

文章编号:1671-5896(2026)04-0948-08

基于贝叶斯网络与蒙特卡洛模拟的 院内感染传播风险预测算法

陈可夫¹, 王志明²

(1. 首都医科大学附属北京友谊医院 总务处, 北京 100050; 2. 北方工业大学 人工智能与计算机学院, 北京 100144)

摘要: 由于研究医院患者本身具有高度异质性, 以及外部干预措施的时空波动性, 院内感染传播呈现非线性和随机性的特征, 增加了风险预测的难度, 为此, 提出了基于贝叶斯网络与蒙特卡洛模拟的院内感染传播风险预测算法。从患者、医疗操作、环境和管理4个维度筛选影响院内感染传播风险的因素, 并将分类变量转换为连续变量以统一变量维度。同时引入客观赋权法求取单因素权重, 并整合主观权重获取影响因素的综合权重, 对影响因素的重要程度进行排序。采用贝叶斯网络通过计算高权重影响因子的联合概率分布和最大似然估计, 构建感染传播风险预测模型。利用蒙特卡洛模拟算法对模型中的不确定性变量进行随机抽样, 生成模拟场景, 根据统计模拟结果计算感染传播风险概率, 确定风险情况。实验结果表明, 应用所提方法进行院内感染传播风险预测, 预测结果的特异度高于90%, 减少了误报, 预测准确性更高。

关键词: 贝叶斯网络; 蒙特卡洛模拟; 院内感染传播风险; 预测模型; 影响因素

中图分类号: TP39

文献标志码: A

Risk Prediction Algorithm of Nosocomial Infection Transmission Based on Bayesian Network and Monte Carlo Simulation

CHEN Kefu¹, WANG Zhiming²

(1. Logistics Department, Beijing Friendship Hospital, Capital Medical University, Beijing 100050, China;

2. School of Artificial Intelligence and Computer Science, North China University of Technology, Beijing 100144, China)

Abstract: Due to the high heterogeneity of hospital patients and the spatiotemporal fluctuations of external intervention measures, the transmission of nosocomial infections presents non-linear and stochastic characteristics, which increases the difficulty of risk prediction. Therefore, a risk prediction algorithm for nosocomial infection transmission based on Bayesian networks and Monte Carlo simulations is proposed. The factors influencing the risk of nosocomial infection transmission are screened from four dimensions: patients, medical operations, environment and management. The categorical variables are converted into continuous variables to unify the variable dimensions, which is convenient for subsequent calculations. The objective weighting method is introduced to obtain the weight of a single factor, and the subjective weights are integrated to obtain the comprehensive weight of the influencing factors, so as to rank the importance of the influencing factors. An infection transmission risk prediction model is constructed by using Bayesian networks to calculate the joint probability distribution of high-weight influence factors and maximum likelihood estimation. The Monte Carlo simulation algorithm is utilized to randomly sample the uncertain variables in the model, generating simulation scenarios. Based on the statistical simulation results, the probability of infection transmission risk is

收稿日期: 2025-09-04

基金项目: 北京市数字教育研究课题基金资助项目(BDEC2024ZD02)

作者简介: 陈可夫(1992—), 男, 北京人, 首都医科大学附属北京友谊医院研究实习生, 主要从事卫生管理研究, (Tel) 86-16652822658 (E-mail) Sunjianruzuihang@163.com; 王志明(1972—), 男, 成都人, 北方工业大学副教授, 主要从事人工智能研究, (Tel) 86-10-88805550 (E-mail) wzm19720612@163.com。

calculated to determine the risk situation. The experimental results show that when the proposed method is applied to predict the risk of nosocomial infection transmission, the specificity of the prediction results is higher than 90%, false alarms are reduced, and the prediction accuracy is higher.

