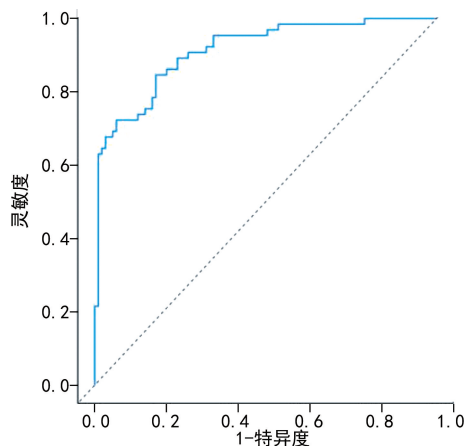


图 3 验证 MDRO 感染预测模型预测 MDRO 感染的 ROC 曲线

3 讨论

医疗保健相关感染是医疗卫生系统的重大负担, 抗菌药物耐药性使这个问题日益严峻。西班牙学者进行的一项 MDRO 疾病负担研究结果显示, 2023 年有 17 万例住院患者发生 MDRO 感染, 其中 2.5 万例患者死亡^[4]。如何筛选 MDRO 高感染风险患者、减少多重耐药细菌的传播是医疗机构迫切需要解决的问题。本研究结果发现, 外院转入、使用抗菌药物种类、血红蛋白水平、中性比、留置胃管、APACHE II 评

分、使用呼吸机及导尿管时间为 ICU 患者 MDRO 感染的危险因素。通过建立 MDRO 感染预测模型, 提前预测 MDRO 感染风险, 早期采取感染控制措施, 降低交叉传播风险, 精准使用抗菌药物, 可减少进一步诱导细菌耐药的发生。

不同研究引起 ICU 患者 MDRO 感染的危险因素不完全相同。上海学者进行的一项研究表明, 综合 ICU 住院时间大于 21 d、心脑血管疾病、感染前手术次数大于或等于 2 次, 以及使用导尿管、呼吸机、营养支持与 MDRO 感染有关^[5]。青岛学者进行的研究表明, 住院及入住 ICU 时间、长期卧床、入住 ICU 前使用抗生素及进行侵入性操作、合并慢性肺部疾病及低蛋白血症、APACHE II 评分、抗生素使用数量是 ICU 患者发生美容感染的危险因素^[6]。不同专科 ICU 患者 MDRO 感染危险因素也存在差异。在谭芬叶等^[7]研究中, 年龄、合并基础疾病、留置导管、意识状态、使用皮质激素等被确立为神经内科 ICU 患者 MDRO 感染的独立危险因素。合并意识障碍、长时间机械通气、留置气管导管及导尿管、联合使用 2 种以上抗菌药物是神经外科重症患者合并 MDRO 感染的独立危险因素^[8]。住院时间大于或等于 7 d、机械通气、使用抗菌药物种类大于或等于 3 种、使用抗菌药物时间大于或等于 7 d 是新生儿 ICU 患儿 MDRO 反复感染的独立危险因素^[9]。而在何珊等^[10]的研究中, 创伤及多发伤、使用 2 种以上抗菌药物、静脉插管、使用 7 d 以上呼吸机被认为与 MDRO 有关。本研究结果显示, 抗菌药物使用、留置胃管、APACHE II 评分、使用呼吸机及导尿管时间被列为 MDRO 感染危险因素, 与其他研究结果一致, 血红蛋白水平、中性比在其他研究中未被列为危险因素, 研究结果与其他预测模型存在差异, 可能与不同地区、不同类型 ICU 收治对象存在差异有关, 血红蛋白水平与肺部感染严重程度呈负相关^[11], 可能与其影响机体免疫力有关, 血红蛋白水平下降可能增加 MDRO 感染风险, 需进一步研究以确

认其与 MDRO 感染的相关性。

抗菌药物的使用是大多数预测模型中的独立危险因素。因此,在 MDRO 感染预测与防控中应重点关注抗菌药物的管理,提高抗菌药物治疗前病原学送检率可使抗菌药物的管理更科学,并有利于降低 MDRO 医院感染发生率^[12]。本研究结果显示,综合 ICU 检出的 MDRO 以耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌、耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌为主,与既往研究结果一致^[13-14]。但地区之间细菌耐药存在不同程度的差别^[15],可能与抗菌药物使用强度、气候、医疗资源、携带的耐药基因不同有关^[16]。有研究发现,医院外获得的 MDRO 感染中耐甲氧西林金黄色葡萄球菌高于其他种类细菌,但这类患者通常不在 ICU 收治^[17]。留置胃管在多个 MDRO 感染预测模型研究中是 MDRO 感染的独立危险因素,可能与患者胃部插管易引起细菌滋生、破坏气道黏膜屏障、导致正常菌群数量和比例发生改变而有助于细菌入侵定植有关^[18]。

值得注意的是,免疫功能低下的患者,如患有活动性癌症或血液系统恶性肿瘤、中性粒细胞减少症、实体器官移植、使用类固醇或免疫抑制药物、感染和遗传人类免疫缺陷病毒等在 ICU 患者 MDRO 定植和(或)感染发生率明显降低。这一发现指出了接触预防措施和隔离措施的重要作用,并可能会影响抗生素的管理^[19]。

