

肺炎支原体合并EB病毒感染患儿的预后预测模型构建

臧园园, 杨璐, 段劲松

(廊坊市人民医院新生儿科, 河北 廊坊 065000)

[摘要]目的 探究肺炎支原体(MP)合并EB病毒(EBV)感染患儿预后的风险因素,并构建对应的预测模型。方法 选取2021年12月至2023年12月期间于廊坊市人民医院就诊的132例MP合并EBV感染患儿为研究对象,以2:1的比例随机分为学习集88例、验证集44例。入院后随访28天,根据预后情况将学习集患儿分为不良结局组、良好结局组,比较两组一般资料,Logistic回归模型分析MP合并EBV感染预后不良的影响因素;R软件构建列线图预测模型;用受试者工作特征(ROC)曲线、Calibration曲线验证模型效能、校准能力。结果 学习集患儿预后不良率为29.55%;Logistic回归分析显示,MP-DNA载量、EBV-DNA载量、发热持续时间、白介素-2(IL-2)是MP合并EBV感染患儿预后不良的危险因素(OR值介于2.278~3.469之间, $P < 0.05$),年龄是其保护性因素($OR = 0.435$, $P < 0.05$);ROC曲线显示,模型预测学习集、验证集病例预后不良的曲线下面积(AUC)分别为0.930、0.907,灵敏度分别为96.15%、92.31%,特异度分别为90.32%、80.65%;学习集、验证集的Calibration曲线经Hosmer-Lemeshow检验,差异均无统计学意义($P > 0.05$);Bootstrap法内部验证结果显示,学习集、验证集的C-index指数分别为0.923、0.905。结论 MP-DNA载量、EBV-DNA载量、发热持续时间、IL-2是MP合并EBV感染患儿预后不良的危险因素,年龄是其保护性因素,据此建立的模型预测MP合并EBV感染患儿预后的效能良好。

[关键词]儿童;肺炎支原体;EB病毒;预后;列线图预测模型

Doi:10.3969/j.issn.1673-5293.2025.09.013

[中图分类号]R179

[文献标识码]A

[文章编号]1673-5293(2025)09-0085-07

Prognosis prediction model for children with *Mycoplasma pneumoniae* complicated with Epstein-Barr virus infection

ZANG Yuanyuan, YANG Lu, DUAN Jinsong

(Department of Neonatology, Langfang People's Hospital, Hebei Langfang 065000, China)

[Abstract] **Objective** To explore the prognostic risk factors of children with *Mycoplasma pneumoniae* (MP) complicated with Epstein-Barr virus (EBV) infection, and to construct a corresponding prediction model. **Methods** A total of 132 children with MP combined with EBV infection who visited Langfang People's Hospital from December 2021 to December 2023 were selected for this study. The children were randomly divided into a learning set of 88 cases and a validation set of 44 cases at a 2:1 ratio. After 28 days of follow-up after admission, the children in the study group were divided into adverse outcome group and good outcome group according to the prognosis, and the general data of the two groups were compared, and the influencing factors of poor prognosis of MP complicated with EBV infection were analyzed by logistic regression model. R software constructs nomogram prediction model; The receiver operating characteristic (ROC) curve and Calibration curve were used to verify the model performance and calibration ability. **Results** The incidence of poor prognosis in the learning set was 29.55%. Logistic regression analysis showed that MP-DNA load, EBV-DNA load, duration of fever, and interleukin-2 (IL-2) levels were risk factors for poor prognosis in children with MP combined with EBV infection (OR values ranging from 2.278 to 3.469, $P < 0.05$), while age was a protective factor ($OR = 0.435$, $P < 0.05$). ROC curves showed that the area under the curve (AUC) for predicting poor prognosis in the learning and validation sets was 0.930 and 0.907, respectively, with sensitivities of 96.15% and 92.31%, and specificities of 90.32% and 80.65%. The calibration curves for both the learning and validation sets showed no statistically significant difference in the Hosmer-Lemeshow test ($P > 0.05$). Bootstrap internal validation showed a C-index of 0.923 for the learning set and 0.905 for the validation set. **Conclusion** MP-DNA load, EBV-DNA load, duration of fever, and IL-2 are risk factors for poor prognosis in children with MP and EBV infection, and age is their protective factor.

