·疾病预防控制·

糖尿病共病的肺结核患者耐药风险模型构建

邓玲[1],赖文杰[2],廖雪姣[2],谢清尧[2],曲久鑫[2],刘厚明[2]
1.深圳大学公共卫生学院,广东 深圳 518037;
2.深圳市第三人民医院 国家感染性疾病临床医学研究中心,广东 深圳 518112

摘要:目的 构建针对肺结核与糖尿病共病(pulmonary tuberculosis and diabetes mellitus comorbidity,PTB-DM)患者耐药风险的 Nomogram 预测模型并进行验证,分析其发生耐药的危险因素,为预防与控制 PTB-DM 患者发生耐药提供科学依据。**方法** 采用回顾性研究的方法,选取 2019 年 1 月 1 日—2024 年 12 月 31 日在深圳市第三人民医院肺病医学部住院的 PTB-DM 患者 546 例。收集资料包括患者性别、年龄、婚姻状况、吸烟、嗜酒、有无高血压、乙型肝炎、入院类型、肺部空洞发生情况、痰菌检查结果、是否发生肺结核耐药、糖尿病病程、糖化血红蛋白(glycated hemoglobin,HbA1c)、血红蛋白、白蛋白。**结果** 将 LASSO 回归模型筛选出的指标纳入多因素 logistic 回归分析得到年龄、入院类型、糖尿病病程、HbA1c、血红蛋白和白蛋白六个预测因子,通过上述危险因素建立预测风险 nomogram 模型,通过 bootstrap 法进行内部验证,结果显示该模型具有良好的区分度和校准度,校正后曲线下面积为 0.781 (95% *CI*: 0.768 ~ 0.789),校准斜率与截距分别为 1.020 和 -0.003,Hosmer-Lemeshow 检验提示拟合良好 (χ^2=4.06, *P*=0.852),Brier Score 为 0.113 (95% *CI*: 0.111 ~ 0.116)。该模型可为临床评估 PTB-DM 患者耐药风险提供参考。**结论** 基于 LASSO 回归和 logistic 回归分析建立的 nomogram 模型,内部验证结果较好,初步构建了一个用于评估 PTB-DM 患者耐药风险的预测工具,但其临床适用性仍需外部数据进一步验证。

关键词:肺结核;糖尿病;共病;耐药;影响因素
中图分类号:R587.1;R521 **文献标志码**:A **文章编号**:1003-8507(2026)01-160-06
DOI:10.20043/j.cnki.MPM.202506380

Construction of a drug resistance risk model for patients with pulmonary tuberculosis and diabetes mellitus comorbidity

DENG Ling*, LAI Wen-jie, LIAO Xue-jiao, XIE Qing-yao, QU Jiu-xin, LIU Hou-ming
School of Public Health, Shenzhen University, Shenzhen, Guangdong 518037, China

Abstract: Objective To develop and validate a nomogram prediction model for assessing drug resistance risk in patients with pulmonary tuberculosis and diabetes mellitus comorbidity (PTB-DM), identify associated risk factors, and provide a scientific basis for preventing and controlling drug resistance in this population. **Methods** A retrospective study was conducted on 546 PTB-DM patients hospitalized in the Department of Pulmonary Medicine at Shenzhen Third People's Hospital between January 1, 2019, and December 31, 2024. Data collected included sex, age, marital status, smoking, alcohol use, hypertension, hepatitis B, admission type, pulmonary cavity formation, sputum smear results, drug resistance status, diabetes duration, glycated hemoglobin (HbA1c), hemoglobin (Hb), and albumin (ALB). **Results** The indicators filtered by the lasso regression model were included in the multivariate logistic regression analysis, identifying age, admission type, diabetes duration, HbA1c, Hb, and ALB as six predictive factors. A predictive risk nomogram model was developed based on these risk factors. Internal validation using the bootstrap method demonstrated that the model exhibited good discrimination and calibration, with a corrected AUC of 0.781 (95% *CI*: 0.768-0.789). The calibration slope and intercept were 1.020 and -0.003, respectively, and the Hosmer-Lemeshow test indicated good model fit (χ^2=4.06, *P*=0.852). The Brier score was 0.113 (95% *CI*: 0.111-0.116). This model may serve as a reference for clinical assessment of drug resistance risk in patients with PTB-DM. **Conclusion** The nomogram model, developed based on LASSO and Logistic regression analyses, demonstrated satisfactory performance in internal validation. It provides an initial predictive tool for assessing the risk of drug resistance in PTB-DM patients. However, its clinical applicability requires further validation with external data.

