



江苏省医学会第十一次结核病学学术会议

科技赋能精准防控 共同终结结核流行

论文汇编

主办单位：江苏省医学会 江苏省医学会结核病学分会

协办单位：徐州市医学会 首都医科大学附属北京地坛医院徐州医院

江苏·徐州

2025年8月1-3日

目次

一、高质量论文

- 1.TB-QUICKv2: a CRISPR-Cas12b-based one-step dual-target detection system for rapid and accurate MTBC diagnosis Xike Zhou (1)
- 2.GBP5、DUSP3和TBP三基因TB评分联合炎症因子构建病原学阴性肺结核鉴别诊断模型... 赵苗苗 (1)
- 3.基于巨噬细胞自噬研究泽及流浸膏纳米敷料促愈结核性创面的机制 嵇 辉 (2)
- 4.Immune status of patients with multidrug-resistant tuberculosis and potential biomarkers for differentiating multidrug-resistant and multidrug-sensitive tuberculosis Wencan Yang (3)
- 5.Preliminary study on the diagnostic value and related mechanism of CXCL8 in diabetes mellitus complicated with tuberculosis Feifan Xu (3)
- 6.Peptide Molecular Siege Machine: Breaking through Mycobacterium tuberculosis' s Cellular Defenses for Precise Detection and Monitoring Yuanyuan Miao (5)
- 7.A case of acute pancreatitis in a COVID-19 patient with post-tuberculosis chronic pulmonary aspergillosis Wenqing Yu (6)
- 8.Influence of Type 2 Diabetes Mellitus on the Clinical Outcomes in Hospitalized Patients with Active Pulmonary Tuberculosis: A Retrospective, Single-Center, Real-World Study in China Cuilin Shi (6)
- 9.An Injectable Hydrogel Bioimplant Loaded with Engineered Exosomes and Triple Anti-Tuberculosis Drugs with Potential for Treating Bone and Joint Tuberculosis..... Chunmei Hu (7)
- 10.Combined measurement of circulating tumor cells and magnetic nanoparticles-assisted multiple blood markers improves the diagnostic efficiency of early-stage lung adenocarcinoma Fuhui Lu (8)
- 11.Metagenomic and metatranscriptomic profile of bronchoalveolar lavage fluid in drug resistant/sensitive Mtb patients Haiqing Zhang (9)

二、书面交流

· 结核病的诊断、治疗、发病机制、流行病学及基础方面的研究 ·

- 1.间质改变肺结核的临床特征及预后因素分析 宁俊杰 (11)
- 2.南通市2014-2023年老年复治肺结核流行趋势及危险因素分析 曹王晶 (11)
- 3.结核性胸膜炎胸膜增厚的影响因素及护理措施 秦 香 (12)
- 4.结核感染T细胞检测用于涂阴肺结核诊断的临床价值 谢亚青 (12)

5.低蛋白血症对HIV阳性肺结核患者T细胞亚群及临床特征的影响	杨光伟 (13)
6.黏膜相关恒定T细胞在抗结核免疫应答中的研究进展	吕 行 (13)
7.胸腔积液红细胞沉降率、转化生长因子- β 1及白细胞介素-27对结核性胸膜炎预后的 评估	王 娟 (14)
8.基于CRISPR系统的舌拭子样本检测技术在肺结核诊断中的应用	程 亮 (15)
9.环介导等温扩增技术联合CRISPR在结核病诊断中的应用与价值	裴 豪 (15)
10.Single-cell analysis of peripheral blood and pleural effusion reveals functional diversity of γ δ T cells in tuberculosis infection	冯彦军 (16)
11.肺结核潜伏感染者预防性治疗知信行的质性研究	陶媛媛 (17)
12.评估宿主反应试剂盒 (Xpert MTB-HR) 三基因TB评分在结核病诊疗中的检测性能	赵苗苗 (17)
13. Analysis and discussion of the clinical characteristics of subclinical pulmonary tuberculosis	Cheng Chen (18)
14.临床护理路径在结核性胸膜炎患者护理中应用效果观察	邵 洁 (18)
15.纳米银负载海洋贝足部分泌的粘液分子修饰介孔氧化硅材料的协同抗分枝杆菌作用 研究	宋翌琰 (19)
16.强化饮食结构干预方案对巩固治疗期肺结核患者营养状态影响	冯燕飞 (20)
17.健康教育联合优质护理在结核性胸膜炎患者中的应用效果观察分析	陈 静 (20)
18.医护一体化护理方式联合患者自我效能训练对复治肺结核患者焦虑抑郁及生存质量的 影响	杨梦倩 (21)
19.回馈式健康教育在老年肺结核患者呼吸功能训练中的应用效果	雍丹丹 (21)
20.强化血糖控制治疗肺结核合并糖尿病患者的效果及可行性分析	王海丽 (22)
21.骨痹汤辅助治疗脊柱结核手术患者阴虚火旺证的效果及对炎性因子、免疫功能的影响	芮敏劼 (23)
22.连云港市海州区结核潜伏感染流行病学特征及防控效果分析	伏雪君 (23)
23.肺结核合并糖尿病患者营养不良风险预测模型的构建与验证	刘 玲 (24)
24.强化健康教育结合心理干预在肺结核患者药物治疗期间的应用价值	姚欣彤 (25)
25.程序化护理对肺结核患者护理中的应用	吴慧敏 (26)
26.徐州地区HIV/AIDS患者中结核分枝杆菌和非结核分枝杆菌感染检出效能分析	刘成永 (26)
27.基于短视频平台的结核病防治知识传播模式及其对结核病治疗管理的启示	王之麒 (27)
28.中医透药联合针对性护理在结核性胸膜炎患者中的应用分析	汪 珏 (28)
29.2019-2021年徐州市肺结核流行病学特征及影响因素的Logistic回归预测模型建立	彭 乐 (28)
30.异烟肼、地塞米松胸腔内注射对结核性胸膜炎的疗效	彭 乐 (29)
31.脓胸的诊疗流程优化、手术质量控制	魏长江 (29)
32.协同护理模式对初治肺结核患者 心理情绪和自我护理能力的影响	王 停 (30)
33. Analysis of the effect of anti-tuberculosis therapy combined with all-in-one nursing care on the alleviation of inflammation in patients with pulmonary tuberculosis	Xiaohong Yin (30)
34.连续性护理干预对老年结核病患者病情控制和自我护理能力的影响	王 丽 (31)
35.探讨延续性护理干预对老年肺结核患者服药依从性及护理满意度的效果	杨文文 (31)
36.成人肺结核患者重症化的危险因素分析	张 设 (32)
37.呼吸运动康复护理对肺结核患者自护能力和肺功能改善的影响分析	刘红丽 (32)

38.南京地区非结核分枝杆菌肺病合并肺结核的临床特征及非结核分枝杆菌菌种分布	吴志嵩 (33)
39.老年结核病患者心理压力与健康有关生活质量研究	吴艳丽 (33)
40.肺泡T _H 17细胞与I型IFN信号在HIV/TB抵抗者中的表达特征	张莹莹 (34)
41.2021年—2024年扬州市肺结核合并肺部感染患者中细菌菌群分布特点及其耐药变迁分析	戴洁 (35)
42.miRNA调控巨噬细胞自噬与极化在结核免疫逃逸中的机制研究进展	周秦豪 (36)
43.细胞焦亡在结核分枝杆菌感染中介导宿主免疫应答的作用机制研究	田圩虹 (37)
44.抗结核固定剂量复合剂对初治活动性肺结核治疗效果研究	陆小玲 (37)
45.中国无锡地区非结核分枝杆菌肺病菌种与耐药分析及患者的临床与影像学特征	高亮 (38)
46.Expression and Clinical Significance of the Negative Co-stimulatory Molecule Tim-3 in Patients with Pulmonary Tuberculosis	Jiaming Wu (39)
47.糖尿病合并肺结核患者的护理新进展	王娜 (40)
48.痰菌阴性和阳性肺结核患者细胞因子检测的临床意义	侯远沛 (40)
49.2017-2023年江苏省无锡市利福平耐药肺结核患者筛查及纳入治疗情况	高爱霞 (41)
50.结核分枝杆菌实验室诊断方法的综合评估	宋璐 (42)
51.QFT-Plus在HIV/AIDS人群中结核筛查的应用价值分析	张启全 (42)
52.The diagnostic value of CD101 in smear negative pulmonary tuberculosis	Feifan Xu (43)
53.呼吸运动康复护理在肺结核患者中的应用效果分析	徐迎 (44)
54.异烟肼联合利福平与注射用母牛分枝杆菌预防性治疗方案在结核潜伏感染患者中的应用效果对比	曹素珍 (44)
55.血清白蛋白水平与肺结核痰涂片转阴的相关性研究	夏淑林 (45)
56.中医药在结核病全周期防治中的应用	曾令武 (46)
57.PCR联合CRISPR技术检测尿液中TB-cfDNA在肺结核中的诊断价值	周希科 (46)
58.在快速城市化背景下中国城乡融合地区结核病的基因组流行病学研究:谱系特征与城乡传播差异分析	时金艳 (47)
59.护士主导的人文关怀护理精益化应用模式在耐多药/利福平耐药结核病患者中的应用效果	熊传叶 (47)
60.两种分子生物学方法检测结核分枝杆菌对利福平和异烟肼耐药性价值的探讨	胡琴琴 (48)
61.TB-IGRA在艾滋病合并肺结核患者中的诊断价值及其与CD4 ⁺ T淋巴细胞计数的相关性分析	陈影影 (49)
62.活动性结核病患者 γ -干扰素释放试验结果的影响因素分析	周妍阳 (49)
63.基于网络APP的延续性护理在出院肺结核患者中的应用效果研究	熊传叶 (50)
64.涂片抗酸染色与GeneXpert MTB/RIF、罗氏法分枝杆菌培养在结核病特殊标本检测的效能分析	张硕 (51)
65.慢性支气管炎合并肺结核患者的护理措施及效果分析	李琮 (51)
66.老年肺结核患者的临床特点及护理对策分析	王娜 (52)
67.基于可解释机器学习的中青年初治肺结核患者治疗失败预测模型构建与验证	刘慧梅 (52)
68.左氧氟沙星长疗程与短疗程联合三联抗结核方案对难治性肺结核患者免疫功能、疗效及痰菌转阴率的对比分析	许昌伟 (53)
69.南京地区成人2型糖尿病合并初治肺结核患者中Hr-TB的危险因素分析	郭晶 (54)
70.不同营养评估指标对初治结核病患者抗结核药物耐受情况分析	田雪婧 (54)

71.超声引导下经皮穿刺置管灌洗在腰大肌脓肿治疗中的临床应用	嵇 辉 (55)
72.Comprehensive Analysis of Clofazimine-Related Adverse Events: Signal Detection and Clinical Implications from the FAERS Database	Ruoyu Zhang (56)
73.宏基因组二代测序对脊柱感染的诊断价值	芮敏劼 (57)
74.EBUS-TBNA冲洗液用于诊断胸内淋巴结核病的价值研究	牛亚燕 (57)
75.DRG支付背景下对耐药肺结核患者医疗质量评价指标变化的实证分析	胡一丹 (58)
76.Regulation of TIM-3 Expression in Macrophages by $I\kappa B\zeta$ during Mycobacterium tuberculosis Infection: Mechanisms and Functional Implications	Yayan Niu (59)
77.Regulation of TIM-3 Expression in Macrophages by $I\kappa B\zeta$ during Mtb Infection: Mechanisms and Functional Implications	Yayan Niu (60)
78.中性粒细胞及自然杀伤细胞亚群在肺结核病灶中的变化及其与疾病严重程度的关系研究	周云云 (61)
79.CRISPR技术对结核分枝杆菌复合群检测性能的评价	曹 俊 (61)
80.CYP2S1、MAFF和NAT2基因多态性与抗结核药物引发肝损伤的相关性研究	曹 俊 (62)
81.IL-36 γ 联合结核分枝杆菌抗原ESAT-6对树突状细胞及T细胞免疫调节作用的机制研究	张婉莹 (63)
82.基于深度学习AI评估含康替唑胺方案治疗利福平耐药肺结核胸部CT时空信息变化	牛玉兰 (63)
83.Identification of COL4A3 as a Diagnostic Biomarker for Tuberculosis Using Bioinformatics Methods: and Its Clinical Relevance	Ruoyu Zhang (64)
84.Clinical Features and Treatment Outcomes of NTM Infection in Patients with Rheumatic Diseases: A Single-Center Retrospective Study	Ruoyu Zhang (65)
85.MALDI-TOF MS在非结核分枝杆菌菌种鉴定中的应用价值	施慧慧 (66)
86.Clinical predictive model for identifying high-risk factors in pleurisy tuberculoma patients	Weiwei Gao (67)
87.宏基因组二代测序在肺结核合并非结核分枝杆菌肺病中的应用	陈 菲 (67)
88.(NGS)在结核病诊断中临床应用分析	商明群 (68)
89.Clinical outcomes of contezolid in treating complex tuberculosis: real-world evidence from 11 patients	Ying Liu (69)
90.初治肺结核患者中断治疗情况及相关因素分析	陈良玉 (70)
91.分子生物学检测技术在结核分枝杆菌检测中的临床实际应用分析	樊 燕 (70)
92.84例非结核分枝杆菌肺病患者临床特点分析	王 熠 (71)
93.南通市创建无结核社区试点初期公众结核病防治核心知识知晓率调查分析	孙 晴 (71)
94.采用微孔板药敏检测技术分析非结核分枝杆菌的耐药性	戴广川 (72)
95.Nanopore-targeted sequencing (NTS) for intracranial tuberculosis: a promising and reliable approach	Weiwei Gao (73)
96.Nanopore-based targeted next-generation sequencing (tNGS): A versatile technology specialized in detecting low bacterial load clinical specimens	Weiwei Gao (74)
97.规范化急诊护理流程对肺结核大咯血患者救治效果的影响	周 领 (75)
· 特殊及罕见结核病的病例报告等 ·	
1.结核合并胸部肿瘤的临床分析	刘 宏 (76)

2.单孔荧光胸腔镜治疗结核性乳糜胸1例	刘 宏 (76)
3.高流量呼吸湿化治疗肺结核合并一氧化碳中毒性脑病1例	李 勇 (77)
4.肺受累的淋巴瘤1例	李 敏 (77)
5.阿美替尼诱导的间质性肺病1例	李 敏 (78)
6.胸腔镜应用于穿透性脓胸手术中的疗效分析	邢富臣 (78)
7.10例脓肿分枝杆菌肺病患者临床特征及治疗结局分析	杨 磊 (79)
8.继发性血色病合并肺结核伴肝功能损害1例	田雪婧 (79)
9.Diffuse lymphadenopathy with significantly elevated standardized uptake values on positron emission tomography-computed tomography: a case description of lymph node tuberculosis without lung lesions	Weiwei Gao (81)

TB-QUICKv2: a CRISPR-Cas12b-based one-step dual-target detection system for rapid and accurate MTBC diagnosis

Xike Zhou

The Fifth People's Hospital of Wuxi

Mycobacterium tuberculosis complex (MTBC) is a severe infection disease that deeply threatens the safety of human life. However, the efficiency of traditional MTBC diagnostic methods is restricted by several shortcomings, such as time-consuming, low detection sensitivity, the requirement of expensive instruments and so on. Here in study, we developed a CRISPR-based one-step dual-target MTBC detection system (namely TB-QUICKv2) through the combination of Loop-mediated Isothermal Amplification (LAMP), Cas12b trans-cleavage reaction and the molecular beacon (MB) technology. Specifically, TB-QUICKSv2 detects the target MTBC IS6110 sequence through one-step LAMP/Cas12b reaction. *Bacillus spizizenii* cells are directly added into the liquefied sputum samples and the *B. spizizenii* 16S rDNA is employed as the reference sequence, which therefore monitors both the efficiencies of the genomic DNA (gDNA) extraction and the quality of the detection procedures. The whole detection reaction is performed at a constant temperature of 57 °C with a portable thermal heater and can be finished within 25 min. The TB-QUICKSv2 system is highly specific (100%) for MTBC and its limit of detection (LoD) of was 32.5 CFU per test. In addition, TB-QUICKSv2 has been validated by clinical sputum samples and showed higher sensitivity (41/74) than traditional culture (37/74) and acid-fast bacillus (AFB) testing (33/74), which therefore provides a promising method for rapid and accurate MTBC detection. Moreover, our present study may offer a novel insight for developing CRISPR-based dual-target detection systems for other targets, including infectious pathogens.

Key Words MTBC, IS6110, BS, LAMP, CRISPR/Cas12, dual-detection, one-step

GBP5、DUSP3和TBP三基因TB评分 联合炎症因子构建病原学阴性肺结核鉴别诊断模型

赵苗苗²、胡秋香³、胥萍^{1,2}、周妍阳²、陈慧¹、陈婷婷¹

1. 苏州市第五人民医院; 2. 苏州大学附属传染病医院; 3. 竹石生物

目的: 评估三基因 (GBP5、DUSP3和TBP) TB评分对病原学阴性肺结核的诊断性能, 并联合炎症因子 (IL-2、IL-5、IL-17和IFN- γ) 构建病原学阴性肺结核鉴别诊断模型, 并对其性能进行验证。

方法: 选取2023年5月至2024年5月期间就诊于苏州大学附属传染病医院的患者238例, 其中病原学阴性肺结核患者119例, 其他肺部疾病患者 (OPD) 119例, 使用Gene Xpert MTB-HR试剂盒检测受试者血常规剩余样本, 获取检测对象的三基因TB评分值, 根据受试者工作特征曲线 (ROC) 评估其诊断性能。收集患者同期12项炎症因子检测数据, 通过单因素分析和多因素Logistic回归筛选特征指标, 纳入构

建Logistic回归模型、支持向量机模型（SVM）、K最邻近模型（KNN）和自适应模型（AdaBoost），将样本随机分为训练集和测试集，使用85%的样本对机器学习模型进行训练，剩余15%的样本作为测试集对模型进行性能验证。根据ROC曲线参数评估各模型的诊断性能。

结果：三基因TB评分在区分病原学阴性肺结核组与OPD组的AUC为0.539（灵敏度为50.94%，特异度为60.50%），基于筛选得到的四项非共线性炎症因子指标：IL-2、IL-5、IL-17和IFN- γ ，与三基因TB评分联合纳入变量构建机器模型，其中AdaBoost模型的诊断性能最优，该模型鉴别病原学阴性肺结核和OPD的训练集ROC曲线下面积（AUC）为0.893（敏感度为85.4%，特异度为73.0%）；测试集AUC值为0.873（敏感度为88.2%，特异度为72.2%）。

结论：基于三基因TB评分联合炎症因子IL-2、IL-5、IL-17和IFN- γ 构建的AdaBoost模型对病原学阴性肺结核患者和OPD患者具有较好的鉴别诊断性能，显著提升了三基因TB评分的鉴别诊断效能。

关键词 病原学阴性肺结核；三基因TB评分；炎症因子；鉴别诊断模型

基于巨噬细胞自噬研究泽及流浸膏纳米敷料促愈结核性创面的机制

嵇辉、钮晓红

南京市中西医结合医院

目的：探讨泽及流浸膏纳米敷料对巨噬细胞极化及自噬的调控作用。

方法：采用电镜观察结核性创面患者组织标本中巨噬细胞超微结构；CCK-8法检测泽及流浸膏纳米敷料对RAW264.7细胞活力的影响；qPCR检测细胞内Beclin-1和LC3b的mRNA水平；Western blot技术检测RAW264.7胞内相关蛋白的表达；ELISA法检测细胞内极化情况（CD11C和CD206含量）；采用qPCR法检测M1型和M2型巨噬细胞标志物的基因表达；western blot检测PI3K/Akt/mTOR途径关键蛋白的活化。

结果：电镜下观察到TW患者组织标本中有较多自噬小体。不同浓度泽及流浸膏冻干粉对正常RAW264.7细胞的细胞活力无影响。泽及流浸膏纳米敷料可显著增强模型下RAW264.7细胞内Beclin-1、LC3II/LC3I蛋白表达，显著提高模型下Beclin-1、LC3的mRNA含量，增加自噬水平，且呈剂量依赖性。泽及流浸膏作用模型组后，细胞内p-PI3K、p-AKT、p-mTOR蛋白表达明显减少；当PI3K被抑制后，泽及流浸膏增加细胞内自噬的作用消失，且对p-PI3K、p-AKT、p-mTOR蛋白表达无影响。泽及流浸膏纳米敷料作用后，降低RAW264.7细胞内CD11C的含量，同时提高RAW264.7细胞内CD206的含量；当PI3K被抑制后，泽及流浸膏不能降低CD11C含量，不能增加CD206含量，诱导极化的作用消失。泽及流浸膏和不同剂量的泽及流浸膏纳米敷料刺激巨噬细胞后，细胞内Beclin-1表达均有不同程度的提高，表明泽及流浸膏及敷料均能增加自噬水平。当敷料比例为2%（2：1）、1%（3：1），效果优于10%（3：1）的敷料比例，其中敷料比例为1%（3：1）时效果最佳。泽及流浸膏和不同剂量的泽及流浸膏纳米敷料刺激巨噬细胞后，P-PI3K、P-AKT、P-mTOR表达水平均有下调，表明PI3K/AKT/mTOR通路被激活。其中当敷料比例为2%（2：1）下调效果最为明显。整体上泽及流浸膏纳米敷料组2%（2：1）、1%（3：1）的效果优于泽及流浸膏组。

结论：泽及流浸膏纳米敷料能抑制RAW264.7细胞的M1型极化和M2型极化，与降低PI3K/Akt/mTOR通路的活化水平有关。

关键词 泽及流浸膏纳米敷料；巨噬细胞；自噬；结核性创面

Immune status of patients with multidrug-resistant tuberculosis and potential biomarkers for differentiating multidrug-resistant and multidrug-sensitive tuberculosis

Wencan Yang¹, Chubin Zhang¹, Jingyu Zhou¹, Qianqian Liu¹,

Yan Gao¹, Lingyun Shao¹, Huaxin Chen², Xinguo Zhao²

1. 华山医院; 2. 无锡市第五人民医院(无锡传染病医院)

Background: Multi-drug resistant tuberculosis (MDR-TB) is a major stumbling block to the global eradication of TB. This study aims to elucidate the clinical features and immune characteristics of MDR-TB, to identify associated immune molecules and evaluate their potential role in clinical applications.

Methods: A total of 119 subjects were enrolled in this study, including 71 cases of drug-resistant tuberculosis (DR-TB) and 27 cases of drug-sensitive tuberculosis (DS-TB) from Wuxi Fifth People's Hospital, and 21 healthy controls from Huashan Hospital affiliated to Fudan University. Clinical data were collected and peripheral blood samples were analyzed using spectral flow cytometry and Luminex technology.

Results: Compared to DS-TB patients, patients with DR-TB had lower neutrophils and higher hemoglobin. In DR-TB patients, neutrophils were higher in sputum culture-positive patients than sputum culture-negative, while lymphocytes were lower. DR-TB patients exhibited lower proportions of CD8+ T cells, NK cells, B cells, DC cells, monocyte subsets, and higher proportions of CD4+ T cells and NK T cell subsets. CD4+HLA-DR+, CD4+TIGIT+, and CD8+LAG-3+ cells decreased at 3–6 months of treatment and then increased at 6–12 months of treatment. Furthermore, plasma levels of BTLA, HVEM, PD-1, PD-L2, CD152, CD80, CD137, and TIM-3 were elevated in DR-TB patients compared to DS-TB patients and healthy controls.

Conclusions: This study demonstrates increased expression of immunosuppressive molecules in DR-TB patients and significant alterations in immune response during anti-tuberculosis treatment. Plasma levels of BTLA, CD80, TIM-3, and PD-1 could assist early differentiation between drug-resistant and drug-sensitive tuberculosis.

Key Words Multi-drug resistant tuberculosis; immunological biomarkers; differential diagnosis

Preliminary study on the diagnostic value and related mechanism of CXCL8 in diabetes mellitus complicated with tuberculosis

Feifan Xu¹, Wei Zhang²

1. The Sixth People's Hospital of Nantong; 2. Taizhou People's Hospital Affiliated to Nanjing Medical University

Objective To investigate the expression of CXCL8 in patients with diabetes mellitus (DM) and diabetes

mellitus complicated with tuberculosis (DM+TB) in peripheral blood. To analyze the correlation between the plasma expression of CXCL8 and disease-specific cytokines and neutrophil-related indicators in patients with DM+TB. To investigate the auxiliary diagnostic function of CXCL8 alone or in combination with cytokine in patients with DM+TB and the preliminary mechanism of CXCL8 in DM+TB. Methods: According to the inclusion and exclusion criteria, 49 DM, 45 DM+TB were enrolled as the experimental group. 58 healthy people were enrolled as the HC group. ELISA and flow cytometry were used to detect the expression of CXCL8 in plasma and peripheral blood mononuclear cells (PBMCs). RT-qPCR was used to detect the expression of CXCL8 binding receptor CXCR1 and CXCR2. Spearman was used to analyze the correlation between the CXCL8 expression in plasma of DM+TB patients and disease-specific cytokines and neutrophil-related indicators. The receiver operating characteristic (ROC) curve was used to analyze the sensitivity and specificity of CXCL8 alone or in combination with cytokines in the diagnosis of DM+TB. Western Blot was used to explore the possible molecular mechanism of CXCL8 affecting the disease. Results: CXCL8 expression in plasma of DM patients was significantly higher than that of HC patients. Compared with DM group, the expression of CXCL8, CXCR1 and CXCR2 of DM+TB was significantly increased while the expression of CXCL8 on peripheral blood mononuclear cells was not significantly different. In the DM+TB group, plasma CXCL8 expression was positively correlated with IFN- γ and IL-2. The cases with high CXCL8 expression were significantly alonged with the higher WBC count/higher NEC percentage/higher NEC count. In addition, correlation analysis showed that CXCL8 expression was closely related to white blood cells or neutrophils in DM+TB group. ROC analysis showed that CXCL8 alone distinguished DM and DM+TB with a sensitivity of 65.31%, a specificity of 68.89% and an AUC of 0.7265 (95%CI: 0.6225–0.8306). The sensitivity and specificity of CXCL8 combined with IFN- γ to distinguish DM and DM+TB were 85.71% and 80.00%, respectively and the AUC was 0.8971 (95%CI: 0.8246–0.9695). The sensitivity and specificity of CXCL8 combined with IL-2 in differentiating DM from DM+TB were 75.51% and 66.67%, respectively with an AUC of 0.8005 (95%CI: 0.7092–0.8918). CXCL8 combined with IFN- γ and IL-2 had a sensitivity of 89.80%, a specificity of 88.89% and an AUC of 0.9175 (95%CI: 0.8475–0.9874) in distinguishing DM from DM+TB. Western Blot results showed that compared with the single glucose stimulation, the simultaneous stimulation of glucose and Mycobacterium tuberculosis (MTB) standard strain (H37Rv) increased the expression of NF- κ B signaling pathway molecules (p-I κ B α and p-P65), but there was no significant difference in the MAPK signaling pathway molecules (p-ERK, p-JNK, p-P38 MAPK). Conclusions CXCL8 in plasma could better distinguish DM and DM+TB patients and is correlated with IL-2, IFN- γ and neutrophil related indicators of MTB infection. Its diagnosis and combined with cytokine diagnosis had good diagnostic efficacy, might be a laboratory auxiliary diagnostic indicator for DM+TB patients. In addition, the role of CXCL8 in DM+TB might be through NF- κ B signaling pathway. These results could provide a theoretical basis for the diagnosis of CXCL8.

Key Words CXCL8, DM combined with TB, IL-2, IFN- γ , Nuclear factor kappa B

Peptide Molecular Siege Machine: Breaking through *Mycobacterium tuberculosis*' s Cellular Defenses for Precise Detection and Monitoring

Yuanyuan Miao, Jinlong Li

Department of Clinical Laboratory, The Second Hospital of Nanjing, Nanjing University of Chinese Medicine

Mycobacterium tuberculosis (Mtb), with its unique cell wall structure, multidrug resistance, and sophisticated immune evasion mechanisms, poses a significant global health challenge. Conventional detection methods suffer from limitations such as low sensitivity, lengthy procedures, and inability to monitor real-time progression, impeding precise diagnosis and treatment evaluation for drug-resistant tuberculosis. To address these challenges, this study developed a peptide-based molecular machine biosensor employing a multi-stage targeting strategy for efficient detection and dynamic monitoring of Mtb. The core of the biosensor is a modular peptide probe system. First, a phage-derived hydrophobic peptide was designed to target the cell wall's long-chain mycolic acids, which account for ~60% of Mtb's wet weight. This peptide penetrates the lipid barrier via hydrophobic interactions, and its release is triggered by an electrochemical potential scan to disrupt the cell wall. Subsequently, a disulfide-containing plectasin peptide acts as the second module, penetrating the membrane to bind intracellular heat shock protein 60 (HSP 60 kDa). Complementary peptide sequences were introduced to anchor target-bound plectasin onto the electrode surface, enabling electrochemical quantification via oxidation signals from tyrosine residues. Experimental validation demonstrated exceptional specificity and sensitivity. Isothermal titration calorimetry (ITC) confirmed nanomolar binding affinities (Kd) between the phage peptide/mycolic acid and plectasin/HSP complexes, with no cross-reactivity. Electrochemical assays showed a linear response ($R^2 > 0.98$) to Mtb gradients, with a detection limit as low as 10^2 CFU/mL. Clinical sputum samples further validated the sensor's ability to distinguish target bacteria from non-specific proteins (e.g., serum albumin, lysozyme) and differentiate between pathogenic and non-pathogenic bacteria. Integration into a flexible wearable substrate (e.g., mask-embedded conductive fibers) enabled continuous sampling of aerosols from patients' breath and rapid analysis via a portable electrochemical workstation, supporting real-time monitoring applications. This peptide molecular machine achieves sequential breakthroughs in Mtb's defense mechanisms: the phage peptide acts as a "wall-breaching pioneer," plectasin serves as a "signal hub" for intracellular target capture, and complementary peptides amplify signals through dynamic DNA-like hybridization. Key innovations include: 1) synergistic multi-module design balancing penetration, specificity, and signal transduction; 2) a flexible wearable platform enabling point-of-care testing in resource-limited settings; and 3) cost-effective, stable synthetic peptides offering scalability for combating drug-resistant strains. Future optimizations (e.g., integrating resistance gene detection modules) could position this technology as a cornerstone for precision tuberculosis control, particularly in enhancing early diagnosis and treatment monitoring in underserved regions.