[Key words] child; *Mycoplasma pneumoniae*; Epstein-Barr virus; prognosis; nomogram predictive model

[收稿日期]2024-04-03

[基金项目]廊坊市科技支撑计划项目(2023013060)

[作者简介]臧园园(1983—),女,副主任医师,主要从事新生儿研究。

肺炎支原体(*Mycoplasma pneumoniae*, MP)和EB病毒(Epstein-Barr virus, EBV)是两种常见的病原体,均可引起儿童呼吸道感染,导致肺炎、咽炎及其他相关疾病。MP是儿童社区获得性肺炎的主要病原体之一,在全球范围内广泛流行,每年约有1.5亿儿童感染^[1]。EBV是传染性单核细胞增多症的主要病原体,在儿童中同样具有较高的感染率,其除了能感染B细胞和上皮细胞,导致咽喉炎、慢性疲劳综合征外,还与多种恶性肿瘤和自身免疫性疾病相关^[2]。MP和EBV感染的临床表现多样,从无症状感染到严重的呼吸道感染均可出现。MP感染的典型症状包括发热、干咳、头痛和全身不适,EBV感染常表现为发热、咽痛、淋巴结肿大和肝功能异常,当两种病原体合并感染时,可能导致比单独感染更为严重的疾病表现和并发症,加重患儿临床症状,延长疾病持续时间,甚至增加死亡风险^[3]。因此,早期识别和准确预测MP合并EBV感染患儿的预后具有重要的临床意义。传统预后评估方法多为观察性研究,且缺乏有效的风险评估工具,无法直观显示各个因素对预后不良风险的影响,难以为临床医生提供有效的信息,尤其是在合并感染情况下,单一的评估指标很难全面反映患儿病情和预后。列线图模型是一种新型的多变量统计预测工具,通过将多个预测因子整合到一个直观的图形模型中,可为患者的疾病进展、治疗反应和生存预测提供量化的风险评估,因其直观、易于使用和能够提供个体化预测的特点,已在医学领域得到广泛的应用^[4-6],但暂未发现在MP合并EBV感染患儿预后预测中应用价值的报道。本研究旨在构建MP合并EBV感染患儿的列线图预后预测模型,并对其效能进行验证,以期临床提供一种快速、准确的风险评估工具,现报道如下。

1 对象与方法

1.1 研究对象

选取2021年12月至2023年12月期间于廊坊市人民医院就诊的132例MP合并EBV感染患儿为研究对象,以2:1的比例随机分为学习集88例、验证集44例。学习集、验证集一般资料比较,差异无统计学意义($P>0.05$)。纳入标准:①年龄1~12岁;②经临床表现观察及实验室检测确认为MP和

EBV合并感染^[7];③临床和实验室数据记录完整;④监护人精神正常,同意参与研究。排除标准:①存在其他病原体感染的证据;②合并先天性或后天性免疫缺陷疾病;③合并哮喘、慢性阻塞性肺疾病、心脏病、肾脏疾病、肝脏疾病等慢性疾病;④近4周内接受过MP或EBV治疗;⑤近4周内使用抗生素、抗病毒药物或免疫调节剂治疗史。本院伦理委员会批准本研究开展,审批号:2024-YXLW-008。

1.2 研究方法

1.2.1 一般资料收集

经询问监护人、查询病案等方式收集患儿一般资料,包括性别、年龄、体重、MP感染史、EBV感染史、发热持续时间、最高体温、支气管血管影增加、大片状实变影、分支样线条征、细支气管扩张、MP-DNA载量、EBV-DNA载量、心率(heart rate, HR)、氧合指数、白细胞计数(white blood cell, WBC)、白蛋白(albumin, Alb)、血小板计数(platelet, PLT)、C反应蛋白(C-reactive protein, CRP)、白介素-2(interleukin-2, IL-2)、白介素-12(interleukin-12, IL-12)、D-二聚体(D-dimer, D-D)、乳酸脱氢酶(lactate dehydrogenase, LDH)、肌酸激酶同工酶(creatine kinase-MB, CK-MB)、心肌肌钙蛋白I(cardiac troponin I, cTnI)、谷丙转氨酶(alanine aminotransferase, ALT)、天冬氨酸转氨酶(aspartate amino transferase, AST)、有创机械通气、无创机械通气、使用抗生素类型。