Keywords: Pulmonary tuberculosis; Diabetes mellitus; Comorbidity; Drug resistance; Influencing factors

结核病至今仍是全球最致命的传染性疾病之一,而糖尿病的全球流行进一步加剧了结核病防控的复杂性[1]。糖尿病是潜伏性结核感染转化为活动性结核

基金项目:深圳市基础研究专项(JCYJ20240813101800001)
作者简介:邓玲(2000—),女,硕士在读,研究方向:公共卫生
通信作者:刘厚明,E-mail:eric120@126.com

病的危险因素，与非糖尿病患者相比糖尿病患者患活动性结核病的风险增加了 3 倍[2]。在结核病患者中糖尿病的患病率为 1.9%～45%[3]，研究表明结核病可在一定程度上影响机体的糖代谢[4]。大多数糖尿病患者生活在结核病占主导地位的低收入和中等收入国家的城市地区；而在结核病发病率最高的八个国家中，有五个国家属于糖尿病发病率最高的十个国家[3]。临床上肺结核与糖尿病共病（pulmonary tuberculosis and diabetes mellitus comorbidity,PTB-DM）患者较为常见，两种疾病可共同存在，彼此相互影响，在肺结核与糖尿病两种疾病患者日益重叠的背景下，PTB-DM 正成为全球一大公共卫生事件。更严峻的是，耐药结核病的出现，尤其是耐多药结核病加剧了这一群体面临“双重疾病负担”的威胁。现有研究表明糖尿病不仅增加结核病发病风险，还会导致 PTB-DM 患者发生耐药的风险显著升高[5-6]。耐药结核病的出现使治疗周期延长至 18～24 个月，治疗费用增加 10 倍以上，治愈率降低至 50%以下[7]，给患者和医疗系统带来了沉重的负担。

本研究针对 PTB-DM 患者这一高风险群体，构建感染风险的 nomogram 预测模型并进行验证，分析其发生耐药的危险因素，为预防与控制 PTB-DM 患者发生耐药提供科学依据。

1　对象与方法

1.1　研究对象　回顾性选取 2019 年 1 月 1 日—2024 年 12 月 31 日在深圳市第三人民医院肺病医学部住院的 PTB-DM 患者，本研究最初共筛选出 582 例患者。通过查阅电子病历，收集所有预设变量。其中，有 36 例患者因关键变量数据缺失而被排除，如糖化血红蛋白（glycated hemoglobin,HbA1c）、痰菌检查结果等指标。最终，共 546 例具有完整数据的患者被纳入最终分析，其中男性 457 例，女性 89 例。纳入标准：（1）年龄≥18 岁；（2）在 2019 年 1 月 1 日—2024 年 12 月 31 日入院；（3）以《肺结核诊断标准(WS 288—2017)》中肺结核诊断标准入院的患者；（4）既往诊断符合世界卫生组织（World Health Organization,WHO）于 1999 年作出糖尿病标准的或新发符合诊断标准的患者。排除标准：（1）肺外结核患者；（2）诊断变更排除肺结核的患者；（3）住院期间转院的患者；（4）资料严重缺失的患者；（5）恶性肿瘤患者。本研究已通过深圳市第三人民医院审批及伦理审查（批件号为深圳三院伦审科研字[2024-175]号）。

1.2　资料收集与整理

1.2.1　预测变量　根据临床专业知识与既往文献，本研究收集了可能对 PTB-DM 发生耐药有预测价值的变量。主要包括以下五类：人口社会学特征、营养与实验室指标、糖尿病相关指标、肺结核相关特征、合并症等。（1）人口社会学特征包括性别、年龄、居住地、婚姻状况、生活方式等，其中生活方式包括吸烟史、嗜酒史；（2）营养与实验室指标包括入院时血红蛋白、白蛋白两项实验室检测指标；（3）糖尿病相关指标包括糖尿病病程、入院时 HbA1c；（4）肺结核相关特征包括入院方式、肺部空洞发生情况、痰菌检查结果，入院方式根据患者既往抗结核治疗史，分为初治与复治，痰菌检查结果包括痰涂片和痰分枝杆菌培养结果；（5）除糖尿病外，患者有无合并其他疾病或基础慢性疾病，包括有无高血压、乙型肝炎。

1.2.2　结局变量　本研究的结局变量为肺结核耐药情况，耐药指至少一种一线抗结核药物（包括异烟肼、利福平、乙胺丁醇、吡嗪酰胺或链霉素）耐药，耐药性以菌株药物敏感性试验为金标准。对于耐药的患者遵循 WHO 标准[8]进一步将其分为三类：（1）单耐药结核：对一种一线抗结核药物耐药；（2）多耐药结核：对一种以上的一线抗结核药物耐药，但不包括异烟肼和利福平同时耐药；（3）耐多药结核：对异烟肼和利福平同时耐药，可伴或不伴其他一线药物耐药。采用此宽泛定义旨在广泛识别所有非药物敏感的肺结核患者，以期实现早期临床预警。

