

# 革兰氏阴性菌或革兰氏阳性菌性 PDAP 风险预测模型的构建与验证

叶金宝<sup>1</sup> 张海森<sup>1</sup> 马建新<sup>1</sup> 张林梅<sup>2</sup> 梁声强<sup>1</sup>

**[摘要]** 目的:了解腹膜透析相关性腹膜炎(peritoneal dialysis associated peritonitis, PDAP)病原菌特征,构建并验证革兰氏阳性(G<sup>+</sup>)菌或革兰氏阴性(G<sup>-</sup>)菌引起 PDAP 风险预测模型。方法:收集 2012—2021 年发生 PDAP 的临床资料,分析病原菌特征,根据病原菌革兰氏染色结果分为 G<sup>+</sup> 菌和 G<sup>-</sup> 菌感染,分别按 7 : 3 的比例随机纳入建模组和验证组,通过二元 logistic 回归分析确认 G<sup>-</sup> 菌引起 PDAP 影响因素后构建预测模型,并分别在建模组、验证组对模型预测效能进行评估。结果:325 例次 PDAP 患者共检出病原菌 232 株,其中 G<sup>+</sup> 菌 121 株(52.16%),G<sup>-</sup> 菌 95 株(40.95%),真菌 16 株(6.90%)。PDAP 患者平均发病率为 0.29 次/年,自 2013 年开始,发病率呈下降趋势。建模组(包含 G<sup>+</sup> 菌 80 例次,G<sup>-</sup> 菌 60 例次)证实腹痛、年龄、中性粒细胞/淋巴细胞比值(NLR)、降钙素原(PCT)均为 G<sup>-</sup> 菌性 PDAP 的影响因素,而血钾(K<sup>+</sup>)则为保护因素,OR 值分别为 3.729、1.128、3.968、6.618、0.502。构建 G<sup>-</sup> 菌性 PDAP 预测模型: $P = 1 / \{1 + \text{EXP}[-(-16.605 + 1.316 \times \text{腹痛} + 0.112 \times \text{年龄} + 1.378 \times \text{NLR} - 2.304 \times \text{K}^+ + 1.859 \times \text{PCT})]\}$ 。预测模型对建模组曲线下面积(AUC)为 0.793(0.716~0.853),当最佳截断值为 0.534 时,模型预测灵敏度为 76.67%,特异度为 75.00%,Hosmer-Lemeshow(H-L)检验结果为  $P = 0.632$ 。预测模型对验证组(包含 G<sup>+</sup> 菌 34 例次,G<sup>-</sup> 菌 26 例次)AUC 为 0.759(0.704~0.823),当选择 0.534 作为截断值时,模型在验证组预测灵敏度为 73.08%,特异度为 64.71%。K 折交叉验证显示,10 组训练准确性为 0.778±0.032,预测准确性为 0.793±0.047。结论:PDAP 病原菌以 G<sup>+</sup> 为主,发病率呈降低趋势,构建的风险预测模型可以较好地地区分 G<sup>-</sup> 菌或 G<sup>+</sup> 菌性的 PDAP。

**[关键词]** 腹膜透析相关性腹膜炎;革兰氏阴性菌;革兰氏阳性菌;影响因素;预测模型

**DOI:**10.13201/j.issn.1004-2806.2023.04.009

**[中图分类号]** R656.4 **[文献标志码]** A

## Construction and validation of a risk prediction model for PDAP caused by gram-negative or gram-positive bacteria

YE Jinbao<sup>1</sup> ZHANG Haisen<sup>1</sup> MA Jianxin<sup>1</sup> ZHANG Linmei<sup>2</sup> LIANG Shengqiang<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Department of Laboratory, the 909th Hospital of Joint Logistics Support Force [Southeast Hospital Affiliated to Xiamen University], Zhangzhou, 363000, China; <sup>2</sup>Department of Nephrology, the 909th Hospital of Joint Logistics Support Force [Southeast Hospital Affiliated to Xiamen University])