Key Words *Mycobacterium tuberculosis*, Detection methods, Peptide probe

A case of acute pancreatitis in a COVID-19 patient with post-tuberculosis chronic pulmonary aspergillosis

Wenqing Yu, Peiqing Yang, Mingdong Ding, Yusheng Wu, Daming Zhou
Taizhou People's hospital Affiliated to Nanjing Medical University

This report describes a 59-year-old woman with a malignant tumor and chronic cavitary pulmonary aspergillosis. She was admitted for worsening hemoptysis and treated with bronchial artery embolization. However, she suffered massive post-procedure hemoptysis that required mechanical ventilation. Sputum metagenomic next-generation sequencing detected SARS-CoV-2 and bacterial pathogens, prompting Paxlovid treatment for COVID-19 pneumonia. While her respiratory symptoms improved, epigastric pain developed. Based on elevated serum amylase/lipase and CT-confirmed peripancreatic inflammation, she was diagnosed with acute pancreatitis. One year later, pulmonary tuberculosis and liver metastasis recurred. This implies a sustained immunosuppressive effect and potential SARS-CoV-2 pancreatic involvement. Further, this case underscores the diagnostic complexity of structural lung disease with overlapping infections such as COVID-19 and stresses on the need for long-term surveillance.

Key Words COVID-19, Acute pancreatitis, Pulmonary Aspergillosis, post-tuberculosis lung disease, Pneumonia

Influence of Type 2 Diabetes Mellitus on the Clinical Outcomes in Hospitalized Patients with Active Pulmonary Tuberculosis: A Retrospective, Single-Center, Real-World Study in China

Cuilin Shi, Shen Xinghua, Liu Jing, Huang Lijun, Wu Meiyong, Zhang Jianping
The Fifth People's Hospital of Suzhou

Purpose: To explore the influence of type 2 diabetes mellitus (T2DM) on the clinical outcomes of pulmonary tuberculosis (TB) and the factors that may affect outcomes. In addition, the treatment regimens of active pulmonary TB patients with or without T2DM were described.

Methods: This is a retrospective, single-center, real-world study conducted in the Fifth People's Hospital of Suzhou (China), an urban hospital. This study divided 340 inpatients with active TB who received standard anti-tuberculosis treatment into the T2DM and control groups, with 61 patients in the T2DM group and 279 patients in the control group. The outcomes were the time to negative Mycobacterium tuberculosis sputum conversion and the rate of negative sputum conversion for tuberculosis bacteria at 2 months.

Results: The percentage of patients who received the isoniazid, rifampin, pyrazinamide, and ethambutol (HRZE) regimen was numerically lower in the T2DM vs control group (73.8% vs 79.6%), while the use of the isoniazid, rifapentine, ethambutol, and levofloxacin (HRftELfx) regimen was numerically higher (14.8% vs 9.7%). The median time to negative sputum conversion was longer in the T2DM group (median, 60.00 vs 52.00 days, $P<0.001$). The rates of negative sputum conversion at 2 months were 85.2% vs 92.8% in the T2DM and control groups ($P=0.055$). The multivariable Cox regression analysis showed that the male sex (adjusted HR=0.759, 95% CI: 0.585–0.984, $P=0.037$) and T2DM (adjusted HR=0.721, 95% CI: 0.528–0.986, $P=0.040$) were independently associated with the time to negative sputum Mycobacterium tuberculosis conversion.

Conclusion: Patients with TB and T2DM had a longer time to negative sputum Mycobacterium tuberculosis conversion. In addition, being male significantly increased the risk of prolonged time to negative sputum Mycobacterium tuberculosis conversion.

Key Words anti-tuberculosis drugs; prognosis; treatment regimens; tuberculosis; type 2 diabetes mellitus.

An Injectable Hydrogel Bioimplant Loaded with Engineered Exosomes and Triple Anti-Tuberculosis Drugs with Potential for Treating Bone and Joint Tuberculosis

Chunmei Hu, Jiayan Huang
the Second Hospital of Nanjing

Purpose: Treatment for bone and joint tuberculosis (BJTB) is challenging due to its refractory and recurrent nature. This study aimed to develop a bioimplantable scaffold with osteoinductive and antituberculosis characteristics to treat BJTB.

Methods: To encapsulate engineered exosomes (Exoeng), the scaffold is built on oxidized hyaluronic acid and carboxymethyl chitosan hydrogel mixed with hydroxyapatite as a bone tissue engineered material. Drug-loaded liposomes equipped with an aldehyde group on the surface are cross-linked with the amine group of the hydrogel skeleton to participate in the Schiff base reaction.

Results: Composite scaffolds exhibit multiple biological activities, including exosome release, self-healing, and injectability. Exoeng strongly stimulates cellular angiogenesis and osteogenic differentiation. The hydrogel-containing liposomes initially prevented the explosive release of the drug and extended the release period, resulting in Mycobacterium tuberculosis being successfully inhibited.

Conclusion: The developed composite scaffolds are expected to provide a viable treatment plan for bone-related BJTB.

Key Words Scaffolds, Engineered exosomes, Triple anti-tuberculosis drugs, Liposomes, Bone and joint tuberculosis, Therapy

Combined measurement of circulating tumor cells and magnetic nanoparticles-assisted multiple blood markers improves the diagnostic efficiency of early-stage lung adenocarcinoma

Fuhui Lu

The Third Hospital of Zhenjiang Affiliated Jiangsu University

The study aims to evaluate the efficiency and clinical value of circulating tumor cells (CTCs), blood tumormarkers, and serum microRNAs for diagnosing lung adenocarcinoma in its early stages. The study included 40 patients with early-stage lung adenocarcinoma, 40 individuals with benign pulmonary nodules, and 40 healthy volunteers in groups 1, 2, and 3, respectively. The negative enrichment - fluorescence in situ hybridization was used to classify and quantify the aneuploidy and its number distribution in CTCs in groups 1 - 3. Magnetic nanoparticles were used to extract DNA. The levels of miR-223-3p and miR-486-5p in the serum of groups 1 - 3 were then determined using reverse transcription quantitative real-time polymerase chain reaction. CTC aneuploidy and its number distribution was detected and the detection of various blood markers was performed. The diagnostic accuracy was determined through receiver operating characteristic curve (ROC) drawn among the groups. The total number of CTCs and aneuploidies in patients with early-stage lung adenocarcinoma was higher than in patients with benign pulmonary nodules and healthy people. Patients with early-stage lung adenocarcinoma had significantly higher levels of miR-223-3p and miR-486-5p than patients with benign pulmonary nodules and healthy people. ROC analysis found that the sensitivity and area under the ROC curve of CTCs combined with multiple blood markers for distinguishing patients with early-stage lung adenocarcinoma from those without lung nodules were 80.12% and 0.945%, respectively. The sensitivity and area under the ROC curve of the patients were 85.38% and 0.948%, respectively. The detection of CTCs, carcinoembryonic antigen, cytokeratin 19 fragment, miR-223-3p, and miR-486-5p was effective for early-stage lung adenocarcinoma and benign lung nodules. The diagnosis of miR-223-3p is clinically significant, as the accurate diagnostic index of miR-223-3p is better than that of CTCs and other blood indicators. However, CTCs combined with blood markers have the highest efficiency in diagnosing early-stage lung adenocarcinoma.

Key Words Circulating Tumor Cells (CTCs), Early Lung Adenocarcinoma, MicroRNA, Blood Tumor Markers, Early Diagnosis.

Metagenomic and metatranscriptomic profile of bronchoalveolar lavage fluid in drug resistant/sensitive Mtb patients

HAIQING ZHANG, LIMAO ZHANG, LI LI

xuzhou infectious disease hospital

Main Text:Objective: To characterize the microbial composition, functional potential, bacteriophage profiles, and host response in clinical samples using metagenomic and metatranscriptomic technologies. The goal is to identify rapid and effective biomarkers and develop a classifier for drug-resistant tuberculosis.

Methods: We enrolled 130 confirmed pulmonary tuberculosis patients and collected bronchoalveolar lavage fluid (BALF) samples. Resistance phenotyping integrated Xpert MTB/RIF Ultra results, antimicrobial susceptibility testing (AST), and nucleic acid mass spectrometry. Patients were stratified into a drug-resistant *Mycobacterium tuberculosis* group (DR-Mtb, n=81; defined as resistance to ≥ 1 first- or second-line drug) and a drug-susceptible group (DS-Mtb, n=49; fully susceptible). Multi-omics analysis was performed: (1) Metagenomic next-generation sequencing (mNGS) elucidated bacterial and bacteriophage communities. (2) Metatranscriptomic sequencing (mtNGS) characterized differential host responses. Microbiome Analysis: Bray-Curtis distance assessed α/β diversity between groups; LEfSe identified taxa with significant abundance changes. Host Transcriptome Analysis: DESeq2 identified differentially expressed genes (DEGs) (FDR < 0.05 & $|\log_2FC| > 0.585$). KEGG, GO, and Reactome pathway enrichment elucidated functional implications. CIBERSORT estimated immune cell proportions in BALF. Diagnostic Validation: ROC curves assessed diagnostic potential of key DEGs. A Random Forest model integrated microbial features and DEGs; feature importance was quantified using the SHAP framework.

Results: β -diversity analysis (Bray-Curtis distance) revealed a significant separation (PERMANOVA, $p < 0.05$) in microbial community structure between DR-Mtb and DS-Mtb groups. Specifically, the DR-Mtb alveolar microenvironment exhibited enrichment of conditionally pathogenic genera like *Streptococcus* and *Prevotella*, whereas *Leptotrichia* was dominant in the DS-Mtb group. Host transcriptome analysis identified 494 DEGs via mtNGS (39 upregulated, 455 downregulated in DR-Mtb). Functional annotation revealed: 1) Enrichment in transmembrane transporter activity and ion channel function; 2) Significant perturbation in neuroactive ligand-receptor interaction and Hippo signaling pathways; 3) Dysregulation of extracellular matrix remodeling pathways (collagen synthesis/degradation). CIBERSORT deconvolution showed DR-Mtb patients had significantly higher macrophage proportions but significantly lower $\gamma\delta$ T-cell levels compared to DS-Mtb patients ($p = 0.0059$). Leveraging these molecular features, a Random Forest machine learning classifier was built. An optimal 8-gene signature (comprising ANKRD1, GAL3ST1, INSC, IGFBP6, LOC729870, SIX3, PPP1R3C, and ELFN1) achieved an AUC of 0.835 (95% CI: 0.812 – 0.857) in an independent validation cohort for distinguishing DR-Mtb from DS-Mtb, confirming superior potential for early drug resistance discrimination.

Conclusion: This study is the first to utilize metagenomics and metatranscriptomics to characterize differences in the alveolar microenvironment and host response elicited by drug-resistant versus drug-susceptible *M. tuberculosis* in BALF. We further validated the potential of identified differential biomarkers to form the basis of a classifier for distinguishing DR-Mtb. This provides a foundational framework for developing rapid and precise

clinical diagnostic tools for drug resistance. Additionally, it offers valuable real-world data for future investigations into *M. tuberculosis* resistance mechanisms and diagnostic model development.

Key Words *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb), drug resistance, metagenome (mNGS), metatranscriptome (mtNGS), host response, machine learning

· 结核病的诊断、治疗、发病机制、流行病学及基础方面的研究 ·

间质改变肺结核的临床特征及预后因素分析

宁俊杰、池盛林、张袁伟
四川省自贡市第一人民医院传染病医院

背景肺结核（PTB）仍是全球重要的公共卫生难题。当其以间质性肺病形式表现时，临床症状更加复杂，给诊断和治疗带来巨大挑战。然而，关于伴间质改变肺结核的研究相对较少，其临床意义与预后价值尚未得到充分阐明。本研究旨在明确影响此类患者临床特征和预后的关键因素。

方法本研究回顾性分析了四川省自贡市第一人民医院 2014 年 1 月—2024 年 1 月期间确诊的伴间质改变肺结核患者资料。依据严格的纳入及排除标准，共纳入 16 例患者。采用描述性统计分析临床特征，并利用随机森林模型筛选预后关键因素；通过偏依赖图（partial dependence plot）可视化各变量对不良结局的独立贡献。

结果 16 例患者中，男性 12 例（75.0%），女性 4 例（25.0%）。平均检出病原种类数为 1.56 ± 0.73 ；31.3% 入院时伴发热。住院时间 8–67 天，平均 22.00 ± 16.02 天。耐药性方面，25.0% 对利福平耐药，约 31.2% 合并基础疾病。最终 11 例（68.8%）治愈，5 例（31.2%）死亡。随机森林模型显示：年龄、利福平耐药及病原种类数是决定预后的主要因素。高龄及耐药显著提高死亡风险，多病原感染者预后更差。

结论本研究加深了对伴间质改变肺结核临床特征与预后的认识，明确了高龄、利福平耐药及病原种类多为关键不良预后因素。上述发现为制定个体化治疗策略和精准医疗干预提供了重要参考。

关键词 间质性肺疾病；肺结核；随机森林模型；年龄；耐药性；预后

南通市2014–2023年老年复治肺结核流行趋势 及危险因素分析

曹王晶、朱慧明、王守卫、洪明阳、李峰
南通市第六人民医院

目的：通过对2014–2023年南通市老年复治肺结核的流行趋势及复发多因素的分析，为南通市老年复治肺结核的预防及治疗提供依据。

方法：利用“中国疾病预防控制中心信息系统”子系统“结核病信息管理系统”导出南通市2014–2023年老年肺结核患者11498例，其中复发肺结核1590例，对复发肺结核流行趋势和危险因素进行分析。

结果：南通市2014–2023年老年肺结核发病率快速下降后趋于稳定，老年肺结核复治率逐年下降后趋于稳定，其中男性发病率明显高于女性发病率，男性复治率也高于女性复治率。从老年结核患者就诊复治情况来看，与性别、患者来源、职业及病原学结果、利福平结果相关且差异均具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论：南通市2014–2023年老年肺结核复治率逐年下降后趋于稳定，老年复治肺结核患者的危险因

素主要是病原学结果阳性以及利福平耐药，应根据既往结核病史、流行病学史、临床表现、胸部影像学检查、实验室检查以及相关辅助检查综合分析对患者做出诊断，并制定个体化治疗方案。

关键词 南通地区；老年肺结核；复治肺结核

结核性胸膜炎胸膜增厚的影响因素及护理措施

秦香

无锡市第五人民医院

目的：探讨结核性胸膜炎胸膜增厚的影响因素以及其干预效果。

方法：纳入2012年5月至2014年5月以及2015年5月至2017年5月在我院就诊的260例结核性胸膜炎患者作为研究对象，根据入组时间进行分组，2014年5月前入组为对照组（ $n=130$ ），2015年5月后入组为观察组（ $n=130$ ）。对照组予以常规护理，观察组根据对照组胸膜增厚的影响因素予以有针对性的强化护理干预，观察两组患者临床疗效、生活质量、自我护理能力、护理满意度。

结果：对照组中有90例患者出现不同程度的胸膜增厚，患者就诊时间、是否注入尿激酶、激素的应用以及出院后按时服药率均与胸膜增厚的发生相关，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ），而胸水量的多少与胸膜增厚的发生无明显相关（ $P>0.05$ ）。观察组痊愈患者有52例，痊愈率达40%，显著高于对照组的13.08%，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。观察组患者护理后的WHOQOL和ESCA量表评分均高于对照组，差异均具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。观察组满意度为92.31%，显著高于对照组的72.31%，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

结论：是否及时就诊治疗，是否使用糖皮质激素和尿激酶，是否按时服药和就诊均为结核性胸膜炎患者胸膜增厚的重要影响因素，予以有针对性的强化护理干预能够提高临床疗效和生活质量，增强自我护理能力，提高患者对护理工作的满意度。

关键词 结核性胸膜炎；预后；胸膜增厚；影响因素；疗效；护理

结核感染T细胞检测用于涂阴肺结核诊断的临床价值

谢亚青

连云港市第四人民医院

目的：研究分析涂阴肺结核诊断中结核感染T细胞检测的应用效果及临床价值。

方法：择取2021年1月至2023年1月就诊于我院的痰菌涂阴性疑似肺结核患者100例，均采取结核感染T细胞检测，做肺结核诊断效果分析。

结果：灵敏度、特异度及准确度等诊断效能指标数据统计，可见对比临床综合诊断（金标准），结核感染T细胞检测对于涂阴肺结核具备良好诊断效能。

结论：涂阴肺结核诊断，结核感染T细胞检测的开展，能够对患有肺结核患者患病情况做到有效检出，将有助于其病情及时得到确诊。

关键词 结核感染T细胞检测；涂阴肺结核；诊断；临床价值

低蛋白血症对HIV阳性肺结核患者T细胞亚群及临床特征的影响

杨光伟

云南省传染病医院

目的：分析低蛋白血症对HIV阳性肺结核患者的T细胞亚群、临床表现、影像学特征及治疗反应的影响。

方法：比较病例组32例HIV阳性肺结核合并低蛋白血症患者与对照组32例HIV阳性肺结核白蛋白正常患者的T淋巴细胞亚群、临床特征、影像学特点、抗结核治疗6个月病灶吸收程度和不良反应发生情况。

结果：病例组T淋巴细胞CD3⁺($Z=3.28, P<0.05$)、CD4⁺($Z=3.27, P<0.05$)T细胞计数明显低于对照组；病例组发热($\chi^2=11.13, P<0.05$)、咳嗽($\chi^2=4.95, P<0.05$)、疲劳气促($\chi^2=5.11, P<0.05$)、体重下降($\chi^2=5.08, P<0.05$)比率明显高于对照组；病例组胸部CT出现胸腔积液和(或)心包积液($\chi^2=9.04, P<0.05$)、多叶病变($\chi^2=4.27, P<0.05$)的比率明显高于对照组；抗结核治疗6个月病例组胸部CT病灶显著吸收($\chi^2=9.41, P<0.05$)比率明显低于对照组；治疗过程病例组发生消化道反应($\chi^2=9.97, P<0.05$)、药物性肝损伤($\chi^2=7.73, P<0.05$)及其他药物不良反应($\chi^2=25.00, P<0.05$)比率明显高于对照组。

结论：低蛋白血症可能导致HIV阳性肺结核患者的免疫力降低、临床症状加重,影响病灶吸收,导致抗结核治疗过程不良反应增多,不利于病情控制。

关键词 低蛋白血症；肺结核；T细胞亚群；临床特征

黏膜相关恒定T细胞在抗结核免疫应答中的研究进展

吕行^{1,2}、胥萍¹

1. 苏州市第五人民医院；2. 苏州大学苏州医学院

结核病(tuberculosis, TB)作为一种古老的传染病,至今仍是全球公共卫生的重大威胁。根据世界卫生组织(World Health Organization, WHO)《2024年全球结核病报告》,结核病在2023年重新成为单一传染源导致死亡的首要原因,死亡人数达125万,远超艾滋病的致死人数,凸显其流行病学负担的严峻性。尽管国际社会通过推广直接督导短程化疗策略在结核病防控中取得阶段性成果,但现有治疗手段的局限性、宿主免疫调控的复杂性以及疫苗研发的瓶颈,使得结核病根除目标仍遥不可及。因此,开发新型治疗方法,寻找全新免疫靶点,研究非传统T淋巴细胞是未来的重要方向。

黏膜相关恒定T细胞(mucosal-associated invariant T cells, MAIT细胞)是一群非传统的细胞亚群,是Porcelli等在1993年研究DN(CD4-CD8-)T细胞时发现的一群进化保守的T淋巴细胞,在人体内分布广泛,主要位于黏膜组织中,故被命名为黏膜相关恒定T细胞。这些细胞特征性地表达恒定的T细胞受体 α 链,在人类中为V α 7.2(由TRAV1-2-TRAJ33、TRAJ20或TRAJ12基因编码),在小鼠中为V α 19(由TRAV1-TRAJ33基因编码)。这种受限的基因表达情况使得细胞具有靶向保守抗原的能力。

MAIT细胞可以通过识别由主要组织相容性复合体相关蛋白1 (major histocompatibility complex class I-like protein, MR1) 呈递的微生物代谢产物 (主要为维生素B2合成中间体)。与传统的适应性T细胞不同, MAIT细胞无需经历克隆扩增即可在感染早期快速活化, 参与清除病原体并调控炎症微环境。在黏膜免疫屏障中, MAIT细胞呈现高密度分布特征, 提示其在肺部抗感染防御中发挥作用。基因集富集分析显示, 青春期 CD8-MAIT-SLC4A10细胞中TB相关信号显著下调, 结合WHO报告, 该阶段TB发病率和患病率最低, 表明MAIT细胞功能增强与TB抵御能力提升相关。

TB进程早期, 宿主固有免疫与适应性免疫的协同应答矛盾常导致结核分枝杆菌 (*Mycobacterium tuberculosis*, Mtb) 潜伏或播散, 而MAIT细胞凭借其快速活化特性填补了这一免疫应答时间窗。深入解析MAIT细胞的抗结核效应与调控网络, 不仅有助于重新探索“宿主-Mtb”互作模式, 也为开发基于固有免疫增强的如MAIT细胞过继疗法或MR1配体疫苗等新型治疗策略提供了理论依据。综上, MAIT细胞作为连接固有免疫与适应性免疫的“桥梁”, 其快速反应能力与多功能特性为抗结核免疫提供了独特优势, 本文旨在系统综述MAIT细胞在结核感染中的生物学作用、机制进展及转化潜力, 以期对TB的免疫干预提供新视角。

关键词 结核病; 黏膜相关恒定T细胞; 抗结核免疫应答; 细胞治疗; T淋巴细胞亚群

胸腔积液红细胞沉降率、转化生长因子- β 1 及白细胞介素-27对结核性胸膜炎预后的评估

王娟、陈华昕、欧勤芳、高亮、于志明、秦小雯、陈茜

无锡市第五人民医院

目的: 结核性胸膜炎发生的主要病理机制为结核分枝杆菌侵犯引起的机体免疫反应, 引起多种细胞因子分泌, 细胞因子刺激胸膜血管新生、上皮间质转化而引起病情进展, 导致胸膜肥厚、胸腔黏连等。为了进一步评估结核性胸膜炎患者的临床预后情况, 从而为患者临床治疗提供依据, 本研究探讨分析胸腔积液红细胞沉降率 (erythrocyte sedimentation rate, ESR)、转化生长因子- β 1 (transforming growth factor- β 1, TGF- β 1)、白细胞介素-27 (interleukin-27, IL-27) 对结核性胸膜炎预后的评估价值。

方法: 选择2021年3月至2023年3月江南大学附属无锡五院收治的184例结核性胸膜炎患者, 根据患者治疗预后情况将患者分为预后良好组 ($n=146$) 和预后不良组 ($n=38$)。采用病例对照研究, 收集并记录2组患者临床资料, 包括性别、年龄、出现症状至就诊时间、就诊时胸腔积液细胞数和胸腔积液蛋白总量以及合并高血压、糖尿病、冠心病情况。于患者治疗结束后进行预后判定, 使用彩色多普勒超声观察患者胸膜肥厚以及胸腔积液吸收情况。测量患者治疗后胸腔内胸腔积液最深处, 胸腔积液厚度 > 5 mm 为胸腔积液吸收欠佳; 并测量患者胸腔内胸膜最厚处, 胸膜厚度 > 3 mm 为胸膜肥厚。根据患者彩色多普勒超声检查结果, 将胸膜肥厚或 (和) 胸腔积液吸收欠佳患者作为预后不良组, 其余患者作为预后良好组。比较2组患者胸腔积液 ESR、TGF- β 1、IL-27 水平, 对可能影响患者临床预后的各因素进行单因素及多因素 Logistic 回归分析, 采用受试者工作特征曲线 (receiver operating characteristic, ROC) 曲线分析患者胸腔积液 ESR、TGF- β 1、IL-27 水平对不良预后预测价值。

结果: 2组患者在性别、糖尿病、高血压以及冠心病方面比较, 差异均无统计学意义 (P 均 > 0.05), 而2组患者在年龄、就诊时间、胸腔积液细胞数、胸腔积液蛋白总量方面比较, 差异均具有统计学意义 (P 均 < 0.05)。预后不良组患者胸腔积液 ESR、TGF- β 1、IL-27水平均显著高于预后良好组 (P

均 <0.05)。多因素 Logistic 回归分析结果显示,胸腔积液ESR、TGF- β 1、IL-27以及胸腔积液细胞数、胸腔积液蛋白总量进入回归模型($P<0.05$)。采用ROC曲线分析患者胸腔积液ESR、TGF- β 1、IL-27水平对不良预后的预测价值,曲线下面积分别为0.787、0.852、0.892($P<0.05$)。

结论:结核性胸膜炎患者胸腔积液ESR、TGF- β 1、IL-27可在一定程度上预测患者预后,从而为患者病情评估以及治疗效果的评估提供一定的参考价值,值得临床进一步深入研究分析。

关键词 胸腔积液; ESR; TGF- β 1; IL-27; 结核性胸膜炎; 预后

基于CRISPR系统的舌拭子样本检测技术在肺结核诊断中的应用

程亮、赵新国

无锡市第五人民医院

目的:评估CRISPR/Cas12a二步法检测舌拭子样本在肺结核诊断中的应用价值。

方法:收集无锡市第五人民医院2024年10月至2025年3月住院患者样本共136例,其中结核组82例,非结核组54例。收集研究对象的痰液、肺泡灌洗液、舌拭子、血液样本,相应进行分枝杆菌培养、GeneXpert检测、T-SPOT.TB检测、CRISPR/Cas12a二步法检测、基因芯片检测和抗酸杆菌荧光染色涂片镜检,并以临床综合诊断结果进行对比分析。

结果:CRISPR检测灵敏度达84.0%,显著高于痰涂片(24.4%, $P<0.001$)和T-SPOT.TB(78.1%, $P<0.001$);特异度为96.3%,优于T-SPOT.TB(77.8%, $P<0.05$)。以临床综合诊断结果作为参照标准,舌拭子CRISPR诊断肺结核的特异度(96.3%)虽低于痰液GeneXpert(100.0%)和痰液结核菌培养(100.0%),但差异无统计学意义($\chi^2=4.05$, $P>0.05$);而其灵敏度(84.0%)高于痰液GeneXpert(58.5%)和痰液结核菌培养(24.4%),差异有统计学意义($\chi^2=52.845$, $P<0.001$),ROC曲线分析表明CRISPR的AUC(0.901)高于GeneXpert(0.790)和培养法(0.623)。CRISPR技术仅需2小时检测时间,与GeneXpert相当,远短于培养法的42天,且单次检测成本远低于GeneXpert。

结论:CRISPR检测舌拭子样本对于肺结核有较好的诊断效能,可以为资源有限地区及特殊人群的结核筛查提供了创新解决方案,有望成为结核病诊断体系的重要补充。

关键词 CRISPR/Cas12a; 舌拭子; 肺结核

环介导等温扩增技术联合CRISPR在结核病诊断中的应用与价值

裴豪¹、周希科¹、彭燕¹、陆俊杰²、张莹莹¹、王芳²、邱龙²

1. 无锡市第五人民医院; 2. 无锡吐露港生物医药科技有限公司

目的:本研究旨在评估 LAMP-CRISPR/Cas12b 技术在痰液中结核分枝杆菌(MTB)诊断中的应用价值。

方法：前瞻性纳入518例疑似结核病患者（结核组323例：病原学确诊208例，临床诊断115例；非结核组195例），同期进行LAMP-CRISPR/Cas12b、GeneXpert(Xpert)、TB-DNA、痰培养和痰涂片检测，并对80例样本进行二代测序（NGS）验证。

结果：在结核患者中，LAMP-CRISPR/Cas12b的总体敏感度为70.6%（228/323），高于Xpert（60.7%）、TB-DNA（45.2%）、痰培养（44.6%）和痰涂片（28.5%）（均 $P<0.01$ ），综合准确度达81.7%。所有分子检测方法的特异性均为100.0%（195/195），显著优于痰涂片（96.4%， $P<0.001$ ）。在208例病原学阳性结核患者中，CRISPR与Xpert敏感度相近（94.7% vs 94.2%， $P=0.83$ ），但均显著优于其他检测方法（ $P<0.001$ ）；在115例病原学阴性的临床诊断结核患者中，仅CRISPR检测出阳性病例（31例，27.0%），其余检测方法均为阴性。NGS验证结果显示，对80例痰液样本进行了NGS检测，阳性率达到93.8%（75/80），其中在46例病原学阳性的样本NGS结果均为阳性（46/46），病原学阴性患者34例，NGS阳性率为85.3%（29/34）。此外，CRISPR在所有检测方法中单独检出的阳性病例数最多（228例），并在多种方法联合使用中表现出良好的互补作用，具有一定的补充诊断价值。检测时长方面，CRISPR优于其他分子生物学检测方法和培养。

结论：LAMP-CRISPR/Cas12b技术在结核病诊断中表现出高灵敏度和特异性，尤其在菌阴性和低菌量样本中具有明显优势。其操作简便、检测快速、成本较低，适合在基层医疗机构推广应用，为结核病的早期诊断和精准治疗提供了有力工具。

关键词 结核；分枝杆菌；痰；CRISPR；诊断

Single-cell analysis of peripheral blood and pleural effusion reveals functional diversity of $\gamma\delta$ T cells in tuberculosis infection

冯彦军,牛亚燕,张婉莹,唐佩军
苏州市第五人民医院

Tuberculosis is a contagious airborne disease caused by the *Mycobacterium tuberculosis* infection. $\gamma\delta$ T cells are closely associated with TB infection, but the role of $\gamma\delta$ T cells in the immune response to TB infection is unclear, as is the differentiation and mechanism of $\gamma\delta$ T cell subsets in TB patients. We analysed the characteristics of $\gamma\delta$ T subsets in peripheral blood and pleural effusions of TB patients by single-cell sequencing to explore the distribution and characteristics of different $\gamma\delta$ T subpopulations. Through in-depth analysis, we found a group of V δ 2 cells with strong effector function and high expression of FCGR3A. Therefore, exploring the mechanism of interaction between V δ 2 cells and Mtb and understanding the host immune regulation in the process of Mtb infection can not only deepen the understanding of the immune mechanism of TB today and provide new theoretical ideas, but also provide a new therapeutic target for TB and a new strategy for treatment and prevention.