1.2.2 预后情况判断

入院后随访28天,统计患儿转归情况^[8]。预后良好:发热、咳嗽等症状消失,无严重并发症(脑炎、心肌炎、溶血性尿毒症综合征等),WBC、CRP、LDH及肝肾功能指标正常,痰培养病原体阴性,胸部X光或CT显示肺部浸润或实变范围小,无大面积或多叶段受累。预后不良:仍存在发热、咳嗽等症状,有严重并发症,WBC、CRP、LDH及肝肾功能指标异常,痰培养病原体阳性,胸部X光或CT显示大片实变、多叶段受累或快速进展。预后良好、预后不良分别纳入良好结局组、不良结局组。

1.3 统计学方法

数据分析用SPSS 21.0软件。以例数(n)和百分比(%)表示计数资料,采用 χ^2 检验;用K-S方法检

验计量资料是否为正态分布,符合正态分布时($P>0.05$)以均数±标准差($\bar{x}\pm s$)表示,组间比较用独立样本 t 检验;不服从正态分布时($P\leq 0.05$)以中位数及四分位间距 $M(Q_1\sim Q_3)$ 表示,用 *Mann-Whitney U* 检验;经 Logistic 回归模型分析 MP 合并 EBV 感染患儿预后的影响因素;用 R 语言软件 foreign、rms、survival 程序包建立 MP 合并 EBV 感染患儿预后的列线图预测模型;分别用受试者工作特征(receiver operating characteristic, ROC)曲线、Calibration 曲线验证模型效能、校准能力。 $P<0.05$ 时差异有统计学意义。

2 结果

2.1 不良结局组、良好结局组一般资料比较

学习集 88 例患儿中预后不良 26 例(29.55%)。与良好结局组比较,不良结局组年龄较小,发热持续时间较长,大片状实变影占比较高,MP-DNA 载量、EBV-DNA 载量、CRP、IL-2 较高,IL-12 水平较低,差异均有统计学意义(χ^2/t 值介于 2.437~5.362 之间, $P<0.05$),见表 1。

表 1 两组一般资料比较[n(%), $\bar{x}\pm s$, $M(Q_1\sim Q_3)$]
Table 1 Comparison of general data between the two groups [n(%), $\bar{x}\pm s$, $M(Q_1\sim Q_3)$]

一般资料	不良结局组(n=26)	良好结局组(n=62)	$\chi^2/t/Z$	P
性别			0.272	0.602
男	15(57.69)	32(51.61)		
女	11(42.31)	30(48.39)		
年龄(岁)	5.32±1.25	6.44±1.38	3.568	0.001
体重(kg)	18.54±3.19	20.33±4.17	1.959	0.053
MP 感染史	4(15.38)	5(8.06)	1.069	0.301
EBV 感染史	2(7.69)	1(1.61)	2.056	0.152
发热持续时间(d)	7.13±1.58	6.02±1.69	2.864	0.005
最高体温(℃)	38.86±1.03	38.42±1.05	1.803	0.075
支气管血管影增加	7(26.92)	7(11.29)	3.346	0.067
大片状实变影	8(30.77)	7(11.29)	4.915	0.027
分支样线条征	2(7.69)	3(4.84)	0.278	0.598
细支气管扩张	4(15.38)	3(4.84)	2.782	0.095
MP-DNA 载量(logIU/mL)	4.11±0.76	3.47±0.85	3.321	0.001
EBV-DNA 载量(logIU/mL)	3.75±0.91	3.19±0.87	2.718	0.008
HR(次/min)	85(75~103)	84(72~100)	1.576	0.119
氧合指数(mmHg)	272.31±28.20	279.73±29.84	1.081	0.283
WBC($\times 10^9/L$)	17.19±3.13	16.48±2.92	1.019	0.311
Alb(g/L)	36.58±6.19	39.02±7.13	1.520	0.132
PLT($\times 10^9/L$)	121.64±16.70	129.72±19.33	1.859	0.066
CRP(mg/L)	18.59±4.13	16.23±4.15	2.437	0.017
IL-2(ng/L)	3.98±0.57	3.23±0.61	5.362	<0.001
IL-12(ng/L)	10.29±3.24	13.23±4.11	3.245	0.002
D-D($\mu g/L$)	401.54±73.61	371.23±62.19	1.974	0.052
LDH(U/L)	945.60±120.48	896.35±110.26	1.860	0.066
CK-MB(ng/mL)	8.08±1.35	7.42±1.63	1.818	0.073
cTnI(ng/L)	53.29±7.21	50.25±6.29	1.980	0.051
ALT(U/L)	34.18±5.32	32.01±5.12	1.793	0.076
AST(U/L)	36.11±6.44	33.85±4.13	1.968	0.052
有创机械通气	4(15.38)	4(6.45)	1.769	0.184
无创机械通气	9(34.62)	19(30.65)	0.133	0.715
使用抗生素类型			0.715	0.699
大环内酯类	8(30.77)	23(37.10)		
氟喹诺酮类	10(38.46)	25(40.32)		
四环素类	8(30.77)	14(22.58)		