Key words: bayesian network; Monte Carlo simulation; risk of nosocomial infection transmission; prediction model; Influencing factors

0 引 言

随着医疗信息不断发展, 医学问题受到人们更多关注, 而其中院内感染是医疗机构面临的重要挑战之一。其不仅严重威胁患者的健康与安全, 还给医疗系统带来沉重负担。院内感染可能延长患者住院时间、增加医疗费用, 甚至导致病情恶化或死亡^[1]。因此, 在复杂多变的医院环境中, 准确预测院内感染传播风险, 对提前采取防控措施、降低感染发生率至关重要。

现有针对医院院内感染传播风险的监控与预测方法, 通常采用事后判断法, 其不仅存在一定的滞后性, 也难以捕捉变量间的复杂关系, 限制了对风险动态变化的预测能力。为此, 人们基于智能方法设计了感染传播风险技术。殷小焦等^[2]基于患者人口统计学及入院 24 h 内的临床诊疗数据, 分析感染的风险因素, 采用梯度提升分类器实现风险预测。该方法可快速确定感染风险的具体情况, 具有较高的实时性, 但数据收集过程中缺乏标准化流程, 导致模型训练偏差, 影响预测准确性。左蝶等^[3]融合电子病历、生命体征监测、微生物培养结果等多模态数据, 采用动态机器学习方法构建预测模型。该方法突破了单一数据源的局限性, 提高了预测结果的鲁棒性, 但其存在数据不平衡问题, 忽略了感染相关风险因素, 降低了预测结果的精确性。钟志涛等^[4]基于计算机图像识别技术捕捉人员行为轨迹, 结合室内换气率实测数据, 获取风险预测结果。该方法将人员行为分析与环境参数相结合, 提高了预测结果覆盖的全面性, 但模型复杂度与数据规模不匹配, 当数据量较小时, 复杂模型易陷入过拟合, 影响预测性能。龚利平等^[5]通过二元 Logistic 回归分析筛选独立危险因素, 结合决策树算法的可解释性, 建立分层预测模型。该方法的预测过程便于理解, 可为实际应用提供决策指导, 但未能全面捕捉感染发生的关键因素导致预测精度下降。

针对当前方法在院内感染传播风险预测中存在精度偏低的问题。笔者结合贝叶斯网络和蒙特卡洛模拟算法对齐进行了研究。

1 院内感染传播风险预测算法设计

1.1 院内感染传播风险影响因素筛选

院内感染传播风险的影响因素复杂多样, 包括患者、环境和管理因素, 对其中的重要因素进行提取与筛选, 能为风险预测模型提供关键输入变量, 并通过分析影响因素与感染事件的关联性, 保证风险预测结果的可靠性^[6]。院内感染传播风险影响因素统计如表 1 所示。

表 1 院内感染传播风险影响因素统计

Tab. 1 Statistics of influencing factors of nosocomial infection transmission risk

维度	影响因素(<i>i</i>)	变量类型	维度	影响因素(<i>i</i>)	变量类型
患者因素	年龄	连续变量	环境因素	病房换气次数	连续变量
	基础疾病	分类变量		物体表面清洁度	连续变量
	免疫状态	分类变量		医疗设备消毒情况	分类变量
	营养状况	分类变量		水温	连续变量
医疗操作因素	侵入性操作	分类变量	管理因素	手卫生依从性	连续变量
	手术时长	连续变量		感染防控培训频次	连续变量
	抗生素使用	连续变量		多重耐药菌筛查率	连续变量
	输血/血制品使用	分类变量		床位使用率	连续变量

通过文献查找、专家咨询和历史数据分析等, 识别与感染传播相关的潜在因素。确保筛选出的因素具备可量化性和可获取性, 以利于贝叶斯网络的验证与预测。笔者从患者、医疗操作、环境和管理4个

方面对感染传播风险的影响因素进行提取^[7]。

根据表 1 所示,从 4 个维度筛选出了 16 个影响因素,其中 i 代表影响因素序号。为提升后续风险预测的准确性,需要对优选出的因素进行排序计算,以识别高风险因素,从而减少主观判断,提高决策的科学性。

由于筛选的影响因素变量类型包含连续和分类变量两种,为便于计算,采用虚拟变量编码方法将分类变量转换为连续变量,并对所有变量进行 Min-Max 标准化处理,将其变量范围映射到 $[0,1]$ 区间内,进而应用客观赋权法计算单因素权重^[8]。如下:

$$\begin{cases} p_{ij} = X_i^R / (\sum_{i=1}^n \beta_i), \\ E_i = -p_{ij} \sum_{i=1}^n \alpha_i \ln(\delta_i) h_i, \quad h_i = \frac{1}{\ln(n)}, \end{cases} \tag{1}$$