Key Words tuberculosis infection, $\gamma\delta$ T cells, Single-cell analysis

肺结核潜伏感染者预防性治疗知信行的质性研究

陶媛媛、荀磊、钱惠军、黄颖慧、吴荣珍
苏州市第五人民医院

目的：了解肺结核潜伏感染者预防治疗的知识、态度和行为，为后续制定预防性治疗知信行量表，对预防性治疗知信行的现状进行调查，并对其影响因素进行分析，对潜伏感染者制定提高预防治疗依从性的干预措施提供科学依据。

方法：采用目的抽样法，并利用质性研究中的现象学研究方法，对12名潜伏感染者进行半结构式访谈，运用 Nvivo软件对访谈资料分类汇总，先开放式编码提取初始概念，再进行主轴编码建立概念间联系，最后选择性编码提炼核心主题。

结果：从肺结核密切接触者中潜伏感染者预防性治疗的知识、态度、行为3个维度，凝练出知识情境（对结核病核心信息和预防治疗认识较少，获取知识的途径相对单一，认知相对薄弱）；态度态势（态度较为积极）；行为条件（行为水平有待提升）。

结论：应提高肺结核密切接触者中潜伏感染者预防性治疗的知信行的水平，通过开展多种形式的健康宣传，提高公众对结核病和预防性治疗的认知，提高潜伏感染者预防性治疗的依从性，以促进预防性治疗的完成率。

关键词 肺结核潜伏感染者；知信行；质性研究

评估宿主反应试剂盒（Xpert MTB-HR）三基因TB评分在结核病诊疗中的检测性能。

赵苗苗¹、胥萍^{1,2}、周妍阳¹、陈婷婷²、陈慧²

1. 苏州大学附属传染病医院；2. 苏州市第五人民医院

目的：研发快速、准确、基于非痰液的结核病分诊检测技术是当前结核病防控的优先需求。本研究评估宿主反应试剂盒（Xpert MTB-HR）三基因TB评分在结核病诊疗中的检测性能。

方法：选取2023年5月至2024年5月期间就诊于苏州大学附属传染病医院确诊为活动性结核病患者786例，其中包括740例活动性肺结核（ATB）患者和46例肺外结核（EPTB）患者；确诊为其他肺部疾病（OPD）患者278例、结核潜伏性感染者（LTBI）48例以及同期健康体检者（HC）作122例为研究对象。使用Xpert MTB-HR试剂盒检测受试者血常规检测后的剩余样本，获取检测对象的三基因TB评分值。通过受试者工作特征曲线（ROC）及曲线下面积（AUC）评估三基因TB评分的检测性能。

结果：ATB组与HC组、LTBI组和OPD组的三基因TB评分AUC分别为0.844、0.805和0.633；EPTB组与HC组的AUC为0.822。患者年龄、性别、结核既往史等基线资料对三基因TB评分的检测性能无显著影响（ $P>0.05$ ）。细菌载量是影响三基因TB评分检测性能的重要因素，病原学阳性（结核培养或Xpert MTB-RIF检测阳性）ATB组与HC组、LTBI组和OPD组的三基因TB评分AUC分别为0.931（敏感度为87.0%，特异度为92.6%）、0.916（敏感度为82.9%，特异度为93.7%）和0.768（敏感度为77.7%，特异度

为69.4%)。以ATB患者治疗时长为分组依据,三基因TB评分数值随治疗时间的延长也呈现逐渐升高趋势,治疗时长>6个月的患者三基因TB评分数值渐趋cutoff值。此外,ATB组三基因TB评分数值与患者C反应蛋白(CRP)呈负相关($P<0.001$)。

结论:三基因TB评分检测可作为ATB早期快速血液筛查指标,在结核菌高载量患者中有更高的诊断性能,且随治疗时间逐渐延长,三基因TB评分数值也越趋cutoff值,提示其可能具有监测ATB患者治疗疗效和预后的潜力。ATB患者的三基因TB评分数值与CRP呈负相关。

关键词 结核病;诊断;宿主反应;三基因TB评分;赛沛

Analysis and discussion of the clinical characteristics of subclinical pulmonary tuberculosis

Cheng Chen

The Affiliated Jiangning Hospital of Nanjing Medical University

Objective: To analyze and explore the laboratory and imaging features of subclinical PTB.

Methods: A total of 265 PTB patients with positive pathogen detection admitted to our tuberculosis clinic from January 2020 to December 2022 were included. The enrolled patients were retrospectively collected for laboratory and imaging data. The clinical features of subclinical PTB classified by two definitions were compared with those of active PTB patients.

Results: Under different definitions, the proportion of smear-positive patients in the subclinical PTB group was lower than active PTB group, while the proportions of molecular biology-positive and culture-positive patients were slightly higher than active PTB group. When based on definition 1, the mean LYM value in the subclinical PTB group was slightly higher than active PTB group, and the mean CRP and ESR values were lower. Regardless of definition 1 or definition 2, the percentage of patients with exudates, bronchial involvement, and lung atelectasis on HRCT was less in the subclinical PTB group than active PTB group. Conclusion It is necessary to strengthen screening for high-risk and key populations in order to detect subclinical PTB early and reduce misdiagnosis and delays in treatment.

Key Words Subclinical pulmonary tuberculosis; High-resolution CT

临床护理路径在结核性胸膜炎患者护理中应用效果观察

邵洁、缪雯娜

无锡市第五人民医院

目的:探究临床护理路径在结核性胸膜炎患者中的应用效果。

方法:选取2019年至2022年收治的结核性胸膜炎患者100例,随机分为两组,各50例。对照组给予常规护理,观察组在此基础上实施临床护理路径,比较两组临床疗效、心理状态、住院时间与住院费用。

结果：观察组干预后临床疗效高于对照组（ $P<0.05$ ）；观察组干预后心理状态优于对照组（ $P<0.05$ ）；观察组干预后住院时间短于对照组，住院费用少于对照组（ $P<0.05$ ）。

结论：将临床护理路径应用于结核性胸膜炎患者的护理工作中，可促进其临床疗效的提高，改善患者的心理状态，同时还能够促使其早日住院。

关键词 临床护理路径；结核性胸膜炎；临床疗效；心理状态

纳米银负载海洋贻贝足部分泌的粘液分子 修饰介孔氧化硅材料的协同抗分枝杆菌作用研究

宋翌琰、郁大伟、徐俊驰、胥萍
苏州市第五人民医院

目的：在环境污染的日益严重、医疗美容操作不规范、免疫抑制人群增多等多因素加持下，分枝杆菌感染的发病率增高，成为威胁人类健康的重要公共卫生问题。基于多巴胺自聚合作用在介孔氧化硅表面形成薄膜，利用其还原性在孔道内原位生成纳米银，再通过氢键作用结合多聚赖氨酸，构建纳米银负载聚多巴胺-多聚赖氨酸修饰介孔氧化硅体系用于杀灭耐药分枝杆菌，为难治性皮肤分枝杆菌感染创面敷料开发提供新思路。

方法：本研究以介孔氧化硅为载体，聚多巴胺和多聚赖氨酸对其表面进行功能化修饰，再利用聚多巴胺的酚羟基原位还原银离子，构建银纳米粒子负载聚多巴胺-多聚赖氨酸修饰介孔氧化硅(Ag NP@SBA-15/PDA-EPL)复合材料。采用扫描电镜(SEM)、透射电镜(TEM)和傅立叶变换红外光谱(FT-IR)等一系列理化技术进行材料表征。采用阿尔玛蓝指示剂法进行最小抑菌浓度(MIC)检测，研究Ag NP@SBA-15/PDA-EPL对结核分枝杆菌标准菌株H37Rv、临床分离获得的耐多药结核菌(MDR-TB)和耐药脓肿分枝杆菌的抑菌活性。

结果：SEM和TEM结果显示：合成的介孔氧化硅材料具有规整的介孔孔道结构，复合材料表面存在一层聚合物薄膜，且在孔道内外形成了球形纳米银，表明聚多巴胺在介孔氧化硅表面原位还原银离子生成了纳米银。X射线电子衍射(XRD)结果显示：Ag@SBA-15/PDA和Ag@SBA-15/PDA-EPL表面均有立方晶型金属银的形成，Ag@SBA-15/PDA-EPL的晶型更加明显，且有AgCl颗粒生成。FT-IR结果发现：Ag@SBA-15/PDA-EPL的两个位于1645和1550 cm^{-1} 对应为PDA和EPL的氨基，源于N-H、C=O和C-N带的弹性振动。拉曼光谱(Raman)结果显示：Ag@SBA-15/PDA和Ag@SBA-15/PDA-EPL均存在两个位于1406和1580 cm^{-1} 的峰，是芳香环的拉伸和变形峰，证实了PDA层的存在。阿尔玛蓝指示剂法MIC检测结果显示：Ag@SBA-15/PDA、EPL和Ag@SBA-15/PDA-EPL对H37Rv的MIC值分别为128、>512和128 $\mu\text{g/mL}$ ，对MDR-TB分别为128、>512和32 $\mu\text{g/mL}$ ，对脓肿分枝杆菌分别为128、>512和32 $\mu\text{g/mL}$ 。基于分级抑菌浓度指数(FICI)计算，Ag@SBA-15/PDA-EPL中Ag@SBA-15/PDA和EPL成分对MDR-TB和脓肿分枝杆菌表现出协同抗菌作用。

结论：Ag@SBA-15/PDA-EPL具有较好抗分枝杆菌效果，有望用于难治性皮肤分枝杆菌感染的外用敷料。本研究将为治疗皮肤分枝杆菌病提供一个较有前景的纳米平台。

关键词 耐药，分枝杆菌，聚多巴胺-多聚赖氨酸，纳米银，协同抗菌

强化饮食结构干预方案对巩固治疗期肺结核患者营养状态影响

冯燕飞

无锡市第五人民医院

目的：探讨分析强化饮食结构干预方案对巩固治疗期肺结核患者营养状态的影响。

方法：在无锡市第五人民医院2021年4月–2023年3月间收治的巩固治疗期肺结核患者中抽取64例作为研究对象，采用抛硬币法等比随机分为两组，每组32例，对照组接受常规护理干预，研究组在常规护理干预基础上实施强化饮食结构干预方案，比较两组干预前后健康行为评分与营养指标水平。

结果：干预前，两组肺结核患者HB、PA、ALB营养指标水平及SRHMS评分组间比较均无统计学意义， $P>0.05$ ；干预2周后，研究组HB、PA及ALB营养指标水平均高于对照组， $P<0.05$ ；社会、心理及生理健康方面SRHMS评分均高于对照组， $P<0.05$ 。

结论：强化饮食结构干预方案可有效提升巩固治疗期肺结核患者健康行为理念，改善营养状态，具有临床推广价值。

关键词 强化饮食结构干预；巩固治疗期；肺结核；营养状态

健康教育联合优质护理在结核性胸膜炎患者中的应用效果观察分析

陈静、殷晓红

无锡市第五人民医院

目的：本研究旨在评估健康教育联合优质护理对结核性胸膜炎患者症状缓解的影响效果。

方法：研究对象为2023年6月至2024年2月期间60例结核性胸膜炎患者，随机分为对照组（30人）和实验组（30人）。对照组接受常规化护理，包括基本监护、药物管理、生活护理、症状管理及简单健康教育。实验组则实施健康教育联合优质护理，涵盖个性化健康教育、心理支持、高级药物管理、全面生活管理及家庭护理参与。比较两组患者的症状缓解时间。

结果：实验组患者的平均症状缓解时间为9.8天（最短4天，最长16天），而对照组为14.2天（最短7天，最长21天）。观察到实验组相对更快的症状缓解趋势，表明其治疗手段可能具有优势。

结论：健康教育联合优质护理在结核性胸膜炎患者中展现出显著的症状缓解效果，包括较短的治疗时间和更快的病情改善。这些发现提示，通过深入的健康教育和全面的护理干预，可以提升患者的康复速度和整体健康水平。进一步的大样本研究和临床实验将有助于验证这些初步结果，并进一步优化结核性胸膜炎的治疗策略。

关键词 健康教育；优质护理；结核性胸膜炎；应用效果

医护一体化护理方式联合患者自我效能训练 对复治肺结核患者焦虑抑郁及生存质量的影响

杨梦倩

无锡市第五人民医院

目的：探讨分析医护一体化护理方式联合患者自我效能训练对复治肺结核患者焦虑抑郁及生存质量的影响。

方法：在我院2018年10月-2020年10月间收治的复治肺结核患者中抽取96例作为研究对象，按照双色球放随机分为两组，48例蓝色球患者纳入对照组，在常规护理基础上进行医护一体化护理干预，40例红色球患者纳入研究组，加用自我效能训练，比较两组患者干预前后焦虑、抑郁及生存质量。

结果：干预后，两组患者SAS、SDS评分均降低，且研究组低于对照组，各维度WHOQOL-BREF评分均升高，且研究组高于对照组， $P<0.05$ 。

结论：相比于单纯应用医护一体化护理，联合应用自我效能训练对患者焦虑抑郁及生存质量的改善更为明显，具有临床推广价值。

近些年来，肺结核患者数量仍呈逐渐上升趋势，我国第五次结核病流行病学抽样调查显示，当前年发病人数达130万，占全球发病人数的14.3%，属于我国重大传染病之一[1]。肺结核具有病程长、治疗方案复杂等特点，加之患者保健意识较弱、不健康等行为降低治疗依从性，使疾病的治疗与转归受到较大影响，导致初次治疗失败，增加复治率[2]。因此，对于复治肺结核患者来说，不但要选取敏感的药物，还需接受长期、规范的治疗。医护一体化护理是临床常用的医师、护士协作护理方法，可有效的提高患者依从性，然而临床研究发现，受治疗周期长、具有传染性等肺结核疾病特点影响，患者常存在较大心理负担，易产生焦虑、抑郁等负面情绪，严重影响疾病的治疗[3]。自我效能这一概念是由心理学家Alben Banduea最早提出的，是指某一个体对自己执行特定行为并达到预期效果的能力的自信心，可有效调控人类的认知行为[4]。近年来，自我效能理论在临床慢性病的治疗方面应用较为广泛，取得了较好的效果，可有效改善患者不良心理状态，提高患者生存质量[5]。鉴于此，本次研究选取我院2018年10月-2020年10月间收治的96例复治肺结核患者作为研究对象，探讨分析医护一体化护理方式联合患者自我效能训练对复治肺结核患者焦虑抑郁及生存质量的影响。

关键词 医护一体化护理；自我效能训练；复治肺结核；焦虑抑郁；生存质量

回馈式健康教育在老年肺结核患者呼吸功能训练中的应用效果

雍丹丹、吴艳丽、吴佳佳、杭晶、张文娟、朱芷谊

扬州市第三人民医院

目的：由于老年肺结核患者特殊性，其临床治疗难度大且治疗有效率较低，易引起肺功能不同程度

受损,进一步影响了患者后期的生存质量,因此,在积极治疗肺结核,控制病情发展的同时,对老年肺结核患者实施呼吸功能训练有着重要意义。本研究探讨回馈式健康教育模式在老年肺结核患者呼吸功能训练中的应用效果。

方法: 选择2024年6月—2024年11月于扬州市第三人民医院住院治疗的80例老年肺结核患者作为研究对象,采用随机数字表法将患者分为对照组40例和观察组40例。纳入标准:①符合《肺结核诊断标准(W5288-2017)》中的关于肺结核的诊断标准;②经胸部影像学检查、实验室检查等确诊;③年龄 ≥ 60 岁, ≤ 80 岁;④意识清楚有交流能力;⑤均知情同意自愿参加此研究。排除标准:①生活不能自理的患者;②合并重要脏器功能障碍者;③合并活动性咯血等出血情况者;④有精神疾病或有语言交流障碍者。对照组患者采用常规健康教育模式,观察组患者在对照组基础上结合回馈式健康教育模式:(1)成立病区呼吸功能训练回馈教学小组;(2)实施步骤:①训练引导②反馈教学③澄清纠正④持续督导⑤家庭跟踪。两组患者均持续干预3个月后比较以下指标:(1)呼吸功能训练准确性评价,采用我院制定《呼吸功能训练考核评分表》,包括有效咳嗽训练、主动循环呼吸技术、呼吸训练器的使用、呼吸体操4个项目的动作质量标准;(2)呼吸功能训练依从性评价,参照杨琳、韩革燕等文献制定问卷,包括每周训练日数、每天训练次数、每次训练时长、每次训练完成项目数4个问题;(3)生活质量评价,采用圣乔治呼吸问卷进行评估,包括症状、活动能力以及疾病对生活的影响3个维度;(4)肺功能检查:于干预前后测定用力肺活量(FVC)、第1秒末用力呼气容积(FEV1)、FEV1/FVC。

结果:干预后,观察组呼吸功能训练准确性、依从性指标均优于对照组($P<0.05$);生活质量指标—圣乔治呼吸问卷各部分分值及总分值均显著低于对照组($P<0.05$);观察组用力肺活量(FVC)、第1秒末用力呼气容积(FEV1)、FEV1/FVC显著高于对照组($P<0.05$)。

结论: 回馈健康教育模式应用在老年肺结核患者呼吸功能训练呼吸功能训练中,能够提高老年肺结核患者对呼吸功能训练方法的掌握程度,并能提高训练依从性,从而改善肺功能,值得临床推广应用。

关键词 老年肺结核;回馈式健康教育;呼吸功能训练

强化血糖控制治疗肺结核合并糖尿病患者的效果及可行性分析

王海丽

宿迁市传染病医院

目的:探究肺结核合并糖尿病患者在强化血糖控制治疗下的效果。

方法:选择肺结核合并糖尿病患者进行本次研究,病例数68例,筛选时间2022年12月至2023年12月。奇偶数法将患者分组,组别对照组(34例)、研究组(34例)。对照组常规治疗。研究组强化血糖控制治疗。比较治疗总有效率、不良反应。对比血糖指标及胰岛功能。对比结核病灶空洞闭合及吸收程度、痰菌转阴率。比较两组血糖变异性指标。

结果:治疗总有效率两组间更高的一组是研究组($P<0.05$)。不良反应组间进行发生率对比,差异未见显著性($P>0.05$)。研究组与对照组进行血糖指标、胰岛功能的对比。研究组治疗后空腹血糖比对照组低,餐后2小时血糖低于对照组,糖化血红蛋白低于对照组($P<0.05$)。胰岛素分泌指数高于对照组($P<0.05$)。胰岛素抵抗指数低于对照组($P<0.05$)。研究组比对照组结核病灶空洞闭合好、吸

收程度好，研究组痰菌转阴率高于对照组（ $P<0.05$ ）。研究组空腹血糖变异系数低于对照组。全天血糖标准差更小的一组是研究组。研究组血糖最大波动幅度小于对照组。组间差异显著（ $P<0.05$ ）。

结论：肺结核合并糖尿病患者接受强化血糖控制治疗效果显著，不良反应少，具有可行性。

关键词 肺结核；糖尿病；强化血糖控制；血糖水平；胰岛功能

骨痹汤辅助治疗脊柱结核手术患者阴虚火旺证的效果 及对炎症因子、免疫功能的影响

芮敏劼、嵇辉、杨增敏、黄振超、王慎、胡恩强

南京市中西医结合医院

目的：研究骨痹汤对阴虚火旺型脊柱结核术后患者辅助治疗的临床疗效。

方法：本研究纳入60例确诊为阴虚火旺型脊柱结核并接受手术治疗的患者，其中30例作为观察组，另外30例作为对照组。研究期间，对两组患者在治疗前（T0）、术后1周（T1）、术后1月（T2）、术后2月（T3）以及术后3月（T4）的疼痛程度和功能障碍评分进行了记录和比较。此外，还评估了患者的炎症因子水平、免疫功能指标以及中医证候积分，以评价治疗效果。同时，对两组患者在治疗期间出现的不良反应进行了观察和记录。

结果：随着时间的推移，两组的VAS评分和ODI评分均呈现下降趋势，自T2时间点起，观察组的视觉VAS值显著低于对照组（ $P<0.05$ ），自T3时间点起，观察组的ODI评分显著低于对照组（ $P<0.05$ ）；两组的ESR和CRP水平均随时间推移呈现递减趋势，在T2时间点，观察组的ESR指标低于对照组，T3、T4时，观察组的CRP指标亦低于对照组（ $P<0.05$ ）；在T4时间点，观察组的IFN- γ 、TNF- α 、IL-6含量相较于T0时显著降低（ $P<0.05$ ），且低于对照组（ $P<0.05$ ）；在T1时间点，两组中医证候积分均较基线有所升高，随后呈现下降趋势，在T2、T3时间点，观察组积分显著低于对照组；疗程终结时，观察组的有效性达到93.33%，显著高于对照组的86.67%，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）；在安全性评价方面，两组均未出现严重不良事件，观察组不良事件发生率亦低于对照组。

结论：骨痹汤作为手术及抗结核药物治疗脊柱结核的辅助疗法，能够显著改善患者的临床症状，降低炎症反应，并增强患者的免疫能力。

关键词 脊柱结核；阴虚火旺证；骨痹汤；炎症因子；免疫功能

连云港市海州区结核潜伏感染流行病学特征 及防控效果分析

伏雪君

连云港市第四人民医院

目的：分析连云港市海州区结核潜伏感染（LTBI）流行病学特征及防控效果，为优化区域结核病防控策略提供科学依据。

方法：收集2023年海州区学校结核病疫情报告、密切接触者筛查及预防性治疗数据，采用描述性流行病学方法，从人群分布（年龄、性别）、病例发现途径、密切接触者筛查结果及预防性治疗依从性等维度展开分析。依据《中国结核病防控指南（2020版）》判定LTBI及预防性治疗指征，其中年龄分层涵盖学龄前、小学、中学，发现途径分为因症就诊与健康检查，筛查方法结合结核菌素皮肤试验（TST）与 γ -干扰素释放试验（IGRA），并通过随访档案评估治疗依从性。

结果：一、疫情概况与人群特征

2023年海州区学生结核病报告发病率较2022年下降13.33%，全年处置结核病预警信息27条，报告学校疫情26起（含幼儿园2起），均规范处置。26例病例中，男性占57.69%（15例）、女性占42.31%（11例），88.46%集中于6-18岁学龄期（中学生占53.85%、小学生占30.77%）。病例发现以因症就诊（53.85%）和健康检查（46.15%）为主，前者平均延迟就诊10天，部分因症状忽视延误；后者中胸部X光检查对隐匿性病例检出至关重要。

二、密切接触者筛查与预防性治疗

累计筛查密切接触者3342人，检出需预防性服药的LTBI者69人，服药率达92.75%（64/69），显著高于江苏省平均水平（47.3%）。筛查采用“TST初筛+IGRA确诊”模式，TST假阳性率约15%，IGRA特异性超90%。服药者中，8.5%出现胃肠道不良反应，通过“一人一档”随访管理确保治疗规范；未服药者5人（3人因担心药物副作用、2人因学业压力），提示需强化用药安全宣教与社会支持。

三、防控成效与经验

防控成效源于多维度措施：①监测预警强化：校园晨检、因病缺课追踪机制24小时响应；②疫情处置规范化：严格执行“报告-筛查-治疗”流程，幼儿园等重点场所实施“环境消毒+家长教育+幼儿监测”综合干预，处置率100%；③治疗依从性提升：医防融合模式下，健康宣教（专题讲座、线上科普）、心理支持（一对一疏导）及每周随访使服药意愿显著提高，干预组依从性较常规组提升45%。

结论：海州区通过强化学校监测、规范密接管理及高依从性预防性治疗，有效降低学生结核病发病风险，LTBI防控成效显著。但仍需应对三大挑战：①LTBI人群焦虑发生率约32%，推广“心理干预门诊”整合精神医学资源；②健康检查发现病例占比46.15%，需在升学、入学等节点扩大主动筛查范围；③参照《“健康江苏2030”规划纲要》，构建“医疗-预防-心理”多学科协作长效机制，利用大数据实现精准管理。未来深化医防融合，加强高危人群筛查与心理干预，推动防控常态化、精准化，为区域结核病防控提供实践范本。

关键词 结核潜伏感染；流行病学；学校防控；预防性治疗；医防融合

肺结核合并糖尿病患者营养不良风险 预测模型的构建与验证

刘玲、王进、刘晓玲、刘艳、郭晶、林霏申
南京市第二医院

目的：近年来，相关研究报道肺结核合并糖尿病患者的发病率为19.3%~24.1%，呈上升趋势。肺结核合并糖尿病是一种慢性消耗性疾病，常导致患者处于营养不良状态，会损害机体的修复功能和免疫功能，严重影响患者的预后，增加疾病复发的风险。既往研究发现有20.71%~40.7%的肺结核合并糖尿病患者存在营养不良，已成为结核病防治需要重点监测和管理的人群。因此，探讨肺结核合并糖尿病患者营

营养不良的危险因素，对于改善患者预后及生活质量具有重要意义。而目前我国尚缺乏针对肺结核合并糖尿病患者营养不良风险筛查的研究，缺乏特异的营养筛查工具。本研究通过分析肺结核合并糖尿病患者营养不良的影响因素，建立相关危险因子的预测模型，为肺结核合并糖尿病患者营养不良的早期筛查和防治奠定基础。

方法：选取2021年10月至2023年2月入住南京市第二医院(南京市公共卫生医疗中心)结核科诊断为肺结核合并糖尿病的住院患者231例作为建模组，根据营养风险筛查2002评分(Nutritional Risk Score 2002, NRS2002)结果将其分为有营养风险组(n=69)和无营养风险组(n=162)。采用Logistic回归分析资料构建模型，使用受试者操作特征(receiver operating characteristic, ROC)曲线下面积和Hosmer-Lemeshow拟合优度检验评价模型的预测效能和校准度。选取2023年3月-9月住院的99例患者对预测模型进行验证。

结果：330例肺结核合并糖尿病患者营养不良风险发生率为33.94%。营养不良的独立影响因素有：年龄(OR=3.796)、BMI(OR=5.711)、病程(OR=5.951)、并发症(OR=8.079)、血清白蛋白(OR=9.145)。预测模型的Hosmer-Lemeshow检验结果显示 $P=0.389$ ，ROC曲线下面积为0.897，约登指数为0.584，最佳临界值为0.615，灵敏度为0.635，特异度为0.949。模型验证

结果：灵敏度66.67%、特异度94.64%、预测正确率为82.83%。

结论：本研究发现年龄、BMI、病程、有无并发症、血清白蛋白是肺结核合并糖尿病患者营养不良的独立影响因素。本研究建立了肺结核合并糖尿病患者营养不良风险预测模型，此模型具有良好的预测价值及临床适用性，患者入院初期完成营养风险筛查，为临床早期识别营养风险并给予针对性的营养干预提供参考。本研究由于研究对象仅来自一家医院且均为入院早期，不能反映治疗后的变化，可能导致结果发生偏移。未来我们将考虑采用大样本、多中心的随机对照研究来验证结论。

关键词 肺结核；糖尿病；营养不良；预测模型

强化健康教育结合心理干预在肺结核患者药物治疗期间的应用价值

姚欣彤、秦香、邵洁
无锡市第五人民医院

目的：探讨肺结核患者在接受药物治疗期间，给予强化健康教育结合心理干预的应用价值。

方法：选择我院在2021年3月~2023年3月期间，收治的90例肺结核患者为研究对象，并将其随机分为两组，每组各45例。给予对照组患者常规护理结合心理干预，给予观察组患者强化健康教育结合心理干预，护理周期均为7天。比较两组患者干预前和出院时的心理状况和心理弹性，干预前和出院1个月后的疾病相关知识的掌握程度，出院1个月时的治疗依从性，以及在出院6个月后的临床疗效。

结果：干预前，两组患者心理状况各维度的评分、心理弹性各维度的评分以及疾病相关知识的掌握程度的评分差异无统计学意义($P>0.05$)。出院时，两组患者的心理状况各维度的评分显著降低，心理弹性各维度的评分显著升高($P<0.05$)，且观察组的心理状况评分低于对照组，心理弹性评分高于对照组($P<0.05$)；出院1个月后，两组患者的疾病相关知识各方面的评分显著升高($P<0.05$)，且观察组的疾病相关知识的掌握程度的评分和治疗依从性高于对照组($P<0.05$)。出院6个月时，观察组患者的临床疗效评分高于对照组($P<0.05$)。

结论：肺结核患者药物治疗期间接受强化健康教育结合心理干预，能够更好的增强其心理弹性、缓

解不良情绪、提高对疾病相关知识的掌握程度，进而提高治疗依从性而改善临床疗效。

关键词 肺结核；中老年患者；健康教育；心理干预；药物治疗

程序化护理对肺结核患者护理中的应用

吴慧敏

无锡市第五人民医院

目的：程序化护理对肺结核患者护理中的应用。

方法：对收入的肺结核患者予以护理研究，对照组接受常规护理，观察组接受程序化护理，对比患者护理结果。

结果：较对照组，观察组的临床综合护理依从率、满意率更高；护理后观察组的HAMA、HAMD、PSQI、GCQ、SF-36指标显著改善结果更好。

结论：程序化护理措施可以提升肺结核患者的临床护理效果，患者护理后的身心指标显著改善，生活质量显著提升，可推广。

关键词 程序化护理；肺结核患者；护理效果

徐州地区HIV/AIDS患者中结核分枝杆菌 和非结核分枝杆菌感染检出效能分析

刘成永、宋丽、张启全、任波

首都医科大学附属北京地坛医院徐州医院

目的：结核分枝杆菌（MTB）感染是艾滋病患者最常见的机会性感染，HIV感染者发生结核病的风险是普通人群的20-37倍，也是其死亡的主要原因之一。艾滋病患者中非结核分枝杆菌（NTM）感染率相较于结核分枝杆菌流行率较低，但其诊断更为困难，且临床表现和治疗难度更高。这与HIV感染导致CD4⁺T细胞功能严重受损，削弱机体对分枝杆菌的免疫防御有关。MTB感染可加速HIV病毒复制，形成恶性循环；而NTM作为环境中的机会致病菌，更易在免疫崩溃阶段引发播散性感染。传统抗酸染色无法区分两者，培养鉴定历时较长，分子生物学检测常依赖复杂昂贵的实验室条件，因此本文利用恒温扩增-实时荧光法分枝杆菌核酸检测的试剂盒（CPA），探索一种简捷快速准确的检验方法，一次检测直接分出MTB和NTM，并考察徐州地区HIV/AIDS患者中MTB和NTM感染状况。

方法：选择2024年我院确诊的住院和门诊HIV/AIDS患者480人，均行细菌学检查和分子诊断确认是否有分枝杆菌感染，按照CD4⁺T细胞计数 <100 个/ μ L和 ≥ 100 个/ μ L分为两组。同时所有患者剩余标本行恒温扩增-实时荧光法分枝杆菌核酸检测分枝杆菌感染。比较后者检出效能与传统细菌学+分子诊断的比较。

结果：CD4⁺T细胞计数 <100 个/ μ L组280例和 ≥ 100 组200例中传统病原+分子法分枝杆菌检出率分别是26.8%和10.0%，而CPA法检出率分别为27.5%和11.5%，均无显著性差异；传统病原+分子法在CD4⁺T细胞计数 <100 个/ μ L组中MTB和NTM检出率分别为60.0%和42.7%（有混合感染）； ≥ 100 组分别为75.0%

和25.0%；CPA法在<100组中MTB和NTM检出率分别为58.4%和41.6%，≥100组分别为69.6%和30.4%。

结论：MTB在艾滋病群体中更易传播，与HIV相互加剧病情，而NTM作为环境中的机会致病菌，更易在免疫崩溃阶段引发播散性感染，给患者带来严重后果，临床工作中应加强该类患者的临床筛查。传统的检测方法效能不高，而结合恒温扩增-实时荧光法，其快速性、便携性和操作简易性上优势显著，尤其适合基层结核病筛查。

