

• 论 著 •

河南地区家庭聚集性幽门螺杆菌感染预测模型构建与验证*

杨 坤,郭长城

黄河水利委员会黄河中心医院检验科,河南郑州 450003

摘 要:**目的** 探讨河南地区家庭聚集性幽门螺杆菌(Hp)感染预测模型构建与验证。**方法** 选取 2022 年 1 月至 2023 年 8 月在该院进行体检的 240 例来自河南地区不同家庭的 Hp 感染者(建模组)作为研究对象,根据病理检测研究对象家中是否出现家庭聚集性 Hp 感染而将其分为发生组 97 例及未发生组 143 例,收集其临床资料,进行危险因素分析并构建列线图预测模型。另选取 2023 年 9 月至 2024 年 3 月在该院进行体检的 110 例来自河南地区不同家庭的 Hp 感染患者作为验证组,收集其临床资料,对列线图预测模型进行验证。**结果** 两组家庭最高文化程度、共同生活人数、家庭年收入、公筷使用、分餐、外出就餐频率及家庭成员合并胃部疾病占比比较差异有统计学意义($P<0.05$)。多因素分析显示,患者家庭最高文化程度、共同生活人数、家庭年收入、公筷使用、分餐、外出就餐频率及家庭成员合并胃部疾病为独立危险因素。列线图预测模型的曲线下面积为 0.728(95%CI:0.663~0.793),灵敏度为 0.701,特异度为 0.657,截断值为 0.417,列线图预测模型拟合度较好($\chi^2=5.532, P>0.05$)。**结论** 构建河南地区家庭聚集性 Hp 感染预测模型可有效识别高风险患者,对其日常生活习惯提出修改建议,降低家庭聚集性 Hp 感染发生率,具有较高的临床应用价值。

关键词:幽门螺杆菌; 家庭聚集性; 河南地区; 预测模型

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2025.13.003 **中图法分类号:**R573.1

文章编号:1673-4130(2025)13-1548-06 **文献标志码:**A

Construction and verification of prediction model for family clustering of
Helicobacter pylori infection in Henan province*

YANG Kun, GUO Changcheng

Department of Clinical Laboratory, Yellow River Central Hospital of Yellow River
Conservancy Commission, Zhengzhou, Henan 450003, China

Abstract:**Objective** To explore the construction and verification of prediction model for family clustering of *Helicobacter pylori* (Hp) infection in Henan province. **Methods** A total of 240 patients with Hp infection from different families in Henan province who underwent physical examination in a hospital from January 2022 to August 2023 (modeling group) were selected as the study objects. According to the pathological detection of whether family cluster Hp infection occurred in the families of the subjects, they were divided into the occurrence group (97 cases) and the non-occurrence group (143 cases), and their clinical data were collected. Risk factors were analyzed and a nomogram prediction model was constructed. In addition, 110 Hp infected patients from different families in Henan province who underwent physical examination in the hospital from September 2023 to March 2024 were selected as the verification group, and their clinical data were collected to verify the prediction model of the nomogram. **Results** There were statistically significant differences in the highest level of education, number of people living together, annual household income, use of serving chopsticks, meal separation, frequency of eating out and the proportion of family members with stomach diseases between the two groups ($P<0.05$). Multivariate analysis showed that the highest level of family education, the number of people living together, the annual household income, the use of serving chopsticks, separate meals, the frequency of eating out, and family members with stomach disease were independent risk factors. The area under the curve of the prediction probability of the nomogram prediction model was 0.728 (95%CI: 0.663—0.793), the sensitivity was 0.701, the specificity was 0.657, and the cutoff value was 0.417. The nomogram prediction model had a good fit ($\chi^2=5.532, P>0.05$). **Conclusion** The prediction model of family clustering of Hp infection in Henan province can effectively identify high-risk patients, make suggestions for

* 基金项目:河南省医学科技攻关计划项目(2018020884、LHGJ20230694);河南省社会科学联合会课题(SKJL-2023-394)。

作者简介:杨坤,男,副主任技师,主要从事临床检验诊断学研究。

their daily living habits, and reduce the incidence of family clustering of Hp infection, which has high clinical application value.