其中 X_i^R 表示影响因素 i 在标准化矩阵 $\mathbf{R}$ 中的信息熵, n 表示筛选的影响因素个数, β_i 表示影响因素 i 的主客观权重, p_{ij} 表示因素 i 和因素 j 的关联性, α_i 表示因素 i 的变异程度, δ_i 表示因素 i 的高阶核函数, h_i 表示因素 i 的特征值, E_i 表示因素 i 的单一权重。

采用几何平均法将主观权重与客观权重相结合,计算出各影响因素的综合权重^[9]。如下:

$$\omega_i = \frac{(\prod_{i=1}^m \nu_{il})^{1/k}}{y_u E_i}, \tag{2}$$

其中 ν_{il} 表示因素 i 的第 l 个样本值, k 表示样本个数, y_u 表示判断矩阵, ω_i 表示因素 i 的综合权重。

根据综合权重的大小,对影响因素的风险程度进行排序,确定各影响因子对感染传播风险预测结果的贡献程度,便于最终的风险预测。

1.2 基于贝叶斯网络的院内感染传播风险预测模型构建

通过权重计算可以量化各影响因素对风险预测的影响程度,基于计算结果,选取重要性程度排名前 M 个因子作为贝叶斯网络的节点,并利用结构学习构建风险预测模型。

对感染传播风险预测这类不确定性问题,贝叶斯网络可以通过构造有向无环图直观展示影响因素变量间的因果或关联关系^[10]。因此,贝叶斯网络能有效地针对感染传播风险进行建模与评估。依据贝叶斯定理,基于根节点的先验概率分布和子节点的条件概率分布推导高权重因素的联合概率分布^[11]。如下:

$$P_i = \prod_{g=1}^M \omega_i d_g(x_g \text{par}(z_g)), \tag{3}$$

其中 ω_i 表示因素 i 的综合权重, d_g 表示第 g 个高权重因素的累计重要性阈值, x_g 表示第 g 个高权重因素的观测频数, $\text{par}(\cdot)$ 表示节点条件概率表, z_g 表示第 g 个高权重因素的行列边际总和, P_i 表示因素 i 的联合概率分布。

基于现有的感染传播风险数据样本,利用先验经验,构建局部朴素贝叶斯网络结构,并结合评分+搜索算法遍历结构的父节点集,去除独立的影响因素,获取每种影响因素的最大似然估计^[12]。即:

$$f_i = \exp[P_i \tanh(\eta_a s_r)] / (\sum_{g=1}^M \lambda_q u_b), \tag{4}$$

其中 η_a 表示需要模型学习的参数, s_r 表示历史感染数据集, λ_q 表示局部条件概率分解函数, u_b 表示结构参数。

借助条件独立性检验辅助结构学习,构建风险预测模型^[13]。如下:

$$E = \operatorname{argmax} f_i P' \mu_r, \tag{5}$$

其中 f_i 表示因素 i 的最大似然估计值, P' 表示后验概率分布, μ_r 表示边际概率。

通过上述分析即可利用贝叶斯网络构建感染传播风险预测模型,并利用蒙特卡洛模拟算法对模型中的不确定性变量进行随机抽样,生成模拟场景,根据统计模拟结果,确定感染传播风险。

1.3 基于蒙特卡洛模拟的院内感染传播风险预测输出

设定模拟次数为 N , 假设输入变量的概率分布为 c_e , 则生成的初始随机样本集可表示为 $\{v_1, v_2, \cdots, v_N\}$ 。对每个模拟样本, 通过贝叶斯网络推理输出感染风险样本集, 用 $\{\varphi_1, \varphi_2, \cdots, \varphi_N\}$ 表示, 样本集中每个数据对象相互独立, 且均服从威布尔分布^[14]。因此, 预测时间抽样如下:

$$T_w = c_e V \left[\ln \left(\frac{\varphi}{\kappa_o - t_\sigma} \right) \right], \tag{6}$$

其中 V 表示初始随机样本集, φ 表示感染风险样本集, κ_o 表示尺度参数, t_σ 表示随机参数, T_w 表示预测时间抽样次数。

对贝叶斯网络预测模型中的转换参数进行 1 000 次模拟, 统计模拟结果的均值, 并将其作为最终参数值^[15]。如下:

$$\varepsilon(E) = T_w \left[\ln \frac{\zeta_f}{1 + j_q} \right]^{1/\iota_c}, \tag{7}$$

