DOI:10.12138/j.issn.1671－9638.20263396

·论著·

基于多中心外部地理验证的多重耐药菌医院感染 Logistic 回归预测模型构建

姚程洪[1],李文波[2],王　静[3],刘变叶[4],张俊瑕[5],张小亮[6],段凯悦[1],张浩军[7]
(1.甘肃中医药大学公共卫生学院,甘肃 兰州 730000;2.甘肃省第二人民医院检验科微生物实验室,甘肃 兰州 730000;3.天水市第一人民医院医院感染管理科,甘肃 天水 741000;4.庆阳市人民医院医院感染管理科,甘肃 庆阳 745003;5.河西学院附属张掖人民医院感染管理科,甘肃 张掖 734000;6.西北民族大学附属医院/甘肃省第二人民医院公共卫生与医院感染管理科,甘肃 兰州 730000;7.甘肃省第二人民医院院长办公室,甘肃 兰州 730000)

[**摘　要**] **目的**　探讨多重耐药菌(MDRO)医院感染的独立危险因素,构建并外部验证 Logistic 回归预测模型,评估其跨中心泛化能力,为临床早期识别与精准感染防控提供依据。**方法**　采用多中心回顾性 1∶1 匹配病例对照研究,收集 2023 年 1 月—2024 年 12 月甘肃省 4 所三级甲等综合医院住院患者临床资料。按住院科室、入院时间 1∶1 匹配纳入 MDRO 医院感染患者 328 例(病例组)与未发生 MDRO 感染患者 328 例(对照组)。按地理来源划分数据集:训练集(张掖市人民医院、庆阳市人民医院、天水市人民医院,病例组和对照组各 228 例),外部验证集(甘肃省第二人民医院,病例组和对照组各 100 例)。多因素 Logistic 回归筛选独立预测因子并构建模型,采用受试者工作特征(ROC)曲线、校准曲线、决策曲线分析(DCA)评估模型区分度、校准度与临床实用性。**结果**　多因素回归显示,既往肺部感染史(OR = 2.656,95%CI:1.685～4.186,P<0.001)、高血压(OR = 1.852,95%CI:1.212～2.830,P = 0.004)、侵入性操作(OR = 3.007,95%CI:1.936～4.673,P<0.001)、贫血(OR = 2.543,95%CI:1.621～3.990,P<0.001)为 MDRO 感染的独立危险因素。训练集 ROC 曲线下面积(AUC) = 0.778,外部验证集 AUC = 0.648,跨中心外部验证后模型区分度出现衰减。校准曲线提示训练集预测概率与实际结局一致性较好;DCA 结果提示,在阈值概率 5%～80%区间内,模型临床净获益优于“全部干预”与“不干预”两种极端策略。**结论**　研究构建的 MDRO 医院感染非条件 Logistic 回归预测模型在训练队列表现尚可,但跨机构外部验证区分效能有所下降,模型外推应用仍存在局限,可为西北地区住院患者 MDRO 高危风险初筛提供参考。

[**关　键　词**] 多重耐药;医院感染;预测模型;Logistic 回归;外部验证
[**中图分类号**] R181.3+2

Construction of a logistic regression prediction model for hospital-acquired infections caused by multidrug-resistant organisms based on multicenter external geographic validation

Yao Chenghong[1], *Li Wenbo*[2], *Wang Jing*[3], *Liu Bianye*[4], *Zhang Junxia*[5], *Zhang Xiaoliang*[6], *Duan Kaiyue*[1], *Zhang Haojun*[7] (1. *School of Public Health, Gansu University of Chinese Medicine, Lanzhou* 730000, *China*; 2. *Microbiology Laboratory, Department of Laboratory Medicine, Gansu Provincial Second People's Hospital, Lanzhou* 730000, *China*; 3. *Department of Hospital Infection Management, Tianshui First People's Hospital, Tianshui* 741000, *China*; 4. *Department of Hospital Infection Management, Qingyang People's Hospital, Qingyang*