2.2 MP 合并 EBV 感染患儿预后的影响因素

以预后不良(否=0,是=1)为因变量,年龄、发热持续时间、MP-DNA 载量、EBV-DNA 载量、CRP、IL-2、IL-12(实际值),大片状实变影(否=0,是=1)为自变量,当方差膨胀因子(variance inflation factor,VIF)值>10 排除共线性变量。IL-2 与 CRP、

IL-12 表现为共线性,排除 CRP、IL-12,保留 IL-2。多因素 Logistic 回归结果显示,MP-DNA 载量、EBV-DNA 载量、发热持续时间、IL-2 是 MP 合并 EBV 感染患儿预后不良的危险因素(OR 值介于 2.278~3.469 之间, $P<0.05$),年龄是其保护性因素($OR=0.435,P<0.05$),见表 2。

表 2 影响 MP 合并 EBV 感染患儿预后的多因素分析

Table 2 Multivariate analysis of factors affecting the prognosis of children with MP combined with EBV infection

自变量	β	S.E.	Wald χ^2	P	OR	95%CI
年龄	-0.833	0.301	7.659	0.007	0.435	0.241~0.784
MP-DNA 载量	0.908	0.300	9.184	0.002	2.479	1.378~4.459
EBV-DNA 载量	0.823	0.287	8.233	0.004	2.278	1.298~3.997
发热持续时间	1.093	0.368	8.803	0.003	2.984	1.449~6.143
IL-2	1.244	0.442	7.935	0.005	3.469	1.460~8.241
常数项	-25.493	7.333	12.085	0.001	<0.001	—

2.3 MP 合并 EBV 感染患儿预后预测模型的构建

纳入年龄(X_1)、MP-DNA 载量(X_2)、EBV-DNA 载量(X_3)、发热持续时间(X_4)、IL-2(X_5)建立线性回归方程: $Y = -25.493 - 0.833X_1 + 0.908X_2 +$

$0.823X_3 + 1.093X_4 + 1.244X_5$ 。根据上述影响因素建立 MP 合并 EBV 感染患儿预后不良的风险预测模型, $X_1 \sim X_5$ 对应的分数之和为总分,获取 MP 合并 EBV 感染患儿预后不良概率,见图 1。

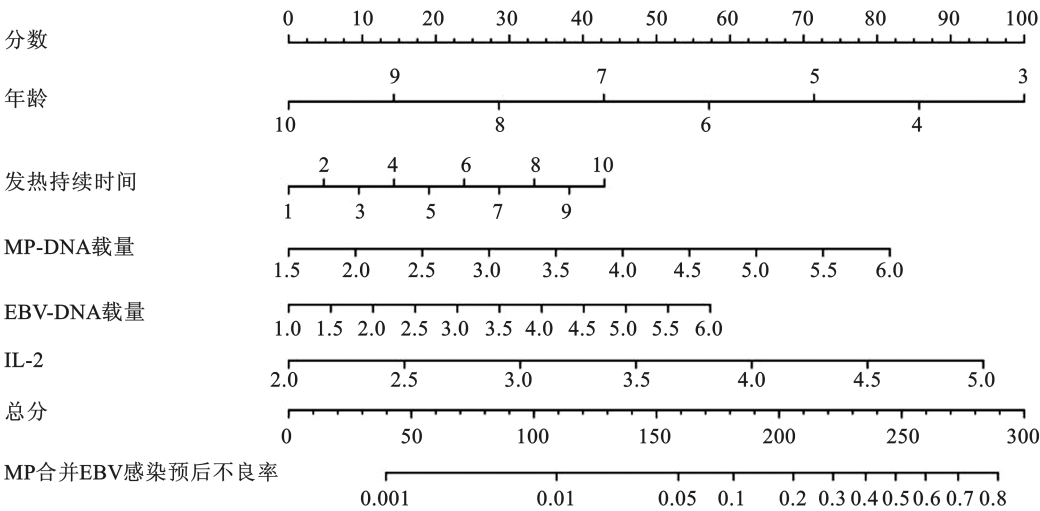


图 1 MP 合并 EBV 感染患儿预后预测模型

Fig.1 Prognostic prediction model for children with MP combined with EBV infection