其中 E 表示风险预测模型, ζ_f 表示分布在 $[0, 1]$ 上的均匀随机数, j_q 表示中位秩回归参数。

结合感染风险历史数据, 计算院内感染传播风险概率, 系统化量化院内感染传播风险。如下:

$$P_o = \frac{1}{\varepsilon(E)} \sum_{g=1}^M F(L, \rho), \tag{8}$$

其中 F 表示感染风险评估矩阵; L 表示示性函数; ρ 表示模拟随机数生成的统计函数, P_o 表示感染传播风险概率。

利用式(8)计算得到感染传播风险概率值, 基于概率区间对风险情况进行等级划分, 具体包括 $(0, 0.05)$ 、 $[0.05, 0.2)$ 、 $[0.2, 0.4)$ 、 $[0.4, 0.6)$ 、 $[0.6, 0.8)$ 和 $[0.8, 1.0)$, 分别对应极低、低、中低、中、中高和高以及极高风险, 实现对院内感染传播风险的预测。

2 实例论证分析

2.1 实验数据

该实验选取某城市三级甲等医院重症监护室中的数据样本作为研究数据, 采用的主要感染病例为机械通气患者群体, 该疾病是院内感染传播的核心诱因之一, 具有高感染风险属性。实验数据的纳入标准为: 患者年龄超过 18 岁; 机械通气时间高于 48 h; 进入脱机程序后中断机械通气。数据集统计如表 2 所示。

表 2 实验数据统计表
Tab.2 Statistical table of experimental data

患者 ID	年龄	机械通气时长/d	感染状态	患者 ID	年龄	机械通气时长/d	感染状态
Q001	58	9	阴性	Q008	52	10	阴性
Q002	72	4	阳性	Q009	61	5	阳性
Q003	45	12	阳性	Q010	59	8	阴性
Q004	63	10	阴性	Q011	70	9	阳性
Q005	38	5	阳性	Q012	66	67	阴性
Q006	40	3	阴性	Q013	58	11	阴性
Q007	33	2	阳性	Q014	39	13	阳性

数据来源于医院电子病历系统、实验室信息管理系统及物联网设备, 其他辅助数据包括医疗操作与干预数据及环境与微生物组数据, 对其中的连续变量进行分箱处理, 对分类变量进行虚拟变量编码转换处理, 并通过验证集与测试集的划分合成样本, 使正负样本比例达到 1 : 1.5。

2.2 实验准备

实验平台采用于 AnyLogic 8.8.0 构建的虚拟 ICU (Intensive Care Unit) 病房, 模拟患者流动、医护人员接触、空气传播等动态过程, 利用 Philips IntelliVue MX800 生命体征监测仪实时采集患者体温、心率、血氧等参数, 采用 Sensirion SCD41 环境传感器监测环境变化数据, 借助 UWB (Ultra Wide Band) 定位标签

追踪医护人员手卫生行为。

通过上述设备采集院内患者、医疗操作、环境和管理信息，并从中筛选感染传播风险影响因素，并计算各个因素的综合权重，量化各个因素对风险预测的重要程度，结果如表3所示。

表3 感染传播风险影响因素的综合权重

Tab.3 Comprehensive weight of influencing factors of infection transmission risk					
维度	影响因素(<i>i</i>)	综合权重	维度	影响因素(<i>i</i>)	综合权重
患者因素	年龄	0.005	环境因素	病房换气次数	0.018
	基础疾病	0.012		物体表面清洁度	0.002
	免疫状态	0.023		医疗设备消毒情况	0.124
	营养状况	0.004		水温	0.263
医疗操作因素	侵入性操作	0.015	管理因素	手卫生依从性	0.147
	手术时长	0.003		感染防控培训频次	0.065
	抗生素使用	0.025		多重耐药菌筛查率	0.221
	输血/血制品使用	0.026		床位使用率	0.120

基于感染传播风险影响因素的综合权重计算结果，将高权重的患者特征和病原体特征因子作为贝叶斯网络的根节点，其余因子作为子节点，应用评分+搜索算法结合专家知识对贝叶斯网络进行结构与参数学习，由此确定贝叶斯网络的结构如图1所示。