[收稿日期] 2026－05－13
[基金项目] 甘肃省卫生健康行业科技创新重大项目(GSWSZD2025－14);中央高校基本科研业务费专项资金项目(31920240079);甘肃省卫生健康行业科研项目(GSWSKY 2025－27)
[作者简介] 姚程洪(2000－),男(汉族),重庆市奉节县人,硕士研究生在读,主要从事医院感染管理研究。
[通信作者] 张浩军　E-mail:haozi_523@163.com

745003, *China*; 5. *Department of Hospital Infection Management, Zhangye People's Hospital Affiliated to Hexi University, Zhangye* 734000, *China*; 6. *Department of Public Health and Hospital Infection Management, Affiliated Hospital of Northwest Minzu University / Gansu Provincial Second People's Hospital, Lanzhou* 730000, *China*; 7. *Office of the President, Gansu Provincial Second People's Hospital, Lanzhou* 730000, *China*)

[**Abstract**] **Objective** To explore the independent risk factors for hospital-acquired infections caused by multidrug-resistant organisms (MDROs), construct and externally validate a logistic regression prediction model, and evaluate its generalizability across centers, so as to provide a basis for early clinical identification and precise infection prevention and control. **Methods** A multicenter retrospective 1∶1 matched case-control study was conducted. Clinical data of inpatients from four tertiary grade A general hospitals in Gansu Province from January 2023 to December 2024 were collected. A total of 328 patients with MDRO hospital-acquired infections (case group) and 328 uninfected patients (control group) were included after 1∶1 matching by inpatient department and admission time. The dataset was divided according to geographic source: the training set comprised patients from Zhangye People's Hospital, Qingyang People's Hospital, and Tianshui People's Hospital, including 228 patients each in the case and control groups; the external validation set comprised patients from Gansu Provincial Second People's Hospital, with 100 patients each in the case and control groups. Multivariate logistic regression was used to screen for independent predictors and construct the model. Receiver operating characteristic (ROC) curves, calibration curves, and decision curve analysis (DCA) were used to evaluate the discrimination, calibration, and clinical utility of the model, respectively. **Results** Multivariate regression showed that a history of pulmonary infection (OR = 2.656, 95%CI: 1.685 - 4.186, P<0.001), hypertension (OR = 1.852, 95%CI: 1.212 - 2.830, P = 0.004), invasive procedures (OR = 3.007, 95%CI: 1.936 - 4.673, P<0.001), and anemia (OR = 2.543, 95%CI: 1.621 - 3.990, P<0.001) were independent risk factors for MDRO hospital-acquired infections. The area under the ROC curve (AUC) was 0.778 in the training set and 0.648 in the external validation set, indicating attenuated discrimination after cross-center external validation. The calibration curve showed good agreement between the predicted probabilities and observed outcomes in the training set. DCA showed that, within the threshold probability range of 5% - 80%, the model provided a greater clinical net benefit than the "treat-all" and "treat-none" strategies. **Conclusion** The unconditional logistic regression prediction model for MDRO hospital-acquired infections developed in this study showed acceptable performance in the training cohort, but its discriminatory performance decreased in cross-institutional external validation, indicating limitations in its generalizability. The model may provide a reference for preliminary screening of inpatients at high risk of MDRO infection in northwestern China.

[**Key words**] multidrug resistance; hospital-acquired infection; prediction model; logistic regression; external validation

多重耐药菌(MDRO)所致医院感染是全球公共卫生重大挑战,显著增加患者病死率,延长住院周期,并加重医疗经济负担[1]。随着广谱抗菌药物广泛应用,耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)、耐碳青霉烯类肠杆菌目细菌(CRE)、耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌(CRAB)等病原菌的临床分离率持续攀升,医院感染防控压力显著加重[2-3]。然而,目前国内针对 MDRO 感染构建的预测模型多基于单中心数据,往往面临泛化能力不足、外推性较差的问题,且鲜少经过严格的独立外部验证[4]。特别是在我国西北地区,由于医疗资源分布、抗菌药物使用习惯及医院感染管理模式具有其特有的区域属性,专门针对该地区的多中心预测模型仍处于空白状态。基于此,本研究利用甘肃省 4 所三级甲等综合医院的真实世界多中心数据,构建了 MDRO 医院感染的 Logistic 回归预测模型,并实施了严格的地理外部验证。本研究旨在精准筛选核心危险因素,评估模型的临床应用价值,从而为西北地区乃至更广泛区域的"精准感控"提供坚实的科学依据。