1.3　统计学方法　采用 R 4.5.0 进行数据统计分析。首先通过 LASSO 回归（λ 值通过 10 折交叉验证确定）从收集的变量中筛选潜在预测因子，再将筛选出的变量纳入多因素 logistic 回归模型，计算比值比及其 95%置信区间。基于 logistic 回归模型来构建 nomogram 模型，以直观展示各变量对耐药风险的贡献。采用 bootstrap 法（500 次重抽样）对模型进行内部验证，评估指标包括区分度[受试者工作特征曲线下面积（area under the curve,AUC）]、校准度（校准斜率、校准截距、Hosmer-Lemeshow 检验）和整体准确性（Brier Score）。检验水准 α=0.05。

本研究为一项单中心回顾性研究，所有样本均用于模型构建。样本量充足性依据预测模型研究的 10 EPV（events per variable）法[9]进行评估，以本研究的耐药发生率为 16.8%，最终纳入的 6 个预测因子、EPV=10 进行计算得出对应最小样本量为 357 例，研究实际纳入 546 例样本，样本量符合该经验性准则的要求。

2　结　果

2.1　PTB-DM患者发生耐药的危险因素　在纳入分析的 546 例患者中，共 92 例（16.8%）被确定为耐药肺结核。根据 WHO 的耐药分类标准，这些耐药患者的具体耐药谱分布如下：单耐药结核病 46 例（50%），多耐药结核病 8 例（8.7%），耐多药结核 38 例

(41.3%)。使用 LASSO 回归对预测变量进行筛选,随着惩罚系数 λ 增大,筛选变量的惩罚效果增大,导致非特征变量系数逐渐趋近于零。绘制 LASSO 回归 10折交叉验证图,左右虚线分别代表 λmin(λ=0.013 996 08, Logλ=−4.268 978)和 λ1se(λ=0.046 909 32, Logλ=−3.059 539 6),本研究选取 λ1se 作为最佳值,当 λ 取值为 0.046 909 32 时,LASSO 回归模型表现出最佳的精度。筛选出的变量有年龄、入院类型、糖尿病病程、HbA1c 标化值、血红蛋白标化值、白蛋白标化值。见图 1、2。