Corresponding author: LIANG Shengqiang, E-mail: liangshengqiang1@163.com

**Abstract Objective:** To analyzed the pathogenic characteristics of peritoneal dialysis associated peritonitis (PDAP), and construct and validate the risk prediction model of gram positive or negative bacteria in PDAP. **Methods:** The clinical data of PDAP and characteristics of pathogenic bacteria the in our hospital from 2012 to 2021 were collected and analyzed, all of them were divided into gram-negative(G<sup>-</sup>) and gram-positive(G<sup>+</sup>) bacteria groups according to the results of gram staining of pathogenic bacteria. All patients were randomly divided into the modeling and the validation groups at a ratio of 7 : 3 respectively. The prediction model for PDAP caused by gram-negative or gram-positive bacteria were established according to the results of the binary logistic regression analysis and the prediction efficiency of the model were tested both in the modeling and validation groups respectively. **Results:** A total of 232 strains of pathogenic bacteria were detected in 325 cases of PDAP, including 121 strains of G<sup>+</sup> bacteria(52.16%), 95 strains of G<sup>-</sup> bacteria(40.95%) and 16 strains of fungi(6.90%). The average incidence rate of PDAP was 0.29 times /patient year, and the incidence rate showed a downward trend from 2013. The modeling group(including 80 cases of G<sup>+</sup> bacteria and 60 cases of G<sup>-</sup> bacteria) confirmed that abdominal pain, age, NLR and PCT were the influencing factors of PDAP cased by G<sup>-</sup> bacteria, while K<sup>+</sup> was the protective fac-

<sup>1</sup> 联勤保障部队第九〇九医院(厦门大学附属东南医院)检验科(福建漳州,363000)

<sup>2</sup> 联勤保障部队第九〇九医院(厦门大学附属东南医院)肾内科

通信作者:梁声强, E-mail: liangshengqiang1@163.com

tor, and the OR values were 3.729, 1.128, 3.968, 6.618 and 0.502 respectively. The prediction model of  $G^-$  bacterial PDAP:  $P=1/\{1+\text{EXP}[-(-16.605+1.316\times\text{abdominal pain}+0.112\times\text{age}+1.378\times\text{NLR}-2.304\times\text{K}^++1.859\times\text{PCT})]\}$ . The area under the curve(AUC), optimal cut-off value, prediction sensitivity and specificity of the prediction model for the modeling group were 0.793(0.716-0.853), 0.534, 76.67% and 75.00% respectively, and the result of the Hosmer Lemeshow(H-L) test was  $P=0.632$ . The AUC of the prediction model in the validation group(including 34 cases of  $G^+$  bacteria and 26 cases of  $G^-$  bacteria) was 0.759(0.704-0.823). When 0.534 was selected as the cut point, the prediction sensitivity of the model in the validation group was 73.08%, and the specificity was 64.71%. K-fold cross validation showed that the training accuracy of 10 groups was  $0.778\pm 0.032$ , and the prediction accuracy was  $0.793\pm 0.047$ . **Conclusion:** The main pathogenic bacteria of PDAP were  $G^+$  bacteria, and the incidence rate tended to decrease. The risk prediction model could effectively distinguish PDAP caused by  $G^-$  or  $G^+$  bacteria.

**Key words** peritoneal dialysis associated peritonitis; Gram negative bacteria; Gram positive bacteria; influencing factors; prediction model

腹膜透析相关腹膜炎(peritoneal dialysis associated peritonitis, PDAP)是腹膜透析的常见并发症,可导致导管移除、腹膜透析技术失败、住院时间延长甚至死亡<sup>[1]</sup>。腹透液细菌培养是诊断 PDAP 以及鉴定细菌革兰氏特征的重要途径,但细菌培养最少需要 24 h<sup>[2]</sup>,因此,临床医生通常使用广谱抗菌药物对 PDAP 患者进行经验性抗菌治疗,直到报告细菌培养和药敏结果。不同革兰氏特征病原菌针对抗生素敏感性不同,盲目使用广谱抗生素将增加医疗成本、生物毒性、耐药性和药物不良反应等风险<sup>[3]</sup>。因此,及时有效地评价细菌革兰氏染色特征,对合理用药和减少耐药菌株具有重要价值。以往研究主要集中于 PDAP 病原菌特征、感染以及不良预后的影响因素<sup>[4-5]</sup>,有少量的研究讨论了革兰氏阳性( $G^+$ )菌和革兰氏阴性( $G^-$ )菌 PDAP 临床资料的差异,对判断 PDAP 病原菌革兰氏特征价值有限。本研究在总结以往研究结论的基础上,将影响因素构建风险预测模型,并对模型预测效能进行验证,为临床提供快速判断 PDAP 病原菌革兰氏特征的工具,有利于临床合理用药,现将结果报告如下。