Key words: Helicobacter pylori; family cluster; Henan province; prediction model

幽门螺杆菌(Hp)是一类革兰阴性螺旋杆菌,可侵扰人胃黏膜,通过粪口或口口途径传播,引起慢性胃炎、胃溃疡,也与胃淋巴瘤和胃癌甚至胃外疾病如直肠癌相关,是Ⅰ类致癌物^[1-2]。Hp感染者约占全球人口的一半以上,但其感染存在明显区域差异,即发展中国家感染率高于发达国家,我国目前Hp感染率约为49.6%,不同区域的感染率也存在明显差异^[3]。流行病学研究显示Hp感染,主要以家庭为基础的传染性疾病,具有家庭集聚性,但是家庭层面的感染状况,危险因素和传播模式有待阐明,考虑到国内传统生活习惯,结合不同地区感染情况的差异,分析可能导致聚集性感染的影响因素,为感染控制和管理策略提供参考,减轻相关疾病负担^[4-5]。本研究拟以来自河南地区不同家庭检测出Hp感染患者作为研究对象,探讨河南地区家庭聚集性Hp感染的危险因素并构建感染预测模型,为Hp感染防控提供参考。现报道如下。

1 资料与方法

1.1 一般资料 参照肯德尔对多因素分析样本量估算的方法,即样本量可取变量数目的10~20倍,本研究最多同时纳入14个变量,考虑一定的失访率及本院实际情况,样本量最终确定为240例^[6]。选取2022年1月至2023年8月在本院进行体检的240例来自河南地区不同家庭的Hp感染患者(建模组)作为研究对象,其中男115例、女125例;年龄15~78岁、平均(44.58±17.80)岁;根据病理检测研究对象家中是否出现家庭聚集性Hp感染而将其分为发生组97例,其中男45例、女52例,年龄15~77岁、平均(43.65±16.25)岁,未发生组143例,其中男70例、女73例、年龄16~78岁,平均(45.42±18.30)岁。另选取2023年9月至2024年3月在该院进行体检并治疗的110例Hp感染患者作为验证组,其中男54例、女56例;年龄18~81岁、平均(44.92±18.36)岁。两组一般资料比较差异无统计学意义($P>0.05$)。纳入标准:(1)符合文献[7]中的Hp感染相关诊断标准;(2)参考文献[8]的同类型研究,以患者家中Hp感染人数≥2人为出现家庭聚集性Hp感染;(3)与家庭成员在河南地区长期居住;(4)思维清晰,可进行语言交流;(5)依从性良好。排除标准:(1)最近4周曾服用抗菌药物、胃酸抑制剂类药物;(2)妊娠期或哺乳期女性;(3)合并胃肠道手术史。本研究已通过本院医学伦理委员会审批通过,所有参与者及其家属均知情并签署知情同意书。

1.2 临床资料收集方法 收集患者临床资料,包括患者家庭最高文化程度、常住地、共同生活人数、家庭年收入、饮用水源、碗筷清洗、共用餐具、公筷使用、分

餐、外出就餐频率、饭前便后洗手习惯、家庭成员合并胃部疾病、家庭成员5年内做过胃镜、家庭成员近1年胃肠道不适症状的情况,临床资料搜集途径包括从医院病例系统中调取及向患者进行询问调查。

1.3 统计学处理 采用SPSS21.0、R4.2.1统计软件处理数据,符合正态分布的计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,采用独立样本 t 检验;计数资料以例数和百分率表示,行 χ^2 检验;采用二元Logistic回归分析构建列线图预测模型,采用受试者工作特征(ROC)曲线的曲线下面积(AUC)进行预测效果评估,采用校准曲线评估校准度,采用决策曲线分析(DCA)评估列线图预测模型临床获益情况,以ROC曲线和校准曲线行列线图预测模型的内部验证,以验证组患者作为验证集行列线图预测模型的外部验证。 $P<0.05$ 表示差异有统计学意义。

2 结果

2.1 两组临床资料比较 两组家庭最高文化程度、共同生活人数、家庭年收入、公筷使用、分餐、外出就餐频率及家庭成员合并胃部疾病占比比较差异有统计学意义($P<0.05$)。见表1。