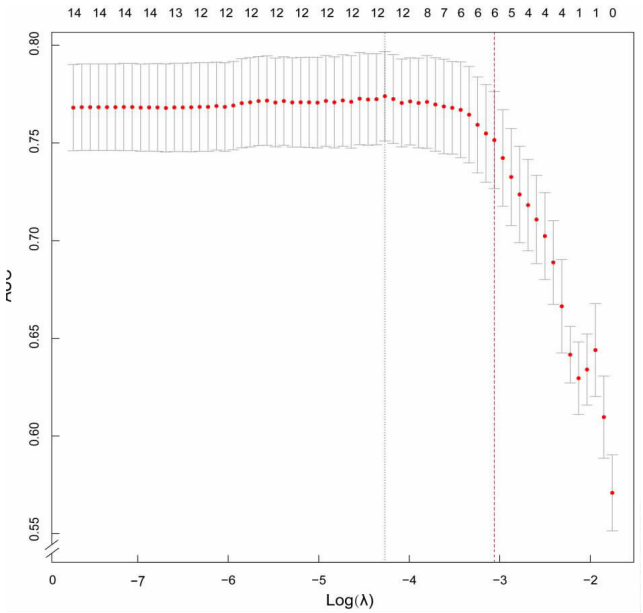


图 1　LASSO回归筛选变量过程

Figure 1　Process of variable screening by LASSO regression

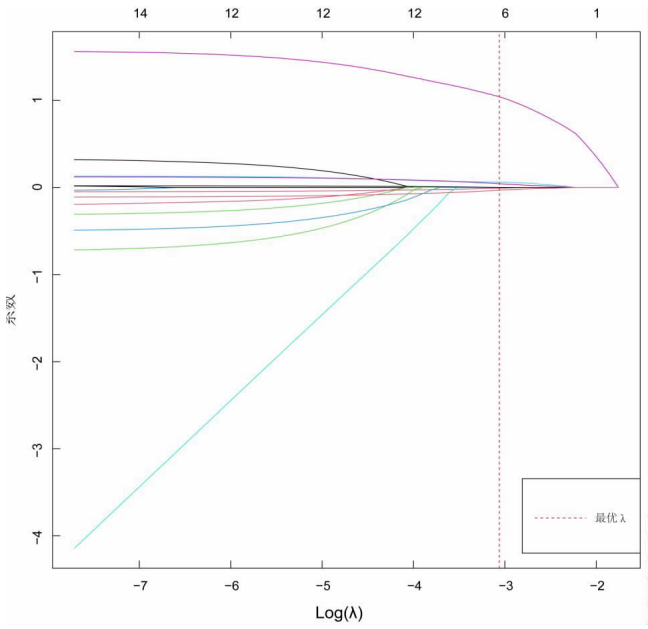


图 2　LASSO系数路径图

Figure 2　Coefficient path plot of the LASSO regression

2.2　Nomogram 预测模型的建立

将 LASSO回归模型筛选出的指标纳入多因素 logistic 回归分析，见表 1 。基于多因素 logistic 回归分析结果,构建回归方程如下:Logit(P)=1.111 2 + (−0.041 6 × 年龄) + (1.528 8 × 入院类型) + (0.105 4 × 糖尿病病程) + (0.096 1 × HbA1c) + (0.017 3 × 血红蛋白) + (−0.123 5 × 白蛋白)。其中入院类型为二分类变量(赋值:初治 =0;复治 =1),其他变量(年龄、糖尿病病程、HbA1c、血红蛋白、白蛋白)为连续变量,直接代入原始数值即可。

基于此，构建 PTB−DM患者发生耐药风险的 nomogram 预测模型,见图 3。本研究构建的 nomogram 预测模型整合了年龄、入院类型、糖尿病病程、HbA1c、血红蛋白和白蛋白六个预测因子。该模型的使用方法为:首先获取每个变量的数值,将每个变量对应数值的端点向上作一条垂直线,对应得到上方的分值,将每个变量的分数相加得出总分,总分向下作一垂线对应最底部预测概率即可得到共病患者耐药发生的风险。模型显示,复治患者较初治者评分增加约 35 分,HbA1c 每升高 1%评分增加约 3 分。例如,一名 65 岁复治患者,糖尿病病程 15 年,HbA1c=9%,血红蛋白 = 120g/L,白蛋白 =32 g/L,总分约 200 分,对应 55%的耐药发生风险。

表 1　PTB−DM患者耐药多因素 logistic 回归分析

Table 1　Multivariate logistic regression analysis of drug resistance in patients with PTB−DM

变量	系数(β)	标准误	*P* 值	*OR*(95%*CI*)
入院类型	1.529	0.294	<0.001	4.614(2.590 ~ 8.213)
糖尿病病程	0.105	0.024	<0.001	1.111(1.061 ~ 1.164)
HbA1c	0.096	0.048	<0.050	1.101(1.002 ~ 1.210)
血红蛋白	0.017	0.007	<0.050	1.017(1.004 ~ 1.031)
年龄	−0.042	0.012	<0.001	0.959(0.938 ~ 0.981)
白蛋白	−0.124	0.028	<0.001	0.884(0.837 ~ 0.933)

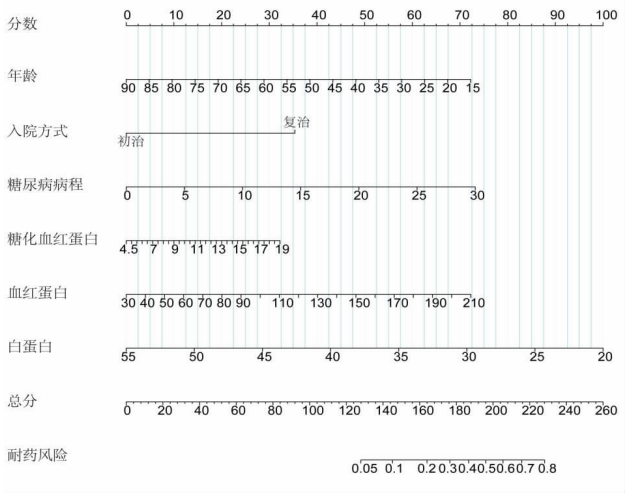


图 3　PTB−DM患者耐药风险的 nomogram 模型

Figure 3　Prognostic nomogram for drug resistance risk in patients with PTB−DM

2.3　耐药风险模型的验证　该预测模型在训练集中表现出良好的区分能力，其 AUC 值为 0.786（95% *CI*: 0.733～0.840），敏感度与特异度分别为 0.750 和 0.711，见图 4。为评估模型的稳健性与泛化能力，我们采用 bootstrap 法（500 次重抽样）进行了内部验证。验证结果显示，校正后的 AUC 为 0.781（95% *CI*: 0.768～0.789）。在校准度方面，校准曲线显示预测值与观测值高度一致，校准斜率为 1.020，截距为 −0.003，Hosmer–Lemeshow 检验结果显示模型拟合良好（χ^2=4.06, *P*=0.852），见图 5。模型的整体预测准确性较高，Brier Score 为 0.111，其 bootstrap 验证值为 0.113（95% *CI*: 0.111～0.116）。