1 对象与方法

1.1 研究对象 采用多中心、回顾性、病例对照研究设计。研究单位为甘肃省 4 所三级甲等综合医院

（甘肃省第二人民医院、庆阳市人民医院、天水市人民医院、张掖市人民医院），研究时段为 2023 年 1 月—2024 年 12 月。

病例组：328 例，为住院期间发生 MDRO 医院感染的患者。纳入标准：①年龄≥18 岁；②住院时长≥48 h；③MDRO 医院感染诊断标准符合《医院感染病例判定标准：通用原则》（WS/T 857—2025）[5]。排除标准：①院外带入 MDRO 感染；②入院 48 h 内死亡或出院；③住院期间从未送检微生物培养，或送检标本不合格、未检出致病菌者。

对照组：328 例，通过 1∶1 匹配选取同期住院、未发生 MDRO 医院感染的患者，匹配因素包括住院科室和住院时间，匹配允许范围为入院日期 ± 30 d，纳入患者住院时长≥48 h。

按地理来源划分数据集：训练集（张掖市人民医院、庆阳市人民医院、天水市人民医院，病例组和对照组各 228 例），外部验证集（甘肃省第二人民医院，病例组和对照组各 100 例）。

1.2　*数据收集与变量定义*　通过蓝蜻蜓医院感染实时监控系统和电子病历系统收集患者信息。通过系统文献回顾确定 MDRO 感染的潜在影响因素，统一变量定义如下。一般资料包括性别、年龄、住院日数、住院科室、入住重症监护病房（ICU）；基础疾病与状态包括既往肺部感染史（入院前 6 个月内经胸部影像学及病原学确诊）、高血压、糖尿病、恶性肿瘤、慢性阻塞性肺疾病、贫血（男性血红蛋白＜120 g/L，女性＜110 g/L）、低蛋白血症；侵入性操作包括使用呼吸机、留置导尿管、中心静脉置管；手术史；抗菌药物使用包括碳青霉烯类暴露史、使用时长、联用种类；实验室指标包括中性粒细胞计数异常、降钙素原（PCT）＞0.5 ng/mL。

1.3　*数据集划分与质量控制*　质量控制：剔除缺失率＞20％的变量；对缺失率≤20％的变量，连续变量用中位数填补，分类变量用众数填补。数据集划分：采用基于地理区域的外部验证策略。训练集包含张掖市人民医院、庆阳市人民医院、天水市人民医院的数据（n = 456），用于模型训练与参数优化；外部验证集为甘肃省第二人民医院的数据（n = 200），用于评估模型的泛化能力。

1.4　*统计分析*　应用 SPSS 26.0 和 R 4.2.2 进行统计分析，检验水准 α = 0.05。单因素分析采用 χ^2 检验或 *Fisher* 确切检验，将单因素分析中 P＜0.05 的变量纳入多因素非条件 Logistic 回归分析，构建 MDRO 感染风险预测模型；本研究抽样阶段采用 1∶1 匹配，建模时将匹配变量住院科室纳入模型校正混杂，入院时间仅用于样本匹配，不纳入模型。采用受试者工作特征（ROC）曲线下面积（AUC）评估模型区分度，通过 1 000 次 Bootstrap 重抽样绘制校准曲线并计算平均绝对误差（MAE）评估校准度，采用决策曲线分析（DCA）评估模型的临床净获益。