关键词 结核分枝杆菌；非结核分枝杆菌；恒温扩增-实时荧光法

基于短视频平台的结核病防治知识传播模式 及其对结核病治疗管理的启示

王之麒¹、周环宇²

1. 无锡市第五人民医院（无锡市传染病医院、无锡市肝病研究所）

2. 无锡市第二人民医院

目的：本研究旨在评估中国版TikTok平台结核病相关短视频的信息质量与可靠性，为优化公共卫生传播策略以及辅助结核病治疗管理等提供依据。

方法：2025年3月，通过新建账号以“结核病”为关键词检索中国版TikTok，按平台默认排序（综合热度、互动量与时效性）筛选前200个视频，所有视频在2天内搜索和收集，以减少平台算法推荐和视频更新导致的错误。数据集包括每个视频的基本信息，例如网址、上传者的身份、视频时长、内容、点赞数、评论数、分享数和收藏数，以及自视频发布以来的天数等指标。我们还对视频作者及视频内容进行了分类，视频作者分为：（1）结核病专业医生（2）非结核病专业医生（3）结核病患者（4）个人传播者（5）社会组织（6）新闻媒体；视频作者的身份认证均基于短视频平台的认证以及视频中所给出的信息。视频的内容分为：（1）结核病相关知识，包括如疾病治疗、诊断、预防等（2）病例分享（3）其他方面；视频背景分为：（1）真人（2）虚拟人物（3）动画（4）图文；经过纳排标准筛选后最终纳入150个视频。采用全球质量量表（GQS）、改良DISCERN（mDISCERN）、JAMA基准工具以及对视频内容完整性进行六个维度的评分：疾病定义、症状、风险因素、评估、管理和结局的评估方法进行质量评价，并通过Spearman相关性分析探讨视频质量与互动指标的关系。

结果：纳入分析的150个视频总获赞433.8万次，评论25.3万条，收藏18.4万次，转发118.4万次。内容完整性评分显示：医师组的视频内容完整性高于非医师组，但总体而言仍需进一步完善。结核病专科医师发布的视频在GQS和mDISCERN评分上显著优于其他作者。视频质量与互动指标呈负相关。

结论：中国TikTok结核病相关视频权威性较高，但内容覆盖不均衡，且高质量视频用户互动性不足。建议加强治疗管理与预后教育，同时加强官方视频互动性以及优化平台算法以提升优质内容可见度。

关键词 结核病；TikTok；视频质量；治疗管理；内容分析

中医透药联合针对性护理在结核性胸膜炎患者中的应用分析

汪珏

无锡市第五人民医院

目的：探讨中医透药联合针对性护理在结核性胸膜炎患者中的应用价值。

方法：选取我院2023年1月–2024年12月期间收治的96例结核性胸膜炎患者为研究对象，根据随机数表法将其分为对照组48例，观察组48例。对照组行常规护理，观察组行中医透药联合针对性护理。比较两组护理前后临床症状相关指标、肺功能指标、生活质量。

结果：观察组临床症状缓解时间、胸水消失时间、住院时间较对照组短，胸膜厚度较对照组小（ P 值均 <0.05 ）。出院时，两组一秒率（FEV1/FVC）、呼气高峰流量（PEF）、用力肺活量（FVC）水平及生理功能、精神健康、躯体疼痛、情感职能评分较护理前均有升高（ P 值均 <0.05 ）；且观察组出院时FEV1/FVC、FVC、PEF水平及生理功能、精神健康、躯体疼痛、情感职能评分高于对照组（ P 值均 <0.05 ）。

结论：中医透药联合针对性护理可有效改善结核性胸膜炎患者的临床症状，提高患者生活质量，促进疾病恢复。

关键词 中医透药；针对性护理；结核性胸膜炎；肺功能；生活质量

2019–2021年徐州市肺结核流行病学特征及影响因素的Logistic回归预测模型建立

彭乐^{1,2}、席向宇²、李萌²、毛传春²、颜学兵³

1. 徐州医科大学第一临床学院；2. 徐州市传染病医院；3. 徐州医科大学附属医院

目的：调查2019–2021年徐州市肺结核流行病学特征，并构建影响因素的Logistic回归预测模型。

方法：选取2019年1月1日至2021年12月30日期间徐州市登记的788例肺结核病患者作为病例组。观察徐州市2019–2021年肺结核流行病学特征，并采用多因素Logistic回归分析分析肺结核发病的影响因素。并构建Log P 回归预测模型，分析其预测效能。

结果：流行病学统计结果显示：徐州市2019–2021年肺结核患者以男性、年龄 ≥ 60 岁、居住地为农村、婚姻情况为已婚的患者居多，其中病程、文化程度的分类群体患病人数较为接近。单因素分析结果显示，肺结核发病与饮酒史、结核病健康教育、性别、家庭人均月收入、年龄、职业、吸烟史、卡介苗接种史、居住地有关（ $P<0.05$ ）。多因素Logistic回归分析结果显示：居住地为农村、吸烟史、性别为男、饮酒史、家庭人均月收入 <3000 元、年龄 ≥ 60 岁、职业为农民或工人、肺结核接触史是肺结核发病的危险因素，而有卡介苗接种史则是其保护因素（ $P<0.05$ ）。对应的Log P模型，经ROC分析知：该预测模型有较好的对肺结核发病的预测效能，其ROC-AUC（0.95CI）为0.881（0.817~0.928），准确度可达

86.5%。

结论：徐州市肺结核发病人群应重点关注男性、老年、居住地为农村、有吸烟史、有饮酒史、家庭人均月收入低、职业为农民或工人的群体、肺结核接触史，应积极接种卡介苗，加强肺结核防治工作。此外，通过影响因素构建的预测模型对肺结核发病有较好的预测效能。

关键词 徐州市；肺结核；流行病学特征；影响因素；预测模型

异烟肼、地塞米松胸腔内注射对结核性胸膜炎的疗效

彭乐

徐州市传染病医院

目的：分析异烟肼、地塞米松胸腔内注射治疗结核性胸膜炎的效果及对胸腔积液炎症因子水平的影响。

方法：选取2019年1月至2022年12月本院收治的104例结核性胸膜炎患者，按盲选法分成两组，各52例，对照组采用标准化抗结核方案及胸腔穿刺抽液、冲洗、引流的治疗方法，观察组在此基础上增加异烟肼联合地塞米松胸腔内注射治疗，比较两组的疗效、临床症状缓解时间、胸腔积液吸收时间、胸腔积液总量、治疗前后胸腔积液的炎症因子水平及并发症发生情况。

结果：观察组的治疗有效率高于对照组（ $P<0.05$ ）；观察组的临床症状缓解时间、胸腔积液消失时间早于对照组，引流胸腔积液总量低于对照组（ $P<0.05$ ）；治疗后，观察组胸腔积液的炎症因子水平低于对照组（ $P<0.05$ ）；观察组的并发症发生率低于对照组（ $P<0.05$ ）。

结论：对结核性胸膜炎患者采用地塞米松、异烟肼胸腔内注射治疗可提高疗效，降低胸腔积液炎症因子水平，且并发症少。

关键词 地塞米松 异烟肼 胸腔内注射 结核性胸膜炎

脓胸的诊疗流程优化、手术质量控制

魏长江

苏州市第五人民医院

对我们单位近4年来的脓胸手术病例做了总结和归纳，探讨对于脓胸患者的诊疗流程的优化，同时对于脓胸手术质量控制有显著的提升作用。回顾分析近4年来我们单位进行的180例脓胸患者的临床资料，没有发生围手术期死亡，没有非计划二次手术，其中167例脓胸患者我们常规采用单操作孔胸腔镜手术，有13例明显胸膜钙化的病例行开胸手术，所有患者均顺利出院，肺功能明显改善，绝大多数患者术后复查肺复张良好无脓腔残留。

关键词 脓胸 胸腔镜手术 诊疗流程

协同护理模式对初治肺结核患者 心理情绪和自我护理能力的影响

王停

北京地坛医院徐州第七人民医院

目的：分析协同护理模式对初治肺结核患者心理情绪和自我护理能力的影响。

方法：选取 2020 年 1 月至 2022 年 10 月于我院就诊的初治肺结核患者 78 例，采用随机数字表法分为对照组和观察组，每组 39 例。对照组实施常规护理，观察组实施协同护理。比较两组患者的心理情绪、自我护理能力、生活质量。

结果：护理后观察组患者焦虑自评量表（SAS）评分、抑郁自评量表（SDS）评分均低于对照组（ $P < 0.05$ ）；观察组患者自我护理能力量表（ESCA）评分、生活质量评分均高于对照组（ $P < 0.05$ ）。

结论：对初治肺结核患者实施协同护理，有助于缓解患者的不良情绪，提升自我护理能力，改善其生活质量。

关键词 协同护理；初治肺结核；心理情绪；自我护理能力；生活质量

Analysis of the effect of anti-tuberculosis therapy combined with all-in-one nursing care on the alleviation of inflammation in patients with pulmonary tuberculosis

Xiaohong Yin

Wuxi Fifth People's Hospital Affiliated Jiangnan University

Objective: To analyze the application effect of anti-tuberculosis therapy (ATT) combined with all-in-one nursing care on pulmonary tuberculosis (PT). Methods: Seventy-four PT patients who received ATT in our hospital between December 2015 and June 2016 were selected as the research participants and randomized into a research group (RG; $n=37$) and a control group (CG; $n=37$) that were given all-in-one nursing care and routine care, respectively. The cure rate and treatment compliance were compared between groups, and the awareness of disease prevention and treatment was investigated. Patients' psychological status and quality of life were evaluated using the Self-Rating Depression/Anxiety Scale (SAS/SDS) and the Quality of Life Questionnaire Core 30 (QLQ-C30), respectively. Furthermore, the levels of interleukin-4/6/10 (IL-4/6/10) and tumor necrosis factor- α (TNF- α) were quantified at 6 and 12 months after treatment. Results: RG and CG were not statistically different in the clinical cure rate ($P>0.05$), but the X-ray cure rate was higher and the recurrence rate was lower in RG ($P<0.05$). In addition, RG showed higher medication compliance rate, regular reexamination rate and awareness of disease prevention and treatment than CG ($P<0.05$). Reductions in SAS/SDS scores were observed in both groups after care, with even lower levels in RG, while the QLQ-C30 score increased and was higher in RG as compared to CG ($P<0.05$). Finally, the

results of inflammatory factors test showed that IL-4 and IL-10 were higher while IL-6 and TNF- α were lower in RG than in CG at 6 and 12 months after nursing ($P<0.05$). Conclusion: All-in-one nursing care can effectively enhance the level of treatment compliance and awareness of disease prevention and treatment of PT patients, improve their psychological state and QOL, and reduce the risk of inflammation, thus improving the effect of ATT.

Key Words anti-tuberculosis therapy; pulmonary tuberculosis; all-in-one nursing care; inflammatory reaction; treatment compliance

连续性护理干预对老年结核病患者病情控制 和自我护理能力的影响

王丽

徐州市传染病医院

研究目的：本研究旨在探讨连续性护理干预对老年结核病患者病情控制及自我护理能力的影响，期为老年结核病的临床护理实践提供科学依据。

研究方法：选取2023年12月至2024年10月期间，我院收治的150例年龄在60至80岁之间（以60至70岁为主）的老年结核病男性患者，随机分为对照组与实验组。对照组接受常规护理，而实验组则接受连续性护理干预。通过对比两组患者的病情控制情况及自我护理能力等关键指标，评估连续性护理干预的效果。

研究结果：实验组在痰菌转阴率、病灶吸收情况、自我护理能力评分等方面均显著优于对照组，差异具有统计学意义。

研究结论：连续性护理干预能显著提升老年结核病患者病情控制效果及自我护理能力，进而改善患者的生活质量，因此，该干预措施具有在临床推广的价值。

关键词 关键词：连续性护理干预；老年结核病；病情控制；自我护理能力

探讨延续性护理干预对老年肺结核患者服药依从性 及护理满意度的效果

杨文文

江苏省徐州市传染病医院

目的：探讨老年肺结核患者实施延续性护理干预对服药依从性以及满意度的效果。

方法：抽取我院肺结核患者90例分析，根据护理方案分为两组，比较观察组实施延续性护理干预的效果。

结果：观察组经延续性护理干预后，自我效能、依从性、自我管理、生活质量、睡眠质量以及满意度优于对照组。

结论：对于老年肺结核的患者实施延续性护理，能够提高服药依从性以及护理满意度，改善患者

的生活质量以及自我管理能力,值得临床推广。

关键词 关键词:老年肺结核;延续性护理;服药依从性;满意度;生活质量;睡眠质量

成人肺结核患者重症化的危险因素分析

张设、傅伟萍 孙朝花 潘唯 梁长娇 陈银松

扬州市第三人民医院

目的:分析成人肺结核患者的临床特征及重症化的危险因素,为临床诊疗提供依据。

方法:收集2023年1月至2024年1月入住江苏省扬州市第三人民医院结核科/结核重症监护室确诊的274例成人肺结核患者的临床资料。按照中国成人重症肺结核定义和诊断指南(2023)进行临床分型:普通组231例,重症组43例,比较两组的临床特征及各项实验室指标,采用多因素Logistic回归分析,筛选出影响成人肺结核患者重症化的危险因素。

结果:274例成人肺结核患者中,男性195例(71.2%),女性79例(28.8%),平均年龄为 57.15 ± 17.35 岁,两组中男性比例均较女性高。重症组中位年龄70岁,普通组中位年龄60岁,重症组中年龄 ≥ 65 岁比例较普通组高。重症组患者的中位病程为300天,较普通组明显延长,重症组在既往结核病史、糖尿病、利福平耐药、气促症状、低体重指数等方面的比例,均较普通组高($P < 0.05$)。收集10项可能与成人肺结核重症化相关的实验室指标,进行组间单因素分析,提示淋巴细胞计数、淋巴细胞百分比、血红蛋白、白蛋白、D-二聚体(D-D)、白介素-6(IL-6)、C反应蛋白(CRP)、降钙素原(PCT)、混合感染等9项指标,重症组与普通组之间的差异均有统计学意义($P < 0.001$)。在影像学检查方面,41例(95.3%)重症患者肺部病变累计3个及3个以上肺叶,5个肺叶均有累计的患者有27例(62.8%),肺空洞数大于3个以上的患者有25例(58.1%),较普通组有明显差异($P < 0.001$)。多因素Logistic回归模型显示,利福平耐药、气促、混合感染、病变累计 ≥ 3 个肺叶、肺空洞 > 3 个为成人肺结核重症化的独立危险因素[OR(95%CI)值分别为:1.431(1.292~11.687)、8.772(3.741~15.955)、3.49(1.259~15.427)、3.049(2.111~6.285)、2.677(1.117~4.668)]。D-D、IL-6、CRP、PCT四者联合预测成人肺结核重症化的ROC曲线下面积为0.891,敏感度为82.9%,特异度为84.3%。

结论:利福平耐药、气促、混合感染、病变累计 ≥ 3 个肺叶、肺空洞 > 3 个是成人肺结核重症化的危险因素,联合检测D-D、IL-6、CRP、PCT有助于早期识别重症肺结核。

关键词 成人;重症肺结核;危险因素

呼吸运动康复护理对肺结核患者自护能力和肺功能改善的影响分析

刘红丽

徐州市第七人民医院

肺结核是临床常见疾病。肺结核会引起患者出现咳嗽咳痰、呼吸困难、低热、盗汗等一系列临床症状,且随患者病情的不断进展,会对其肺功能产生一定的损害,从而严重影响其运动耐力,是导致患

者生活质量低下的一个重要原因[1-2]。当前,临床对于肺结核的治疗,主要是药物治疗,可起到抗结核分枝杆菌的作用,但对已经受损的组织,无法起到修复作用,对肺功能改善效果不理想。因此,临床认为对于肺结核患者,在治疗的同时,需配合呼吸运动康复干预,以达到积极地改善肺功能,促进疾病转归,提升生活质量的目的[3-4]。本文就对呼吸运动康复护理对肺结核患者自护能力和肺功能改善的影响进行了分析,以期提升肺结核患者的呼吸运动康复干预水平

关键词 呼吸运动 康复护理 肺结核患者 自护能力 肺功能

南京地区非结核分枝杆菌肺病合并肺结核的临床特征 及非结核分枝杆菌菌种分布

吴志嵩
南京市第二医院

目的:探讨非结核分枝杆菌肺病(nontuberculous mycobacterial pulmonary disease, NTM-PD)合并肺结核(pulmonary tuberculosis, PTB)患者的临床特征,提升临床医生对两者共病的识别与诊治能力。

方法:回顾性分析2020年1月—2023年12月在南京市第二医院结核科住院的144例NTM-PD合并PTB患者的临床资料,并以同期住院PTB患者144例为对照组,从人口学特征、菌种分布、临床表现、影像学特征、合并疾病及治疗转归等方面进行比较分析。

结果:观察组患者中老年人比例较高,女性略多;NTM致病菌以MAC菌群为主,其次为脓肿分枝杆菌和龟分枝杆菌;临床症状以咳嗽咳痰为主,发热比例显著低于对照组($P<0.001$);影像学上观察组肺部结节、支气管扩张及空洞病变更常见,差异具有统计学意义($P<0.05$);观察组食管胃系统疾病以及心律失常发生率高于对照组,差异具有统计学意义($P<0.05$);治疗方面,观察组多采用四药及以上联合方案,治疗有效率达84.72%,不良反应发生率较低,但存在一定死亡及自行停药比例。

结论:NTM-PD合并PTB患者在临床和影像学特征上具有一定的特征性,且常合并食管胃系统疾病以及心律失常。临床工作中对于中老年女性、NTM特征性影像改变以及治疗后反复痰涂片阳性的PTB患者应重视NTM筛查,结合菌种鉴定及个体情况制定治疗方案,有助于提高治疗效果,改善患者预后。对于两种疾病共病的发生机制尚待进一步研究。

关键词 非结核分枝杆菌肺病;肺结核;菌种分布;临床特征

老年结核病患者心理压力与健康有关生活质量研究

吴艳丽、汤飞、吴艺元
扬州市第三人民医院

目的:结核病(TB)是由结核分枝杆菌(MTB)引起的一种慢性传染病,是全球发病和死亡的重要原因。焦虑或抑郁等精神疾病可作为结核患者的合并症出现,并可能对生活质量和治疗效果产生负面影响。本研究探讨老年结核病患者心理压力与健康有关生活质量,及抗结核治疗对其影响。

方法:纳入2023年1月至12月86例新确诊的 $>60-85$ 岁老年结核病患者,均为新开始接受抗结核

治疗（ATT）或开始 ATT 不到1个月患者。排除耐多药/广泛耐药病例、精神状态异常无民事行为能力者、视力或听力异常，无法与护理人员正常沟通者、拒绝同意者。中位年龄为71岁，其中女性 27 人（占 31.4%），男性 59 人（占 68.6%）。心理压力采用患者健康问卷九项抑郁量表（PHQ-9）和七项广泛性焦虑症量表（GAD-7）进行测量。健康相关生活质量（HRQoL）采用一种广泛使用的工具——WHOQOL BREF 问卷进行测量。首次就诊时、两个月治疗结束和治疗结束时评估各项得分。如果PHQ-9和GAD-7在评估的任何阶段得分 ≥ 11 ，则在心理护理的同时增加心理医生干预。

结果：86例老年结核病患者中，21例（24.4%）基线时有焦虑症状，在治疗2个月和治疗结束时分别减少到5.8%和1.2%（ $P < 0.001$ ）。受试者中，18例（20.9%）患者有抑郁症状，在治疗两个月和治疗结束时，抑郁症状分别减少到7%和2.3%（ $P < 0.001$ ）。基线时，所有HRQoL的平均领域得分均较差，而在治疗结束时，情况有所改善（ $P < 0.001$ ）。确诊时，21例患者（24.4%）患有焦虑症，其中8人（9.3%）患有严重焦虑症，得分超过15分。18例患者（20.9%）患有基线抑郁症，其中6人（7%）患有严重抑郁症，得分高于16分。10例患者（11.6%）同时患有焦虑症和抑郁症，56例患者（65.1%）没有焦虑症和抑郁症。焦虑症患者的平均年龄为（ 71.9 ± 7.3 ）岁，无焦虑症患者的平均年龄为（ 65.8 ± 1.5 ）岁（ $P = 0.005$ ）。

结论：焦虑和抑郁在结核病患者中很常见，在治疗期间和治疗后，焦虑和抑郁的程度明显逐渐减轻。结核对患者的HRQoL有明显的负面影响，其中身体方面受到的影响最大，而在治疗结束后，所有方面的得分都有明显改善。需要对结核病患者进行抑郁和焦虑的常规筛查，并及时心理干预，以改善疾病的治疗效果和生活质量。

关键词 结核病；心理压力；健康相关生活质量；老年

肺泡Trm细胞与I型IFN信号在HIV/TB抵抗者中的表达特征

张莹莹

无锡市第五人民医院

目的：结核分枝杆菌（*Mycobacterium tuberculosis*, Mtb）感染在HIV共感染人群中呈高发病率且易进展为活动性疾病，传统免疫保护策略难以满足高危需求。组织驻留记忆T细胞（Tissue-resident memory T cells, Trms）作为肺部关键前沿防线，其高效局部响应能力使其成为潜在干预靶点。本研究旨在通过分析HIV+Resister与LTBI个体的肺泡灌洗液（BALF）单细胞转录组数据，系统评估肺泡免疫细胞组成及Trms亚群特征，重点探讨I型干扰素（IFN- α/β ）信号通路及CD4⁺Trms细胞丰度和功能状态的关联，为揭示Trms在Mtb抵抗中的作用机制和后续免疫策略设计提供依据。

方法：本研究单细胞转录组数据来源于NCBI GEO数据库（GSE273373），收集了12例接受有效抗逆转录病毒治疗的HIV感染者BALF样本，其中Resister组6例（连续三次IGRA及TST均为阴性），LTBI组6例（两次IGRA阳性且TST直径 ≥ 10 mm），所有受试者在BALF采样时外周血CD4⁺细胞计数均恢复至 >400 cells/ μ L。采用Seurat v5.0进行质量控制（剔除线粒体基因比例 $>10\%$ 、特征数 <200 或 >2500 的细胞）、数据归一化及降维聚类，并基于CD69和CD103表型进行Trms细胞注释。利用AddModuleScore方法对CD4⁺和CD8⁺Trms亚群进行多基因评分定量。差异基因表达分析采用Wilcoxon秩和检验。基因集富集分析（GSEA）用于评估差异表达基因的富集情况；使用clusterProfiler包GO功能注释，对筛选的基因集进行

生物过程富集分析。

结果：Resister组BALF中淋巴细胞浸润显著高于LTBI组，而巨噬细胞比例相对降低。基于CD69⁺CD103⁺标记Trms亚群，Resister组Trms相对丰度显著高于LTBI组（3.0% vs. 0.9%， $P = 0.004$ ）。进一步通过AddModuleScore评分，Resister组中CD4⁺Trms平均比例为5.3%，显著高于LTBI组的0.72%（ $P = 0.015$ ）；CD8⁺Trms比例也显著升高（Resister组3.86% vs. LTBI组0.58%， $P = 0.041$ ），提示Resister个体肺部免疫环境可能更利于Trms的生成和维持。差异基因表达分析表明，Resister组CD4⁺Trms中转录因子IRF7显著上调，GSEA与GO富集结果进一步显示I型干扰素应答、抗病毒以及免疫应答调节通路显著富集（ $NES > 1.5$ ， $FDR < 0.05$ ）。Mtb H37Rv体外感染实验中，Resister组CD4⁺Trms在6小时和24小时的ISG Score（基于IFIT1/2/3、ISG15、RSAD2、OAS1、MX1、IFI44L等基因）均明显高于其他T细胞亚群。

结论：本研究应用单细胞转录组技术，分析了HIV感染者BALF中Trms细胞的分布与I型干扰素信号相关基因表达，Resister组CD4⁺Trms数量及I型IFN响应基因表达水平较LTBI组升高，表明Trms细胞可能呈现更强的局部干扰素介导反应。由于本研究局限于转录组数据分析，尚需功能验证以评估Trms - I型IFN通路对Mtb清除的实际贡献，但为后续研究Trms在HIV共感染背景下的免疫作用提供了参考。

关键词 结核分枝杆菌；组织驻留记忆T细胞（Trms）；I型干扰素；肺泡灌洗液（BALF）；单细胞转录组（scRNA-seq）

2021年—2024 年扬州市肺结核合并肺部感染患者中 细菌菌群分布特点及其耐药变迁分析

戴洁、王金富

扬州市第三人民医院

目的：分析2021年—2024 年四年间肺结核合并肺部感染住院患者的细菌检出情况及主要菌群耐药变迁分析，为临床合理使用抗菌药物提供科学依据

方法：选择2021年1月—2024年12月扬州市第三人民医院收治的肺结核合并肺部感染患者410例，取患者的合格痰标本及灌洗液标本进行细菌培养及鉴定，并进行药敏试验，分析其菌株检出情况及耐药变迁

结果：410份标本共培养出病原菌514株，其中革兰阳性菌 15 株（占 2.9%）、革兰阴性菌 290 株（占 97.1%）、革兰阳性菌以金黄色葡萄球菌为主（占 60.0%），分布前5位的革兰阴性菌为肺炎克雷伯菌（41.48%）、铜绿假单胞菌（15.63%）、鲍曼不动杆菌（9.22%）、阴沟肠杆菌（9.22%）、大肠埃希菌（5.81%）。四年间菌种排名无明显差异。药敏试验结果显示，主要的革兰阴性杆菌对碳青霉烯类药物呈高度敏感性，但肺炎克雷伯菌对多西环素、头孢他啶、头孢吡肟、头孢呋辛、头孢唑肟、头孢噻肟、左旋氧氟沙星、替卡西林/克拉维酸、氨曲南、诺氟沙星不同年度耐药率均呈上升趋势（ $P < 0.05$ ），差异有统计学意义。其余药物不同年度耐药率无统计学差异（ $P > 0.05$ ）；铜绿假单胞菌对常见药物耐药性较低，但头孢唑肟不同年度耐药率呈上升趋势（ $P < 0.05$ ）；环丙沙星不同年度耐药率呈下降趋势（ $P < 0.05$ ），差异有统计学意义。其余药物不同年度耐药率无统计学差异（ $P > 0.05$ ）。本院产超广谱 β -内酰胺酶肺炎克雷伯菌（产ESBLs-KPN）和产超广谱 β -内酰胺酶大肠埃希菌（产ESBLs-ECO）引发的感染病例呈逐渐增多的趋势，产超广谱 β -内酰胺酶（ESBLs）肺炎克雷伯菌总检出率为34.29%，不同年度检出率差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。本院排名前两位的革兰阴性菌与2023年CHINET中国细菌

耐药监测对比,肺炎克雷伯菌和铜绿假单胞菌各类药物耐药率普遍低于全国耐药率水平。

结论:针对并发下呼吸道感染的肺结核患者,临床应积极开展细菌培养与药敏试验。依据药敏结果制定合理治疗方案,避免盲目用药,最大程度降低耐药菌产生风险,促进患者治愈进程,提升治愈成功率。亚胺培南、美罗培南等碳青霉烯类抗生素是治疗产ESBLs耐药菌株的一线药物,但耐药率逐年增高,CRE耐药形势严峻且机制复杂。

关键词 肺结核;呼吸道感染;病原菌分布;药物敏感性;耐药变迁

miRNA调控巨噬细胞自噬与极化 在结核免疫逃逸中的机制研究进展

周秦豪、胥萍

苏州大学医学院附属传染病医院

据世界卫生组织统计,我国约有20%的人口是结核潜伏感染者。结核分枝杆菌(*Mycobacterium tuberculosis*, MTB)易发生潜伏感染,所有MTB感染人群中约90%–95%的人无症状,处于结核病潜伏感染状态,估计有5%–10%的潜伏感染者最终会发展为活动性结核病(*tubercle bacillus*, ATB)。结核分枝杆菌有独特的免疫逃逸机制,其细胞壁脂阿拉伯甘露聚糖等分子可通过模式识别受体介导内吞作用,主动入侵肺泡巨噬细胞。病原体通过分泌效应蛋白抑制吞噬体酸化,阻断吞噬体–溶酶体融合进程,从而建立利于其存活的生存环境。这种对宿主自噬通路的干扰不仅促进MTB的胞内存活,还可诱导肉芽肿微环境中的细菌进入代谢休眠状态,导致潜伏性结核感染的形成。休眠的结核分枝杆菌可以抑制自噬,并在巨噬细胞中存活较长时间,这是LTBI形成的原因。微小RNA(*microRNA*, miRNA)通过种子序列与靶mRNA的3' UTR的互补配对,在转录后水平调控基因表达。单个miRNA可通过多靶点调控数百个基因,其作用机制主要包括mRNA降解或翻译抑制。人类约三分之一的蛋白质编码基因受miRNA调控[4]。自噬(*Autophagy*)作为真核生物保守的溶酶体降解途径,通过形成双层膜结构的自噬小体选择性包裹胞质成分,实现大分子物质和受损细胞器的循环利用。该过程的核心分子标志物微管相关蛋白轻链3 β (LC3 β)经历翻译后修饰,从胞质可溶型转化为膜结合型,介导自噬小体膜的延伸与闭合。成熟的自噬小体通过与溶酶体融合形成自噬溶酶体,最终完成内容物的酶解消化。

潜伏性结核感染(*Latent tuberculosis infection*, LTBI)是结核病防控中的重要环节,其特点是宿主免疫系统能够控制结核分枝杆菌的增殖,但未能完全清除病原体。巨噬细胞(*macrophage cell*)是宿主抵御MTB入侵首道防线。MTB感染人体后启动系列反应,通过miRNAs与其他生物分子相互作用,对宿主巨噬细胞的代谢、炎症反应及自噬进行调控,逃避宿主免疫清除。本文综述了结核分枝杆菌如何通过miRNA调控及抑制宿主细胞自噬从而导致免疫逃逸,这些发现可能为潜伏性结核的干预提供新的机会。

关键词 关键词;结核分枝杆菌;巨噬细胞;巨噬细胞极化;miRNA;自噬

细胞焦亡在结核分枝杆菌感染中介导宿主免疫应答的作用机制研究

田圩虹、吴云超、朱珍、杜小春、郑国军
常州市第三人民医院

目的：结核病是由结核分枝杆菌（*Mycobacterium tuberculosis*, Mtb）感染引起的慢性传染病，其致病过程涉及复杂的宿主-病原体相互作用。近年来，程序性细胞死亡方式在传染病研究中受到广泛关注。细胞焦亡（pyroptosis）是一种依赖炎性小体和caspase-1活化的促炎细胞死亡方式，已被证实在多种病原感染中发挥关键作用。然而，细胞焦亡在Mtb感染中介导宿主免疫应答的具体机制尚不清晰。本研究旨在探讨细胞焦亡在结核分枝杆菌感染中的激活过程、分子通路及其对免疫微环境的调控作用，以期为结核病的免疫防治提供新靶点。