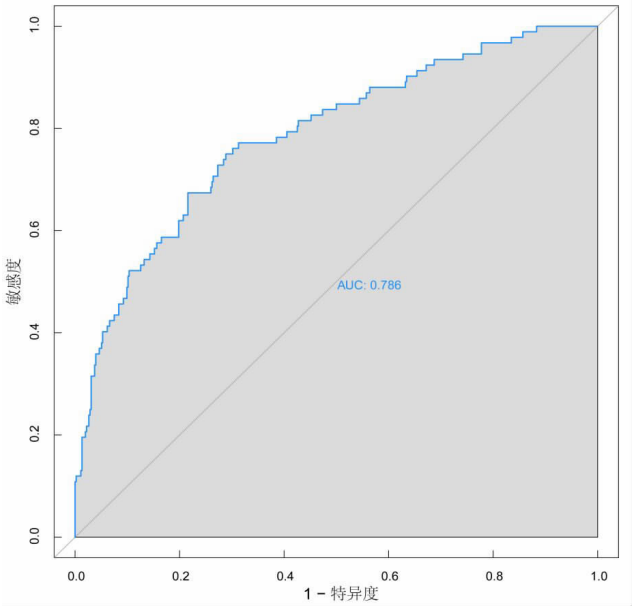


图 4　PTB–DM 患者耐药风险模型的 ROC 曲线

Figure 4　ROC curve for the drug resistance risk model in patients with PTB–DM

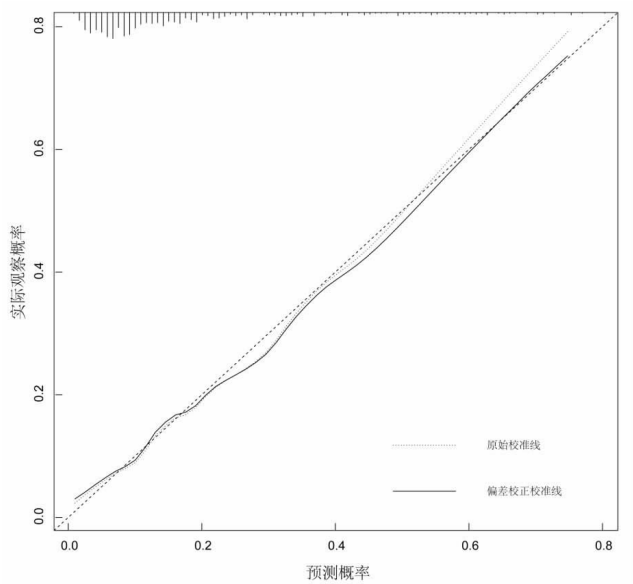


图 5　PTB–DM患者耐药风险模型的校准曲线

Figure 5　Calibration curve of the PTB–DM drug resistance risk model

3　讨　论

近年来，抗结核药物耐药性在全球范围内日益加剧，已经成为全球结核病控制所面临的重大挑战[10]。最新流行病学数据显示，2023 年我国耐多药 / 利福平耐药结核病病例占全球负担的 7.3%，位居全球第四[1]。我国作为全球结核病及耐药结核病高负担国家之一，为实现终止结核病的全球战略目标，需加强对 PTB–DM患者这一高危人群的耐药监测与干预。本研究通过 LASSO回归和多因素 logistic 回归分析，明确了影响共病患者耐药风险的关键影响因素，构建了具有良好性能的列线图预测模型，这对于初步识别耐药患者、优化临床治疗方案具有重要意义。研究结果表明，年龄、入院类型、糖尿病病程、HbA1c、血红蛋白和白蛋白是 PTB–DM患者发生耐药风险的关键影响因素。

年龄与耐药风险呈负相关，值得注意的是本研究中青年占比突出，这一现象与两类疾病的年轻化趋势相呼应：一方面，结核耐药在年轻群体中高发[11–12]；另一方面，糖尿病在青年人群中的疾病负担快速攀升[13]，两种疾病在年轻群体中的双重负担可能加剧结核耐药防控难度。但与此同时，老年群体作为结核病高发人群也不可忽视，老年患者由于免疫衰老状态、多重用药风险及治疗依从性障碍，仍是值得高度关注的年龄段[14]。