2　结果

2.1　*病例组 MDRO 感染的病原学分布*　328 例发生 MDRO 医院感染的患者，共分离 328 株目标 MDRO。结果显示，革兰阴性菌占绝对优势，其中以 CRAB 占比最高（126 株，38.41％）；其次为革兰阳性菌中的 MRSA 85 株（25.91％）。其他常见耐药菌包括耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌（CRKP）、耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌（CRPA）及耐碳青霉烯类大肠埃希菌（CREC）。见表 1。

表 1　病例组 MDRO 感染的病原学分布

Table 1　Pathogen distribution of MDROs in the case group

MDRO	株数	构成比（％）
CRAB	126	38.41
CRKP	36	10.98
CRPA	32	9.76
CREC	27	8.23
MRSA	85	25.91
其他 MDRO	22	6.71
合计	328	100

2.2　*训练集研究对象基线及单因素分析结果*　训练集共 456 例，其中 MDRO 感染病例 228 例，对照组 228 例。单因素检验结果显示：既往肺部感染史、贫血、低蛋白血症、侵入性操作、手术史、高血压、住院时间≥14 d、碳青霉烯类药物暴露史、抗菌药物使用时长＞7 d、抗菌药物联用≥3 种 10 个变量组间比较，差异均具有统计学意义（均 P＜0.05），但其中的抗菌药物使用时长＞7 d、抗菌药物联用≥3 种属于感染发生后的结局暴露指标，存在时间偏倚，仅做基线组间描述，不纳入最终预测模型，剩余 8 个因素纳入后续多因素回归分析。见表 2。

表 2 训练集 MDRO 感染单因素分析

Table 2 Univariate analysis of factors associated with MDRO infection in the training set

因素	病例组[例(%)]	对照组[例(%)]	χ^2	P
性别			0.235	0.627
男	142(62.28)	148(64.91)		
女	86(37.72)	80(35.09)		
年龄≥60 岁	131(57.46)	146(64.04)	1.812	0.179
基础疾病与状态				
既往肺部感染史	108(47.37)	47(20.61)	36.102	<0.001
高血压	130(57.02)	105(46.05)	5.042	0.025
糖尿病	37(16.23)	47(20.61)	1.178	0.277
恶性肿瘤	36(15.79)	29(12.72)	0.644	0.422
慢性阻塞性肺疾病	31(13.60)	36(15.79)	0.281	0.597
贫血	111(48.68)	56(24.56)	28.120	<0.001
低蛋白血症	85(37.28)	64(28.07)	3.984	0.046
临床干预与指标				
侵入性操作史	175(76.75)	98(42.98)	53.087	<0.001
手术史	143(62.72)	109(47.81)	9.400	0.002
入住 ICU	124(54.39)	106(46.49)	2.547	0.111
住院时间≥14 d	176(77.19)	137(60.09)	15.771	<0.001
碳青霉烯类药物暴露史	61(26.75)	33(14.47)	9.421	0.002
抗菌药物使用时长>7 d	131(57.46)	81(35.53)	19.472	<0.001
抗菌药物联用≥3 种	140(61.40)	87(38.16)	24.206	<0.001
中性粒细胞数异常	105(46.05)	94(41.23)	0.887	0.345
PCT>0.5 ng/mL	116(50.88)	107(46.93)	0.561	0.454

2.3 训练集多因素分析结果 将训练集单因素 $P<0.05$ 的 8 个自变量纳入非条件 Logistic 回归模型，结果显示，既往肺部感染史、侵入性操作、贫血、高血压是 MDRO 医院感染的独立危险因素。见表 3。

表 3 训练集 MDRO 感染多因素分析

Table 3 Multivariate analysis of factors associated with MDRO infection in the training set

危险因素	β	S_b	Z	P	OR	95%CI
既往肺部感染史	0.977	0.232	4.211	<0.001	2.656	1.685～4.186
侵入性操作	1.101	0.225	4.893	<0.001	3.007	1.936～4.673
贫血	0.933	0.230	4.057	<0.001	2.543	1.621～3.990
高血压	0.616	0.216	2.852	0.004	1.852	1.212～2.830