方法：本研究采用减毒型Mtb H37Ra株感染人源单核细胞系THP-1构建巨噬细胞感染模型。感染条件设置为以不同的菌细胞感染比MOI=1、5和10，分别处理细胞6 h、12 h、24 h和48 h，以模拟不同阶段的感染应答过程。通过qPCR和Western blot检测不同阶段NLRP3炎性小体相关分子NLRP3、ASC、caspase-1及下游效应分子GSDMD的表达变化。采用流式细胞术免疫荧光成像评估膜完整性与GSDMD-N定位。最后，通过siRNA沉默GSDMD与NLRP3表达，进一步分析细胞焦亡通路在感染应答中的功能变化，探索细胞焦亡对Mtb清除能力、细胞因子分泌和T细胞激活的影响。

结果：本研究发现Mtb感染可显著激活巨噬细胞中NLRP3炎性小体并诱导GSDMD依赖性细胞焦亡，表现为炎症小体组分及GSDMD表达上调、膜完整性破坏及IL-1 β 、IL-18等促炎因子的释放。使用siRNA干扰NLRP3和GSDMD表达，巨噬细胞焦亡水平显著降低，促炎因子IL-1 β 和IL-18分泌减少。此外，结核感染巨噬细胞焦亡能刺激T细胞的活化，在连接先天免疫与获得性免疫中发挥桥梁作用。

结论：本研究系统探讨了细胞焦亡在Mtb感染过程中中介导宿主免疫应答的分子机制。Mtb感染可诱导巨噬细胞中NLRP3炎性小体的激活及GSDMD依赖性细胞焦亡反应，同时T细胞激活能力也受到抑制。上述结果提示，Mtb诱导的细胞焦亡在调控先天免疫应答和T细胞激活过程中发挥重要作用，是影响结核免疫逃逸与持续感染的关键机制。该研究为结核病免疫治疗策略的探索提供了潜在靶点和理论依据。

关键词 结核分枝杆菌；细胞焦亡；NLRP3；巨噬细胞；天然免疫应答

抗结核固定剂量复合剂对初治活动性肺结核治疗效果研究

陆小玲
靖江市第二人民医院

目的：分析抗结核固定剂量复合剂对初治活动性肺结核治疗效果。

方法：入组本院科室收治的初治活动性肺结核患者共60例，随机分组，对照组的患者给予常规抗结核药物，观察组采取抗结核固定剂量复合剂治疗。比较两组病灶吸收效果、痰菌转阴率、不良反应。

结果：观察组病灶吸收效果、痰菌转阴率均优于对照组， $P < 0.05$ 。两组的不良反应比较则不存在

明显差异 $P>0.05$ 。

结论：结核固定剂量复合剂对初治活动性肺结核治疗效果确切，可有效提高痰菌转阴率和促进结核病灶吸收，不良反应未增加。

关键词 抗结核固定剂量复合剂；初治活动性肺结核；治疗效果

中国无锡地区非结核分枝杆菌肺病菌种与耐药分析及患者的临床与影像学特征

高亮、赵新国、陈华昕、于志明、秦小雯

无锡市第五人民医院

目的：本研究旨在分析中国无锡地区非结核分枝杆菌（NTM）肺病患者NTM菌株的分布情况，并评估其耐药情况以及受累患者的临床症状和影像学特征。

方法：对中国无锡地区某中心2020年12月至2024年8月诊断为NTM肺病的226例患者进行回顾性分析。收集了临床数据，包括人口统计信息、主要临床症状等。对分离出的NTM菌株进行了微生物鉴定，并使用标准化方法进行了药物敏感性试验。通过CT进行影像学评估，以评估肺部受累情况。

结果：共分离226株菌株，包含6个种类，依次为胞内分枝杆菌（36.28%）、堪萨斯分枝杆菌（28.32%）、鸟分枝杆菌（22.12%）、脓肿分枝杆菌（8.85%）、龟分枝杆菌（3.98%）和瘰癧分枝杆菌（0.44%）。药物敏感性实验显示，胞内分枝杆菌、堪萨斯分枝杆菌对异烟肼、链霉素、对氨基水杨酸的耐药率均为100.00%，对利福布汀、利福平、莫西沙星的敏感性较高，胞内分枝杆菌对盐酸乙胺丁醇的敏感性较高。鸟分枝杆菌和脓肿分枝杆菌对几种常见的抗菌药物的耐药性均较高。NTM肺病的主要临床特征表现为咳嗽咳痰（69.03%）、发热（23.89%），其中胞内分枝杆菌（89.02%）和脓肿分枝杆菌（90.00%）出现咳嗽咳痰的比例显著高于堪萨斯分枝杆菌和鸟分枝杆菌（ $P<0.05$ ）。NTM肺病的影像学特征中主要表现为斑片影（78.32%）、空洞（66.81%）、条索影（66.37%）和支气管扩张（64.60%），其中脓肿分枝杆菌树芽征（80.00%）显著高于其他3组（ $P<0.05$ ），而空洞征（45.00%）显著低于其他3组（ $P<0.05$ ）；堪萨斯分枝杆菌出现支气管扩张征象（39.06%）的比例明显低于其他3组（ $P<0.05$ ），而出现空洞征（81.25%）的比例较高。

结论：中国无锡地区NTM肺病以胞内分枝杆菌、堪萨斯分枝杆菌、鸟分枝杆菌、脓肿分枝杆菌常见。各个菌种耐药性、临床症状和影像学特征方面存在一定的差异。临床上可根据菌种鉴定结果、临床症状和影像学特征进行判定，并结合药敏试验结果采取有效的抗菌治疗。

关键词 非结核分枝杆菌、耐药性、临床症状、影像学特征，中国无锡。

Expression and Clinical Significance of the Negative Co-stimulatory Molecule Tim-3 in Patients with Pulmonary Tuberculosis

Jiaming Wu, Junchi Xu, Huafeng Song
The Fifth People's Hospital of Suzhou

Objective: To investigate the expression of the negative co-stimulatory molecule TIM-3 in patients with pulmonary tuberculosis and explore its clinical implications.

Methods: We analyzed the expression of co-stimulatory molecules on T cells in tuberculosis patients using the GSE158769 database, identified key co-stimulatory molecules, and explored their mediated biological functions. Active tuberculosis (ATB) patients hospitalized at the Affiliated Infectious Diseases Hospital of Soochow University from 2021 to 2024 were enrolled, while latent tuberculosis infection (LTBI) subjects were healthcare workers with positive TB-IGRA results. Flow cytometry was employed to analyze the expression of Tim-3 and PD-1 on peripheral blood lymphocytes from both groups.

Results: (1) Single-cell sequencing analysis revealed that the proportions of CD8+T_{em} cells and CD8+T_{eff}/T_{ex} cells in the peripheral blood T cell subsets of tuberculosis patients were significantly higher than those in normal populations, representing the two largest subpopulations. (2) Further analysis of the expression changes of each co-stimulatory molecule showed that Tim-3 was highly expressed in CD8+T_{em} cells, CD8+T_{eff}/T_{ex} cells, and $\gamma\delta$ T cells in the ATB group, while the other negative co-stimulatory molecule PD-1 was predominantly expressed in CD4+T_{em} cells and CD4+T_{eff}/T_{ex} cells. (3) Comparison of Tim-3+CD8+T cells and Tim-3-CD8+T cells demonstrated that the former exhibited enhanced antigen presentation ability and immune function. (4) Flow cytometry analysis revealed a significantly higher expression rate of Tim-3+CD8+T cells in BAL ($56.35 \pm 12.375\%$) compared to normal peripheral blood ($14.32 \pm 5.021\%$) with a statistically significant difference ($p < 0.0001$). (5) Analysis of chemotherapeutic treatment in tuberculosis patients showed that the proportions of Tim-3+CD8+T and PD-1+CD8+T subsets in BAL were significantly reduced after treatment compared to pre-treatment levels ($p < 0.05$). Correlation analysis with disease course revealed a negative association between Tim-3+CD8+T subsets and disease course ($r = -0.99$, $p < 0.01$).

Conclusion: This study demonstrates a significant increase in the expression of Tim-3+CD8+T cell subsets in the peripheral blood of patients with active pulmonary tuberculosis. The elevated Tim-3 expression may be related to the presentation and exhaustion of tuberculosis antigens. Additionally, the expression of Tim-3+CD8+T cells in BAL is associated with disease treatment and course. These findings suggest a potential role for Tim-3+CD8+T cells in host defense against *Mycobacterium tuberculosis*, providing novel insights for the development of cellular immunotherapy for tuberculosis.

Results: (1) Single-cell sequencing analysis revealed that the proportions of CD8+T_{em} cells and CD8+T_{eff}/T_{ex} cells in the peripheral blood T cell subsets of tuberculosis patients were significantly higher than those in normal populations, representing the two largest subpopulations. (2) Further analysis of the expression changes of each co-stimulatory molecule showed that Tim-3 was highly expressed in CD8+T_{em} cells, CD8+T_{eff}/T_{ex} cells,

and $\gamma\delta$ T cells in the ATB group, while the other negative co-stimulatory molecule PD-1 was predominantly expressed in CD4+T em cells and CD4+T eff/T ex cells. (3) Comparison of Tim-3+CD8+T cells and Tim-3-CD8+T cells demonstrated that the former exhibited enhanced antigen presentation ability and immune function. (4) Flow cytometry analysis revealed a significantly higher expression rate of Tim-3+CD8+T cells in BAL ($56.35 \pm 12.375\%$) compared to normal peripheral blood ($14.32 \pm 5.021\%$) with a statistically significant difference ($p < 0.0001$). (5) Analysis of chemotherapeutic treatment in tuberculosis patients showed that the proportions of Tim-3+CD8+T and PD-1+CD8+T subsets in BAL were significantly reduced after treatment compared to pre-treatment levels ($p < 0.05$). Correlation analysis with disease course revealed a negative association between Tim-3+CD8+T subsets and disease course ($r = -0.99$, $p < 0.01$).

Key Words Tim-3, CD8+T cells, pulmonary tuberculosis

糖尿病合并肺结核患者的护理新进展

王娜

徐州市传染病医院

糖尿病合并肺结核是一种慢性的、全身性疾病，具有病程长、进展快、耐药率高、疗效差等特点。因此，在积极治疗两病的同时采取综合性护理，能够达到稳定血糖、控制病情进展，增加患者治疗依从性，对改善患者的治疗及预后具有重要意义。本文主要从具体护理措施、护理模式两方面对近年来糖尿病合并肺结核的护理进展进行综述。

关键词 糖尿病；肺结核；护理；延伸护理

痰菌阴性和阳性肺结核患者细胞因子检测的临床意义

侯远沛

江苏省徐州市传染病医院/徐州市第七人民医院

目的：探讨痰菌阴性和阳性肺结核患者细胞因子检测的临床意义

方法：选择2025年3月至6月徐州市传染病医院收治住院的肺结核患者74例作为研究对象，门诊随访肺结核患者38例为对照组；按照患者痰涂片抗酸杆菌的检测结果显示将肺结核患者分为痰菌阴性（37例）和痰菌阳性（37例）2组，采用 SPSS 17.0 统计软件进行统计学分析，方差不齐，组间比较采用非参数 Mann-Whitney 秩和检验，比较各组IL4,IL6,IL10,IL8表达水平的差异， $P < 0.05$ 为差异有统计学意义；回归分析肺结核患者血清细胞因子表达水平与痰液中抗酸杆菌含量的相关性

结果：痰菌阴性与阳性住院肺结核患者相比IL4,IL10表达水平差异无统计学意义（ $Z = -0.58$, -1.47 ; $P = 0.56, 0.14$ ）；IL6,IL8差异显著（ $Z = -3.93, -3.13$; $P = 0.00, 0.00$ ）；痰菌阴性与门诊随访肺结核患者相比IL4的表达水平无统计学差异（ $Z = -0.60$; $P = 0.55$ ）；IL6,IL10,IL8差异显著（ $Z = -6.55, -3.25, -5.84$; $P = 0.00, 0.01, 0.00$ ）；痰菌阳性与门诊随访肺结核患者相比IL4的表达水平无统计学差异（ $Z = -0.17$; $P = 0.87$ ）；IL6,IL10,IL8差异显著（ $Z = -4.72, -2.07, -4.17$; $P = 0.00, 0.04, 0.00$ ）；IL4,IL6,IL10,IL8表达水

平与痰菌含量无相关性 ($r=0.22, 0.25, -0.07, 0.16; P=0.19, 0.14, 0.66, 0.35$) 结论: IL4在活动与非活动性肺结核患者以及恢复期肺结核患者中的表达水平均无差异; 活动性肺结核患者IL6, IL10, IL8表达水平显著升高, 其升高水平与痰液中抗酸杆菌的含量无相关性。

关键词 肺结核; 细胞因子; 抗酸杆菌

2017—2023年江苏省无锡市利福平耐药肺结核患者 筛查及纳入治疗情况

高爱霞、赵新国、姜艳平、贺晨露
无锡市第五人民医院

目的: 通过分析2017—2023年江苏省无锡市利福平耐药肺结核患者的筛查、发现、纳入治疗情况及变化趋势, 进一步探索适合无锡市利福平耐药结核病防治的策略和依据。

方法: 采用回顾性研究方法, 从“中国疾病预防控制中心信息系统”子系统“结核病管理信息系统”中收集2017—2023年无锡市病原学阳性病案、耐药筛查信息、利福平耐药肺结核患者病案信息。采用描述性流行病学方法进行分析, 利用Excel2017软件整理数据, 并利用SPSS26.0软件进行学分析, 计数资料采用例数或率表示, 率的比较用 χ^2 检验, $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

结果: 2017—2023年无锡市共登记病原学阳性肺结核患者7120例, 开展利福平耐药筛查6666例, 总筛查率为93.62% (6666/7120), 新原学阳性患者利福平耐药筛查率为93.53% (5886/6293), 高危人群耐药筛查率为94.32% (780/827), 总耐药筛查率从2017年的71.19%升至2023年的100.00% (1152/1152), 其中是2017—2018年上升幅度最大, 从71.19% (603/847) 升至90.09% (873/969); 新患者病原学阳性耐药筛查率、高危人群耐药筛查率及总耐药筛查率均呈逐年上升趋势, 差异有统计学意义 (χ^2 趋势=573.081, $P<0.001$; χ^2 趋势=59.107, $P<0.001$; χ^2 趋势=627.143, $P<0.001$); 按药敏检测方法看, 2017—2023年分子生物学筛查比例逐年上升趋势, 从2017年的55.73% (324/603) 上升至2023年的99.74% (1149/1152), 大大缩短了利福平耐药肺结核患者的诊断时间。利福平耐药筛查6666例中共检出利福平耐药患者231例, 耐药检出率为3.47% (231/6666), 无锡市总体耐药检出率偏低, 无明显变化趋势, 2022年达到高峰为4.99% (49/981); 其中复治患者检出率13.46% (105/780) 明显高于初治患者检出2.14% (126/5886) (χ^2 趋势=263.824, $P<0.001$), 差异有统计学意义; 2017—2023年无锡市确诊的利福平耐药结核病患者纳入治疗率92.21% (213/231) 呈上升趋势, 差异有统计学意义 (χ^2 趋势=52.873, $P<0.001$), 其中2017—2018年上升幅度最大, 从36.84% (7/19) 上升到85.71% (18/21), 2020年纳入治疗率达97.56% (40/41), 2021—2023年纳入治疗率均为100% (分别为38/38、49/49、43/43)。

结论: 2017—2023年无锡市病原学阳性患者利福平耐药肺结核筛查率及纳入治疗率均升高, 呈上升趋势, 耐药结核病防治工作取得了一定的成效。今后工作中需继续坚持政府主导、多部门合作和全社会共同参与的原则, 切实落实结核病防治规划要求, 需进一步争取政策支持, 加强患者治疗管理和感染控制, 减少耐药结核病的发生。

关键词 肺结核; 利福平耐药; 筛查; 纳入治疗

结核分枝杆菌实验室诊断方法的综合评估

宋璐

丹阳市人民医院

结核分枝杆菌 (*Mycobacterium tuberculosis*, MTB) 是导致结核病的关键病原体, 其准确诊断对于结核病的治疗和防控至关重要。本研究旨在全面评估现有结核分枝杆菌实验室诊断方法的检测性能、临床应用价值及局限性, 为临床诊断和公共卫生决策提供科学的依据。通过系统回顾和分析近年来国内外在结核分枝杆菌诊断领域的研究文献, 涵盖直接涂片镜检 (抗酸染色、荧光染色)、结核分枝杆菌培养、分子生物学检测 (如Xpert MTB/RIF、Truenat MTB、恒温扩增技术、测序技术 (NGS) 等) 和免疫学检测 (如T细胞检测、结核感染T细胞斑点试验等) 等多种实验室检查技术。通过对每种方法的敏感性、特异性、检测时间、操作复杂性及成本等指标进行综合评估。结果显示涂片镜检操作简便、成本低, 但敏感性相对较低, 易漏诊, 且不易区分结核分枝杆菌和非结核分枝杆菌; 结核分枝杆菌培养是诊断结核分枝杆菌感染的“金标准”, 但是耗时比较长, 难以满足临床快速诊断的需求。分子生物学检测技术具有较高的敏感性和特异性, 能够在较短时间内得出检查结果, 如Xpert MTB/RIF可在2小时内同时检测出结核分枝杆菌和利福平耐药性, 为临床快速调整治疗方案提供支持; 免疫学检测方法侧重于评估机体对结核分枝杆菌的免疫反应, 有助于区分潜伏性感染和活动性感染, 但是免疫学检测结果受多种因素影响, 需要和其他检测方法联合应用以提高诊断的准确性。此外, 一些新型的生物标志物如结核分枝杆菌特异性蛋白、代谢产物等正在不断深入研究, 有望为结核病的早期诊断和病情监测提供新的手段。综上所述, 现有结核分枝杆菌实验室诊断方法各有优缺点, 单一检测方法难以满足所有临床需求, 联合应用多种诊断技术可显著提高结核分枝杆菌的诊断效率和准确性。目前肺外结核和儿童结核诊断灵敏度不足, 分子检测在资源有限地区普及率低等挑战依然存在。未来, 开发更加高效、便捷、特异性强的且开发成本低的诊断方法将是研究的重点方向, 以更好地应对结核病这一全球性公共卫生挑战, 为结核病的早期诊断、精准治疗和有效防控提供有力的技术支撑

关键词 结核分枝杆菌 实验室诊断方法

QFT-Plus在HIV/AIDS人群中结核筛查的应用价值分析

张启全、宋丽、刘成永、任波

徐州市传染病医院

目的: 结核病(TB)仍然是全球HIV/AIDS感染者的首要死因之一。HIV感染导致的细胞免疫缺陷, 尤其是CD4⁺ T细胞耗竭, 不仅大幅增加HIV感染者由潜伏性结核感染(LTBI)进展为活动性TB的风险, 也使得传统的结核菌素皮肤试验(TST)的敏感性显著下降, 假阴性率高。因此, 寻找更敏感、可靠的筛查方法对于改善HIV/AIDS人群的健康结局和实现“终结结核病流行”战略目标至关重要。QuantiFERON-TB Gold Plus (QFT-Plus)作为新一代 γ -干扰素释放试验(IGRA), 通过体外刺激全血中结核特异性T细胞并检测 γ -干扰素释放量来诊断结核感染。其独特之处在于包含TB1和TB2两个抗原管: TB1主要刺激CD4⁺ T细胞, TB2

则设计用于同时刺激CD4+和CD8+ T细胞。这一设计理论上可能更适用于免疫状态异常的HIV感染者。本文旨在系统分析QFT-Plus在HIV/AIDS人群中用于LTBI筛查和活性TB辅助诊断的应用价值。

方法：选择2024年我院确诊的住院和门诊HIV/AIDS患者450人，均行细菌学检查和分子诊断确认是否有分枝杆菌感染，按照CD4+T细胞计数 <100 个/ μL 和 ≥ 100 个/ μL 分为两组。同时所有患者进行QFT-Plus检测。分析QFT-Plus在HIV/AIDS患者合并MTB感染的应用价值。

结果：在2024住院和门诊HIV感染者450人中，行QFT-Plus方法 γ -干扰素释放试验阳性人数156人（34.7%）；按照CD4+T细胞计数 <100 个/ μL 和 ≥ 100 个/ μL 分为两组，前者102人（22.7%）显著高于后者（12.0%）；在450名确诊HIV感染者中，经病原学或分子诊断以及影像学等作为金标准综合确诊HIV和活性MTB合并感染者98人（确诊率21.7%）中QFT-Plus阳性96人，该方法的灵敏度为97.9%。QFT-Plus阳性60人未能确诊活性MTB感染，可以暂定潜伏性MTB感染（潜伏感染率13.3%）。

结论：QFT-Plus的高敏感性使得其阳性在HIV感染者中强烈提示存在结核感染（LTBI或活性TB），需结合临床症状、影像学（如胸部X线）、微生物学检查（痰涂片、培养、分子检测如Xpert MTB/RIF）等进行综合判断。QFT-Plus阳性是启动更深入结核病检查的重要指征。虽然QFT-Plus不能直接区分LTBI和活性TB，在HIV/AIDS合并TB疑似症状的患者中，一个阴性的QFT-Plus结果有助于降低活性TB的可能性，为临床决策（如是否继续其他诊断评估或考虑其他病因）提供参考。QFT-Plus凭借其操作便捷性、不受卡介苗接种影响等优势，显著提升了HIV/AIDS人群LTBI筛查和活性TB辅助诊断的效能，是优化该人群结核防控策略的关键工具。

关键词 QFT-Plus, HIV/AIDS, 结核

The diagnostic value of CD101 in smear negative pulmonary tuberculosis

Feifan Xu

The Sixth People's Hospital of Nantong

Objective To analyze the expression of CD101 in peripheral blood mononuclear cells (PBMCs), T cells and NK cells of smear negative pulmonary tuberculosis patients. To explore the value of CD101 alone or combined detection in the auxiliary diagnosis of smear negative pulmonary tuberculosis.

Methods: According to the exclusion criteria, 63 newly treated tuberculosis patients with negative smear results were included as the experimental group. 59 healthy people were included as the control group. The expression of CD101 in PBMCs of the two groups was detected by RT-qPCR. The expression of CD101 in T cells and NK cells was detected by flow cytometry. Flow cytometry was also used to detect the expression of Th1/Th2/Th17 related cytokines in different groups. Spearman analysis was used to analyze the correlation between CD101 expression, cytokines and clinical indicators in smear negative pulmonary tuberculosis patients. ROC curve was used to analyze the sensitivity and specificity of CD101 alone or in combination with other cytokines in diagnosing smear negative pulmonary tuberculosis.

Results: Compared with the control group, CD101 was highly expressed in peripheral blood mononuclear cells and on CD4+ T cells, but not on CD8+T cells and NK cells. Th1/Th2 related cytokines Interleukin-2 (IL-2), IL-4, IL-6, IL-10, Tumor necrosis factor (TNF- α), interferon- γ (IFN- γ) was highly expressed in smear

negative pulmonary tuberculosis patients. There was no significant difference in the expression of Th17-related cytokine (IL-17A). The expression of CD101 on CD4+ T cells of smear negative pulmonary tuberculosis patients was positively correlated with cytokines IL-2 and IFN- γ and clinical indicators Erythrocyte sedimentation rate (ESR) and C-reactive protein (CRP) with no statistical difference with other cytokines and other indicators. CD101 on CD4+ T cells could well distinguish smear negative pulmonary tuberculosis patients from healthy controls with sensitivity of 71.43%, specificity of 71.19% and area under curve (AUC) of 0.7604. The sensitivity of CD101+CD4+ (%) combined with IL-2 in the diagnosis of SN-TB was 73.25%, the specificity was 68.25% and the AUC was 0.7893. The sensitivity of CD101+CD4+ (%) combined with IFN- γ in the diagnosis of SN-TB was 72.88%, the specificity was 66.67% and the AUC was 0.7678. The sensitivity of CD101+CD4+ (%) combined with IFN- γ and IL-2 in the diagnosis of SN-TB was 74.58%, the specificity was 74.60% and the AUC was 0.7899.

Conclusions The expression of CD101 on CD4+ T cells could better distinguish smear negative pulmonary tuberculosis from healthy people with a certain correlation with the important cytokines IL-2 and IFN- γ of tuberculosis infection as well as ESR and CRP. Its diagnosis and combined cytokine diagnosis have well diagnostic efficacy. It might be an indicator of laboratory-assisted diagnosis and treatment of smear negative tuberculosis.

Key Words CD101; smear negative pulmonary tuberculosis; IL-2; IFN- γ ; molecular marker

呼吸运动康复护理在肺结核患者中的应用效果分析

徐迎

徐州市第七人民医院

目的：分析呼吸运动康复护理在肺结核患者中的应用效果。

方法：选取2020年7月至2022年1月在我院治疗的肺结核患者82例，以国际随机数字表法分为两组，即对照组（n=41）和观察组（n=41）。两组患者均给予常规护理，观察组同时给予呼吸运动康复护理。

结果：护理后，痰培养转阴率观察组95.12%高于对照组的80.49%（ $P<0.05$ ）；病灶吸收率，观察组92.68%高于对照组的75.61%（ $P<0.05$ ）；两组护理前的各项肺功能指标、各项GQOL-74评分，无显著差异（ $P>0.05$ ）；护理后，观察组肺功能指标、GQOL-74评分，均高于对照组（ $P<0.05$ ）。

结论：呼吸运动康复护理能够显著提升肺结核患者的康复速度，利于病灶快速吸收，从而显著改善其肺功能和生活质量。

关键词 呼吸运动；康复护理；肺结核；治疗效果；肺功能；生活质量

异烟肼联合利福平与注射用母牛分枝杆菌预防性治疗方案在结核潜伏感染患者中的应用效果对比

曹素珍、朱蔚岗、周稳兰、尹建红、卢应梅

泰州市第二人民医院

目的：分析异烟肼（INH）联合利福平（RFP）与注射用母牛分枝杆菌（微卡）预防性治疗方案在

治疗结核潜伏感染患者中的效果，并进行对比研究。

方法：选取我院2022年1月至2023年12月收治的结核潜伏感染患者72例，根据随机数字表法将其分为对照组（INH联合RFP预防性治疗）和观察组（注射用母牛分枝杆菌预防性治疗）各36例。治疗结核潜伏感染。观察比较两组免疫细胞水平、肝功能指标与不良反应。

结果：与治疗前比，治疗后两组成熟T淋巴细胞（CD3+）、诱导性T细胞（CD4+）和抑制性T细胞（CD8+）水平均升高（ $P<0.05$ ），且观察组高于对照组（ $P<0.05$ ）；与治疗前相比，治疗后观察组谷丙转氨酶（ALT）、谷草转氨酶（AST）、碱性磷酸酶（ALP）、总胆红素（STB）和 γ -谷氨酰转肽酶（ γ -GT）水平无差异（ $P>0.05$ ），但治疗后观察组上述指标水平均低于对照组（ $P<0.05$ ）；观察组不良反应总发生率低于对照组（ $P<0.05$ ）。

结论：母牛分枝杆菌预防性治疗能够增强结核潜伏感染患者的免疫能力，减少肝功能损伤、周围神经系统病变等不良反应。

关键词 异烟肼；利福平；注射用母牛分枝杆菌；结核潜伏感染

血清白蛋白水平与肺结核痰涂片转阴的相关性研究

夏淑林

泰兴市人民医院

目的：明确基线血清白蛋白水平与肺结核患者痰涂片转阴情况之间的具体关联，探究血清白蛋白是否能够作为预测肺结核患者治疗效果的有效生物标志物，为临床中肺结核患者的风险分层以及制定针对性的营养干预措施提供理论支持。

方法：本研究采用回顾性队列研究方法。研究对象为2012至2017年间在中国范围内选取的77例接受标准化直接观察治疗（DOTS）的涂片阳性成年肺结核患者。在研究对象的选择过程中，严格排除了合并有影响营养或免疫状态疾病的患者，以确保研究结果的准确性和可靠性。在研究过程中，治疗前对所有纳入研究的患者进行血清白蛋白水平的测量。以痰菌转阴，即患者在接受治疗5个月后，连续两次痰涂片检查结果均为阴性，作为本研究的主要终点。为了确定预测阈值及危险因素，本研究运用了多变量logistic回归和ROC分析等统计学方法。通过这些方法对收集到的数据进行深入分析，以挖掘血清白蛋白水平与痰涂片转阴之间的潜在关系。

结果：本研究对2012–2017年江苏省泰兴市人民医院77例接受标准化治疗的痰涂片阳性成年肺结核患者进行分析，探究基线血清白蛋白水平与痰涂片转阴的关系。结果显示，在规范抗结核治疗五月时，血清中基线白蛋白水平 $\geq 39.8\text{g/L}$ 的患者痰菌转阴率高达100%，而低水平白蛋白（ $<39.8\text{g/L}$ ）患者转阴率仅21.6%（ $P<0.001$ ），且不良事件发生率显著更高（54.1% vs. 17.5%， $P<0.001$ ），老年患者（ ≥ 60 岁）中该现象更突出。ROC分析表明，白蛋白预测痰菌转阴的准确性高（ $\text{AUC}=0.85$ ，灵敏度95.3%，特异度100%）。多变量logistic回归分析显示，高龄患者（ ≥ 60 岁）（ $\text{OR}=5.05$ ）和低水平白蛋白血症（每降低1g/L， $\text{OR}=0.90$ ）是独立危险因素，提示临床需对高龄伴低白蛋白血症患者加强关注与干预。

结论：血清白蛋白是肺结核预后的关键生物标志物，其水平的高低与肺结核患者的痰涂片转阴情况密切相关。通过检测血清白蛋白水平，可以对肺结核患者进行有效的风险分层，从而为患者制定更加个性化的治疗方案和营养干预措施提供依据。

关键词 肺结核 血清白蛋白 痰涂片转阴 抗结核治疗 营养不良

中医药在结核病全周期防治中的应用

曾令武、陆静、张耀刚

苏州市第五人民医院

[摘要] 核病是由结核分枝杆菌引起的慢性传染病。结核分枝杆菌从感染人体到发病，依据人体免疫状态不同，可分为感染被清除、结核潜伏感染、活动性结核病及陈旧性结核病等阶段。中医药凭借其科学的理论，在结核病的全周期治疗中展现出独特优势：1. 中医“治未病”理论防治结核潜伏感染。2. 中医辨证论治治疗活动性结核病，提质增效。3. “瘥后防复”理论促进肺康复，减少复发几率。中医药贯穿结核病的预防、治疗、康复全程，通过“扶正祛邪”动态调节机体免疫，弥补现代医学疗法的不足，未来需进一步探寻中西医协同机制研究，优化分期辨证方案。