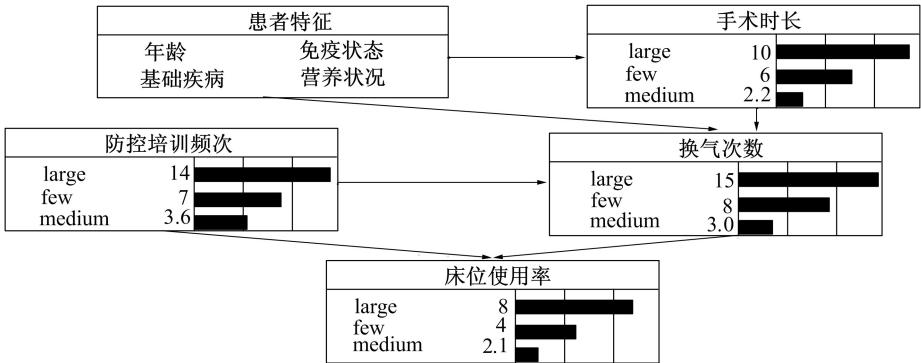


图1 贝叶斯网络结构

Fig.1 Bayesian network structure diagram

利用贝叶斯网络构建风险预测模型，并结合蒙特卡洛模拟算法求解模型不确定性参数，算法参数配置如表4所示。

表4 蒙特卡洛模拟算法参数配置

Tab.4 Parameter configuration of Monte Carlo simulation algorithm							
参数	模拟次数	输入变量分布	迭代次数	随机种子数	抽样次数	时间步长/h	折扣因子
数值	200	[2,10]	150	20	30	1	0.9

以表2和表3中的数据为基础数据，通过蒙特卡洛模拟和贝叶斯网络预测模型，输出院内感染传播风险概率值，明确感染风险。

2.3 院内感染传播风险预测结果与分析

根据计算得到的感染传播风险概率，将极低、低、中低、中、中高和高以及极高风险6种风险等级编号为A~F，基于上述实验过程，将所提方法应用于该医院感染传播风险预测任务中，得到预测结果如图2所示。

根据图2可看出，应用设计的方法进行感染传播风险预测，输出的风险等级与实际等级基本吻合，说明笔者方法能准确预测出感染风险情况，满足高精度的预测需求。其主要是因为所提方法可以通过多次迭代对感染场景进行非线性模拟，并结合贝叶斯网络的联合概率输出生成感染人数的概率分布，实现了高精度预测，可应用于实际场景。

进一步采用对比的形式验证笔者方法的预测性能,引入文献[2]基于机器学习算法、文献[5]基于决策树法作为对照组方法,笔者方法作为实验方法,分别应用这3种方法进行感染传播风险预测,统计各种方法预测结果的特异度。特异度越高,表明风险病例中被正确预测的比例越高,误报数越少,对比结果如图3所示。

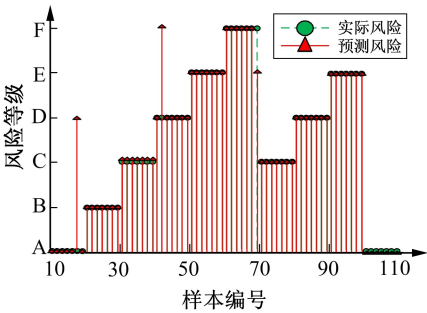


图2 院内感染传播风险预测结果

Fig. 2 Risk prediction results of nosocomial infection transmission

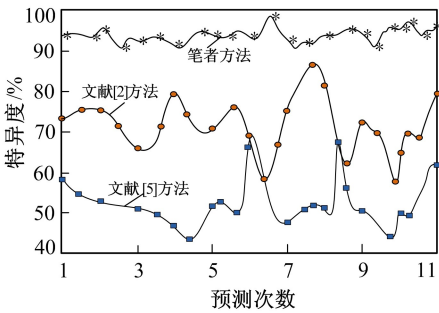


图3 对比结果

Fig. 3 Comparison results

通过分析图3可知,在11次预测实验中,笔者方法预测结果的特异度均高于90%,明显优于对照组方法,表明该方法可以实现院内感染传播风险的准确预测,显著减少误报情况。

3 结 语

在实现基于贝叶斯网络和蒙特卡洛模拟的医院感染传播风险预测算法的过程中,应用贝叶斯网络构建预测模型,引入蒙特卡洛模拟算法计算输出感染风险概率,实现感染传播风险的预测。该算法可为医院管理者提供科学准确的感染风险预测,有助于提前制定防控策略,合理调配医疗资源,有效降低医院感染发生率。本研究不仅为医院感染风险预测提供了一种新的技术,为医学领域提供了新的研究思路和方法,也为公共卫生安全提供了有力支撑,有助于提高医疗服务的整体质量,具有广泛的社会效益。