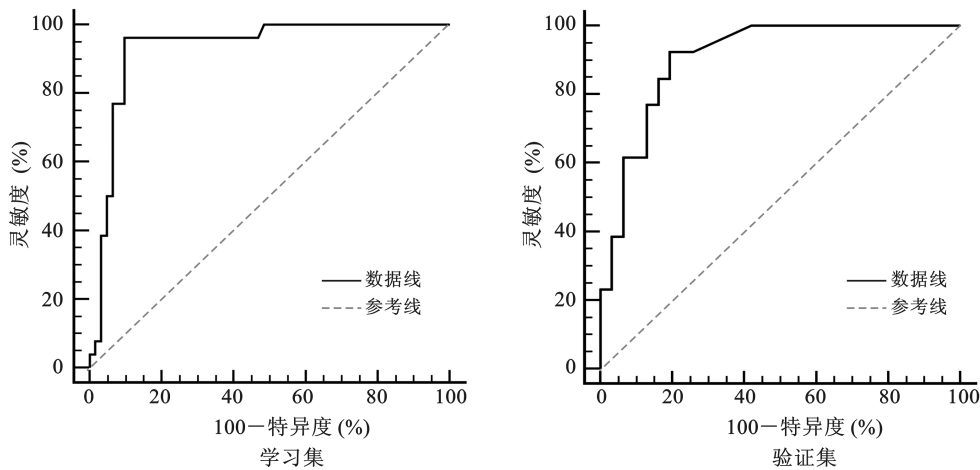
2.4 MP 合并 EBV 感染患儿预后预测模型的效能验证

该预测模型预测学习集、验证集病例预后不良的曲线下面积(area under curve, AUC)分别为 0.930、0.907,灵敏度分别为 96.15%、92.31%,特异

度分别为 90.32%、80.65%;学习集、验证集的 Calibration 曲线经 Hosmer-Lemeshow 检验,差异均无统计学意义($P>0.05$);Bootstrap 法内部验证结果显示,学习集、验证集的 C-index 指数分别为 0.923、0.905,见表 3、图 2 及图 3。

表 3 MP 合并 EBV 感染患儿预后预测模型的效能

指标	学习集	验证集
AUC(95%CI)	0.930(0.855~0.973)	0.907(0.781~0.974)
灵敏度(%,95%CI)	96.15(80.4~99.9)	92.31(64.0~99.8)
特异度(%,95%CI)	90.32(80.1~96.4)	80.65(62.5~92.5)
Hosmer-Lemeshow 检验 χ^2/P	0.159/0.690	0.426/0.514
C-index 指数(95%CI)	0.923(0.861~0.985)	0.905(0.795~0.961)



注:数据为预测模型内所有指标。

图 2 预测模型预测学习集、验证集病例预后不良的 ROC 曲线

Fig.2 ROC curves for predicting poor prognosis in the training and validation sets using the prediction model