关键词 中医药，结核病，全周期，治疗

PCR联合CRISPR技术检测尿液中TB-cfDNA 在肺结核中的诊断价值

周希科¹、彭燕¹、陆俊杰²、张莹莹¹、王芳²、裴豪^{1,2}

1. 无锡市第五人民医院（无锡市传染病医院）；2. 无锡市吐露港生物科技有限公司

目的：评价PCR联合CRISPR技术检测肺结核患者尿液中结核分枝杆菌游离DNA(TB-cfDNA)对结核病诊断的临床应用价值。

方法：前瞻性纳入246例疑似结核病患者（结核组138例：病原学确诊108例，临床诊断30例；非结核组108例），同期进行尿液PCR-CRISPR/Cas12b、痰液GeneXpert(Xpert)、痰液TB-DNA、痰培养和痰涂片检测。

结果：在结核组中，尿液PCR-CRISPR/Cas12b的诊断敏感度为76.1%（105/138）、痰液Xpert 73.9%（102/138），显著高于痰液TB-DNA 56.5%（78/138）、痰培养51.4%（71/138）和痰涂片27.5%（38/138）（均 $P < 0.01$ ），其综合正确率为83.7%，优于其他方法。所有分子检测方法的特异性均为100%（108/108）。在病原学阳性结核亚组（ $n=108$ ）中，尿液PCR-CRISPR/Cas12b与痰液Xpert的敏感度相近（97.2%，94.4%， $P > 0.05$ ），但显著高于其他传统检测方法（ $P < 0.001$ ）。在30例菌阴性结核患者中，仅尿液PCR-CRISPR/Cas12b检出10%的阳性病例（3/30）。

结论：PCR-CRISPR/Cas12b相较于传统的结核分枝杆菌检测技术具有较高的灵敏度和特异性。利用该技术检测尿液中TB-cfDNA克服了痰液样本在采集过程中的弊端，可为结核病的大规模筛查和临床诊断提供重要技术支持。该方法具有低成本和快速检测的特点，尤其适用于基层实验室的推广应用。

关键词 肺结核；CRISPR技术；PCR；游离DNA；结核分支杆菌

在快速城市化背景下中国城乡融合地区结核病的基因组流行病学研究：谱系特征与城乡传播差异分析

时金艳¹、石强¹、夏荣荣¹、陶必林²、张晓龙³、刘巧⁴、王建明⁵

1. 连云港市第四人民医院；2. 海军军医大学海军医学系；3. 江苏省苏州市疾病预防控制中心
4. 江苏省疾病预防控制中心；5. 南京医科大学公共卫生学院

中国快速城市化背景下，城乡融合地区的（URIAs）因人口流动频繁，已成为结核菌（M.tb）传播的关键区域，但其具体传播态势和谱系分布特征尚不清楚。本研究旨在利用全基因组测序（WGS）分析江苏省连云港市的结核菌株，重点阐明不同谱系或亚系的传播动态、城乡之间差异，揭示URIAs城镇与农村之间的传播机制，为URIAs的TB防控提供科学依据。

关键词 全基因组测序、城乡融合地区的人口流动、结核菌传播

护士主导的人文关怀护理精益化应用模式在耐多药/利福平耐药结核病患者中的应用效果

熊传叶、庄旭华、逯艳丽

徐州市传染病医院

目的：探讨护士主导的人文关怀护理精益化应用模式在耐多药/利福平耐药结核病患者中的应用效果。

方法：选取2024年01月至2024年12月我院结核科收治的60例耐多药/利福平耐药结核病患者作为研究对象，其中男32例，女28例，年龄18–65岁，平均年龄为（42.83 ± 11.98）岁；肺结核病史2个月~48个月，平均病史为（19.52 ± 10.90）个月。两组病人耐多药结核病史、年龄、性别等情况比较，差异均无统计学意义（P>0.05），具有可比性。将60例耐多药结核病人随机分为观察组和对照组各30例，对照组给予常规护理，从患者住院开始进行入院健康教育，住院期间给予用药指导、饮食指导、病情观察等，宣教耐多药结核病的传播途径及消毒隔离知识，出院时给予出院指导。观察组给予常规护理的基础上采用护士主导的人文关怀护理精益化应用模式，首先成立护士主导的人文关怀护理精益化应用小组，小组成员通过情景模拟、现场授课等形式进行培训，培训内容主要有咨询的技巧及耐多药结核病患者人文关怀护理内容，培训后通过理论及现场考核全部合格。其次诊断前的人文关怀护理精益化应用，建立良好的第一印象，通过阅读病例或向管床医生了解患者的病史、用药史、心理状况、家庭支持状况、目前的治疗情况，首先语言和非语言等技巧与患者建立良好的护患关系，同时注意保护患者隐私，取得患者信任；再次通过耐多药结核病咨询工具向患者讲解结核与耐多药结核的基本知识；再次，做好耐药结果告知及依从性风险评估，强化耐药结核病的知识、出现耐药结核病的原因、诊断为耐药结核病的方法、国家针对结核病患者提供的免费检查政策及动员患者配合开展密切接触者筛查，帮助患者分析具体原因，与管床医生共同帮助患者制定精准化治疗计划。开始治疗前给与患者制定服药计划，告知患者要坚持适

量、规律及全程服药的重要性以及不能按时服药的后果,引起患者重视,提高其服药的依从性。最后,出院前帮助患者回顾营养知识、家庭感染控制方法、按时复查的重要性,确认患者清楚自己的服药计划,填写患者服药卡预约复诊时间。比较两组患者服药依从性、痰液阴转率及患者满意度情况。

结果:观察组的服药依从性、痰液阴转率及患者满意度均优于对照组,两组比较差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论:护士主导的人文关怀护理精益化应用模式有利于提高耐多药/利福平耐药结核病患者服药依从性、痰液阴转率及护理满意度。

关键词 护士主导的人文关怀护理精益化应用模式;耐多药/利福平耐药结核;护士主导的人文关怀精益化护理

两种分子生物学方法检测结核分枝杆菌对利福平和异烟肼耐药性价值的探讨

胡琴琴、李金龙
南京市第二医院

目的:分析南京市结核分枝杆菌(MTB)的耐药情况,评价荧光PCR熔解曲线法和PCR-线性杂交酶显色法检测结核分枝杆菌对利福平(RFP)和异烟肼(INH)耐药的应用价值,为临床及时准确进行抗结核治疗提供依据。

方法:回顾性分析2017年1月-2021年3月南京市公共卫生医疗中心荧光PCR熔解曲线法和PCR-线性杂交酶显色法检测151例结核分枝杆菌临床分离株利福平和异烟肼耐药突变情况,以表型药敏试验结果为标准,评价以上两种分子生物学方法的诊断效能。

结果:151例结核分枝杆菌临床分离株中,6例为利福平单耐药,9例为异烟肼单耐药,43例为耐多药。以表型药敏试验检测结果为标准,荧光PCR熔解曲线法检测利福平耐药性的敏感度、特异度、符合率和Kappa值分别为100.00%、96.08%、97.35%和0.94;检测异烟肼耐药性的敏感度、特异度、符合率和Kappa值分别为94.23%、96.97%、96.02%和0.91。以表型药敏试验检测结果为标准,PCR-线性杂交酶显色法检测利福平耐药性的敏感度、特异度、符合率和Kappa值分别为89.79%、96.08%、94.04%和0.86;检测异烟肼耐药性的敏感度、特异度、符合率和Kappa值分别为93.75%、93.20%、93.38%和0.85。对荧光PCR熔解曲线法和PCR-线性杂交酶显色法检测利福平和异烟肼耐药性结果进行比较,差异无统计学意义($p>0.05$)。

结论:荧光PCR熔解曲线法和PCR-线性杂交酶显色法在检测利福平和异烟肼耐药方面具有同等的诊断效能,与表型药敏试验一致性较好,且弥补了表型药敏试验检测低度耐药菌株突变的局限性,可以用于结核病的早期快速诊断,为临床及时准确进行抗结核治疗提供了依据。

关键词 荧光PCR熔解曲线法;PCR-线性杂交酶显色法;结核分枝杆菌;利福平;异烟肼;耐药

TB-IGRA在艾滋病合并肺结核患者中的诊断价值 及其与CD4+T淋巴细胞计数的相关性分析

陈影影、李金龙
南京市第二医院

目的：探讨结核T细胞 γ -干扰素释放试验（TB-IGRA）在艾滋病合并肺结核患者中的诊断价值，并分析不同水平CD4+T淋巴细胞计数对TB-IGRA诊断结果的影响。

方法：整群选取2019年1月-2022年12月南京市第二医院收治的艾滋病合并可疑肺结核患者283例作为研究对象，依据临床诊断确诊为艾滋病合并肺结核患者111例为合并组，单纯艾滋病患者172例为单纯组。对两组患者均进行TB-IGRA检测，同时行结核抗体（TB-Ab）检查，并利用流式细胞仪测定合并组外周血CD4+T淋巴细胞计数。

结果：合并组TB-IGRA阳性率75.68%，明显高于单纯组15.12%，差异有统计学意义（ $\chi^2=104.127$, $P<0.001$ ）；合并组和单纯组TB-Ab阳性率分别为27.93%、20.35%，差异无统计学意义（ $\chi^2=2.167$, $P=0.141$ ）。合并组中TB-IGRA试验的敏感性、阳性预测值、阴性预测值、诊断准确性分别为75.68%、76.36%、84.39%、81.27%，均高于TB-Ab检测的27.93%、46.97%、63.13%、59.36%，差异均有统计学意义（ P 均 <0.05 ）；两种方法的特异性比较差异无统计学意义（ $\chi^2=1.614$, $P=0.204$ ）。合并组中CD4+T淋巴细胞计数 ≥ 200 个/ μL 时TB-IGRA检测阳性率（92.59%）显著高于CD4+T淋巴细胞计数 < 200 个/ μL （70.24%），差异有统计学意义（ $\chi^2=5.547$, $P=0.019$ ）。

结论：TB-IGRA检测方法有较高的诊断效能，且敏感性受外周血CD4+T淋巴细胞计数的影响，CD4+T淋巴细胞计数 ≥ 200 个/ μL 时TB-IGRA对艾滋病合并肺结核患者的阳性率明显提高。

关键词 艾滋病合并肺结核；TB-IGRA；结核抗体；CD4+T淋巴细胞计数

活动性结核病患者 γ -干扰素释放试验结果的 影响因素分析

周妍阳
苏州市第五人民医院

目的：揭示住院活动性结核病（active tuberculosis, ATB）患者 γ -干扰素释放试验（interferon- γ release assay, IGRA）结果的影响因素，进一步提升临床对IGRA结果的正确判读，为ATB的鉴别诊断提供参考。

方法：回顾分析2018年1月1日至2024年3月31日间在苏州市第五人民医院就诊的住院ATB患者的IGRA检测结果与患者基本信息、疾病诊断信息、检测时期、血常规指标和病原学指标的相关性。

结果：（1）总计纳入7657名ATB患者，其中男性5463名，女性2194名，不同IGRA检测结果的患者外周血细胞计数分布不同（ $P<0.0001$ ）。（2）单因素分析显示，年龄（ $P<0.0001$ ）、高血压（ P

<0.0001)、免疫缺陷综合征($P < 0.0001$)和检测时期($P < 0.0001$)是影响ATB患者IGRA检测结果的因素。(3)多因素分析显示,高龄($P < 0.0001$)、不同检测时期($P < 0.0001$)和中性粒细胞-淋巴细胞比值(neutrophil to lymphocyte ratio, NLR)($P < 0.0001$)升高是ATB患者IGRA阴性检出率升高的影响因素。(4)不同病原学检测结果的ATB患者IGRA检测结果分布具有显著性差异($P < 0.01$)。

结论:在ATB患者中,年龄、检测时期和NLR是影响IGRA检测结果的影响因素,提示临床在面对IGRA阴性的疑似患者时不能排除ATB的可能性,应联合实验室指标和影像学检查、综合分析患者的免疫状态以免延误治疗。

关键词 活动性结核病; γ -干扰素释放试验; 影响因素

基于网络APP的延续性护理在出院肺结核患者中的应用效果研究

熊传叶、逯艳丽

徐州市传染病医院

目的:分析在出院肺结核患者中实施网络APP进行延续性护理的价值。

方法:选择2019年2月至2020年9月我院收治的肺结核患者80例,以单双号法分为一般组和探讨组,各40例。纳入标准:患者确诊肺结核,无认知障碍。排除标准:合并多类器官障碍者。一般组男性22例,女性18例;年龄24~67岁,平均(42.84 ± 1.32)岁;探讨组男性23例,女性17例;年龄25~66岁,平均(42.78 ± 1.39)岁。两组患者一般资料对比,差异无统计学意义($P > 0.05$),具有可比性。探讨组实施基于网络APP的延续性护理,①构建延续性护理小组:小组成员为具备丰富经验的护理人员及护士长、主治医师。护士长应指导小组成员进行微信平台操作。②开设微信公众号:注册科室微信公众号,由专业人员对在微信公众号上发布疾病延续性护理相关文章,指导患者进行关注。护理人员指导患者及家属在平台上挂号。同时,应定期进行相关文章推送,定稿人员一般为护士长。内容包含用药指导、预防措施、疾病知识、饮食指导、相关注意事项、运动锻炼指导等。同时,建立患者微信群,鼓励患者在微信群中积极表达内心疑惑。医护人员需要对患者实现全面的疑问解答,拉近护理人员、患者的关系。同时,患者对医护人员应做好全方位沟通协调。③交流互动:APP中有人工咨询服务,医护人员可对小组成员实施健康指导,及时回答患者的问题。护理人员应对内容进行审核,随后由护士长对患者进行24h内在线解答。紧急情况下,应对患者进行直接答复,如患者年龄较大,理解能力差,护理人员应对患者实施一对一讲解,并与患者实施电话沟通,必要时做好视频指导,使患者积极掌握肺结核疾病知识,完善自身护理技巧,进一步提高整体自我护理能力。对照组实施常规护理,内容主要为电话随访。随访时间6个月,前2个月每周随访一次,针对患者的身体情况、生活方式实施有效指导;2个月每月登门随访一次,面对面沟通,观察病情恢复情况。同时,告知患者注意事项,并嘱咐患者定期回院复查。对比两组的生命质量评分、睡眠质量评分、护理满意度及护理依从性。

结果:探讨组生命各项质量评分高于一般组,睡眠各项质量评分明显低于一般组,护理满意度高于一般组,护理依从性高于一般组,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。

结论:在出院肺结核患者中实施网络APP的延续性护理能够使患者整体出院后生命质量提高,并改善其睡眠质量。

关键词 延续性护理; 出院肺结核; 网络APP; 应用效果

涂片抗酸染色与 GeneXpert MTB/RIF、罗氏法分枝杆菌培养在结核病特殊标本检测的效能分析

张硕、刘慧梅

徐州市传染病医院

目的：肺外结核（extrapulmonary tuberculosis, EPT）的感染途径和感染部位多样，病原学方法诊断肺外结核难度较大，比较涂片抗酸染色与Gene Xpert MTB/RIF(简称“Xpert”)、罗氏分枝杆菌培养检测结核病特殊标本的诊断价值，寻求能够快速精准诊断肺外结核的试验方法。

方法：收集2021年1月至2024年3月在徐州市第七人民医院收治的疑似结核病人并在病灶部位获取特殊样本的患者164例，（包括胸腹水标本90例，脑脊液18例，24 h尿沉渣标本12例，组织标本8例，淋巴结脓液标本36例）分别对样本进行涂片抗酸染色、Xpert、罗氏法分枝杆菌培养三项检测，以临床诊断为参考标准，比较三种方法在结核病特殊样本中诊断的效能，对比其灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值、Kappa值，查看其是否具有临床应用价值。

结果：涂片抗酸染色、Xpert、罗氏法分枝杆菌培养的灵敏度分别为36.28%（41/113）、59.29%（67/113）、33.63%（38/113），GeneXpert MTB/RIF的灵敏度均高于其他2种方法，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。涂片法与Gene Xpert MTB/RIF、罗氏培养法特异度比较差异无统计学意义（ $\chi^2 = 0$, $P = 1$ ）。阴性预测值比较：Xpert检测 > 涂片法 > 罗氏培养法，三种检测中GeneXpert MTB/RIF的准确率最高，为59.29%。同时67份GeneXpert 阳性标本中，60份利福平敏感，2份利福平耐药，5份利福平耐药性不明确。

结论：GeneXpert MTB/RIF与涂片找抗酸杆菌及罗氏分枝杆菌培养相比，涂片抗酸染色法操作简便、费用低廉，适用于资源有限的基层医疗机构，但灵敏度较低，易出现假阴性结果。罗氏法分枝杆菌培养作为金标准，成本适中，尽管检测周期较长，但在药敏试验中不可替代，适用于复杂和疑难病例的确诊。GeneXpert MTB/RIF具有较高的灵敏度、特异度，三种检测中GeneXpert MTB/RIF可较短时间内完成检测及进行结核菌耐药性检测，对结核病特殊标本病原学诊断的优势更为明显，在量较少的标本中可作为首选方法之一。合理组合使用这三种检测方法，可以在保证诊断准确性的同时，优化成本效益。

关键词 涂片抗酸染色； GeneXpert MTB/RIF；罗氏法；分枝杆菌；培养；结核病；特殊标本；检测

慢性支气管炎合并肺结核患者的护理措施及效果分析

李琼

徐州市传染病医院

目的：分析对慢性支气管炎合并肺结核患者实施不同护理措施的方法，比较其临床效果。

方法：104例慢性支气管炎合并肺结核患者，均为2021年2月–2022年2月在本院就诊，临床确诊，并接受住院治疗的患者。将上述患者按照抽签法随机分为2组（对比组和观察组），每组50例。治疗过程中，对比组患者施以常规护理措施，观察组患者施以整体护理措施。评估两组护理有效率，比较两组住

院时间以及护理前后的生活质量，并于住院前调查患者护理满意度。

结果：对比组的护理总有效率为96.15%，明显高于对照组的82.69%，差异有统计学意义，（ $\chi^2=4.981$ ， $P=0.026$ ）。比较护理前两组患者的生活质量评分结果，可得组间差异无统计学意义，（ $P>0.05$ ）；护理后开展组间评分比较，以及护理前后组内评分结果比较，并检验相应的组间、组内统计学差异，可得差异均有统计学意义，（均 $P<0.001$ ）。比较平均住院时间组间差异并进行统计学检验，结果显示对比组为（ 13.36 ± 2.01 ）天，明显长于观察组（ 9.32 ± 1.87 ）天，（ $t=10.612$ ， $P<0.001$ ）。开展护理满意度调查，比较评分结果的组间差异并进行统计学检验，结果显示对比组评分为（ 83.33 ± 2.08 ）分，明显低于观察组（ 95.36 ± 1.85 ）分，（ $t=31.164$ ， $P<0.001$ ）。

结论：对慢性支气管炎合并肺结核患者实施整体护理可以获得理想效果。

关键词 慢性支气管炎；肺结核；整体护理；护理总有效率；生活质量；满意度

老年肺结核患者的临床特点及护理对策分析

王娜

徐州市传染病医院

目的：临床分析老年肺结核患者的临床特点及护理对策。

方法：选取2019年12月至2022年12月期间本院收治的80例老年肺结核患者作为研究对象。采用随机分组法将患者分成对照组和实验组，每组各40例。对照组给予常规护理干预，实验组给予多学科团队协作护理。分析比较两组的生活质量、治疗依从性以及护理满意度。

结果：实验组的生活质量显著优于对照组（ $P<0.05$ ）。实验组的治疗依从率显著高于对照组（ $P<0.05$ ）。实验组的护理满意度显著高于对照组（ $P<0.05$ ）。

结论：多学科团队协作护理对于老年肺结核患者，能提高生活质量，提高治疗依从性，提升护理满意度。

关键词 老年肺结核；临床特点；多学科团队协作护理；负面情绪；依从性

基于可解释机器学习的中青年初治肺结核患者治疗失败预测模型构建与验证

刘慧梅、席向宇、张硕、许昌伟、韩溪溪

徐州市第七人民医院

目的：基于机器学习构建中青年初治肺结核患者治疗失败预测模型，并验证其效能。

方法：选取2022年1月~2024年6月徐州市第七人民医院收治的760例中青年初治肺结核患者作为研究对象，按照7:3将患者随机分为建模组（ $n=532$ 例）和验证组（ $n=228$ 例）。基于建模组数据，采用最小绝对收缩和选择算子（LASSO）回归筛选患者治疗失败特征变量，选用随机森林（RF）、支持向量机（SVM）、逻辑回归（LR）、朴素贝叶斯（NB）、人工神经网络（ANN）、梯度提升机（GBM）6种机器学习构建患者治疗失败预测模型。采用受试者工作特征（ROC）曲线

下面积（AUC）、校准曲线、决策曲线评估模型效能。另外，采用沙普利可加性解释（SHAP）方法解释各变量对最优模型结果的贡献。

结果：LASSO 回归筛选出5项非零系数指标，包括居住地、吸烟史、痰菌阳性、空洞、CONUT评分，以此构建的6种机器学习模型中，GBM模型AUC、F1分数均最高。ROC曲线显示，GBM模型在建模组、验证组中的ROC曲线下面积分别为0.881、0.865。校准曲线显示，GBM模型在建模组、验证集中的校准度较好（ $X^2=8.638$ ， $P=0.374$ ； $X^2=4.786$ ， $P=0.780$ ）。决策曲线显示，GBM模型在建模组、验证组中均具有较广的临床净收益。SHAP分析显示，对GBM模型预测结果贡献程度从高到低分别为CONUT评分、居住地、空洞、痰菌阳性、吸烟史。

结论：本研究构建的GBM模型能有效预测患者治疗失败风险，有助于指导临床实践。

关键词 中青年；肺结核；初治；治疗失败；危险因素；机器学习

左氧氟沙星长疗程与短疗程联合四联抗结核方案 对难治性肺结核患者免疫功能、疗效及痰菌转阴率的 对比分析

许昌伟

徐州市传染病医院

目的：对比分析左氧氟沙星长疗程与短疗程联合四联抗结核方案对难治性肺结核患者免疫功能、疗效及痰菌转阴率的影响。

方法：选取2022年1月~2023年12月本院收治的94例难治性肺结核患者，遵随机数字表法分为47例短疗程组（四联抗结核方案+2个月左氧氟沙星治疗）和47例长疗程组（四联抗结核方案+6个月左氧氟沙星治疗）。比较两组间临床疗效，痰菌转阴率、病灶吸收有效率以及治疗前后免疫功能变化，记录两组不良反应。

结果：长疗程组总有效率（97.87%）显著高于短疗程组总有效率（82.98%）（ $P<0.05$ ）；长疗程组和短疗程组在治疗2个月和治疗4个月痰菌转阴率无明显差异（ $P>0.05$ ），在治疗2个月病灶吸收有效率无明显差异（ $P>0.05$ ），长疗程组在治疗6个月痰菌转阴率显著高于短疗程组（ $P<0.05$ ），在治疗2个月和治疗4个月病灶吸收有效率显著高于短疗程组（ $P<0.05$ ）；治疗后，长疗程组和短疗程组IL-4和CD8+均较治疗前降低（ $P<0.05$ ），且长疗程组显著低于短疗程组（ $P<0.05$ ），CD4+均较治疗前升高（ $P<0.05$ ），且长疗程组显著高于短疗程组（ $P<0.05$ ）；长疗程组和短疗程组不良反应发生情况无明显差异（ $P>0.05$ ）。

结论：左氧氟沙星长疗程联合四联抗结核方案治疗难治性肺结核患者较短疗程疗效更佳，痰菌转阴率更高，对免疫功能改善情况更优。

关键词 左氧氟沙星；疗程；四联抗结核方案；难治性肺结核；痰菌转阴率

南京地区成人2型糖尿病合并初治肺结核患者中Hr-TB的危险因素分析

郭晶

南京市第二医院

目的：利福平敏感异烟肼耐药结核病（Rifampicin-susceptible and isoniazid-resistant tuberculosis, Hr-TB）的流行加剧了全球结核病防控的复杂性。2型糖尿病与结核病共患病已成为全球公共卫生领域的重大挑战，其在耐多药肺结核方面尤为突出，且存在铁代谢异常的特点。铁在结核分枝杆菌的生存、增殖及耐药性形成中起关键调控作用。2型糖尿病、Hr-TB、铁三者的关系尚未完全阐明。本研究旨在探讨2型糖尿病合并肺结核患者Hr-TB危险因素，分析与血清铁水平的关系；为疾病防控和个体化治疗提供理论依据。

方法：回顾性收集南京市第二医院（江苏省传染病医院）2019年01月–2021年12月期间478例2型糖尿病合并肺结核患者，剔除复治患者67例及资料不完整数据170例后纳入241例2型糖尿病合并初治肺结核为研究对象，依据药物敏感试验分为2组，其中Hr-TB组33例，DS-TB组208例。纳入免疫、血清铁水平等作为自变量，采用二元logistic回归分析方法进一步筛选成人2型糖尿病合并初治肺结核患者中Hr-TB的危险因素，并进行分层分析。

结果：在2型糖尿病合并初治肺结核患者中，单因素分析结果显示，空腹血糖控制不达标、血清铁 $\geq 14.3 \mu\text{mol/l}$ 和饮酒史的 P 均 < 0.1 ，因此纳入多因素logistic回归分析调整饮酒史因素后，空腹血糖控制不达标（ $OR=2.296$ ，95% CI: 1.073~4.915， $P=0.032$ ）和血清铁 $\geq 14.3 \mu\text{mol/l}$ （ $OR=2.418$ ，95% CI: 1.048~5.577， $P=0.038$ ）是成人2型糖尿病合并初治肺结核患者中Hr-TB的危险因素。

结论：在成人2型糖尿病合并初治肺结核患者中，血清铁 $\geq 14.3 \mu\text{mol/l}$ 与出现Hr-TB密切相关。

关键词 结核病，2型糖尿病，利福平敏感异烟肼耐药，铁

不同营养评估指标对初治结核病患者抗结核药物耐受情况分析

田雪婧、姜艳平、程亮、赵新国

无锡市第五人民医院

目的：通过比较预后营养指数（PNI）、营养控制状态评分（CONUT）、那不勒斯预后评分（NPS）和高敏改良格拉斯哥预后评分（HS-mGPS）对初治结核病患者一线抗结核药物耐受性的预测价值，协助评估患者营养状态，制定抗结核治疗方案。

方法：回顾性分析无锡市第五人民医院2024年1月至2024年12月住院的285例初治结核病患者临床资料，分别应用PNI、CONUT、NPS及HS-mGPS四种营养评价方法分析患者用药前的基线营养情况，并根据患者治疗是否只使用了一线抗结核药分为一线药物治疗组和非一线药物治疗组，分析比较两组患者

临床特征资料是否存在差异，采用受试者工作特征（ROC）曲线计算不同营养评估指标的最佳截断值，比较不同评价方法的预测效能，多因素 Logistic 回归模型分析不同营养评估指标与初治抗结核治疗药物的相关性。

结果：非一线抗结核药物患者有79例，占27.7%；一线药物治疗患者206例，占72.3%。两组间临床特征进行比较，存在高龄、住院天数长、住院费用高、高血压、慢性肾脏疾病、菌阳、胸腔积液的患者使用非一线抗结核药物的风险增加，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。合并男性、糖尿病、恶性肿瘤、慢性肝炎、肺空洞、肺外结核对患者初治抗结核方案无明显影响。采用ROC 曲线计算 PNI、CONUT、NPS、HS-mGPS 预测患者使用非一线抗结核药物的最佳截断值分别为 40.7、3.5 分、2.5 分、1.5 分，依据截断值将不同营养评估方法在一线药物治疗组和非一线药物治疗组间比较，结果显示，低 PNI、高 CONUT 评分、高 NPS 评分和高 HS-mGPS与患者使用非一线抗结核药物相关（ $P<0.05$ ）。多因素 Logistic 回归分析结果显示，PNI（OR=1.118，95%CI=1.009~1.238， $P=0.032$ ）、住院天数（OR=0.894，95%CI=0.832~0.961， $P=0.002$ ）是患者使用非一线抗结核药的独立影响因素。

结论：PNI、CONUT、NPS 及 HS-mGPS四种营养评估指标中，PNI预测效能最高，可作为初治结核病患者使用非一线抗结核药物的独立预测因子。

关键词 结核；抗结核药物；营养评估指标；营养状况；预后营养指数

超声引导下经皮穿刺置管灌洗在腰大肌脓肿治疗中的临床应用

嵇辉、李亚洲、芮敏劼、胡恩强、杨增敏
南京市中西医结合医院

目的：本研究旨在评估超声引导下经皮穿刺置管灌洗术在腰大肌脓肿治疗中的临床应用价值。

方法：本研究选取2018年1月至2022年12月期间，我院收治的24例腰大肌脓肿患者作为研究对象。所有患者均在超声引导下接受经皮穿刺置管灌洗治疗，采用7F至12F规格的猪尾巴导管进行穿刺置管，并外接引流袋。本研究详细观察并记录了患者的治疗效果。

结果：所有患者均一次性成功完成穿刺，并置入2条引流管。术后每日采用稀释的利福平或异烟肼溶液进行灌洗，患者术后临床症状显著改善。引流管留置时间为2至3周，引流液清亮，体温恢复正常，连续2次ESR、CRP指标稳步下降后拔除引流管。随访观察2年，2例患者复发并再次接受置管引流术，其余患者均未见复发。

结论：超声引导下经皮穿刺置管引流术治疗腰大肌脓肿显示出其安全性和可靠性，疗效明确，具有显著的临床应用价值。

关键词 超声引导；灌洗；腰大肌脓肿

Comprehensive Analysis of Clofazimine-Related Adverse Events: Signal Detection and Clinical Implications from the FAERS Database

Ruoyu Zhang, Meiyang Wu, Lingwu Zeng
9/5000 Suzhou Fifth People's Hospital

Objective: This study aimed to evaluate the safety profile and clinical implications of Clofazimine (CFZ) by analyzing adverse event (AE) data from the FAERS database, focusing on the frequency, severity, and association of CFZ-related AEs with clinical outcomes.

Methods: We collected CFZ-related AE data from March 2004 to March 2025 using the FAERS database. Data cleaning was conducted to remove duplicates and ensure data accuracy, and cases were selected based on their primary suspect (PS) role for BDQ. Adverse events were coded according to the Preferred Term (PT) and classified by the System Organ Class (SOC) using MedDRA version 27.1. A multi-method approach was used to detect AE signals using four disproportionality analysis (DPA) methods: Reporting Odds Ratio (ROR), Proportional Reporting Ratio (PRR), Multi-item Gamma Poisson Shrinker (MGPS), and Bayesian Confidence Propagation Neural Network (BCPNN). These methods were employed to improve the reliability and accuracy of signal detection.