## 1 资料与方法

### 1.1 对象

回顾性分析 2012—2021 年我院发生 PDAP 的患者 325 例次,纳入标准:根据国际腹膜透析协会(ISPD)2010 年制定的指南<sup>[6]</sup>,进行 PD 治疗的患者以下 3 条中具备 2 条及以上即可诊断为腹膜炎。①腹痛、腹水浑浊,伴或未伴有发热;②腹透液白细胞计数(WBC) $>100\times 10^6/L$ ,中性粒细胞(N)占比 $>50\%$ ;③腹透液中病原菌培养阳性。排除标准:腹透液培养阴性、真菌感染、 $G^-$ 和 $G^+$ 细菌混合感染、恶性肿瘤、不完整的临床数据和失去随访的患者。

### 1.2 仪器与试剂

血常规:WBC、N、淋巴细胞(L)、中性粒细胞/淋巴细胞比值(NLR)、血小板计数(PLT)由 Sys-

mex XN-20 及其配套试剂检测完成;尿素氮(BUN)、肌酐(Cr)、钾( $K^+$ )、钙离子( $Ca^{2+}$ )、无机磷(P)、白蛋白(ALB)由 SIEMENS 2400 全自动生化分析仪及其配套检测完成;细菌培养由 Bact/Alert-120 及其配套试剂完成;降钙素原(PCT)由 Cobas e601 及其配套试剂检测完成。以上检测均严格按照仪器和试剂使用说明书,并做好相关质控。

### 1.3 方法

**1.3.1 细菌培养** 采用无菌操作的方式留取腹透液 20 mL 注入血培养瓶(需氧和厌氧血液培养瓶分别接种 10 mL),并在采集后 1 h 内送至实验室,应用 Bact/Alert-120 全自动血培养仪进行增菌培养,报警后取该标本进行革兰染色,若镜检见到真菌孢子转接血琼脂或沙堡弱培养液,35℃温箱孵育 24~48 h。若未见真菌孢子则取少量培养物转种血平板或巧克力平板分离病原菌。针对培养液上单个菌落,肉眼观察菌落形态和颜色,参照《全国临床检验操作规程(4 版)》<sup>[7]</sup>要求,利用 VITEK-2 Compact 全自动细菌鉴定和药敏系统进行细菌鉴定和药敏试验。

**1.3.2 数据分组** 根据排除标准和腹透液病原菌革兰氏特征,将剩余 200 例次样本分为  $G^+$  菌组(114 例次)和  $G^-$  菌组(86 例次),分别编号,采用随机数表法按照 7 : 3 的规则从  $G^+$  菌组抽取 80 例次, $G^-$  菌组抽取 60 例次纳入建模组,剩余样本组成验证组,包含  $G^+$  菌 34 例次, $G^-$  菌 26 例次。利用建模组数据构建  $G^+$  或  $G^-$  菌性 PDAP 风险预测模型,并通过建模组和验证组对模型预测效能进行评估。

**1.3.3 模型的构建** 通过单因素分析,比较  $G^+$ 、 $G^-$  菌性 PDAP 临床资料的差异,将单因素分析中差异有统计学意义的指标纳入二元 logistic 回归分析,通过 Back-Wald 方法筛选变量,建立回归模型,识别独立影响因素,通过回归分析原理构建风险预测模型,并在建模组内部以及验证组外部对模型的预测效能进行评估。

1.4 统计学处理

采用 SPSS 18.0 构建数据库进行统计学分析,计数资料以例(%)表示,组间比较采用  $\chi^2$  检验,连续变量先通过 Kolmogorov-Smirnov 进行正态分布检验,正态分布的数据以  $\bar{X} \pm S$  表示,组间差异采用独立样本  $t$  检验,非正态分布的数据以  $M(P_{25}, P_{75})$  表示,组间差异采用 Mann-Whitney  $U$  检验。采用单因素和多因素分析确认影响因素后根据回归分析原理构建预测模型, Hosmer-Lemeshow(H-L)检验模型拟合度,采用受试者工作曲线(ROC)分析判断模型在建模组和验证组预测准确性,根据最佳截断值确定预测灵敏度和特异度。使用  $K(K=10)$  折交叉验证判断模型的稳定性,  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 不同年份 PDAP 发病率以及病原菌构成

2012—2021 年共发生 PDAP 325 例次,患者平均发病率为 0.29 次/年,图 1 显示 PDAP 的发病率从 2013 年开始稳步下降,并维持在较低水平。不同年度间病原菌构成相对稳定,其中  $G^+$  菌  $> G^-$  菌  $>$  真菌。