2.4 模型区分度 ROC 曲线结果显示，预测模型在训练集中 AUC 为 0.778，提示模型具有中等区分能力；在独立外部验证集中 AUC 为 0.648，外部验证区分度出现下降，提示模型在新人群中区分效能出现一定衰减，见图 1。

2.5　训练集与外部验证集校准度评价　训练集经 1 000 次 Bootstrap 重抽样得到校准曲线，表观曲线、偏差校正曲线与理想对角线贴合较好，模型预测 MDRO 感染概率与实际发生概率一致性尚可（图 2A）。外部验证集校准曲线结果提示，跨中心后预测概率与实际结局存在一定偏移（图 2B）。

2.6　临床 DCA　DCA 结果显示，训练集、外部验证集在阈值概率 5%～80%区间内，模型标准化净获益高于“全部干预”与“不干预”两种极端策略，提示该区间内使用本模型开展高危患者筛查干预可以获得正向临床净获益（图 3）。

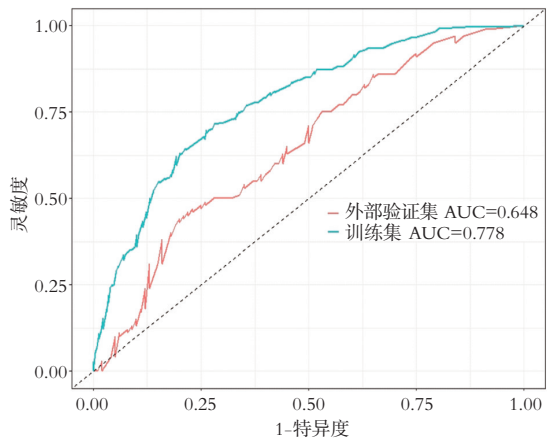


图 1　MDRO 感染预测模型训练集与外部验证集 ROC 曲线

Figure 1　ROC curves of the MDRO infection prediction model in the training set and external validation set

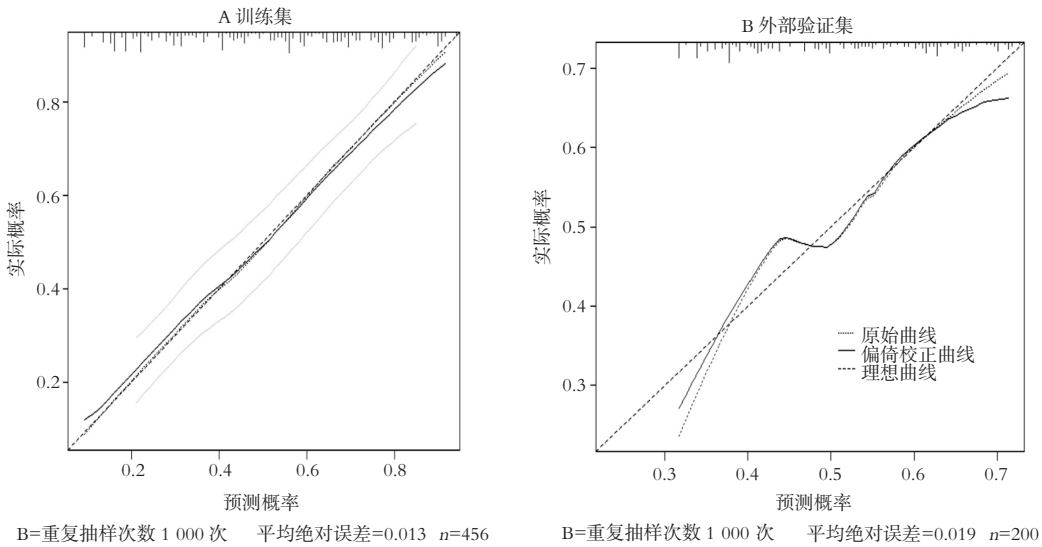


图 2　模型训练集与外部验证集的校准曲线

Figure 2　Calibration curves of the model in the training set and external validation set