Results: From March 2004 to March 2025, 22,775,812 case reports were identified, of which 1,287 were included after data cleaning. The CFZ-related AEs were classified into 995 severe events and 292 non-severe events. Male patients accounted for 43.0% of the cases, and female patients accounted for 49.6%. Age data was unspecified in 7.5% of reports, with the majority of patients (46.5%) aged between 15–65 years. The majority of reports came from the United States, India, and Japan. The most common severe AEs were those leading to hospitalization (233 cases, 18.1%), followed by fatal outcomes (149 cases, 11.6%). Signal mining identified significant associations with organ systems such as the respiratory, gastrointestinal, hepatobiliary, and renal systems, which were not fully outlined in the CFZ labeling. Notably, respiratory and thoracic disorders had a ROR of 2.70, and hepatobiliary disorders had a ROR of 2.57. In assessing clinical factors associated with mortality, conditions such as cardiac arrest ($p = 0.000719$) and pneumonia ($p = 0.000739$) were strongly correlated with fatal outcomes. Conditions like septic shock ($p = 0.049989$) and dyspnea ($p = 0.046971$) also showed marginal associations, while other conditions such as pulmonary embolism ($p = 0.056$) and renal failure ($p = 0.255$) were not significantly linked to mortality.

Conclusion: This study provides crucial insights into CFZ's safety profile, revealing a wide range of adverse events beyond those listed in the drug's official labeling. The analysis highlights respiratory, gastrointestinal, hepatobiliary, and renal system involvement, with significant associations between cardiac arrest and pneumonia with increased mortality. These findings underscore the importance of close monitoring of CFZ-treated patients for these critical conditions, offering valuable guidance for clinical practice and future drug safety evaluations.

Key Words Clofazimine; Adverse Events; FAERS Database; Drug Safety Evaluation

宏基因组二代测序对脊柱感染的诊断价值

芮敏劼、杨增敏、嵇辉、胡恩强、王慎
南京市中西医结合医院

目的:探讨宏基因组二代测序(metagenomics next-generation sequencing, mNGS)技术在脊柱感染患者中的诊断价值。

方法:回顾性分析2019年1月至2024年1月在南京中医药大学附属南京市中西医结合医院就诊的脊柱感染患者76例,所有研究对象同时行BACTEC MGIT960液体培养(简称“MGIT960培养”)、GeneXpert MTB/RIF检测(简称“Xpert”检测)和脊柱感染mNGS检测。分析三种检测方法的阳性预测值、阴性预测值、敏感度及特异度。

结果:mNGS检测脊柱感染患者病灶标本结果中,化脓性细菌34例(45.5%)、分枝杆菌31例(41.5%)、真菌9例(12.5%)、放线菌2例(0.6%)。31例分枝杆菌中结核分枝杆菌10例,占32.4%。mNGS、Xpert和脊柱感染MGIT960培养阳性预测值分别为87.7%脊柱感染(95%CI:77.6%~93.7%)、100.0%(95%CI:93.5%~100.0%)、100.0%(95%CI:89.4%~100.0%),mNGS、Xpert和MGIT960培养的阴性预测值分别为94.1%(95%CI:88.9%~97.0%)、98.3%(95%CI:93.8%~99.6%)和83.2%(95%CI:78.5%~87.1%)。mNGS与Xpert检测的敏感度分别为87.7%(95%CI:76.3%~94.9%)、96.5%(95%CI:87.9%~99.6%),高于脊柱感染MGIT960培养[57.9%(95%CI:44.1%~70.9%)]。mNGS、Xpert和MGIT960培养的特异度分别为94.1%(95%CI:88.3%~97.6%)、100.0%(95%CI:96.9%~100.0%)、100.0%(95%CI:96.9%~100.0%)。

结论:mNGS在脊柱感染患者中具有较高的诊断价值。

关键词 脊柱感染;宏基因组二代测序;诊断技术

EBUS-TBNA冲洗液 用于诊断胸内淋巴结结核病的价值研究

牛亚燕、严瑾瑜、唐佩军、冯彦军
苏州市第五人民医院

目的:探索EBUS-TBNA冲洗液用于诊断胸内淋巴结结核病的价值。

方法:采用回顾性研究2018年2月至2024年7月苏州市第五人民医院诊治的疑似纵隔或肺门淋巴结结核患者134例,所有患者均进行了EBUS-TBNA检查。收集患者通过EBUS-TBNA获取的淋巴结组织样本送TB-DNA、Xpert MTB/RIF、组织病理学检测的临床资料;分析确诊的胸内淋巴结结核患者的临床特征;对比TB-DNA或Xpert MTB/RIF单独检测EBUS-TBNA冲洗液和活检组织标本检测结核的敏感度差异。

结果:134例患者中,71例(53%)被诊断为非结核病,63例(47%)被诊断为结核病。确诊的63例胸内淋巴结结核患者中,单纯的胸内淋巴结结核患者仅有11例,而合并肺结核患者的有52例。单纯的胸内淋巴结结核患者和合并肺结核的胸内淋巴结结核患者仅在呼吸系统症状方面有所差异,在性别、年龄、BMI、结核中毒症状、炎症指标、营养状况、白细胞、中性粒细胞、淋巴细胞及淋巴细胞亚

群等多个方面都无明显差异。在确诊的63例胸内淋巴结结核患者中，穿刺针冲洗液和活检组织同时进行了TB-DNA检测的有32例，穿刺针冲洗液的TB-DNA检测阳性率为71.9%，而活检组织的TB-DNA检测阳性率为46.9%，两者比较具有显著差异。穿刺针冲洗液和活检组织同时进行了Xpert MTB/RIF检测的有31例，穿刺针冲洗液的Xpert MTB/RIF检测阳性率为77.4%，而活检组织的Xpert MTB/RIF检测阳性率为41.9%，两者比较也具有显著差异。

结论：胸内淋巴结结核是临床中诊断难度很大的一种疾病，我们发现无论是使用Xpert MTB/RIF法还是使用TB-DNA法，EBUS-TBNA冲洗液的阳性率均明显高于EBUS-TBNA获得活检组织标本，研究表明EBUS-TBNA冲洗液对胸腔内淋巴结结核的诊断更具有重要意义，且冲洗液的分析具有额外优势，因为它不需要额外的穿刺或操作时间。

关键词 胸内淋巴结结核，EBUS-TBNA冲洗液，TB-DNA，Xpert MTB/RIF

DRG支付背景下对耐药肺结核患者 医疗质量评价指标变化的实证分析

胡一丹、潘韵芝

苏州市第五人民医院

目的：为分析疾病诊断相关分组（diagnosis related group, DRG）支付方式对耐药肺结核住院患者医疗质量评价指标的变化情况，为优化医疗支付方式改革和医疗质量提供依据。

方法：回顾性分析2019年1月1日—2024年9月30日就诊于江苏省某三级甲等传染病专科医院肺结核患者的病案首页信息，采用自身配对设计，以2022年10月1日为干预点，对比同一患者在DRG实施前（2019年1月1日-2022年10月1日）和DRG实施后（2022年10月1日-2024年9月30日）的病案首页信息，通过间断时间序列回归模型分析DRG实施前后医疗质量评价指标（住院总费用、人日均住院费用、药品费用、药占比、用药品种数、住院天数、严重并发症或合并症(major complication or comorbidity ,MCC)发生次数、并发症或合并症(complication or comorbid - dity , CC)发生次数、30天再入院次数）的变化。

结果：共纳入114例患者，其中男性占比68.4%，女性占比31.6%，其中耐药结核患者14例。DRG实施后，肺结核患者的住院总费用（ $\beta_2 = -5839.76$, $P < 0.01$ ）、人日均住院费用（ $\beta_3 = -34.21$, $P = 0.02$ ）、药品费用（ $\beta_2 = -2866.98$, $P < 0.01$ ）、用药品种数（ $\beta_2 = -6.19$, $P < 0.01$ ）、住院天数（ $\beta_2 = -6.11$, $P < 0.01$ ）显著减少，30天再入院次数（ $\beta_1 = 0.04$, $P < 0.01$ ）显著增加。其中DRG的实施对耐药结核患者的干预效果尤为显著，医疗资源利用、医疗服务效率和医疗服务质量的各项指标均有了明显的改善（ $P < 0.05$ ）。耐药结核患者的药品费用（ $\beta_2 = -411.30$, $P = 0.02$ ）、住院总费用（ $\beta_2 = -18484.24$, $P < 0.01$ ）、药占比（ $\beta_2 = -1.76$, $P < 0.01$ ）、合并MCC/CC发生次数（ $\beta_2 = -0.03$, $P = 0.02$ ）、用药品种数（ $\beta_2 = -12.94$, $P < 0.01$ ）、住院天数（ $\beta_2 = -13.34$, $P < 0.01$ ）显示出显著下降。

结论：DRGs支付模式推动了医疗机构转变医疗服务模式，减轻了患者的经济负担。

关键词 DRG支付；肺结核；耐药结核；医疗质量；实证分析

Regulation of TIM-3 Expression in Macrophages by I κ B ζ during Mycobacterium tuberculosis Infection: Mechanisms and Functional Implications

Yayan Niu, Yanjun Feng, Lin Yao, Yaping Zhang, Meiyong Wu, 张建平, 唐佩军
The Fifth People's Hospital of Suzhou

Objective: The host immune response is the decisive factor controlling the progression of tuberculosis. Macrophage (M) activation and their induction of type I immune responses are pivotal for host control of tuberculosis (TB); however, TIM-3 expression in M significantly suppresses their activation. Therefore, elucidating the regulatory factors and mechanisms governing TIM-3 expression in M holds critical innovative value for advancing TB prevention and therapeutic strategies.

Methods: Flow cytometry was employed to quantify the proportion and abundance of TIM-3 macrophages in tuberculosis patients. Single-cell sequencing analysis delineated the expression profiles of I κ B ζ , TIM-3, and functional markers (including immune molecules and transcription factors) across macrophage subsets, further elucidating the correlations between I κ B ζ /TIM-3 and macrophage phenotypic/functional characteristics.

Results: Single-cell sequencing and analysis of peripheral blood samples from TB patients revealed that I κ B ζ expression is higher in pro-inflammatory M1-like macrophages than in M2-like macrophages. Stimulation with IL-36 γ significantly upregulates Nfkbiz (I κ B ζ) expression in macrophages activated by tuberculosis antigens, suppresses expression of the TIM-3-encoding gene Havcr2, and concurrently elevates levels of pro-inflammatory effector molecules and associated transcription factors in macrophages. Knockout of the Nfkbiz leads to significantly increased Havcr2 expression, accompanied by markedly reduced levels of pro-inflammatory effector molecules and relevant transcription factors in macrophages stimulated with tuberculosis antigens.

Conclusion: I κ B ζ appears to be a key transcription factor suppressing TIM-3 expression; Strategic upregulation of I κ B ζ (e.g., via IL-36 γ) may enhance macrophage activation and effector functions through inhibition of TIM-3. Therefore, this discovery offers novel potential targets and therapeutic approaches for the prevention and treatment of tuberculosis

Key Words Tuberculosis; Macrophage; TIM-3; I κ B ζ ; Type I immune responses

Regulation of TIM-3 Expression in Macrophages by I κ B ζ during Mtb Infection: Mechanisms and Functional Implications

Yayan Niu, Yanjun Feng, Lin Yao, Yaping Zhang, Meiying Wu, Jianping Zhang, Peijun Tang
Department of Tuberculosis, The Fifth People's Hospital of Suzhou, The Affiliated Infectious Diseases Hospital of Soochow University, Suzhou 215000, China

Objective: The host immune response is the decisive factor controlling the progression of tuberculosis. Macrophage (M) activation and their induction of type I immune responses are pivotal for host control of tuberculosis (TB); however, TIM-3 expression in M significantly suppresses their activation. Therefore, elucidating the regulatory factors and mechanisms governing TIM-3 expression in M holds critical innovative value for advancing TB prevention and therapeutic strategies.

Methods: Flow cytometry was employed to quantify the proportion and abundance of TIM-3 macrophages in tuberculosis patients. Single-cell sequencing analysis delineated the expression profiles of I κ B ζ , TIM-3, and functional markers (including immune molecules and transcription factors) across macrophage subsets, further elucidating the correlations between I κ B ζ /TIM-3 and macrophage phenotypic/functional characteristics.

Results: Single-cell sequencing and analysis of peripheral blood samples from TB patients revealed that I κ B ζ expression is higher in pro-inflammatory M1-like macrophages than in M2-like macrophages. Stimulation with IL-36 γ significantly upregulates Nfkbiz (I κ B ζ) expression in macrophages activated by tuberculosis antigens, suppresses expression of the TIM-3-encoding gene Havcr2, and concurrently elevates levels of pro-inflammatory effector molecules and associated transcription factors in macrophages. Knockout of the Nfkbiz leads to significantly increased Havcr2 expression, accompanied by markedly reduced levels of pro-inflammatory effector molecules and relevant transcription factors in macrophages stimulated with tuberculosis antigens.

Conclusion: I κ B ζ appears to be a key transcription factor suppressing TIM-3 expression; Strategic upregulation of I κ B ζ (e.g., via IL-36 γ) may enhance macrophage activation and effector functions through inhibition of TIM-3. Therefore, this discovery offers novel potential targets and therapeutic approaches for the prevention and treatment of tuberculosis.

Key Words Tuberculosis; Macrophage; TIM-3; I κ B ζ ; Type I immune responses

中性粒细胞及自然杀伤细胞亚群在肺结核病灶中的变化及其与疾病严重程度的关系研究

周云云、孙信林、贾莉莉、王万娥
淮安市第四人民医院

目的：探讨中性粒细胞及NK细胞亚群在肺结核病灶中的变化，及其与疾病严重程度的关系，增进对结核病发病机制的了解。

方法：回顾性分析2022年8月—2023年8月在淮安市第四人民医院结核科就诊的247例肺结核患者的临床病史资料，根据疾病的严重程度将247例患者分为轻度（5例）、中度（234例）和重度（8例）3组，测定3组患者结核病灶中的中性粒细胞及CD16 CD56 NK细胞亚群浓度，用皮尔逊相关系数（Pearson）分析其与疾病严重程度的相关性。用受试者工作特征（ROC）曲线分析中性粒细胞和CD16 CD56 NK细胞亚群对肺结核鉴别诊断的价值及准确性。

结果：轻度、中度和重度肺结核患者病灶中的中性粒细胞浓度呈现逐渐增加趋势，分别为（ 5.18 ± 1.230 ）、（ 6.56 ± 1.37 ）和（ 7.48 ± 1.44 ）。CD16 CD56 NK细胞亚群浓度也表现为递增趋势，分别为（ 13.24 ± 1.22 ）、（ 19.82 ± 1.48 ）和（ 44.36 ± 1.93 ），且不同疾病程度的差异有统计学意义（ $F=371.216, P<0.05$ ）；中性粒细胞与肺结核严重程度的相关系数为0.195（ $P=0.02$ ），CD16 CD56 NK细胞亚群达到0.858（ $P=0.001$ ）；ROC曲线显示，中性粒细胞和CD16 CD56 NK细胞亚群诊断肺结核的AUC分别为0.732和0.774。结论：肺结核病灶中的中性粒细胞及CD16CD56NK细胞亚群与疾病的严重程度有显著关联。

关键词 病灶；中性粒细胞；自然杀伤细胞；肺结核；疾病严重程度

CRISPR技术对结核分枝杆菌复合群检测性能的评价

曹俊¹、虞忻¹、蒋瑜²、孙爱娟³、姚琳¹、马赛⁴、唐佩军¹、潘韵芝¹

1. 苏州市第五人民医院；2. 苏州大学药学院

3. 江苏为真生物医药技术股份有限公司；4. 南京医科大学姑苏学院

目的：评估CRISPR技术对结核分枝杆菌复合群检测性能，为结核病的精准检测提供了新的技术支撑。

方法：收集2023年3月至2024年10月医院收治的183例疑似结核病患者，对其痰液或舌拭子样本，分别行CRISPR层析法、荧光PCR法和Xpert MTB/RIF法检测，采用国家参考品对CRISPR层析法和荧光PCR检测法进行全性能验证，以验证两种核酸提取方法的一致性，并对CRISPR层析法检测结果进行分析。

结果：CRISPR层析法和荧光PCR法在对国家最低限、阳性、阴性、精密度参考品检测时，结果均符合国家参考品检测要求。CRISPR层析法对痰液样本的检测灵敏度为70%，与传统分子检测方法的67.86%效果相近，充分证明了其在痰液检测中的高效能力，特异性为100%，进一步验证了该方法在痰液样本检测中的高度可靠性。；对舌拭子样本的检测灵敏度为55.26%，特异性为100%，阳性预测值同样达到

100%，这充分展示了CRISPR法在检测阳性结果时的高度可信度。CRISPR层析法与荧光PCR法的灵敏度和特异性相比，差异无统计学意义。

结论：通过国家参考品检测试剂盒的全性能评价，表明CRISPR法在检测结核分枝杆菌方面具有较高的可靠性和准确性。CRISPR层析法在痰液和舌拭子样本的检测中具有较高的阳性预测值，相较于现有的分子检测产品，其在痰液检测中的表现尤为突出，与传统方法相比减少了大型仪器设备及PCR实验室的使用，为无创筛查和早期检测提供了新的技术途径，适合在资源受限地区和特定人群中推广应用。

关键词 结核分枝杆菌；CRISPR层析法；痰液检测；舌拭子检测；灵敏度；结核筛查

CYP2S1、MAFF和NAT2基因多态性与抗结核药物引发肝损伤的相关性研究

曹俊¹、陈之遥²、张诗超²、宋全¹、杨中¹、胡一丹¹、潘韵芝¹

1. 苏州市第五人民医院；2. 苏州大学附属第一医院

目的：探讨肺结核患者使用抗结核药物后致肝损伤（Antituberculosis drug induced hepatotoxicity, ATDH）的患者基因多态性与肝损伤相关性，找出ATDH的易感基因位点，作为潜在的临床预测分子标记。

方法：选择2014年10月–2015年12月苏州大学附属传染病医院收治的147例初治肺结核患者且均使用一线抗结核四联用药(利福平、异烟肼、乙胺丁醇和吡嗪酰胺)治疗，治疗过程中发展成ATDH的患者纳入ATDH组（n= 25），未发展成ATDH的患者纳入非ATDH组（n= 122），对照组为该医院健康体检者100例。检测HMGB1、PXR、NAT2、CYP2E1、CYP2D6、CYP2S1、Nrf2、KEAP1、MAFF、MAFK、MAFG、NOS2A、BACH1、OX，14个基因共计22个位点的单核苷酸多态性（SNPs），针对每个SNP 位点病例组和对照组的等位基因频数采用chi-square test 卡方检验分析基因多态性与ATDH的关系。

结果：ATDH组HMGB1基因rs1045411位点和NAT2基因型rs1799930位点分别在CC基因型、CT基因型、TT基因型和GG 基因型、GA基因型、AA基因型分布频率上与非ATDH组比较，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。在等位基因频率上，ATDH组CYP2S1基因rs338599位点G、C等位基因频率；MAFF基因rs4444637位点A、G等位基因频率；NAT2基因rs1799930位点A、G等位基因频率与非ATDH组比较，差异均有统计学意义（ $P<0.05$ ）。结论：HMGB1基因和NAT2基因为ATDH的易感基因，rs1045411和rs1799930位点多态性与ATDH的发生密切相关，且当有突变型时，发生ATDH风险升高。通过检测 rs1045411和rs1799930位点，可作为抗结核药物引发的肝损伤的潜在基因标记，可能有助于在进行抗结核药物治疗前筛选出发生ATDH风险较高的患者，从而为抗结核药物的合理用药提供了有益的参考。

关键词 抗结核药物；基因多态性；肺结核；药物不良反应；药物性肝损伤

IL-36 γ 联合结核分枝杆菌抗原ESAT-6 对树突状细胞及T细胞免疫调节作用的机制研究

张婉莹、唐佩军、牛亚燕、冯彦军
苏州市第五人民医院

目的：本研究旨在探讨 IL-36 γ 联合结核分枝杆菌抗原 ESAT-6 对树突状细胞（DCs）及 T 细胞免疫调节作用的机制，为结核病的免疫治疗提供新的思路和靶点。

方法：体外培养小鼠骨髓源DCs（BMDCs）和人外周血来源的树突状细胞，分为对照组、ESAT-6组、IL-36 γ 组及联合刺激组。流式细胞术检测DCs成熟标志物（CD80/CD86/MHC-II）；ELISA分析IL-12p70、IL-23分泌；Western blot及生物信息学检测NF- κ B通路活化；建立DCs-CD4⁺T细胞共培养体系，评估Th1/Th17分化（IFN- γ /IL-17A）及T细胞增殖（CFSE）。

结果：通过体外实验，观察到 IL-36 γ 联合 ESAT-6 能显著促进 DCs 的成熟，增强其抗原呈递能力，进而影响 T 细胞的活化与分化。Western blot 及生物信息学检测发现，在联合组中 NF- κ B信号通路蛋白的表达明显上调，这些信号通路在免疫细胞的活化、增殖和分化过程中起着关键作用，表明 IL-36 γ 联合 ESAT-6 可能通过激活这些信号通路来发挥其免疫调节作用，促进 DCs 的成熟和 T 细胞的活化与分化。

结论：IL-36 γ 联合ESAT-6通过激活NF- κ B通路，增强ESAT-6诱导的DCs抗原提呈能力及Th1/Th17免疫极化，提示其作为结核疫苗佐剂的转化潜力。

关键词 IL-36 γ ，结核分枝杆菌抗原 ESAT-6，树突状细胞，T 细胞

基于深度学习AI评估含康替唑胺方案 治疗利福平耐药肺结核胸部CT时空信息变化

牛玉兰、张向荣、张侠
南京市第二医院

目的：评估含康替唑胺方案治疗利福平耐药肺结核病患者影像变化，探讨耐药结核病治疗过程中肺部病灶时空变化情况及AE。

方法：纳入2023年01月至2024年11月在我院治疗的50名应用含康替唑胺治疗的耐药肺结核患者的胸部CT影像资料，共15000张影像序列，应用我院自主研发的人工智能肺结核影像筛查诊断系统（V1.02023SR0712094）分别对小叶性渗出、树芽征、段性肺实变结节和空洞四种典型征象体积进行读取，对病灶影像体积随时间变化情况进行统计分析。治疗过程中监测AE，评估康替唑胺的安全性及有效性。

结果：50例纳入研究的病例痰结核杆菌涂片阴转时间中位数为27天，痰结核菌培养中位转阴时间为35天；治疗结局：15例患者完成疗程治愈，33例患者痰菌转阴，治疗有效；1例死亡，1例不能评价，总

体好转率98% (48/50)。患者的肺部病灶影像初始(0W)综合AI体积 1.70 ± 0.53 , 4W病灶体积 1.59 ± 0.49 , 8周病灶体积 1.46 ± 0.53 , 12W病灶体积 0.90 ± 0.43 , 24W病灶体积 0.69 ± 0.42 。小叶性渗出AI体积分别为: 0W: 0.31 ± 0.11 ; 4W: 0.13 ± 0.07 ; 8W: 0.06 ± 0.03 ; 12W: 0.03 ± 0.02 ; 24W: 0.01 ± 0.01 。树芽征AI体积: 0W: 0.63 ± 0.23 ; 4W: 0.49 ± 0.19 ; 8W: 0.18 ± 0.12 ; 12W: 0.14 ± 0.12 ; 24W: 0.11 ± 0.14 。空洞AI体积: 0W: 0.37 ± 0.13 ; 4W: 0.4 ± 0.13 ; 8W: 0.4 ± 0.16 ; 12W: 0.29 ± 0.14 ; 24W: 0.08 ± 0.06 ; 实变结节AI体积: 0W: 0.7 ± 0.04 ; 4W: 0.66 ± 0.01 ; 8W: 0.6 ± 0.09 ; 12W: 0.52 ± 0.02 ; 24W: 0.32 ± 0.01 。不良事件共11人次, 均为轻度不良事件。

结论: 含康替唑胺方案治疗利福平耐药肺结核患者肺部病灶综合体积在治疗8-12周期间下降最为显著, 是治疗的关键时间段。不同影像征象吸收时间有显著差异, 小叶性渗出4周内体积下降最快, 树芽征在4-8周内吸收最快, 空洞性病变及实变结节12-24周内病灶体积下降显著。含康替唑胺方案治疗利福平耐药肺结核有良好的有效性与安全性。

关键词 人工智能影像 病灶体积 利福平耐药肺结核 康替唑胺 AE (adverse event)

Identification of COL4A3 as a Diagnostic Biomarker for Tuberculosis Using Bioinformatics Methods: and Its Clinical Relevance

Ruoyu Zhang, Yongtong Zhang, Lingwu Zeng, Meiying Wu
Suzhou fifth 's people of hospital

Objective: This study aims to identify potential diagnostic biomarkers for active tuberculosis (ATB) by analyzing gene expression data from public databases. Specifically, the study focuses on Collagen Type IV Alpha-3 Chain (COL4A3) and Interleukin-15 (IL-15) as candidate biomarkers and explores their diagnostic performance. Additionally, the study investigates the biological function of COL4A3 in tuberculosis, its correlation with infection stages, and its response to anti-tuberculosis treatment.

Methods: Two datasets from the Gene Expression Omnibus (GEO) database, GSE19439 and GSE19444, were used as training sets to screen for differentially expressed genes (DEGs) between ATB patients and healthy controls (HC). Enrichment analyses were conducted using Gene Ontology (GO), Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG), and Disease Ontology (DO) to identify pathways related to these DEGs. Machine learning methods, including Least Absolute Shrinkage and Selection Operator (LASSO) regression and Random Forest (RF), were employed to identify potential diagnostic biomarkers. The GSE62525 dataset served as a validation set to confirm the differential expression of candidate biomarkers, with Receiver Operating Characteristic (ROC) curve analysis used to assess their diagnostic accuracy. To explore the biological function of COL4A3, Spearman correlation analysis was performed on the training set to identify genes associated with COL4A3, followed by KEGG pathway enrichment to identify relevant biological pathways. Expression changes of COL4A3 during different stages of tuberculosis infection and treatment were analyzed using data from multiple GEO datasets.

Results: Differential expression analysis using the "limma" R package identified 224 DEGs associated with ATB. Enrichment analysis revealed that these DEGs were related to immune and infection-fighting pathways, closely associated with tuberculosis. Following LASSO regression and RF screening, COL4A3 and IL-15 were

identified as potential diagnostic biomarkers. In the validation set (GSE62525), COL4A3 demonstrated an area under the curve (AUC) of 1.000, with both sensitivity and specificity at 100% at the optimal cutoff, while IL-15 had an AUC of 0.939, with a sensitivity of 85.7% and specificity of 100%. In the training set, COL4A3 had an AUC of 0.79, and IL-15 had an AUC of 0.955, demonstrating excellent diagnostic performance. Correlation analysis revealed that COL4A3 is associated with immune and inflammatory pathways, including the NOD-like receptor and Toll-like receptor signaling pathways. Expression of COL4A3 was significantly higher in latent tuberculosis infection (LTBI) patients than in ATB patients, and it increased during anti-tuberculosis treatment, suggesting its potential for monitoring disease progression and treatment response. Further experimental validation using enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) confirmed lower COL4A3 levels in ATB patients compared to HC and LTBI individuals, with ROC analysis indicating its diagnostic value for distinguishing ATB from healthy controls and LTBI.

Conclusion: This study identifies COL4A3 and IL-15 as promising diagnostic biomarkers for tuberculosis. COL4A3, in particular, is associated with key immune signaling pathways and shows potential as a biomarker for monitoring tuberculosis progression and evaluating treatment efficacy. The findings provide new insights into the biological functions of COL4A3 in tuberculosis and suggest its potential application in diagnostic tools and therapeutic strategies. Further research is needed to validate these biomarkers in larger clinical studies and to explore their role in TB pathogenesis.

Key Words Tuberculosis; Diagnostic biomarkers; COL4A3; Gene expression analysis

Clinical Features and Treatment Outcomes of NTM Infection in Patients with Rheumatic Diseases: A Single-Center Retrospective Study

Ruoyu Zhang, Lingwu Zeng, Jianping Zhang
Suzhou fifth 's people of hospital

Objective: This study aims to analyze the general condition, treatment outcomes, and prognosis of patients with non-tuberculous mycobacteria (NTM) infections and rheumatic diseases in the Suzhou area, focusing on the impact of immunosuppressive therapies on NTM disease severity and clinical outcomes.

Methods: The study was conducted at the Affiliated Infectious Disease Hospital of Soochow University from December 2013 to October 2022. A total of 32 patients diagnosed with NTM pulmonary disease were included. Patients were divided into two groups: 16 in the experimental group (NTM with rheumatic diseases) and 16 in the control group (NTM without rheumatic diseases). Inclusion criteria required confirmed NTM pulmonary disease and the exclusion of patients with HIV. Diagnostic criteria included two separate sputum specimens with positive NTM culture or molecular biological testing for the same strain, or one positive bronchoalveolar lavage fluid culture. All patients were aged 18–65 years and had a clear history of rheumatic disease. All patients underwent chest CT scans, and enhanced CT scans were performed for some. Blood tests, including routine blood counts, albumin, globulin, and flow cytometry, were collected before the start of NTM treatment. The study compared clinical features, chest CT findings, serum-related indices, and immune function between the two groups. Data were analyzed using SPSS

19.0. Continuous variables were compared using t-tests, while categorical variables were compared using Fisher's exact probability test. A p-value of <0.05 was considered statistically significant.

Results: Patients in the experimental group (NTM with rheumatic diseases) had a significantly higher incidence of cough and upper respiratory infections compared to the control group ($p<0.05$). However, no significant differences were observed for other clinical symptoms ($p>0.05$). Chest CT scans revealed that patients in the experimental group had more extensive lung lesions, with greater involvement of the upper lobes and larger areas of consolidation. At 3 months post-treatment, the experimental group showed more persistent lung cavitation and fibrosis compared to the control group ($p<0.05$). Flow cytometry revealed lower levels of CD4 and CD64 in the experimental group, indicating an altered immune response.

Conclusion: The study demonstrates that patients with NTM infections and rheumatic diseases tend to have more severe pulmonary involvement and poorer treatment outcomes compared to those without rheumatic diseases. Immunosuppressive therapies, commonly used in the treatment of rheumatic diseases, appear to exacerbate the severity of NTM infections. Further studies are needed to develop more specific treatment guidelines and optimize care strategies for this patient population, considering their altered immune function and the antibiotic resistance of NTM.