多项研究表明复治是影响肺结核患者发生耐药的独立危险因素[15–17]，在共病患者中也发现这一现象，初始治疗的患者可能对药物的敏感性较高，而再治疗的患者可能因之前药物暴露史而更易产生耐药[18–19]。

糖尿病病程较长的患者可能因长期的免疫激活和炎症反应，增加了耐药的风险；HbA1c 水平高反映了患者血糖控制不佳，而高血糖环境有利于结核分枝杆菌的生长和耐药性的发展[5, 20–21]。糖尿病与控制结核分枝杆菌生长的关键细胞因子（如 IFN–γ 和 TNF–α）的水平降低有关[22]，糖尿病患者的巨噬细胞表现出炎性细胞因子（如 IL–1β 和 TNF–α）的分泌减少，PTB–DM 与促炎细胞因子（如 IL–1 β、IL–6、IL–18）和抗炎细胞因子（IL–10）水平升高有关[23]，长时间暴露于高血糖会使巨噬细胞对细胞因子刺激更敏感，同时降低其吞噬活性，这可能与代谢通路改变有关[21]。

血红蛋白与白蛋白水平是评估个人的营养状况的重要指标[24–26]。本研究发现血红蛋白与共病患者耐药风险呈正相关，当前文献主要集中于低血红蛋白对结核病耐药性的负面影响[27–28]，而高血红蛋白与耐药性的关联尚未明确。抗结核药物的药代动力学特点对抗结核治疗至关重要，不同的患者因个体差异可能

对抗结核药物的吸收、分布、代谢和排泄存在不同影响，从而可能导致药物在体内的浓度和作用时间有所不同，高血红蛋白水平可能加速抗结核药物代谢，如激活肝酶 CYP450、增加肾清除率等，使药物浓度降低，影响抗结核效果，甚至促进耐药产生[29]。另一方面，白蛋白水平低通常反映患者营养状况不良或存在慢性炎症，营养不良可导致免疫功能下降，增加耐药风险，这可能与低蛋白血症可直接影响抗结核药物的血液中浓度、损伤机体修复能力和免疫功能有关[27,30]。值得注意的是，共病患者的上述机制较单纯结核病患者可能更为复杂，糖尿病相关的代谢紊乱可能放大血红蛋白与白蛋白的病理效应。未来需针对共病人群开展前瞻性队列研究，以量化各营养指标对耐药风险的影响。

本研究构建了一个预测 PTB-DM 患者耐药风险的列线图模型，该模型展现出良好的区分能力和校准性能，可以帮助临床医生早期识别耐药风险高危个体，从而制定更精准的治疗方案，有效控制耐药结核病的传播。然而，本研究也存在一定局限性。首先，作为一项单中心回顾性研究，研究结果会受到选择偏倚的影响。研究所纳入的对象来自同一医院，受到人口学特征、医疗水平、结核分枝杆菌的流行菌株等因素的影响，对于研究的代表性有限。尽管我们已通过严格的纳入排除标准确保数据质量，但仍存在因病历记录不完整而导致病例被排除的情况。其次，模型的预测性能依赖于纳入的变量，可能未能涵盖所有潜在的影响因素（如患者用药情况、影像学特征等）。最后，在模型验证方面，尽管 bootstrap 内部验证显示了良好的模型区分度，但其验证效能仅限于内部，缺乏独立的外部验证，模型在其他人群中的效果仍未知；校准度的评估基于整体数据集，可能导致其评价结果过于乐观。因此，目前本模型更适用于相对风险的评估，在直接应用于临床决策或外推广至其他地区患者前须谨慎，其价值仍有待未来外部研究验证。

综上，本研究通过 LASSO回归严格筛选变量并结合 bootstrap 内部验证，确保了模型构建的稳健性，为初步评估 PTB-DM 患者发生耐药风险提供了可视化工具。未来的研究应聚焦在多中心、前瞻性、大样本的队列，同时纳入更多潜在的影响因素，以进一步优化模型并评估其实际临床应用价值。

利益冲突声明 本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] World Health Organization. Global tuberculosis report 2024[M]. Geneva: World Health Organization, 2024.