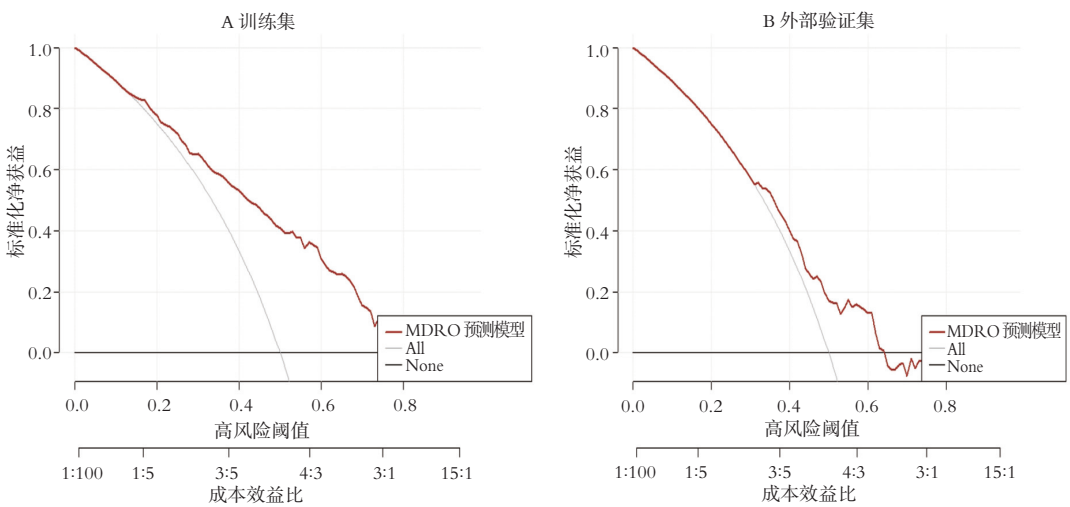


图 3　模型训练集与外部验证集 DCA 分析

Figure 3　DCA of the model in the training set and external validation set

3 讨论

本研究多因素 Logistic 回归分析显示，侵入性操作、既往肺部感染史、贫血和高血压为 MDRO 医院感染的独立危险因素。其中，侵入性操作可直接破坏天然物理屏障，其关联强度在本研究纳入因素中最高（*OR* = 3.007）。本组数据所涉及的 4 所核心医院均承担超负荷重症救治任务，长住院周期延长了 ICU 暴露时间，易促进生物被膜形成及交叉感染[6-7]。临床干预应聚焦于每日评估导管留置必要性，并尽早拔除不必要的置管。

既往肺部感染史不仅提示呼吸道微生态失衡[8]，也反映出甘肃省狭长地理格局导致的分级诊疗延迟。跨区域长途转诊患者常在基层接受过不规范的经验性抗感染治疗，入院时多为耐药菌高危定植宿主。因此，省级或市级转诊接收单位应前置 MDRO 主动筛查，并严格执行“先隔离、后降阶梯”策略。

与既往研究[9-10]相比，本队列中贫血的关联强度较高（*OR* = 2.543）。其原因可能在于，甘肃省部分地区海拔较高，农牧业人口占比较大，基层患者在转诊至区域医疗中心前常伴有慢性营养不良或隐性贫血，其病理生理基础可能涉及基础携氧能力受损及巨噬细胞吞噬效能下降。因此，针对西北地区危重症患者的感染防控策略，应将早期营养筛查与贫血纠正置于与抗感染治疗同等重要的位置。

高血压作为慢性基础疾病，亦为 MDRO 医院感染的独立危险因素[11-12]。长期高血压可造成心、肾等多靶器官慢性损伤，机体慢性炎症状态持续存在，免疫应答效率降低。甘肃省老年住院患者占比较高，高血压患病率较高，且多病程较长、靶器官存在不同程度损伤。临床工作中，应重视住院高血压患者的慢性病规范化管理，并将慢性基础疾病状态纳入 MDRO 感染综合风险评估体系，对慢性病高危个体强化医院感染监测。