综上所述,ICU 患者是 MDRO 感染的高危人群,病原菌包含革兰阳、阴性菌,以阴性菌为主。是否外院转入、使用的抗菌药物种类、留置胃管、APACHE II 评分、使用呼吸机及导尿管时间、感染前住院时间可用于评估患者 MDRO 感染风险,但本研究对象均为 ICU 患者。因此,上述指标可能并不完全适用于其他科室和其他医疗机构。不同地区、不同医疗机构、不同类型 ICU 由于收治对象及疾病谱的差异,导致患者发生 MDRO 感染的危险因素并不完全相同,建立适合本院的 MDRO 感染预测模型,有助于早期预测患者 MDRO 感染风险,做好消毒隔离及抗菌药物选择和管理,尽可能避免感染的发生及交叉传播,最终改善患者预后。

参考文献

- [1] MURRAY C J L, IKUTA K S, SHARARA F, et al. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis[J]. *Lancet*, 2022, 399(10325): 629-655.
- [2] 杨启文, 吴安华, 胡必杰, 等. 临床重要耐药菌感染传播防控策略专家共识[J]. *中国感染控制杂志*, 2021, 20(1): 1-14.
- [3] 尚红, 王毓三, 申子瑜. 全国临床检验操作规程[M]. 4 版. 北京: 人民卫生出版社, 2015: 629-631.
- [4] PEÑALVA G, CANTÓN R, PEREZ-RODRIGUEZ M T, et al. Burden of bacterial antimicrobial resistance among

hospitalised patients in Spain; findings from three nationwide prospective studies [J]. *Lancet Reg Health Eur*, 2025, 51: 101220.

- [5] 丁梦媛, 李文进, 耿苗苗, 等. 综合重症监护病房患者多重耐药菌医院感染风险评估模型构建[J]. *中国卫生资源*, 2020, 23(4): 384-387.
- [6] 王亚喜, 张玲慧, 曹文, 等. 重症监护室病人多重耐药菌感染预测模型的构建[J]. *青岛大学学报(医学版)*, 2024, 60(1): 115-119.
- [7] 谭芬叶, 赵蓓, 陈亚男, 等. 神经内科重症监护室多重耐药菌感染预测模型构建[J]. *中华医院感染学杂志*, 2024, 34(10): 1575-1578.
- [8] 钟达海, 李勇, 刘满昌. 神经外科重症患者合并多重耐药菌感染的危险因素分析与预测模型构建[J]. *抗感染药学*, 2024, 21(8): 829-832.
- [9] 卢蔚薇, 赖宇涛, 童雅婵, 等. 新生儿重症监护病房多重耐药菌反复感染的危险因素分析[J]. *传染病信息*, 2023, 36(3): 243-247.
- [10] 何珊, 乔记, 陈丽. ICU 重症患者多重耐药菌感染情况及相关因素分析[J]. *实用预防医学*, 2025, 32(3): 342-345.
- [11] 高理正, 高鹏宇. 血清 PCT、IL-17 及 Hb 水平在老年肺部感染患者中的诊断价值[J]. *中国民康医学*, 2024, 36(4): 127-129.
- [12] 魏晓琨, 曹侠, 王增金, 等. 六西格玛联合目标管理在提高病原学送检率的应用及效果评价[J]. *现代医药卫生*, 2024, 40(14): 2507-2512.
- [13] YANG J, CHEN M, LI L, et al. Prognosis analysis and infection-related risk factors of multidrug-resistant bacteria isolated from a general hospital in China, 2019—2023 [J]. *J Hosp Infect*, 2025, 158: 29-37.
- [14] 宋晓超, 金美娟, 丁蔚, 等. 不同重症监护病房多重耐药菌医院感染监测报告[J]. *中华医院感染学杂志*, 2025, 35(10): 1524-1529.
- [15] 全国细菌耐药监测网. 2023 年全国细菌耐药监测报告(简要版)[EB/OL]. (2024-11-18)[2025-05-06]. <https://www.carss.cn/Report/Details?ald=978>.
- [16] REYES J, KOMAROW L, CHEN L, et al. Global epidemiology and clinical outcomes of carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* and associated carbapenemases (POP): a prospective cohort study[J]. *Lancet Microbe*, 2023, 4(3): e159-e170.
- [17] 汪峻葵, 夏梦迪, 付玉仙, 等. 多重耐药菌院外获得患者来源与分布研究[J]. *华西医学*, 2025, 40(3): 370-376.
- [18] 毛云, 刘新龙, 张智璟, 等. 入院时昏迷的颅脑外伤患者呼吸机相关肺炎病原菌分布及危险因素分析[J]. *中国消毒学杂志*, 2023, 40(1): 21-23.
- [19] KREITMANN L, VASSEUR M, JERMOUMI S, et al. Relationship between immunosuppression and intensive care unit-acquired colonization and infection related to multidrug-resistant bacteria: a prospective multicenter cohort study[J]. *Intensive Care Med*, 2023, 49(2): 154-165.