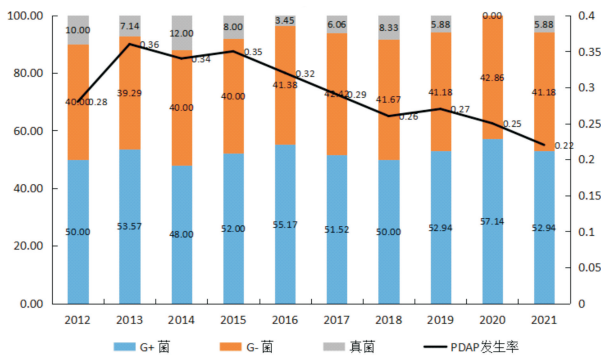


图 1 2012—2021 年 PDAP 病原菌培养结果及构成比

2.2 病原菌培养结果

在 325 例次 PDAP 中,220 例次腹透液细菌培养为阳性,阳性率 67.69%,共培养病原菌 232 株,其中  $G^+$  菌 121 株,占比 52.16%, $G^-$  菌 95 株,占比 40.95%,真菌 16 株,占比 6.90%。 $G^+$  菌中,金黄色葡萄球菌占比最高,其次为表皮葡萄球菌。 $G^-$  菌中,大肠杆菌占比最高,其次为阴沟肠杆菌,真菌则主要为白色念珠菌,见表 1。根据排除标准,剩余 200 例次纳入后续建模组和验证组。

2.3  $G^-$ 、 $G^+$  菌性 PDAP 患者临床资料差异

单因素分析显示, $G^-$  菌性 PDAP 患者年龄、NLR、腹痛占比、PCT 均高于  $G^+$  菌组,而  $K^+$  低于  $G^+$  菌组,差异均有统计学意义(均  $P < 0.05$ ),2 组间其余指标差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),见表 2。

表 1 细菌培养结果

病原菌	例次( $n=232$ )	百分率/%
<b><math>G^+</math> 菌</b>		
表皮葡萄球菌	28	12.07
金黄色葡萄球菌	30	12.93
溶血葡萄球菌	15	6.47
棒状杆菌	12	5.17
链球菌	20	8.62
肠球菌	5	2.16
其他葡萄球菌	5	2.16
其他	6	2.59
<b><math>G^-</math> 菌</b>		
大肠杆菌	36	15.52
克雷伯菌	12	5.17
阴沟肠杆菌	13	5.60
假单胞菌	10	4.31
鲍曼不动杆菌	8	3.45
李斯特菌	12	5.17
其他	4	1.72
<b>真菌</b>		
白色念珠菌	8	3.45
近平滑念珠菌	4	1.72
其他	4	1.72
合计	232	100.00

2.4  $G^-$ 、 $G^+$  菌性 PDAP 患者多因素分析与预测模型的构建

将单因素分析中有统计学意义的指标纳入二元 logistic 回归分析,分类变量赋值如下,“腹痛”赋值“1”,无腹痛赋值“0”,其余指标按数值输入。结果显示:腹痛、年龄、NLR、PCT 均为  $G^-$  菌性 PDAP 的影响因素,而  $K^+$  则为保护因素,OR 值分别为 3.729、1.128、3.968、6.618、0.502,均  $P < 0.05$ ,见表 3。根据回归分析原理,构建  $G^-$  菌性 PDAP 预测模型: $P = 1 / \{1 + \text{EXP}[-(-16.605 + 1.316 \times \text{腹痛} + 0.112 \times \text{年龄} + 1.378 \times \text{NLR} - 2.304 \times K^+ + 1.859 \times \text{PCT})]\}$ 。对建模组和验证组影响因素进行一致性检验,所有变量在建模组和验证组均满足一致性检验(均  $P > 0.05$ ),见表 4。

2.5 建模组模型预测效能评估

将建模组临床指标代入回归模型,得出每例次  $G^-$  菌性 PDAP 风险概率,绘制 ROC 曲线,预测 AUC 为 0.793(0.716~0.853),说明预测模型在建模组有较好的预测价值,与随机面积 0.500 比较差异有统计学意义( $Z = 5.782, P < 0.001$ )。当取最佳截断值 0.534 时,模型预测灵敏度为 76.67%,特异度为 75.00%,见图 2。logistic 回归模型总有效性: $\chi^2 = 134.361, DF = 8, P < 0.001$ ,模型建立有效。Wald 检验结果显示 Wald  $\chi^2 = 13.953, DF = 5, P < 0.001$ ,回归方程的系数差异有统计学意义。经 Hosmer-Lemeshow 拟合优度检验显示, $\chi^2 = 2.279, DF = 8, P = 0.632$ ,拟合度较好说明模型有较好的校准度。