[2] 连依琳，李晨，卢鹏，等. 糖尿病和血糖控制水平对结核病发病风险的影响:基于人群的队列研究[J]. 南京医科大学学报:自然科学版，2024，44(12)：1723-1728.
Lian YL, Li C, Lu P, et al. Effect of blood glucose control level on the incidence risk of tuberculosis: a population-based cohort study[J]. Journal of Nanjing Medical University, 2024, 44(12): 1723-1728.(In Chinese)

[3] Workneh MH, Bjune GA, Yimer SA. Prevalence and associated factors of tuberculosis and diabetes mellitus comorbidity: A systematic review[J]. PLOS One, 2017, 12(4): e0175925.

[4] Bisht MK, Dahiya P, Ghosh S, et al. The cause-effect relation of tuberculosis on incidence of diabetes mellitus [J]. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 2023, 13: 1134036.

[5] Rehman AU, Khattak M, Mushtaq U, et al. The impact of diabetes mellitus on the emergence of multi-drug resistant tuberculosis and treatment failure in TB-diabetes comorbid patients: a systematic review and meta-analysis [J]. Front Public Health, 2023, 11: 1244450.

[6] Trajman A, Campbell JR, Kunor T, et al. Tuberculosis [J]. Lancet, 2025, 405(10481): 850-866.

[7] GBD 2021 Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance 1990-2021: a systematic analysis with forecasts to 2050[J]. Lancet, 2024, 404(10459): 1199-1226.

[8] World Health Organization. WHO consolidated guidelines on drug-resistant tuberculosis treatment [M]. Geneva: World Health Organization, 2019.

[9] Riley RD, Ensor J, Snell KIE, et al. Calculating the sample size required for developing a clinical prediction model [J]. BMJ (Clinical Research ed.), 2020, 368: m441.

[10] 钟珊珊，彭昱，毛蓉容，等. 耐药结核病的耐药机制及治疗研究进展[J]. 药学前沿，2024，28(10)：341-349.
Zhong SS, Peng Y, Mao RR, et al. Research progress on drug resistance mechanism and treatment of drug resistant tuberculosis[J]. China Pharmacist, 2024, 28(10): 341-349.(In Chinese)

[11] 刘晓婷，张腊红，徐锦，等. 2018-2022 年浙江北部结核分枝杆菌耐药情况及流行特征分析[J]. 临床医学进展，2023，13(11)：18499-18506.
Liu XT, Zhang LH, Xu J, et al. Characterization of drug resistance and prevalence of mycobacterium tuberculosis in northern Zhejiang, 2018~2022 [J]. Advances in Clinical Medicine, 2023, 13 (11): 18499-18506.(In Chinese)

[12] 甄丽丽，任晓华，何荟荟，等. 2010-2021 年烟台市肺结核流行特征分析[J]. 现代预防医学，2023，50(13)：2465-2470, 2490.
Zhen LL, Ren XH, He HH, et al. Analysis of epidemic characteristics of pulmonary tuberculosis in Yantai city from 2010 to 2021 [J]. Modern Preventive Medicine, 2023, 50 (13): 2465-2470, 2490.(In Chinese)

[13] 李源溪，王高玲. 1990-2021 年中国归因于不同风险类别的糖尿病疾病负担分析 [J]. 现代预防医学，2024，51(22)：4038-4044.
Li YX, Wang GL. Disease burden of diabetes attributable to different categories of risk factors in China,1990-2021[J]. Modern Preventive Medicine, 2024, 51(22): 4038-4044.(In Chinese)

[14] 滕人聪，李涛，李玉红，等. 2015—2021 年全国 65 岁及以上老年肺结核患者登记情况分析[J]. 中国防痨杂志，2023，45(4)：367-371.
Teng RC, Li T, Li YH, et al. Analysis of registration records of

elderly pulmonary tuberculosis patients aged 65 and above in China, 2015–2021 [J]. Chinese Journal of Antituberculosis, 2023, 45(4): 367–371.(In Chinese)

[15] 杜彩云,阿尔泰,李媛媛,等. 877 例耐药肺结核患者流行病学情况及相关因素分析 [J]. 临床肺科杂志,2024,29(6):907–914.
Du CY, A ET, Li YY, et al. Epidemiological characteristics and related factors of 877 patients with drug–resistant tuberculosis [J]. Journal of Clinical Pulmonary Medicine, 2024, 29 (6): 907–914.(In Chinese)

[16] 王朝才,刘燕,蒋明霞,等. 2017–2021 年青海省结核分枝杆菌耐药现状及其特征分析 [J]. 现代预防医学,2024,51(15):2844–2848.
Wang CC, Liu Y, Jiang MX, et al. Drug resistance and characteristics analysis of mycobacterium tuberculosis in Qinghai Province from 2017 to 2021 [J]. Modern Preventive Medicine, 2024, 51 (15): 2844–2848.(In Chinese)

[17] Li CS, Liang SF, Wang X, et al.Risk factors associated with morbidity and unfavorable treatment outcome in drug–resistant pulmonary tuberculosis: a case–control study [J]. Precis Clin Med, 2025, 8(2): pbaf008.