2.2 河南地区家庭聚集性Hp感染的多因素分析 将表1单因素分析中差异有统计学意义的相关因素[家庭聚集性Hp感染(赋值:是=1,否=0)、家庭最高文化程度(赋值:高中及以下=1,大专及以上=0)、共同生活人数(赋值:≥4人=1,<4人=0)、家庭年收入(赋值:<10万=1,≥10万=0)、公筷使用(赋值:无=1,有=0)、分餐(赋值:否=1,是=0)、外出就餐频率(赋值:≥2次/周=1,<2次/周=0)、家庭成员合并胃部疾病(赋值:有=1,无=0)]代入二元Logistic回归分析。多因素分析显示,患者家庭最高文化程度($OR=2.176, 95\%CI:1.124 \sim 4.212, P=0.021$)、共同生活人数($OR=2.152, 95\%CI:1.075 \sim 4.309, P=0.030$)、家庭年收入($OR=2.411, 95\%CI:1.182 \sim 4.918, P=0.016$)、公筷使用($OR=2.005, 95\%CI:1.096 \sim 3.667, P=0.024$)、分餐($OR=2.346, 95\%CI:1.155 \sim 4.767, P=0.018$)、外出就餐频率($OR=2.173, 95\%CI:1.149 \sim 4.108, P=0.017$)及家庭成员合并胃部疾病($OR=3.891, 95\%CI:1.630 \sim 9.285, P=0.002$)为独立危险因素。见表2。

2.3 构建河南地区家庭聚集性Hp感染的列线图预测模型 以影响河南地区家庭聚集性Hp感染的多因素分析结果为基础构建列线图预测模型。通过列线图预测模型对每个独立危险因素按最上方的评分标尺评分,根据所有纳入因素的总分向下绘制一条垂

直线,对应“家庭聚集性 Hp 感染”所在横轴上数值即 度+0.767×共同生活人数+0.880×家庭年收入+ 河南地区家庭聚集性 Hp 感染的风险预测值。列线图 0.695×公筷使用+0.853×分餐+0.776×外出就餐频 预测模型公式:Logit(P)=0.777×家庭最高文化程 率+1.359×家庭成员合并胃部疾病-3.298。见图 1。

表 1 两组临床资料比较[n(%)]

项目	发生组(n=97)	未发生组(n=143)	χ^2	P
家庭最高文化程度			4.772	0.029
高中及以下	77(79.38)	95(66.43)		
大专及以上	20(20.62)	48(33.57)		
常住地			0.356	0.837
城市	46(47.42)	70(48.95)		
城镇	24(24.74)	38(26.57)		
农村	27(27.84)	35(24.48)		
共同生活人数			4.711	0.030
<4 人	71(73.20)	121(84.62)		
≥4 人	26(26.80)	22(15.35)		
家庭年收入			4.374	0.037
<10 万	80(82.47)	101(70.63)		
≥10 万	17(17.53)	42(29.37)		
饮用水源			0.263	0.877
自来水	65(67.01)	100(69.93)		
纯净水	28(28.87)	37(25.87)		
井水	4(4.12)	6(4.20)		
碗筷清洗			0.067	0.796
流动水	67(69.07)	101(70.63)		
静水	30(30.93)	42(29.37)		
共用餐具			0.121	0.728
是	83(85.57)	120(83.92)		
否	14(14.43)	23(16.08)		
公筷使用			6.488	0.011
有	27(27.84)	63(44.06)		
无	70(72.16)	80(55.94)		
分餐			4.732	0.030
是	16(16.49)	41(28.67)		
否	81(83.51)	102(71.33)		
外出就餐频率			7.220	0.007
≥2 次/周	34(35.05)	28(19.58)		
<2 次/周	63(64.95)	115(80.42)		
饭前便后洗手习惯			1.297	0.255
有	75(77.32)	119(83.22)		
无	22(22.68)	24(16.78)		
家庭成员合并胃部疾病			7.477	0.006
有	19(19.59)	11(7.69)		
无	78(80.41)	132(92.31)		
家庭成员 5 年内做过胃镜			1.431	0.232
有	23(23.71)	44(30.77)		
无	74(76.29)	99(69.23)		

续表 1 两组临床资料比较[n(%)]				
项目	发生组(n=97)	未发生组(n=143)	χ^2	P
家庭成员近 1 年胃肠道不适症状			0.396	0.529
有	35(36.08)	46(32.17)		
无	62(63.92)	97(67.83)		