表 2 G<sup>-</sup>菌、G<sup>+</sup>菌性 PDAP 患者临床资料差异比较

临床资料	G <sup>+</sup> 菌(n=80)	G <sup>-</sup> 菌(n=60)	U/t/ $\chi^2$	P
年龄/岁	56.33±8.34	59.62±7.12	2.457	0.015
BMI/(kg·m <sup>-2</sup> )	21.47±1.79	21.52±1.96	0.157	0.876
高血压/例(%)	31(38.75)	19(31.67)	0.749	0.387
糖尿病/例(%)	52(65.00)	37(61.67)	0.165	0.686
心血管疾病/例(%)	29(36.25)	19(31.66)	0.320	0.572
腹痛/例(%)	56(70.00)	51(85.00)	4.282	0.039
透析时间/月	17.66±7.21	19.56±6.32	1.626	0.126
WBC/( $\times 10^9 \cdot L^{-1}$ )	12.51(7.56,16.52)	13.92(7.62,17.11)	1.952	0.120
N/( $\times 10^9 \cdot L^{-1}$ )	9.94(7.52,14.86)	10.92(7.61,15.33)	1.685	0.202
L/( $\times 10^9 \cdot L^{-1}$ )	1.96(1.02,4.51)	2.03(1.10,4.72)	0.873	0.387
NLR	7.32±3.12	8.59±3.96	2.122	0.036
PLT/( $\times 10^9 \cdot L^{-1}$ )	192.34±23.52	197.55±29.11	0.626	0.434
BUN/( $\mu mol \cdot L^{-1}$ )	17.63±4.12	18.01±4.75	0.506	0.614
Cr/( $\mu mol \cdot L^{-1}$ )	819.14±65.74	837.17±78.33	1.475	0.142
K <sup>+</sup> /(mmol·L <sup>-1</sup> )	4.24±0.87	3.92±0.81	2.218	0.028
Ca <sup>2+</sup> /(mmol·L <sup>-1</sup> )	2.15±0.46	2.02±0.51	1.579	0.116
P/(mmol·L <sup>-1</sup> )	1.67±0.65	1.59±0.71	0.693	0.490
PCT/( $\mu g \cdot L^{-1}$ )	6.32±2.97	8.75±3.22	4.621	<0.001
ALB/(g·L <sup>-1</sup> )	26.52±9.53	25.97±8.11	0.360	0.720

表 3 G<sup>-</sup>菌性 PDAP 患者二元 logistic 回归分析

因素	$\beta$	SE	Wald $\chi^2$	P	OR	95%CI
腹痛	1.316	0.901	2.134	0.044	3.729	1.021~21.807
年龄	0.112	0.069	3.068	0.040	1.128	1.014~1.326
NLR	1.378	0.530	6.728	0.009	3.968	1.400~11.243
K <sup>+</sup>	-2.304	0.675	11.643	0.001	0.502	0.314~0.963
PCT	1.859	0.373	25.699	<0.001	6.618	3.187~13.743
常数项	-16.605	4.475	13.767	<0.001		

表 4 影响因素在建模组和验证组中的一致性检验

影响因素	KS	P
腹痛	0.025	0.863
年龄	0.024	0.871
NLR	0.051	0.412
K <sup>+</sup>	0.042	0.647
PCT	0.059	0.331

2.6 验证组模型预测效能评估

将验证组临床指标代入回归模型中,得出每例次 G<sup>-</sup>菌感染引起 PDAP 的风险概率,绘制 ROC 曲线,预测 AUC 为 0.759(0.704~0.823),说明预测模型在验证组同样有较好的预测效果。当选择 0.534 作为截断值时,模型在验证组预测灵敏度为 73.08%,特异度为 64.71%,见图 3。利用 K 折交叉验证进行验证组验证,以检验模型的稳定性,结果显示,10 组训练准确性为 0.778±0.032,预测准确性为 0.793±0.047,见表 5。