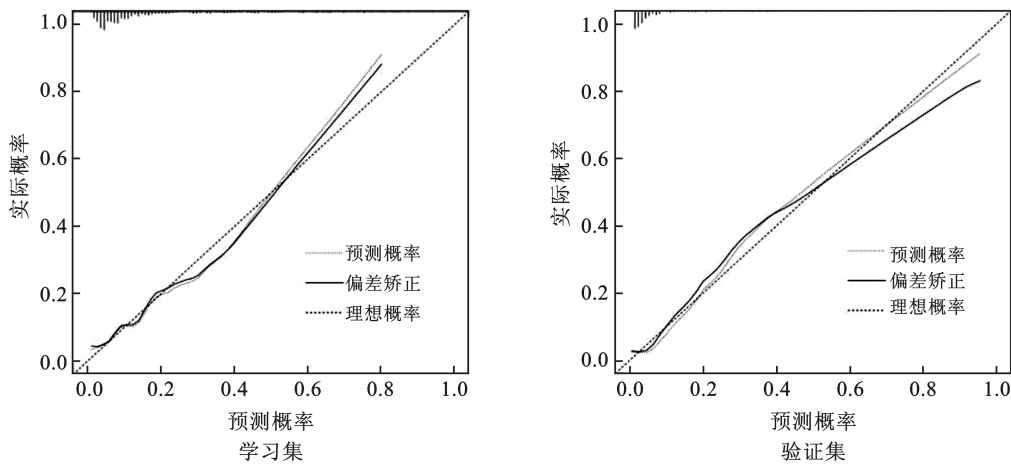


图 3 预测模型预测学习集、验证集病例预后不良的 Calibration 曲线

Fig.3 Calibration curves for predicting poor prognosis in the training and validation sets using the prediction model

3 讨论

3.1 预测 MP 合并 EBV 感染患儿预后的临床意义

MP 是一种无细胞壁的简单原核生物体,能够逃避宿主的免疫反应,导致慢性感染和炎症反应,EBV 具有潜伏性,可长期存在于宿主细胞内,引起淋巴细胞异常增殖和免疫调节失衡,两种病原体合

并感染可能导致更为复杂的病理过程,包括持续性炎症反应、组织损伤和免疫功能障碍,从而增加治疗难度和患儿病死率^[8-9]。MP 合并 EBV 感染的危害不仅局限于呼吸系统,还可能影响心脏、肝脏、神经系统等多个组织器官,且长期病原体感染还可影响患儿的生长发育,甚至增加成年后患恶性肿瘤的风险^[10]。目前对 MP 合并 EBV 感染的治疗主要依赖于抗生素和抗病毒药物,但由于这两种病原体的生

物学特性和感染机制存在差异,单一的治疗方案通常难以取得满意的治疗效果,主要体现在对病原体清除不彻底、对免疫反应调节不足及对并发症的防治不够有效,加之缺乏对患儿预后的准确评估,临床医生在制定治疗方案时往往缺乏足够的信息支持。因此,开发一种能够准确预测 MP 合并 EBV 感染患儿预后的模型显得尤为重要。本研究学习集 MP 合并 EBV 感染患儿预后不良率为 29.55%,与党赫铭等^[11]的 29.41% 相似。

3.2 MP 合并 EBV 感染患儿预后的影响因素

本研究显示,年龄是 MP 合并 EBV 感染患儿预后的保护性因素,MP-DNA 载量、EBV-DNA 载量、发热持续时间、IL-2 是危险性因素,与既往研究具有相似性^[12],分析原因如下。

3.2.1 年龄是 MP 合并 EBV 感染患儿预后的保护性因素

儿童免疫系统的成熟度与年龄密切相关,婴幼儿的天然免疫和适应性免疫功能还未完全成熟,导致其对病原体的感染更为敏感,对于 MP 和 EBV 这两种可通过免疫逃逸机制影响宿主免疫应答的病原体,年龄较小的儿童可能无法有效激发免疫系统产生足够的防御反应,从而导致疾病更为严重,预后更差^[13]。此外,年龄较小的患儿在感染 MP 和 EBV 后,更容易出现肺炎、脑膜炎、肝炎等并发症,不仅增加治疗难度,还可能导致长期的器官损伤和功能障碍,影响患儿长期健康,而对于年龄较小的患儿,药物治疗可能面临更多的挑战,药物剂量、药物耐受性和副作用管理等都需更为谨慎。

3.2.2 MP-DNA 载量、EBV-DNA 载量是 MP 合并 EBV 感染患儿预后的危险性因素

病原体的 DNA 载量通常反映了感染的严重程度,在 MP 和 EBV 合并感染的情况下,较高的 MP-DNA 和 EBV-DNA 载量意味着病原体在体内的数量较多,可能导致更为严重的炎症反应和组织损伤,患儿的免疫系统更难控制感染,从而增加并发症风险和治疗难度,影响预后。高 EBV-DNA 载量还可能导致 B 细胞过度活化,增加免疫介导的炎症反应,导致肝脏、脾脏等器官肿大及其他免疫介导的病理改变,而高 MP-DNA 载量可通过激活宿主巨噬细胞、树突状细胞等免疫细胞,引发炎症反应,加剧肺部和其他器官损伤。此外,高 EBV-DNA 载量意味着病毒具有较强的再激活和复制能力,可能导致患