现有 MDRO 预测模型多受限于单中心样本的过度拟合及人群同质性偏倚。本研究依托甘肃省多中心地理分层策略构建模型并进行独立外部验证。结果显示，训练集 AUC 为 0.778，跨机构外部验证集 AUC 下降至 0.648，提示模型区分效能衰减；该现象亦是真实世界中预测模型跨机构迁移时的常见结果[13-15]。其原因与省内各地市级三甲医院收治基线异质性密切相关：一方面，不同医院接收基层危重转诊患者的构成不同，人群风险分布存在差异；另一方面，各机构医院感染管控执行力度、侵入性操作开展规模、抗菌药物临床使用习惯并不统一，加之微生物送检及 MDRO 主动筛查落实程度参差不齐，导致各中心 MDRO 定植与感染基线水平不一致。即便区分度有所衰减，DCA 仍提示在 5%～80%阈值概率范围内模型可提供正向临床净获益，说明该模型仍具备临床初筛参考价值[16-17]。结合甘肃省医疗资源分布现状，该模型现阶段更适用于地市级及以上三甲医院，作为床旁风险分层辅助工具；未经模型校准，不建议直接推广至县域基层医疗机构，基层信息化条件与医院感染监测能力的客观局限也制约其直接落地应用。未来应扩充西北地区多中心大样本队列，纳入更多不同层级医疗机构研究对象，完成模型重新校准与迭代更新，进一步改善模型的区域外推效能。

本研究尚存在一定局限性。首先，回顾性病例对照设计虽采用 1∶1 匹配，但仍无法完全规避诊疗偏好及病区微生态差异等未知混杂因素。其次，总样本量（656 例）及地理覆盖面仍显单薄，需更大样本前瞻性队列研究以校验其外部普适性。最后，传统 Logistic 回归受限于线性假设，对高维变量间复杂非线性交互的解析不足。未来亟需引入随机森林（Random Forest）、极致梯度提升树（XGBoost）等机器学习算法，突破现有预测效能瓶颈，为西北区域医院感染精准防控体系提供更坚实的技术支撑。

作者贡献声明：姚程洪负责实验设计、数据收集整理分析、论文撰写；李文波负责实验设计、指导研究、论文审阅；王静、刘变叶、张俊瑕负责修改论文及数据收集；张小亮负责实验设计、数据整理分析、论文审阅；段凯悦负责数据收集整理分析、论文审阅；张浩军负责指导研究、论文修改审阅、经费获取与人员协调。

利益冲突：所有作者均声明不存在利益冲突。

[参 考 文 献]

[1] 何艳萍，祁涵之，潘颖颖，等. 老年患者多重耐药菌医院感染直接经济负担评价[J]. 中国感染控制杂志，2026，25(2)：222－228.

He Yanping, Qi Hanzhi, Pan Yingying, et al. Direct economic burden of multidrug-resistant organism healthcare-associated infection in elderly patients[J]. Chinese Journal of Infection Control, 2026, 25(2): 222-228.

[2] Liu Lili, Huang Yuan, Jiang Yunlan, et al. Distribution features and antimicrobial resistance trends of clinical pathogens: a retrospective study in a tertiary teaching hospital in east China (2020-2024)[J]. Infect Drug Resist, 2025, 18: 6889-6903.

[3] Wang Man, Cao Ying, Zhang Jianhong, et al. Epidemiological investigation and patterns of antimicrobial use in multidrug-resistant bacteria at a tertiary hospital: a retrospective cohort study[J]. BMJ Open, 2025, 15(12): e099847.

[4] Wang Bo, Zhang Suming, Meng Lei, et al. Development and validation of a nomogram model for predicting MDRO infections in elderly ICU patients with pulmonary infections[J]. Aging Clin Exp Res, 2025, 37(1): 218.

[5] 国家卫生健康委员会. 医院感染病例判定标准: 通用原则 WS/T 857—2025[J]. 中国感染控制杂志, 2025, 24(8): 1175-1177.
National Health Commission. Standard for identifying cases of healthcare associated infections: general principles [J]. Chinese Journal of Infection Control, 2025, 24(8): 1175-1177.