表 2 影响河南地区家庭聚集性 Hp 感染的多因素分析							
因素	β	SE	Wald χ^2	P	OR	95%CI	
						下限	上限
家庭最高文化程度	0.777	0.337	5.319	0.021	2.176	1.124	4.212
共同生活人数	0.767	0.354	4.688	0.030	2.152	1.075	4.309
家庭年收入	0.880	0.364	5.855	0.016	2.411	1.182	4.918
公筷使用	0.695	0.308	5.092	0.024	2.005	1.096	3.667
分餐	0.853	0.362	5.557	0.018	2.346	1.155	4.767
外出就餐频率	0.776	0.325	5.704	0.017	2.173	1.149	4.108
家庭成员合并胃部疾病	1.359	0.444	9.372	0.002	3.891	1.630	9.285

2.4 南地区家庭聚集性 Hp 感染的列线图预测模型效果 以约登指数达到最大值时所对应的预测概率，通常被选为该列线图预测模型的截断值。列线图预测模型的 AUC 为 0.728(95%CI:0.663~0.793),灵敏度为 0.701,特异度为 0.657,截断值为 0.417,列线图预测模型拟合度较好($\chi^2=5.532,P>0.05$)。见表 3、图 2。

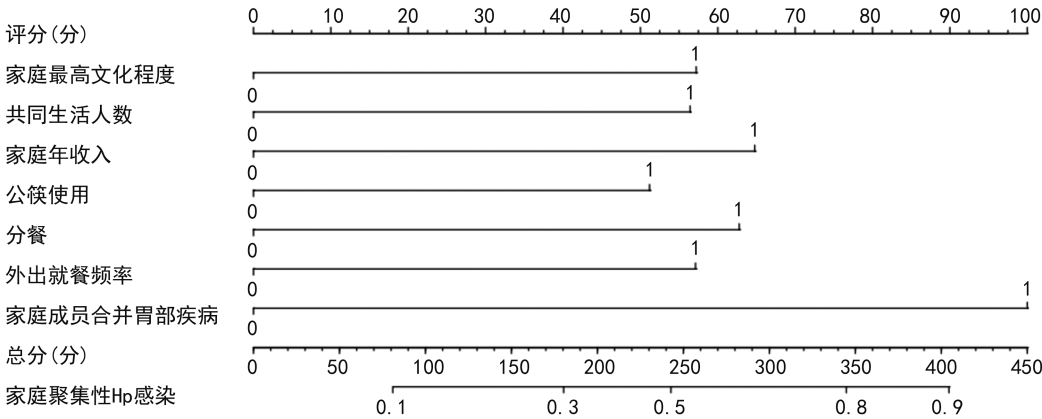


图 1 河南地区家庭聚集性 Hp 感染的风险列线图预测模型

表 3 河南地区家庭聚集性 Hp 感染的列线图预测模型中各变量的预测价值							
预测变量	AUC	95%CI		约登指数	截断值	灵敏度	特异度
		下限	上限				
预测概率	0.728	0.663	0.793	0.358	0.417	0.701	0.657
家庭最高文化程度	0.565	0.492	0.638	0.130	0.500	0.794	0.336
共同生活人数	0.557	0.482	0.632	0.114	0.500	0.268	0.846
家庭年收入	0.559	0.486	0.632	0.119	0.500	0.825	0.294
公筷使用	0.581	0.508	0.654	0.163	0.500	0.722	0.441
分餐	0.561	0.488	0.634	0.122	0.500	0.835	0.287
外出就餐频率	0.577	0.503	0.652	0.155	0.500	0.351	0.804
家庭成员合并胃部疾病	0.559	0.484	0.635	0.119	0.500	0.196	0.923