参考文献:

[1]宋晓超,金美娟,丁蔚,等. 基于机器学习的神经外科ICU患者耐碳青霉烯革兰阴性菌感染风险预测模型构建及验证[J]. 中华医院感染学杂志, 2025, 35(11): 1690-1696.

SONG X C, JIN M J, DING W, et al. Construction and Validation of a Machine Learning-Based Model for Predicting the Risk of Carbapenem-Resistant Gram-Negative Bacteria Infections in Neurosurgical ICU Patients [J]. Chinese Journal of Nosocomiology, 2025, 35(11): 1690-1696.

[2]殷小焦,王健翔,高云. 基于机器学习算法构建卒中患者机械取栓术后肺部感染风险预测模型[J]. 介入放射学杂志, 2025, 34(6): 574-578.

YIN X J, WANG J X, GAO Y. Machine-Learning Algorithm-Based Construction of a Risk Prediction Model for Pulmonary Infection in Stroke Patients after Mechanical Thrombectomy [J]. Journal of Interventional Radiology, 2025, 34(6): 574-578.

[3]左蝶,赵佳,龙晓艳,等. 多模态数据融合+动态机器学习构建ICU患者MDRO感染早期预警模型的研究[J]. 海南医科大学学报, 2025, 31(6): 421-432.

ZUO D, ZHAO J, LONG X Y, et al. Study on Early Warning Model of MDRO Infection in ICU Patients Based on Multimodal Data Fusion and Dynamic Machine Learning [J]. Journal of Hainan Medical University, 2025, 31(6): 421-432.

[4]钟志涛,潘振宇,唐海达. 基于近距离接触行为分析的室内感染风险评估与防控设计策略研究[J]. 建筑科学, 2024, 40(10): 211-219.

ZHONG Z T, PAN Z Y, TANG H D. Research on Indoor Infection Risk Assessment and Prevention and Control Design Strategy Based on Close Contact Behavior Analysis [J]. Building Science, 2024, 40(10): 211-219.