[6] Yassin A, Eid R A, Mohammad M F, et al. Microbial multidrug-resistant organism (MDRO) mapping of intensive care unit infections[J]. Medicina (Kaunas), 2025, 61(7): 1220.

[7] 可东卉, 谭惺妍, 陈坤, 等. 生物膜相关院内感染的新型消毒技术研究进展[J]. 四川大学学报(医学版), 2025, 56(5): 1243-1250.
Ke Donghui, Tan Xingyan, Chen Kun, et al. Advances in novel disinfection technologies for biofilm-associated nosocomial infections[J]. Journal of Sichuan University (Medical Sciences), 2025, 56(5): 1243-1250.

[8] Chen Gang, Xu Kailiang, Sun Fangyuan, et al. Risk factors of multidrug-resistant bacteria in lower respiratory tract infections: a systematic review and meta-analysis[J]. Can J Infect Dis Med Microbiol, 2020, 2020: 7268519.

[9] Wang Hongwei, Yang Caizheng, Zhao Ming, et al. Comparison and validation of multiple machine learning algorithms for predicting MDRO infection in catheter-related bloodstream patients: a multicenter cohort study[J]. Microbiol Spectr, 2026, 14(3): e0371325.

[10] Dihmane A, Aniba R, Raqraq H, et al. Epidemiology and risk factors of multidrug-resistant gram-negative bacilli in healthcare-associated infections: development of an exploratory risk assessment model in a Moroccan regional hospital[J]. BMC Infect Dis, 2025, 25(1): 1790.

[11] 雷琪. 神经内科监护病房患者多重耐药菌感染风险预测模型的构建与验证[D]. 北京: 北京协和医学院, 2025: 20.
Lei Qi. Construction and validation of risk prediction model of multi-drug resistant bacteria infection in ICU patients in neurology department[D]. Beijing: Peking Union Medical College, 2025: 20.

[12] 罗彩娟, 李文辉, 何浩. 肿瘤患者呼吸道多重耐药菌感染中医证型及易感因素研究[J]. 广州中医药大学学报, 2024, 41(2): 278-284.
Luo Caijuan, Li Wenhui, He Hao. Study on traditional Chinese medicine syndrome types in tumor patients with respiratory multidrug-resistant organism bacterial infection and its susceptible factors[J]. Journal of Guangzhou University of Traditional Chinese Medicine, 2024, 41(2): 278-284.

[13] Li Yun, Cao Yuan, Wang Min, et al. Development and validation of machine learning models to predict MDRO colonization or infection on ICU admission by using electronic health record data[J]. Antimicrob Resist Infect Control, 2024, 13(1): 74.

[14] Marciano S, Piano S, Singh V, et al. Development and external validation of a model to predict multidrug-resistant bacterial infections in patients with cirrhosis[J]. Liver Int, 2024, 44(11): 2915-2928.

[15] Feng Jiawei, Zhang Lu, Yang Yuxin, et al. Development and validation of the multidimensional machine learning model for preoperative risk stratification in papillary thyroid carcinoma: a multicenter, retrospective cohort study[J]. Cancer Imaging, 2025, 25(1): 98.

[16] van Calster B, Vickers A J. Calibration of risk prediction models: impact on decision-analytic performance[J]. Med Decis Making, 2015, 35(2): 162-169.

[17] Vickers A J, van Calster B, Steyerberg E W. A simple, step-by-step guide to interpreting decision curve analysis[J]. Diagn Progn Res, 2019, 3(1): 18.

(本文编辑:左双燕)

本文引用格式:姚程洪,李文波,王静,等. 基于多中心外部地理验证的多重耐药菌医院感染 Logistic 回归预测模型构建[J]. 中国感染控制杂志, 2026, 25(10): 1491-1497. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20263396.

Cite this article as: Yao Chenghong, Li Wenbo, Wang Jing, et al. Construction of a logistic regression prediction model for hospital-acquired infections caused by multidrug-resistant organisms based on multicenter external geographic validation[J]. Chin J Infect Control, 2026, 25(10): 1491-1497. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20263396.