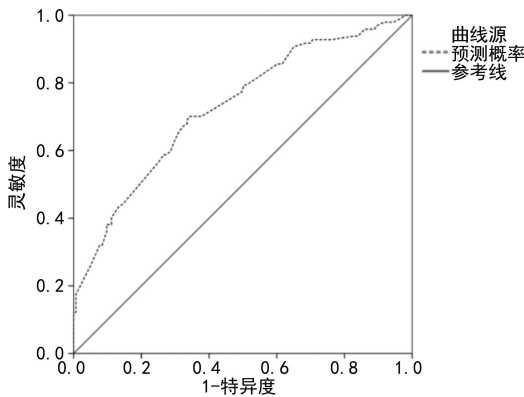
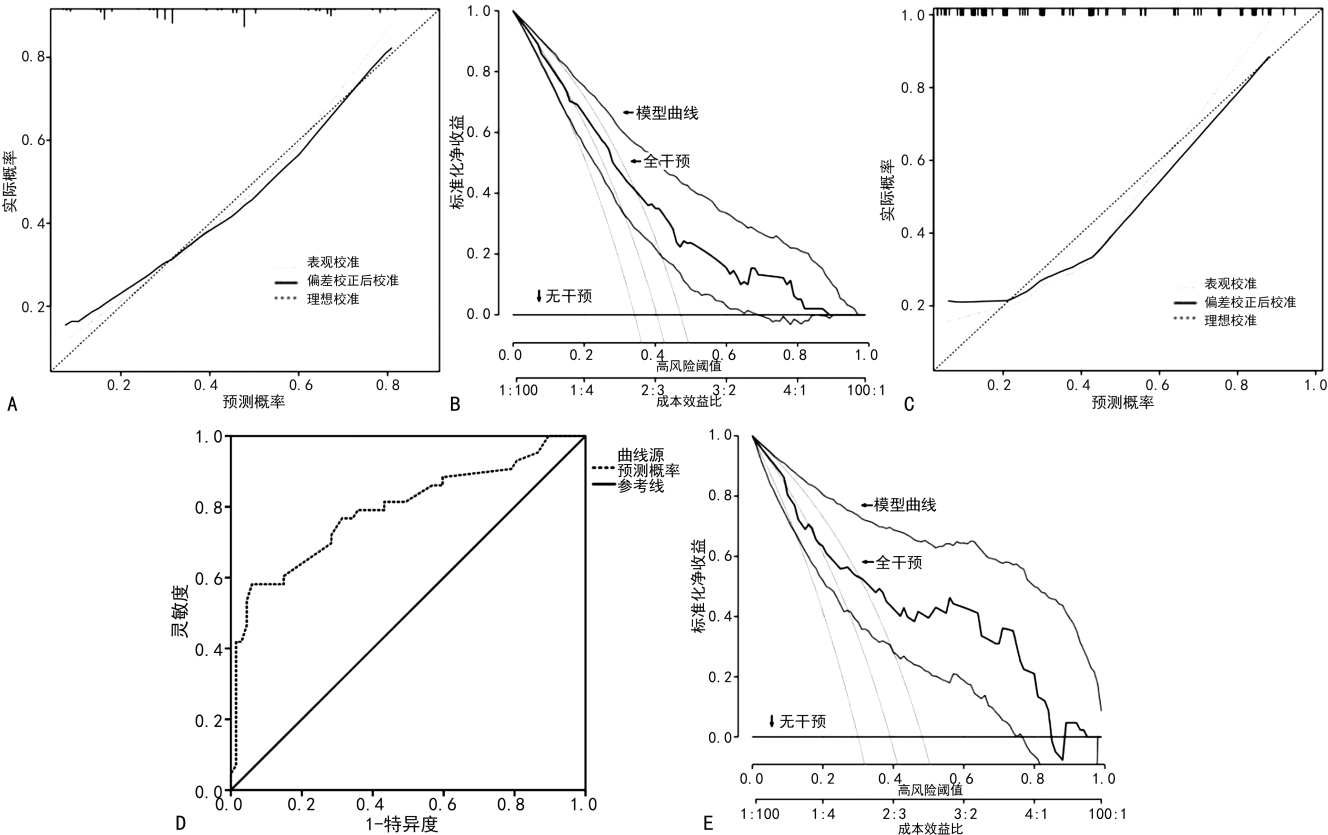


图 2 河南地区家庭聚集性 Hp 感染的 ROC 曲线

2.5 列线图预测模型验证 以建模组 ROC 曲线与



注: A 为建模组的校准曲线; B 为建模组的 DCA; C 为验证组的校准曲线; D 为验证组的 ROC 曲线; E 为验证组的 DCA。

图 3 河南地区家庭聚集性 Hp 感染的列线图预测模型验证

3 讨 论

Hp 的流行病学研究显示,其家庭传染率显著高于个人传染率,夫妇及亲子间常可检测出形态、特性及免疫学相似的 Hp 菌种^[9]。家庭聚集性 Hp 感染特性表明,推进 Hp 防控工作,不能单纯从常规防控方法入手,而应更多关注家庭聚集性 Hp 感染,尽可能切断细菌家庭传播途径。目前国内 Hp 防控政策以家庭单位为基础^[10]。本研究对于河南地区家庭聚集性 Hp 感染的因素分析,有利于为制订以地区及家庭为单位的 Hp 防控方案提供参考,具重要现实意义。