- [5] 龚利平, 李建, 陈忠英, 等. 基于决策树法构建深静脉置管并发导管相关性感染的风险预测模型及防控策略分析[J]. 军事护理, 2024, 41(6): 52-54.
GONG L P, LI J, CHEN Z Y, et al. Risk Prediction Model of Deep Venous Catheterization Complicating Catheter-Associated Infection and Analysis of Prevention and Control Strategies Based on Decision Tree Method [J]. Military Nursing, 2024, 41(6): 52-54.
- [6] 张仲双, 张光霞, 姚人新, 等. 四川省棘球蚴病疫点传播风险评估体系构建研究[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2025, 43(1): 37-43.
ZHANG Z S, ZHANG G S, YAO R X, et al. Research on the Construction of Risk Assessment System for the Transmission of Echinococcosis Endemic Sites in Sichuan Province [J]. Chinese Journal of Parasitology and Parasitic Diseases, 2025, 43(1): 37-43.
- [7] 周姝宏, 李凤, 阳佳家, 等. 基于控制营养状况评分的重症脑卒中病人继发肺部感染风险预测模型的构建[J]. 护理研究, 2025, 39(2): 231-236.
ZHOU S H, LI F, YANG J J, et al. Construction of Risk Prediction Model for Secondary Pulmonary Infection in Patients with Severe Stroke Based on Controlling Nutritional Status Score [J]. Chinese Nursing Research, 2025, 39(2): 231-236.
- [8] 白世贞, 吴文娅, 鄢章华, 等. 基于马尔可夫与传染病模型的供应链网络中断风险传播研究[J]. 管理工程学报, 2023, 37(4): 206-221.
BAI S Z, WU W Y, YAN Z H, et al. Disruption Risk Propagation in Supply Chain Network Based on Markov and Epidemic Model [J]. Journal of Industrial Engineering and Engineering Management, 2023, 37(4): 206-221.
- [9] 姚尧, 查筑红, 李家丽, 等. 基于 AHP-风险矩阵构建手术后肺炎风险评估模型研究[J]. 中国感染控制杂志, 2023, 22(11): 1312-1318.
YAO Y, CHA Z H, LI J L, et al. Risk Assessment System of Postoperative Pneumonia Based on AHP and Risk Matrix [J]. Chinese Journal of Infection Control, 2023, 22(11): 1312-1318.
- [10] 冯新元, 赵佳雪, 龙金照, 等. 基于 CRISPR 序列的致泻性大肠埃希菌跨种传播风险机器学习模型构建[J]. 中国畜牧兽医, 2024, 51(9): 4060-4065.
FENG X Y, ZHAO J X, LONG J Z, et al. Construction of Machine Learning Models to Predict the Cross-Host Infection Risk of Diarrheagenic Escherichia Coli Based on CRISPR Sequence [J]. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2024, 51(9): 4060-4065.
- [11] 夏禹, 王磊. 基于反向传播神经网络的海洋工程项目投标风险评价方法[J]. 上海交通大学学报, 2023, 57(S1): 46-53.
XIA Y, WANG L. Risk Assessment Method for Marine Engineering Project Bidding Based on Back Propagation Neural Network [J]. Journal of Shanghai Jiaotong University, 2023, 57(S1): 46-53.
- [12] 张梦真, 任周鹏, 范俊甫, 等. 基于多源地理数据的广州市精细尺度登革热传播风险预测[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2023, 34(5): 654-663.
ZHANG M Z, REN Z P, FAN J F, et al. Fine-Scale Dengue Transmission Risk Prediction Based on Multi-Source Geographic Data in Guangzhou, China [J]. Chinese Journal of Vector Biology and Control, 2023, 34(5): 654-663.
- [13] 黄国惠, 李娇, 倪萍, 等. 运用决策树算法构建天疱疮并发感染的风险预测模型[J]. 中国皮肤性病杂志, 2023, 37(11): 1269-1276.
HUANG G H, LI J, NI P, et al. The Risk Prediction Model of Pemphigus Co-Infection Constructed Based on Decision Tree Algorithm [J]. The Chinese Journal of Dermatovenereology, 2023, 37(11): 1269-1276.
- [14] 苗若琪, 乔瑞萍, CLEMENT YAW EFFAH, 等. 基于数据挖掘技术的社区获得性肺炎患病风险预测模型的构建[J]. 郑州大学学报(医学版), 2023, 58(3): 306-310.
MIAO R Q, QIAO R P, CLEMENT YAW EFFAH, et al. Application of Data Mining Technology in Prevalence Risk Model for Com-Munity-Acquired Pneumonia [J]. Journal of Zhengzhou University (Medical Sciences), 2023, 58(3): 306-310.
- [15] 李宇行, 何继玮, 钱敏, 等. 市售发酵食品中乳酸菌的耐药性评估及传播风险研究[J]. 食品与生物技术学报, 2024, 43(6): 21-30.
LI Y X, HE J W, QIAN M, et al. Antibiotics Resistance Evaluation and Transmission Risk of Lactic Acid Bacteria in Commercial Fermented Foods [J]. Journal of Food Science and Biotechnology, 2024, 43(6): 21-30.
- [16] 左玉婷, 徐明星, 李洋, 等. 基于层次分析法构建武汉市血吸虫病传播风险评估体系[J]. 中国血吸虫病防治杂志,

2023, 35(4): 374-378.

ZUO Y T, XU M X, LI Y, et al. Construction of a Schistosomiasis Transmission Risk Assessment System in Wuhan City Based on Analytic Hierarchy Process [J]. Chinese Journal of Schistosomiasis Control, 2023, 35(4): 374-378.

[17]涂金豆, 林忠伟, 孙辰. 基于 LEC 的新冠病毒环境传染人风险评估模型 [J]. 计算机仿真, 2023, 40(3): 346-353.

TU J D, LIN Z W, SUN C. Risk Assessment Model for Environmental Contagion of COVID-19 Based on LEC Method [J]. Computer Simulation, 2023, 40(3): 346-353.

(责任编辑: 刘东亮)