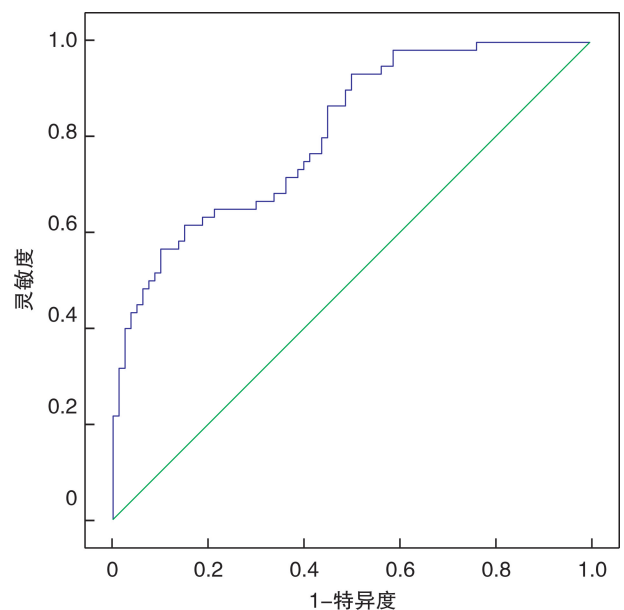


图 2 建模组预测模型 ROC 曲线分析



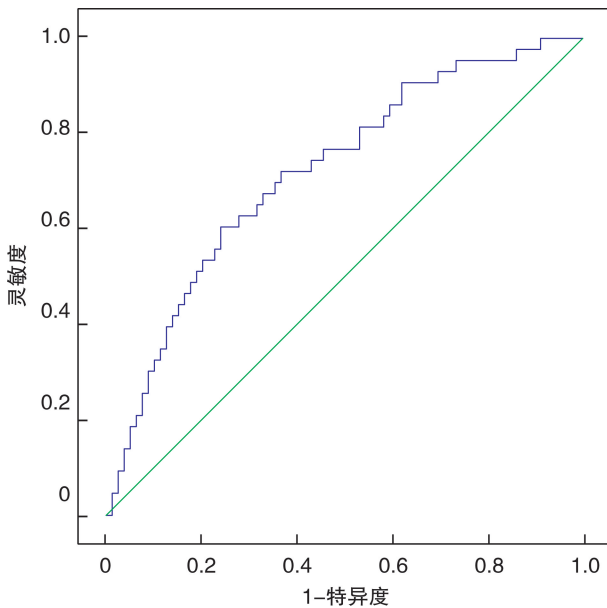


图 3 验证组预测模型 ROC 曲线分析

表 5 K 折交叉验证

组号	预测准确性	训练准确性
1	0.712	0.746
2	0.801	0.723
3	0.769	0.826
4	0.744	0.742
5	0.789	0.769
6	0.810	0.811
7	0.796	0.853
8	0.794	0.842
9	0.754	0.781
10	0.809	0.834
$\bar{X} \pm S$	$0.778 \pm 0.032$	$0.793 \pm 0.047$

### 3 讨论

腹膜透析作为终末期肾病的长期肾脏替代治疗的重要手段,具有操作简单、费用低廉、血流动力学影响小、保存残余肾功能等优点<sup>[8]</sup>,在临床上得到广泛应用。PDAP 是导致患者住院、转血透的常见原因,严重的 PDAP 可以导致患者死亡,因此对于 PDAP 的早期诊断和治疗有重要价值。引起 PDAP 病原菌包括 G<sup>-</sup> 菌、G<sup>+</sup> 菌、真菌,不同病原菌对抗生素敏感性不同<sup>[9]</sup>。ISPD 指南建议,在获取培养标本后,应尽快进行经验性抗生素治疗。指南还建议,广谱抗生素的使用应包括 G<sup>-</sup> 和 G<sup>+</sup> 细菌作为初始治疗药物<sup>[10]</sup>。然而,广谱抗生素的使用与微生物耐药之间有密切关系,提示临床针对腹膜炎应合理选择抗生素。根据以往研究,引起 PDAP 的病原菌中真菌预后最差,拔管、转血透、死亡率明显高于细菌感染,其次为 G<sup>-</sup> 菌,预后最好为 G<sup>+</sup> 菌<sup>[11]</sup>。因此,快速识别 G<sup>-</sup> 菌、G<sup>+</sup> 菌性 PDAP,为

临床使用更为敏感的抗生素,对改善患者预后有一定价值。

PDAP 发生与季节、气候、卫生条件、经济条件、生活方式等有一定相关性<sup>[12]</sup>,其发生率在不同研究中存在一定差异。过去 10 年,本中心 PDAP 患者发病率为 0.29 次/年,略高于胡静等<sup>[13]</sup> 研究结果。ISPD 指出腹透液培养阳性应超过 85%<sup>[10]</sup>,国内多项研究发现病原菌培养阳性率为 72.32%~83.93%<sup>[14-15]</sup>,本研究中病原菌阳性率为 67.69%,低于 ISPD 部分国内研究。差异产生的原因可能是部分患者未留取培养标本即开展经验性抗菌治疗,导致病原菌培养阳性率偏低。针对此类情况应该加大对患者和临床医生的宣传与教育,在后续面临以上情况时能合格留取样本进行细菌培养。细菌培养结果显示 G<sup>+</sup> 菌中,主要为金黄色葡萄球菌和表皮葡萄球菌,而 G<sup>-</sup> 菌中,主要为大肠杆菌和阴沟肠杆菌,与以往研究结果基本相符<sup>[16]</sup>。