本研究结果显示,两组家庭最高文化程度、共同生活人数、家庭年收入、公筷使用、分餐、外出就餐频

校准曲线对列线图预测模型进行内部验证,结果显示 ROC 曲线的 AUC 为 0.728 (95% CI: 0.663 ~ 0.793),其灵敏度为 0.701,特异度为 0.657,校准一致性较好。DCA 评估列线图预测模型的临床获益情况,可知当预测概率阈值为 0.20~1.00 时,临床净收益率均大于“全干预”和“不干预”方案,提示模型具有较好的临床适用性;使用验证组进行外部验证,验证组 ROC 曲线结果显示 AUC 为 0.791 (95% CI: 0.699~0.883),其灵敏度为 0.581,特异度为 0.940,且其校准曲线也贴近标准曲线,校准一致性较为良好。DCA 评估列线图预测模型的临床获益情况,可知大部分情况下临床净收益率最高。见图 3。

率及家庭成员合并胃部疾病占比比较差异有统计学意义($P<0.05$)。对于家庭最高文化程度,该因素可能原因为受教育程度更高的患者对于日常生活习惯、病菌传染原理、疾病防控等普遍有着更深的认识,更容易为降低 Hp 感染风险而改变生活习惯,也可带动其家人,降低家庭聚集性的发生率^[10]。另外,高文化程度患者在自身 Hp 感染后更能充分认识风险,并为治疗 Hp 感染及避免传染作出行动,与 XIE 等^[11]研究结果相似。对于共同生活人数,可能与 Hp 传染特性相关,Hp 主要依靠口口或粪口传播,在家庭日常生活中其传播风险极大,与周显祝^[12]研究结果一致。父母均为阳性患者的子女 Hp 阳性率明显更高,当家庭共

同生活人数较多时,家庭聚集性 Hp 感染的概率也就越大^[13]。对于家庭收入,一方面,当家庭收入较低时,家庭成员会更容易忽视 Hp 感染的风险,另一方面,该因素与家庭最高文化程度相关,即家庭收入较低时其最高文化程度也较低,患者会容易忽视生活习惯及生活饮食带来影响^[14-15]。对于公筷使用及分餐情况均与患者的日常生活习惯直接相关,即可认为实行分餐制及推广公筷使用可有效降低家庭聚集性 Hp 感染风险,与李春霞等^[16]研究一致。对于外出就餐频率,可能因部分地区未形成公筷使用意识,与他人共餐时明显增加 Hp 经口口途径交叉传播的概率,此外,餐厅餐具消毒效果是否达标及一次性餐具卫生程度等也会对外出就餐时 Hp 感染风险产生明显影响,该结果与国内外学者研究结果一致^[10,17]。对于家庭成员合并胃部疾病,该因素可能因 Hp 高传播率,家庭成员餐具共享,所以出现家庭聚集性 Hp 感染的风险明显上升,与周举坤等^[18]研究结果一致。

CHEN 等^[19]研究提到,列线图预测模型 ROC 曲线的 AUC 为 0.5~0.7、0.7<AUC≤0.9 和 AUC>0.9 时,分别判断为预测效果较低、中等和极好。本研究构建的列线图预测模型的 ROC 曲线的 AUC 为 0.728(95%CI:0.663~0.793),其灵敏度与特异度分别为 0.701 与 0.657,预测概率的截断值为 0.417,说明列线图预测模型对于河南地区家庭聚集性 Hp 感染有较好预测效果,可用于临床上高风险患者的识别,具有较高临床价值。但本研究为单中心研究,所选样本量少,部分因素不容易控制如家庭成员饮食习惯和卫生条件等,故仍需加大样本量筛选出较优质的病例进一步试验,甚至需要结合多中心行综合试验,并进一步关注模型的多重共线性,以增加试验的准确性。