儿长期处于慢性炎症状态,增加患儿发展为慢性活动性 EBV 感染或其他 EBV 相关疾病的风险^[14],而高 MP-DNA 载量意味着需要更强或更长时间的抗生素治疗,从而增加病原体耐药性,进而导致治疗效果不佳,并增加治疗失败风险^[15]。

3.2.3 发热持续时间是 MP 合并 EBV 感染患儿预后的危险性因素

发热是机体对感染的一种免疫反应,通常反映了炎症的程度和持续时间。在 MP 和 EBV 合并感染的情况下,发热持续时间较长意味着炎症反应更为持久和剧烈,持续性炎症反应可能导致组织损伤加剧,影响器官功能,从而影响患儿的预后。发热持续时间较长还可能表明机体免疫清除能力不足,无法有效控制病原体扩散,导致感染持续和加重,进而影响患儿的恢复和预后。此外,长时间发热可能对免疫细胞功能产生负面影响,导致免疫细胞耗竭或功能紊乱,减弱机体对 MP 和 EBV 的防御能力,增加感染的严重性和复杂性。Li 等^[16]认为,发热持续时间($OR=1.34, 95\%CI:1.20\sim1.50, P<0.001$)是识别住院儿童 MP 中难治性 MP 的独立危险因素,提示其与 MP 病情严重程度有关。

3.2.4 IL-2 是 MP 合并 EBV 感染患儿预后的危险性因素

IL-2 是机体内重要的免疫调节因子,主要由活化 $CD4^+$ T 细胞产生,其在维持免疫细胞功能和调节免疫反应中起着关键作用。在 MP 和 EBV 合并感染的情况下,IL-2 水平异常可反映 Th1 细胞功能减弱,而 Th2 细胞相对增强,这种失衡可能加剧炎症反应和组织损伤,从而影响患儿的预后。IL-2 能够促进干扰素- γ 产生,其是另一种关键的免疫调节因子,具有优秀的抗病毒作用,而 IL-2 水平异常可能干扰这一网络,影响机体对感染的免疫应答,导致预后不良。IL-2 水平异常还可能促进 EBV 的复制和活化,导致病毒载量增加,从而加剧感染严重性。吴邹钰等^[17]也认为,MP 合并 EB 病毒感染患儿血清 IL-2 水平升高,且与预后密切相关,对患儿不良预后具有一定的预测价值。

3.3 列线图模型的优势及在 MP 合并 EBV 感染患儿预后预测中的效能

列线图是一种可视化地展示多变量回归模型结果的统计工具,其是在多因素回归分析的基础上建立的,通过构建带有刻度的线段,并按照一定的比例在同一坐标系上绘制这些线段,直观地展示不同预

测指标对结果的影响程度^[18-19]。该模型的主要优点是复杂的数学模型转化为直观、易于理解的图形,使预测模型的结果更具有可读性,帮助医生和研究人员更容易理解和解释模型中各个变量之间的相互关系,以便更好地应用模型的预测结果对患者进行评估。本研究基于年龄、MP-DNA 载量、EBV-DNA 载量、发热持续时间、IL-2 构建 MP 合并 EBV 感染患儿预后不良的列线图风险预测模型,且经 ROC 曲线、Calibration 曲线验证预测效能良好,提示该模型可提供一个综合考虑多种因素的预测工具,帮助医生和研究人员更好地理解患儿的预后情况,并据此做出更加合理的临床决策。

综上所述,年龄、MP-DNA 载量、EBV-DNA 载量、发热持续时间、IL-2 是 MP 合并 EBV 感染患儿预后不良的影响因素,以此为依据构建的预测模型预测效能良好。本研究通过构建预测模型,将统计数据转化为直观的图形,便于医生快速评估 MP 合并 EBV 感染患儿的预后风险。本研究的不足之处在于在客观条件的限制下未细化年龄分组,未来应探索更细致的年龄分组,采用更先进的统计方法来优化模型,为临床医学提供更加精确的预测工具,并着眼于根据模型制定标准化、针对性的干预措施,以改善 MP 合并 EBV 感染患儿的预后。

[参考文献]