本研究分析并比较了 G<sup>-</sup> 和 G<sup>+</sup> 细菌性腹膜炎患者的一般特征、临床表现和实验室指标。结果显示,G<sup>-</sup> 菌性腹膜炎患者年龄较大,因为 G<sup>-</sup> 菌性腹膜炎是典型的肠源性感染,老年腹膜透析患者胃肠道疾病的发病率较高,包括便秘、肠系膜缺血、憩室病和恶性肿瘤<sup>[17]</sup>。G<sup>-</sup> 菌组患者的腹痛比例明显高于 G<sup>+</sup> 菌组。Zurowska 等<sup>[18]</sup> 亦证实,G<sup>-</sup> 菌性腹膜炎初始临床表现非常严重,其中腹泻和腹痛是最常见的表现。Chuang 等<sup>[19]</sup> 研究发现,PDAP 患者 K<sup>+</sup> 明显降低,G<sup>-</sup> 菌降低幅度明显高于 G<sup>+</sup> 菌,认为低钾血症参与了 G<sup>-</sup> 菌感染。因此对于 PDAP 患者应及时进行 K<sup>+</sup> 检测,以判断病原菌革兰氏特征。NLR 由 2 种不同免疫机制却互补的细胞成分组成,其中中性粒细胞可分泌多种细胞因子,参与非特异性炎症反应,而淋巴细胞反应免疫调控作用,两者比值可以稳定反映机体炎症状态<sup>[20]</sup>。以往多项研究证实,NLR 与血流感染病原菌特征、恶性肿瘤发生、转移、预后有一定预测价值<sup>[21-22]</sup>。本研究亦证实 G<sup>-</sup> 菌性腹膜炎 NLR 明显高于 G<sup>+</sup> 菌,其机制可能与 G<sup>-</sup> 脂多糖和强毒力引起的免疫反应有关。PCT 是一种由甲状腺 C 细胞生成得蛋白质,其浓度升高通常与感染和炎症密切相关,栗萍等<sup>[23]</sup> 研究发现,G<sup>-</sup> 菌性腹膜炎患者 PCT 浓度明显高于 G<sup>+</sup> 菌性腹膜炎,PCT 对区分 2 种类型病原有较好预测价值。经二元 logistic 回归分析表明,年龄、腹痛、NLR、PCT 均为 G<sup>-</sup> 菌性腹膜炎的独立影响因素,而 K<sup>+</sup> 则为保护性因素。

考虑到以上因素对 G<sup>-</sup> 菌性 PDAP 的强相关性,将以上变量纳入风险预测模型中,在建模组、验证组通过 ROC、H-L 检验、K 折交叉分析分别判断模型预测效能、区分度和校准度、稳定性,并且在建模组和验证组均证实该风险预测模型具有较好的

预测价值。本研究同样具有以下不足:①本研究为回顾性分析,尽管分析了本院 10 年内诊治 PDAP 患者,但是标本量仍然偏小,可能导致统计分析出现偏差;②本研究未讨论病原菌的耐药性与治疗效果。以上不足之处有待后续采用多中心、前瞻性、大样本予以进一步研究。

综上所述,本中心 PDAP 患者以 G<sup>+</sup> 菌感染为主,其次为 G<sup>-</sup> 菌,真菌占比较小,PDAP 发病呈持续下降趋势。年龄、腹痛、NLR、PCT 均为 G<sup>-</sup> 菌性腹膜炎的独立影响因素,根据影响因素建立的 G<sup>+</sup>/G<sup>-</sup> 性 PDAP 风险预测模型在建模组和验证组均有较好的预测效能,适合在临床推广,以提高抗生素的合理使用率。