参考文献

- [1] REN S, CAI P, LIU Y, et al. Prevalence of *Helicobacter pylori* infection in China: a systematic review and meta-analysis[J]. J Gastroenterol Hepatol, 2022, 37(3): 464-470.
- [2] ENGELSBERGER V, GERHARD M, MEJIAS R. Effects of *Helicobacter pylori* infection on intestinal microbiota, immunity and colorectal cancer risk[J]. Front Cell Infect Microbiol, 2024, 26(14): 1339750.
- [3] BASHARAT Z, ALGHAMDI Y S, MASHRAQ M M, et al. Subtractive sequence-mediated therapeutic targets from the conserved gene clusters of *Campylobacter hyointestinalis* and computational inhibition assessment[J]. J Biomol Struct Dyn, 2024, 42(6): 2782-2792.
- [4] ZHOU M, ZENG Y, XI Y, et al. School-based hygiene intervention to prevent *Helicobacter Pylori* infection among children (SHIP HOPE): protocol for a cluster-randomised controlled trial[J]. BMJ Open, 2023, 12(1): e064207.
- [5] DING S Z, DU Y Q, LU H, et al. Chinese consensus report on family-based *Helicobacter pylori* infection control and management (2021 Edition)[J]. Gut, 2022, 71(2): 238-253.
- [6] KENDALL M G. Rank correlation methods[M]. London: Charles Griffin, 1948: 108.
- [7] ZHANG S, ZHANG Y, CHENG S, et al. Effects of inflammatory cytokines on eradication and recurrence of *Helicobacter pylori* infection in children[J]. Pak J Med Sci, 2022, 38(7): 1883-1887.
- [8] 宋利华, 韩思静, 任书勤, 等. 幽门螺杆菌家庭聚集性感染及其防控策略[J]. 公共卫生与预防医学, 2024, 35(2): 148-151.
- [9] 周显祝, 杜奕奇. 防治幽门螺杆菌感染是预防胃癌的必经之路[J]. 海军军医大学学报, 2022, 43(12): 1349-1355.
- [10] YU X C, SHAO Q Q, MA J, et al. *Helicobacter pylori* Family-based infection status and transmission pattern in central China, and its clinical implications for related disease prevention[J]. World J Gastroenterol, 2022, 28(1): 3706-3719.
- [11] XIE C, LI N, WANG H, et al. Inhibition of autophagy aggravates DNA damage response and gastric tumorigenesis via Rad51 ubiquitination in response to *H. pylori* infection[J]. Gut Microbes, 2020, 11(6): 1567-1589.
- [12] 周显祝. 幽门螺杆菌家庭感染现状调查及胃癌筛查模式对照研究[D]. 上海: 中国人民解放军海军军医大学, 2024.
- [13] DAO L V, DAO H V, NGUYEN H T, et al. *Helicobacter pylori* infection and eradication outcomes among vietnamese patients in the same households: findings from a non-randomized study[J]. PLoS One, 2021, 16(1): e0260454.
- [14] ZHOU X Z, LHY N H, ZHU H Y, et al. Large-scale, national, family-based epidemiological study on *Helicobacter pylori* infection in China: the time to change practice for related disease prevention[J]. Gut, 2023, 72(5): 855-869.
- [15] ANDARGACHEW A, AYENEW BERHAN A A, et al. Prevalence of intestinal parasites and *Helicobacter pylori* coinfection, and contributing factors among patients with gastrointestinal manifestations at addis zemen primary hospital, northwest ethiopia[J]. Gut Pathog, 2024, 16(1): 48.
- [16] 李春霞, 王学红, 马臻祺, 等. 青海地区家庭内成员幽门螺杆菌感染情况及危险因素分析[J]. 中华内科杂志, 2024, 63(1): 41-45.
- [17] YOSHII S, MABE K, WATANANO K, et al. Validity of endoscopic features for the diagnosis of *Helicobacter pylori* infection status based on the Kyoto classification of gastritis[J]. Dig Endosc, 2020, 32(1): 74-83.
- [18] 周举坤, 张晓彤, 王军, 等. 家庭聚集性幽门螺杆菌感染研究现状及进展[J]. 中国实用内科杂志, 2023, 43(10): 858-861.
- [19] CHEN Y, DU H, WEI B H, et al. Development and validation of risk-stratification delirium prediction model for critically ill patients: a prospective, observational, single-center study[J]. Medicine (Baltimore), 2017, 96(29): e7543.