- [1] Meyer Sauter P M, Beeton M L, Uldum S A, et al. Mycoplasma pneumoniae detections before and during the COVID-19 pandemic: results of a global survey, 2017 to 2021[J]. Euro Surveill, 2022, 27(19): 2100746.
- [2] Kawada J I, Ito Y, Ohshima K, et al. Updated guidelines for chronic active Epstein-Barr virus disease[J]. Int J Hematol, 2023, 118(5): 568-576.
- [3] 高颂轶, 赵文静, 谢紫阳, 等. 肺炎支原体混合 EB 病毒感染的临床免疫特征分析[J]. 中国妇幼健康研究, 2022, 33(5): 53-58.
- [4] Tong C, Miao Q, Zheng J, et al. A novel nomogram for predicting the decision to delayed extubation after thoracoscopic lung cancer surgery[J]. Ann Med, 2023, 55(1): 800-807.
- [5] Mei Z, Chen J, Chen P, et al. A nomogram to predict hyperkalemia in patients with hemodialysis: a retrospective cohort study[J]. BMC Nephrol, 2022, 23(1): 351.
- [6] Yang X, Yang Y, Weng X, et al. Nomogram for predicting disease-specific survival in osteosarcoma[J]. Chin Med J (Engl), 2022, 135(9): 1126-1128.
- [7] 王韬, 余高妍. 儿童传染性疾病预防指南[M]. 北京: 科学技术文献出版社, 2021: 14-15.
- [8] 陈建琴, 吴建刚, 王朝晖, 等. EB 病毒伴肺炎支原体感染致 IM 的临床特征及发病的危险因素分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2022, 17(3): 344-347.
- [9] 张夏, 孙静, 古绍敏. 小儿 MPP 合并 EB 病毒感染的临床表现及危险因素 Logistic 回归分析[J]. 中南医学科学杂志, 2022, 50(3): 435-437.
- [10] 王彩芳, 么鑫, 蔡花, 等. 肺炎链球菌, 肺炎支原体, 柯萨奇病毒及 EB 病毒感染与儿童过敏性紫癜肾炎的相关性研究[J]. 临床和实验医学杂志, 2022, 21(19): 2099-2103.
- [11] 党赫铭, 高永伟, 高萃, 等. 正五聚体蛋白 3 和 C 反应蛋白与 EB 病毒合并肺炎支原体感染所致社区获得性肺炎患儿预后的相关性[J]. 中国微生态学杂志, 2022, 34(10): 1197-1200.
- [12] 尤海黄, 余建平, 徐凯进. 肺炎支原体合并 EB 病毒感染患儿血清白介素-2, 白介素-12 表达的相关性研究[J]. 中国医刊, 2022, 57(12): 1370-1374.
- [13] Chang T H, Liu Y C, Lin S R, et al. Clinical characteristics of hospitalized children with community-acquired pneumonia and respiratory infections: using machine learning approaches to support pathogen prediction at admission[J]. J Microbiol Immunol Infect, 2023, 56(4): 772-781.
- [14] Perkins E, Davison G. Epstein-Barr virus (EBV) DNA as a potential marker of in vivo immunity in professional footballers[J]. Res Q Exerc Sport, 2022, 93(4): 861-868.
- [15] Li W, Deng F. Clinical significance of measuring MP-DNA, C-reactive protein, and inflammatory cytokines in children with mycoplasma pneumoniae pneumonia[J]. Am J Transl Res, 2024, 16(2): 577-583.
- [16] Li M, Wei X, Zhang S S, et al. Recognition of refractory Mycoplasma pneumoniae pneumonia among Mycoplasma pneumoniae pneumonia in hospitalized children: development and validation of a predictive nomogram model[J]. BMC Pulm Med, 2023, 23(1): 383.
- [17] 吴邹钰, 孟发财, 张莉, 等. 肺炎支原体合并 EB 病毒感染患儿血清 IL-2, IL-12 水平及其与患儿预后的相关性[J]. 医学临床研究, 2022, 39(10): 1546-1549.
- [18] Wang Q, Zhang Q, Zhu J, et al. Nomogram for predicting overall survival after curative gastrectomy using inflammatory, nutritional and pathological factors[J]. Clin Transl Oncol, 2024, 26(4): 1001-1011.
- [19] Zhou J, Peng Z F, Yang L C, et al. Nomogram predicting the efficacy of transurethral surgery in benign prostatic hyperplasia patients[J]. Aging Clin Exp Res, 2024, 36(1): 71.

[专业责任编辑: 孙欣荣]

[中文编辑: 郭乐倩; 英文编辑: 李晓雪]