[18] 钟珊珊,王芳,樊思桐,等. 宁波市北仑区肺结核患者耐药现状及危险因素分析[J]. 浙江医学,2024,46(22):2414–2419.
Zhong SS, Wang F, Fan ST, et al. Analysis on drug–resistance status and risk factors in pulmonary tuberculosis patients in Beilun District, Ningbo City[J]. Zhejiang Medical Journal, 2024, 46(22): 2414–2419.(In Chinese)

[19] 蒋云宇,袁敏,缪昌东,等. 2022–2023 年泰州市肺结核患者的耐药性及危险因素分析[J]. 中国校医,2025,39(8):637–640.
Jiang YY, Yuan M, Miao CD, et al. Analysis of drug resistance and risk factors in tuberculosis patients in Tai Zhou, 2022–2023 [J]. Chinese Journal of School Doctor, 2025, 39 (8): 637–640. (In Chinese)

[20] Boadu AA, Yeboah–Manu M, Osei–Wusu S, et al. Tuberculosis and diabetes mellitus: The complexity of the comorbid interactions [J]. International Journal of Infectious Diseases, 2024, 146: 107140.

[21] Cornejo–Búez AA, Zenteno–Cuevas R, Luna–Herrera J. Association between diabetes Mellitus–Tuberculosis and the Generation of drug resistance[J]. Microorganisms, 2024, 12(12): 2649.

[22] Ayelign B, Negash M, Genetu M, et al. Immunological impacts of diabetes on the susceptibility of mycobacterium tuberculosis [J]. J Immunol Res, 2019, 2019: 6196532.

[23] Segura–Cerda CA, López–Romero W, Flores–Valdez MA. Changes in host response to mycobacterium tuberculosis infection associated with type 2 diabetes: beyond hyperglycemia [J]. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 2019, 9: 342.

[24] Ma L, Chen X, Gao M. Analysis on the risk factors of malnutrition in type 2 diabetes mellitus patients with pulmonary tuberculosis [J]. Infection and Drug Resistance, 2022, 15: 7555–7564.

[25] Sinha P, Bhargava M, Carwile ME, et al. A roadmap for integrating nutritional assessment, counselling, and support into the care of People with tuberculosis [J]. Lancet Global Health, 2025, 13 (5): e967–e973.

[26] 余巧林,张婷,杨小艺,等. 结核病患者营养不良影响因素及其筛查工具的研究进展 [J]. 现代临床医学,2025,51(4):297–300.
Yu QL, Zhang T, Yang XY, et al. Research progress on factors influencing malnutrition in tuberculosis patients and screening tools [J]. Journal of Modern Clinical Medicine, 2025, 51 (4): 297–300.(In Chinese)

[27] 吴联朋,夏丹丹,徐克. 温州市成年住院结核病患者营养状况调查及影响因素分析[J]. 中国防痨杂志,2024,46(1):100–105.
Wu LP, Xia DD, Xu K. Investigation and analysis of nutritional status and its influencing factors of adult inpatients with tuberculosis in Wenzhou City [J]. Chinese Journal of Antituberculosis, 2024, 46 (1): 100–105.(In Chinese)

[28] 韦柳迎,黄连飘,郑元甲,等. 耐多药结核病患者营养风险筛查及影响因素分析[J]. 中国热带医学,2022,22(5):450–453, 457.
Wei LY, Huang LP, Zheng YJ, et al. Nutritional risk status and influencing factors in MDR–TB patients[J]. China Tropical Medicine, 2022, 22(5): 450–453, 457.(In Chinese)

[29] 李媛媛, 陆宇. 动物模型在抗结核新药药效学评价中的应用[J]. 中国防痨杂志,2017,39(9):1014–1017.
Li YY, Lu Y. The applications of animal models in the new anti–tuberculosis drugs evaluation [J]. Chinese Journal of Antituberculosis, 2017, 39(9): 1014–1017.(In Chinese)

[30] Liu QX, Tang DY, Xiang X, et al. Associations between nutritional and immune status and clinicopathologic factors in patients with tuberculosis: A comprehensive analysis [J]. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 2022, 12: 1013751.

收稿日期:2025–06–24

读者·作者·编者

温馨提示

为了使杂志能准确投递，敬请作者在单位一栏写明详细科室及联系电话。通信作者必须写明 E–mail 地址。

《现代预防医学》编辑部