**利益冲突** 所有作者均声明不存在利益冲突

### 参考文献

- [1] Dzekova-Vidimliski P, Nikolov IG, Gjorgjievski N, et al. Peritoneal Dialysis-Related Peritonitis: Rate, Clinical Outcomes and Patient Survival[J]. Pril(Makedon Akad Nauk Umet Odd Med Nauki), 2021, 42(3):47-55.
- [2] Banno T, Shima H, Kawahara K, et al. Risk factors for peritoneal dialysis withdrawal due to peritoneal dialysis-related peritonitis[J]. Nephrol Ther, 2021, 17(2):108-113.
- [3] 杨开洪,曾庆棧,冯斌.尿常规结果对革兰氏阳性菌或阴性菌引起尿路感染评分预测模型的建立和验证[J].中国当代医药,2022,29(10):24-28.
- [4] 严月华,杨春慧,纪天蓉,等.探讨腹膜透析相关性腹膜炎不同转归患者的临床特点[J].中国血液净化,2020,19(2):77-80.
- [5] Gadola L, Poggi C, Dominguez P, et al. Risk Factors And Prevention of Peritoneal Dialysis-Related Peritonitis[J]. Perit Dial Int, 2019, 39(2):119-125.
- [6] Li KT, Szeto CC, Piraino B, et al. International Society for Peritoneal D: peritoneal dialysis-related infections recommendation: 2010 update [J]. Perit Dial Int, 2010, 30(4):393-423.
- [7] 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,2015:569-570.
- [8] 宋洁,王栖栖,沈源,等.腹膜透析病人退出原因分析[J].安徽医药,2022,26(5):955-958.
- [9] 李飞,陈文,李晓娃,等.腹膜透析相关性腹膜炎病原菌分布及耐药性[J].中华医院感染学杂志,2020,30(8):1196-1200.
- [10] Li PK, Szeto CC, Piraino B, et al. ISPD Peritonitis Recommendations: 2016 Update on Prevention and Treatment[J]. Perit Dial Int, 2016, 36(5):481-508.
- [11] 孟令飞,朱学研,杨立明,等.腹膜透析相关腹膜炎患者治疗失败预测模型的构建和验证:一项多中心临床研究[J].南方医科大学学报,2022,42(4):546-553.
- [12] Sakurada T, Fujishima R, Yamada S, et al. Seasonality of peritoneal dialysis-related peritonitis in Japan: a single-center, 10-year study[J]. Clin Exp Nephrol, 2021, 25(1):52-57.
- [13] 胡静,易斌,张浩.气候因素对单中心腹膜透析相关腹膜炎的影响[J].中南大学学报(医学版),2022,47(5):639-649.
- [14] 赵丽娟,柏明,何丽洁,等.腹膜透析相关性腹膜炎致病菌谱及危险因素分析[J].疑难病杂志,2019,18(11):1108-1112.
- [15] 滕兰波,刘书馨,王胜男,等.维持性腹膜透析患者血清半乳糖凝集素 3 水平与心血管疾病的相关性研究[J].哈尔滨医科大学学报,2020,54(5):498-502.
- [16] 李飞,陈文,李晓娃,等.腹膜透析相关性腹膜炎病原菌分布及耐药性[J].中华医院感染学杂志,2020,30(8):1196-1200.
- [17] Zeng Y, Jiang L, Lu Y, et al. Peritoneal dialysis-related peritonitis caused by gram-negative organisms: ten-years experience in a single center[J]. Ren Fail, 2021, 43(1):993-1003.
- [18] Zurowska A, Feneberg R, Warady BA, et al. Gram-negative peritonitis in children undergoing long-term peritoneal dialysis[J]. Am J Kidney Dis, 2008, 51(3):455-462.
- [19] Chuang YW, Shu KH, Yu TM, et al. Hypokalaemia: an independent risk factor of Enterobacteriaceae peritonitis in CAPD patients [J]. Nephrol Dial Transplant, 2009, 24(5):1603-1608.
- [20] 苏晓平,陈伯莉,邓丽,等.手术前后 NLR 对口腔癌患者预后预测价值的研究[J].现代医学,2022,50(5):561-567.
- [21] 刘洋,曹慧玲,赵苏琪,等.降钙素原联合中性粒细胞/淋巴细胞比值在不同类型血流感染中的应用价值[J].国际检验医学杂志,2020,41(13):1542-1547.
- [22] 朱成斌,蔡春莲.血常规指标对初诊多发性骨髓瘤临床分期和预后预测价值的研究[J].临床血液学杂志,2021,34(10):723-727.
- [23] 栗萍,袁晓英,肖英.腹膜透析相关性腹膜炎致病菌特点与血清降钙素原的相关性分析[J].临床肾脏病杂志,2018,18(8):493-496.

(收稿日期:2022-09-23)

(本文编辑:叶莎)