Key Words Non-tuberculous mycobacteria ; Rheumatic diseases; Immunosuppressive therapy; Pulmonary infection

MALDI-TOF MS在非结核分枝杆菌菌种鉴定中的应用价值

施慧慧、瞿盛燕、马娟、李峰

南通市第六人民医院

目的：探讨MALDI-TOF MS在非结核分枝杆菌菌种鉴定中的应用价值，为临床治疗提供更加及时可靠的实验室依据。

方法：采用法国生物梅里埃质谱鉴定仪配套的蛋白、多肽提取或纯化试剂（分枝杆菌/诺卡菌试剂盒）对73例培养阳性且临床疑似非结核分枝杆菌感染的临床菌株进行质谱鉴定；将所有质谱鉴定结果和原始标本送检的NGS结果进行比较，分析MALDI-TOF MS在非结核分枝杆菌菌种鉴定中的符合率；对73例质谱鉴定结果和原始标本送检的NGS结果不一致的以及未检出的，将该菌株进行测序确认。

结果：73例临床标本鉴定结果中，检出6例结核分枝杆菌复合群，42例胞内分枝杆菌，9例鸟分枝杆菌，5例堪萨斯分枝杆菌，1例海分枝杆菌，1例龟分枝杆菌，5例戈登分枝杆菌，2例分枝杆菌，2例未检出，检出率为97.3%；其中有2例胞内分枝杆菌的鉴定结果与临床直接送检患者样本NGS结果明显不符，2例临床菌株经测序确认均为鸟分枝杆菌，菌株测序结果与患者样本直接送检的NGS结果一致；2例培养阳性菌株，经涂片确认抗酸染色阳性但未检出的标本，菌株测序结果为海分枝杆菌和皮疽诺卡菌；MALDI-TOF MS在非结核分枝杆菌菌种鉴定中的符合率达到了94.5%。

结论： MALDI-TOF MS在非结核分枝杆菌菌种鉴定中的应用价值符合率较高，与临床预期效果一致；与NGS相比，MALDI-TOF MS在非结核分枝杆菌菌种鉴定中的成本低，更适合临床常规开展；但MALDI-TOF MS在非结核分枝杆菌菌种鉴定中也存在些不足，对鸟分枝杆菌和胞内分枝杆菌的鉴定存在不符合现象，未检出的2例原因不明，可能与个别基因位点突变有关，有待进一步考证；MALDI-TOF MS

在非结核分枝杆菌菌种鉴定中的整体符合率较高，鉴定结果符合临床预期，与NGS检测相比，质谱鉴定的费用更低，效率更高；质谱鉴定虽然只能采用菌种，不能直接对标本进行检测，但排除了临床标本直接送检中不可控的标本干扰因素，更具有临床应用价值。

关键词 非结核分枝杆菌 质谱鉴定 符合率

Clinical predictive model for identifying high-risk factors in pleurisy tuberculoma patients

Weiwei Gao

The Second Hospital of Nanjing

Introduction: Pleurisy tuberculoma (PTM) is a neoplastic lesion that primarily affects the pleural wall or internal organs. The majority of PTM cases are observed during the treatment of tuberculous pleural effusion(TPE), and although the precise pathogenesis remains unclear, there is a significant association between these two conditions. To identify high-risk factors for the development of PTM, we developed a clinical predictive model aimed at providing more insightful information for the development of PTM. **Methods:** A retrospective study was conducted on patients diagnosed with PTM or TPE who were treated at Nanjing Chest Hospital and the Second Hospital of Nanjing from March 2013 to April 2024. Predictors were identified using logistic regression, LASSO regression, and optimal subset regression. The performance of all models was evaluated using receiver operating characteristic (ROC) curves, calibration curves, decision curve analysis (DCA), and clinical impact curves to establish the final clinical predictive model. Internal and external validation was performed to assess the model's performance. **Results:** The final predictive model included two key risk factors associated with the development of PTM: Ki-67+CD4+T cells and Ki-67+CD8+T cells. The final model demonstrated good clinical net benefit and predictive validity, high predictive accuracy (Brier score: 0.033, 95 %CI: 0.011 - 0.054), and strong differentiation (AUC: 0.987, 95 %CI: 0.969 - 1.000). The model's robust performance was demonstrated by both internal and external verification. **Conclusions:** The predictive model utilizing Ki-67+CD4+T cells and Ki-67+CD8+T cells can assist clinicians in making early predictions of PTM.

Key Words Pleural tuberculosis Tuberculous pleural effusion (TPE) Pleural tuberculoma (PTM) Adenosine deaminase (ADA) T lymphocyte subsets T lymphocyte activation

宏基因组二代测序在肺结核合并非结核分枝杆菌肺病中的应用

陈菲

南京市第二医院

目的：探讨宏基因组二代测序技术（mNGS）在肺结核（PTB）合并非结核分枝杆菌肺病（NTM-

PD[A1]) 诊断中的应用价值, 并与常规病原学检查方法进行比较, 同时分析其临床特征。

方法: 回顾性分析南京市第二医院2021年11月至2023年11月[A2] 收治的72例PTB合并NTM-PD患者的临床资料。所有患者均通过肺泡灌洗液mNGS检测确诊, 并与传统培养方法进行比较。收集患者的基本资料、临床表现、影像学特征及治疗效果, 分析mNGS在诊断中的优势及其临床意义。

结果: mNGS检测结核分枝杆菌的阳性率为100% (72/72), 显著高于传统培养的27.8% (20/72), 且诊断时间显著缩短 (2 d 比45 ~ 60 d, $P < 0.001$)。患者以老年人群为主 (平均年龄55.92岁), 多合并结构性肺损伤相关疾病 (如支气管扩张症、慢性阻塞性肺疾病 (COPD[A3])) 或免疫功能低下 (如糖尿病)。临床表现以咳嗽 (68.06%)、咳痰 (52.78%) 为主, 影像学特征以支气管扩张 (63.89%)、结节影 (47.22%) 及树芽征 (25.00%) 多见。随访6个月, 73.8%的患者肺部病变明显改善, 26.2%的患者病灶变化不明显或进展。

结论: mNGS在PTB合并NTM-PD的诊断中具有快速、准确的优势, 显著优于传统培养方法, 为临床精准治疗提供了重要依据。

关键词 肺结核; 非结核分枝杆菌肺病; 宏基因组二代测序; 病原学诊断

(NGS) 在结核病诊断中临床应用分析

商明群

盐城市第七人民医院

目的: 系统分析NGS在结核病临床诊断中的应用价值、性能特点及挑战。

方法: 通过回顾2023年5月-2025年5月病例的临床研究, 对比NGS与传统方法在结核分枝杆菌 (*Mycobacterium tuberculosis*, MTB) 检出率、耐药基因检测、混合感染识别等方面的表现, 并评估其临床适用性。

主要结果:

1. 高灵敏度与特异性: NGS对MTB的检出率显著高于涂片镜检 (提高约20 - 30%), 与培养法相当, 且可检测低载量样本 (如肺外结核)。

2. 耐药性分析优势: NGS可一次性筛查多种抗结核药物相关基因 (如 *rpoB*、*katG*、*inhA* 等), 耐药突变检测灵敏度 >95%, 特异性 >98%, 大幅缩短诊断时间 (48小时内)。

3. 混合感染与菌种鉴定: NGS可鉴别非结核分枝杆菌 (NTM) 及合并感染病原体, 减少误诊风险。

4. 技术挑战: 成本较高、生信分析复杂、临床标准化不足及标本中宿主DNA干扰仍是推广瓶颈。

结论: NGS显著提升了结核病的病原诊断效率和耐药性检测能力, 尤其适用于疑难病例、耐药筛查及流行病学溯源。未来需优化流程、降低成本并建立临床共识, 以推动其成为结核病精准诊疗的核心工具。

关键词 二代测序; 结核病; 结核分枝杆菌; 临床诊断; 分子诊断

Clinical outcomes of contezolid in treating complex tuberculosis: real-world evidence from 11 patients

Ying Liu¹, Zixuan Cui², Yingxi Fu², Edward D. Chan^{3,4,5}, Chunmei Hu¹

1. 南京市第二医院; 2. Nanjing University of Chinese Medicine, Nanjing, China

3. Department of Academic Affairs, National Jewish Health, Denver, CO, USA

4. Division of Pulmonary Sciences and Critical Care Medicine

5. University of Colorado School of Medicine, Aurora, CO, USA

Background: Tuberculosis (TB) remains a major global health challenge, especially among patients with drug intolerance or comorbidities that limit treatment options. Although linezolid (Lzd), an oxazolidinone antibiotic, has demonstrated good efficacy against *Mycobacterium tuberculosis* (MTB), its long-term use is frequently associated with serious adverse effects such as myelosuppression and peripheral neuropathy. Conteazolid, a novel oxazolidinone with a more favorable safety profile, has shown comparable in vitro activity against MTB. However, clinical data on its use for TB treatment are limited. This report seeks to provide a real-world experience on the use of conteazolid in the treatment of TB. **Methods:** A retrospective case series was conducted using medical records from drug-susceptible TB patients admitted to the Second Hospital of Nanjing between March 2022 and March 2024. Patients with a confirmed diagnosis of TB (based on clinical, microbiological, or histopathological evidence), documented drug susceptibility to background anti-TB medications, and who received a conteazolid-containing regimen for at least one month due to intolerance or contraindications to standard anti-TB therapy were included in the study. The information about the patient, including demographics and clinical data, laboratory findings, treatment, and adverse events (AEs), was collected. Treatment outcomes were assessed through sputum culture conversion, clinical symptom improvement, and imaging findings. Safety evaluations were based on laboratory tests and AEs grading according to World Health Organization (WHO) criteria. **Results:** Of the 11 patients included in the study, six received a Lzd-containing anti-TB regimen at the outset of the treatment. However, due to the emergence of intolerable and severe AEs, which resulted in the cessation of the standard regimen, the anti-TB regimen was modified to one that contained conteazolid. The remaining five patients elected to pursue the anti-TB regimen containing conteazolid due to relative contraindications associated with their general condition and underlying disease. No serious AEs were observed in those receiving conteazolid. Ultimately, all 11 patients demonstrated clinical improvement, achieved sputum culture converted to negative, and exhibited a favorable prognosis. **Conclusions:** In this small retrospective case series, conteazolid was well tolerated. In certain populations with particularly challenging forms of TB, conteazolid could be a valuable addition to anti-TB treatment regimens.

Key Words Conteazolid; linezolid (Lzd); refractory tuberculosis (refractory TB); adverse events (AEs)

初治肺结核患者中断治疗情况及相关因素分析

陈良玉
南京市第二医院

目的：调查初治肺结核患者中断治疗情况，并分析其中断治疗的影响因素。

方法：研究对象为2019年4月~2023年9月在XX市疾病预防控制中心登记管理的550例初治肺结核患者，统计中断治疗情况，多因素logistic回归分析分析初治肺结核患者中断治疗的影响因素。

结果：550例初治肺结核患者中断治疗患者占比10.72%（59/550），按是否中断治疗分中断治疗、完成治疗两组，两组性别、年龄、流动人口比例、文化水平、经济状况、初始病灶情况、依从性评分、疾病核心知识得分比较有统计学意义（ $P<0.05$ ）；logistic回归分析显示性别、年龄、流动人口、经济状况、初始病灶情况、依从性评分、疾病核心知识得分均是初治肺结核患者中断治疗的独立影响因素（ $P<0.05$ ）。

结论：初治肺结核患者中断治疗率不容忽视，临床应重视男性、高龄、流动人口、初始病灶情况、依从性评分、疾病核心知识得分等对中断治疗的影响，多渠道降低中断治疗风险。

关键词 初治肺结核；中断治疗；影响因素

分子生物学检测技术在结核分枝杆菌检测中的 临床实际应用分析

樊燕、张宏宇
常州市第三人民医院

目的：探讨目前临床常用的分子生物学方法在结核分枝杆菌(*Mycobacterium tuberculosis*, MTB)检测中的应用现状，评估不同分子生物学方法的实际临床应用价值。

方法：对临床常用的分子生物学技术如基因芯片法、Xpert MTB/RIF法、tNGS法检测MTB的结果进行统计分析，并收集常州市《结核病信息管理系统》登记的病人情况进行分析。

结果：2016–2023年，芯片法检测样本3355例，MTB检出率34.39%，RIF耐药检出率11.56%；2019–2023年，Xpert法检测9521例，MTB检出率29.15%，RIF耐药检出率6.75%；2023–2024年5月，151例临床疑似结核患者同时行tNGS和Xpert检测，tNGS法MTB检出率40.40%，显著高于Xpert的27.15%（ $P<0.05$ ）。分析同一方法不同类型标本MTB检出率，肺泡灌洗液中，芯片法、Xpert法、tNGS法分别为39.36%、38.35%、43.24%，高于痰液的33.32%、28.42%（ $P<0.05$ ）和35.00%（ $P>0.05$ ），其它标本类型MTB检出率较低；438例同时行芯片法和Xpert法检测结果显示，Xpert法检出率为86.99%，显著高于芯片法的73.06%（ $P<0.01$ ）；151例同时行Xpert法与tNGS法检测结果显示，tNGS法MTB检出阳性率高于Xpert法（ $P<0.01$ ），二者诊断结果具有一定程度的一致性（ $Kappa=0.685$ ）。以罗氏药敏为金标准，芯片法和Xpert法检测MTB对RIF耐药性的敏感度、特异度、阳性预测值及阴性预测值分别为97.75%、81.13%、96.68%、87.78%和98.76%、89.28%、98.16%、92.59%；Kappa值分别为0.813和0.894，表现出良好的一

致性。收集常州市《结核病信息管理系统》中登记的信息，分子生物学检测在结核患者诊断中占比从2016年的8.09%到2023年增长至98.85%，趋势变化差异有显著统计学意义($P<0.01$)。

结论：近年来，分子生物学技术以其时效性强、可作为结核病早期诊断依据而得以在临床迅速推广应用，与芯片法相比，Xpert性能更优越，已成为目前临床检测结核的首选；新兴的tNGS检测灵敏度更好，有望成为下一个结核检测首要分子手段，需进一步扩大研究证实。

关键词 结核；基因芯片；Xpert MTB/RIF；tNGS；利福平耐药

84例非结核分枝杆菌肺病患者临床特点分析

王熠

苏州市第五人民医院

目的：通过对84例非结核分枝杆菌（NTM）肺病患者的临床特点进行分析，为临床医生制定合理的方案提供参考。

方法：选取2020年1月至2024年1月至苏州市第五人民医院经结核培养及菌种鉴定确诊为非结核分枝杆菌肺病的患者共计84例，收集其临床资料(包括年龄、性别、既往病史、症状、影像学)、实验室检查(包括 γ -干扰素释放实验、痰结核分枝杆菌培养结果及药物敏感试验结果)、并对上述这些临床资料进行回顾性分析。

结果：84例NTM肺病患者的平均年龄为58岁,男性多于女性，61%以上为老年患者，而肺结核组以中青年为主。45%的NTM患者合并基础疾病，以呼吸系统疾病为主，大部分患者有明显的临床症状，表现为咳嗽咳痰、胸闷咯血等，96%的患者胸部影像学表现为斑点斑片影，其次为支气管扩张、空洞等。大部分NTM患者 γ -干扰素释放试验结果呈阴性，菌种鉴定结果提示69%的患者为胞内分枝杆菌、17%为堪萨斯分枝杆菌，其次为龟/脓肿分枝杆菌、鸟分支杆菌。根据药敏结果，本研究中84例NTM患者对8种抗结核药物耐药率由高到低分别为INH(100%)>Sm(98.8%)>Pas (97.6%)>Am (91.7%)>Lfx(82.1%)=RFP(82.1%)>EMB (26.2%)>Pto(15.5%)。

结论：NTM肺病好发于合并呼吸系统疾病的老年患者，临床表现及影像学与肺结核相似，对常用抗结核药耐药率高、治疗难度大。

关键词 非结核分枝杆菌，临床特点，药物敏感试验

南通市创建无结核社区试点 初期公众结核病防治核心知识知晓率调查分析

孙晴¹、毛玉春²、韩瑞豪¹、顾烨秋¹、王小平¹

1. 南通市疾病预防控制中心；2. 海安市疾病预防控制中心

目的：评估南通市首批无结核社区居民的结核病防治核心知识认知情况，为全市推进结核病健康促进工作提供参考依据。

方法：采用简单随机抽样的方法，抽取南通市首批无结核社区海安市大公馆所有行政村（居）共

计1760人,采取面对面方式进行问卷调查,用SPSS 22.0软件进行分析。

结果: 本次调查共收集问卷1735份,其中合格问卷1705份,合格率98.27%。结核病核心知识总知晓率为72.79%,4条及以上核心知识总知晓率为62.76%,全部知晓率为37.42%。5条核心信息中,第3条“肺结核可疑症状”知晓率最高,达83.17%、其次为第4条“就诊定点医疗机构”,达82.93%。核心信息总知晓率、4题及以上核心知识知晓率、全部知晓率以及5条核心知识单一知晓率随着年龄的升高而降低,随着文化程度的升高而升高。农民核心信息总知晓率和4题及以上核心知识知晓率均低于非农民。已接受结核病防治健康教育的人群5条核心知识知晓率均高于未接受人群。居民最常见的健康教育途径为电视/广播/公共交通或户外新媒体宣传(71.89%)、网站/微信/微博/抖音、快手等短视频APP(58.46%)、医生宣传(41.54%)、传单/折页/小册子(41.54%);希望获取结核病防治信息的主要途径为医生宣传(86.04%)、电视/广播/公共交通或户外新媒体宣传(75.37%)、健康讲座(44.63%)、传单/折页/小册子(35.07%)。

结论: 南通市首批无结核社区创建初期居民结核病核心知识知晓率72.79%,与无结核社区建设关键指标要求(>90%)差距较大,建议在无结核社区创建过程中应充分结合本地实际情况及社区人群的特点,创新宣传方式和宣传内容,尤其针对老年人群、低文化程度等重点人群,因地制宜,提高宣传的可及性和有效性。

关键词 结核病;核心知识;知晓率;无结核社区

采用微孔板药敏检测技术分析非结核分枝杆菌的耐药性

戴广川

南京市第二医院

目的: 了解专科医院非结核分枝杆菌(NTM)患者临床分离NTM菌种分布,分析抗菌药物敏感性,为临床早期诊断和精准治疗提供依据。

方法: 收集2024年8月-2025年5月就诊于南京市第二医院结核科NTM患者临床分离株,通过分枝杆菌菌种鉴定基因检测或采用靶向扩增联合三代纳米孔宏基因组测序进行菌种鉴定,采用微孔板药敏检测技术检测抗菌药物敏感性。

结果: 共收集NTM感染患者84例,其中慢生长分枝杆菌(SGM)63例,包括胞内分枝杆菌38例、鸟分枝杆菌20例、鸟-胞内分枝杆菌复合群3例、堪萨斯分枝杆菌2例;快速生长分枝杆菌(RGM)21例,包括脓肿分枝杆菌12例、龟分枝杆菌8例,偶发分枝杆菌1例。胞内分枝杆菌对莫西沙星、利福布汀、阿米卡星、头孢西汀、克拉霉素、乙胺丁醇、利奈唑胺敏感性高,鸟分枝杆菌对头孢西汀、莫西沙星、克拉霉素、利奈唑胺、利福布汀、乙胺丁醇、阿米卡星、阿奇霉素、利福平敏感性高。脓肿分枝杆菌对利奈唑胺、头孢西汀、克拉霉素、莫西沙星敏感性较高,龟分枝杆菌对头孢西汀、莫西沙星、利奈唑胺、阿米卡星较敏感,龟分枝杆菌对多种抗菌药物高度耐药。

结论: NTM菌种分布以胞内分枝杆菌、鸟分枝杆菌、脓肿分枝杆菌和龟分枝杆菌为主。不同菌种分离株耐药性存在一定差异。NTM菌种鉴定和药物敏感性试验有助于专科医院NTM患者的精准诊疗。

关键词 关键词: 非结核分枝杆菌;胞内分枝杆菌;脓肿分枝杆菌;敏感性;耐药性;

Nanopore-targeted sequencing (NTS) for intracranial tuberculosis: a promising and reliable approach

Weiwei Gao, zeng 谊
tuerculosis

Background The World Health Organization predicted 10.6 million new tuberculosis cases and 1.5 million deaths in 2022. Tuberculous meningitis, affecting 1% of active TB cases, is challenging to diagnose due to sudden onset, vague symptoms, and limited laboratory tests. Nanopore-targeted sequencing (NTS) is an emerging third-generation sequencing technology known for its sequencing capabilities. We compared its detection efficiency with Xpert, MTB culture, PCR, and AFB smear in cerebrospinal fluid samples to highlight the substantial potential of NTS in detecting intracranial tuberculosis.

Methods: This study included 122 patients suspected of having intracranial tuberculosis at the Second Hospital of Nanjing in Jiangsu Province, China, between January 2021 and January 2024. The Univariate logistic regression and random forest regression identified risk factors and clinical markers. A chi-square test evaluated diagnostic accuracy for different image types of intracranial tuberculosis.

Results: The research involved 100 patients with intracranial tuberculosis. Among them, 41 had tuberculous meningitis, 27 had cerebral parenchymal tuberculosis, and 32 had mixed intracranial tuberculosis. Besides, 22 patients were diagnosed with other brain conditions. In diagnosing intracranial tuberculosis, NTS demonstrated a sensitivity of 60.0% (95% CI: 49.7–69.5%) and a specificity of 95.5% (95% CI: 75.1–99.8%), with an AUC value of 0.78 (95% CI: 0.71 to 0.84), whose overall performance was significantly better than other detection methods. There was no notable difference ($P>0.05$) in diagnostic accuracy between NTS and the final diagnosis for intracranial tuberculosis patients with varying imaging types. Furthermore, patients who tested positive had a 31.500 (95% CI: 6.205–575.913) times higher risk of having intracranial tuberculosis compared to those with negative results. **Conclusion** Due to its convenience, efficiency, quick turnaround time, and real-time sequencing analysis, NTS might become a promising and reliable method for providing microbiological diagnoses for patients with intracranial tuberculosis and for screening populations at risk.

Key Words Nanopore-targeted sequencing(NTS), Tuberculous meningitis (TBM), Intracranial tuberculosis, Cerebrospinal fluid(CSF), Central nervous system(CNS)

Nanopore-based targeted next-generation sequencing (tNGS): A versatile technology specialized in detecting low bacterial load clinical specimens

Weiwei Gao, yi zeng
tuberculosis

Introduction The 2024 global tuberculosis report indicated that the epidemiological situation of tuberculosis remains concerning. Current tuberculosis detection methods have limitations, highlighting the urgent need to develop more convenient, effective, and widely utilized detection technologies in clinical settings to facilitate early diagnosis and treatment guidance for tuberculosis. Nanopore-based targeted next-generation sequencing (tNGS) offers advantages such as convenience, efficiency, and long-read sequencing, making it a commonly used method for mycobacteria identification.

Methods: This study compared the detection efficiency of tNGS with Xpert MTB/RIF, MTB culture, and AFB smear in sputum samples, BALF samples, and pathological tissue samples to evaluate the clinical applicability of tNGS in diagnosing tuberculosis and low bacterial load tuberculosis, including extrapulmonary and smear-negative cases.

Results: Among the four detection methods, tNGS demonstrated the highest efficiency, sensitivity, specificity, and AUC values, which are 93.4%, 94.7%, and 0.94, respectively. This method was particularly advantageous for detecting tuberculosis in patients with low bacterial loads, as evidenced by a significantly different positive detection rate in histopathological specimens compared to other methods ($P < 0.001$). Furthermore, tNGS achieved overall positive detection rates of 93.8% for smear-negative tuberculosis patients and 89.1% for culture-negative tuberculosis patients, both of which were significantly higher than those of other detection methods ($P < 0.05$). PLOS One | <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0324003> May 27, 2025 2 / 16 Additionally, tNGS could directly identify bacterial strains and detect mutations associated with drug resistance. In this study, the agreement rate between tNGS strain identification of NTM and the final diagnosis was 94.1%. Among the 21 identified mutation sites associated with rifampicin resistance, one (Pro454His) was located outside RRDR. **Conclusion** It is anticipated that tNGS will play a crucial clinical role in the early prevention and control of tuberculosis in the future.

Key Words Nanopore-based targeted next-generation sequencing (tNGS); low bacterial; tuberculosis

规范化急诊护理流程对肺结核大咯血患者救治效果的影响

周领、金美华
苏州市第五人民医院

目的：探讨规范化急诊护理流程在肺结核大咯血患者救治中的应用效果及对预后的影响。

方法：选取2022年1月—2024年12月在苏州市第五人民医院急诊科就诊的120例肺结核大咯血患者。采用回顾性分析方法，对2022年1月至2023年6月就诊的60例肺结核大咯血患者进行数据统计，将这60例患者列为对照组（常规护理）。对2023年6月至2024年12月在苏州市第五人民医院急诊科就诊的60例肺结核大咯血患者按照规范化急诊护理流程进行急救护理，将这60例列为观察组（规范化急诊护理流程）。对比两组救治时间、止血成功率、并发症发生率、护理满意度及预后指标。

结果：观察组救治时间（ 32.5 ± 8.2 分钟）显著短于对照组（ 58.7 ± 12.4 分钟）（ $P < 0.01$ ）；止血成功率（96.7% vs. 83.3%）、护理满意度（95.0% vs. 80.0%）均高于对照组（ $P < 0.05$ ）；并发症发生率（3.3% vs. 16.7%）显著降低（ $P < 0.01$ ）。

结论：规范化急诊护理流程可缩短救治时间，提高止血成功率及患者满意度，降低并发症风险，改善预后。

关键词 规范化护理流程、肺结核大咯血、救治效果

· 特殊及罕见结核病的病例报告等 ·

结核合并胸部肿瘤的临床分析

刘宏

南京市第二医院

目的：系统观察并深入分析肺结核合并肿瘤患者的临床表现，探寻优化诊疗策略，以提升此类复杂病症的救治成功率。

方法：采用回顾性研究方法，纳入2020年1月至2024年12月于本科室就诊的16例肺结核合并肿瘤患者，全面统计其临床治疗情况、临床表现及影像学特征。

结果：16例患者中，结核性脓胸合并肺癌5例，合并淋巴瘤4例，合并转移瘤3例；结核性脓胸合并胸膜间皮瘤2例；肺结核瘤合并肺癌2例。所有患者均以结核感染为首诊入院，在后续诊疗过程中确诊合并肿瘤。其中7例接受手术治疗，9例进行肺或胸膜穿刺活检。所有患者Xpert检测均呈阳性，确诊为结核感染，但经抗结核治疗后，低热等症状改善效果欠佳。9例患者伴有胸痛症状，抗结核治疗后疼痛无缓解，后证实为肿瘤侵犯胸膜，经针对性抗肿瘤治疗后，症状显著改善。

结论：肺结核合并肿瘤患者的临床特征显著区别于单纯肺结核或肺癌患者，对抗结核治疗的反应亦存在差异。当临床诊断为结核的患者经抗结核治疗后症状改善不明显时，需高度警惕合并肿瘤的可能，应及时开展针对性临床分析，有助于精准诊断，避免误诊漏诊，提升整体治疗效果。

关键词 结核；胸部肿瘤；抗结核；漏诊

单孔荧光胸腔镜治疗结核性乳糜胸1例

刘宏

南京市第二医院

病例资料 患者68岁女性，因“间断咳嗽伴胸闷3月余”入院。2025年1月9日无诱因出现干咳、胸闷，无发热、胸痛等症状。2月8日胸部CT提示左侧胸腔积液，胸腔穿刺引出乳白色胸液，引流后出院；3月5日症状复发，外院就诊查CT示左侧胸腔积液、右肺上叶前段支气管闭塞伴实变，再次引流出乳白色积液，气管镜检查提示双肺多叶段碳末沉积，右上叶前段灌洗液NGS检出结核分枝杆菌（序列数：51）。3月24日至我院就诊，予胸腔闭式引流及抗结核治疗后仍有积液，诊断为：乳糜胸、继发性肺结核，考虑乳糜胸由淋巴结核所致，内科治疗效果不佳，需手术干预。

手术方法2025年4月16日在全麻下行“荧光单孔胸腔镜下胸腔探查+纵隔淋巴结切除+淋巴管结扎术”。麻醉成功后，超声引导下于双侧腹股沟皮下淋巴结注射吲哚菁绿25mg；取右侧卧位，经腋前线第4肋间3cm切口进镜，术中见胸腔局部粘连（与膈肌紧密粘连），吸出700ml乳白色积液；荧光模式下见前纵隔多枚肿大淋巴结呈绿色，普通模式下可见淋巴结周围渗出乳白色液体。镜下切除肿大淋巴结，荧光引导下以血管夹结扎周围淋巴管，术毕于前、后胸腔分别置入引流管。手术全程顺利，术中出血

20ml。

治疗效果 术后患者病情稳定，胸腔引流未再出现乳白色液体，术后10天顺利出院，无并发症发生。随访至今（截至2025年6月2日）乳糜胸未复发。荧光腔镜技术通过吲哚菁绿显影精准定位病变淋巴结及淋巴管，实现了病灶彻底切除与异常淋巴管结扎，从根源解决乳糜胸问题，体现了该技术在淋巴结继发乳糜胸治疗中的精准性与有效性。

结论：荧光单孔胸腔镜手术为结核性乳糜胸提供了一种安全、有效的微创治疗方案，尤其适用于传统保守治疗无效的反复胸腔积液患者。其借助荧光显影技术实现病灶精准识别与清除，为此类疑难病例的临床治疗提供了新借鉴。临床实践中需重视胸腔积液患者的结核病因筛查，早期结合病原学检测与微创技术以改善预后。

关键词 乳糜胸，淋巴结；荧光胸腔镜；吲哚菁绿

高流量呼吸湿化治疗肺结核合并一氧化碳中毒性脑病1例

李勇

连云港市第四人民医院

采用异烟肼+利福平+吡嗪酰胺+乙胺丁醇抗结核方案合并高流量呼吸湿化治疗，治疗肺结核合并一氧化碳中毒性脑病，治疗效果佳。

一氧化碳中毒性脑病是临床上冬天常见的疾病，因天气寒冷，家中会烧煤炉，会出现一氧化碳中毒，老年患者易患此病。而患者合并痰阳肺结核，综合性医院高压氧仓不宜用于痰阳肺结核患者，容易导致结核菌播散引起传染，因此在抗结核治疗的基础上，予以高流量呼吸湿化治疗，并予以促醒、脱水、营养神经治疗肺结核合并一氧化碳中毒性脑病，取得极好疗效，现将临床观察结果报告如下。

关键词 肺结核；一氧化碳中毒；高流量呼吸湿化治疗

肺受累的淋巴瘤1例

李敏

苏州市第五人民医院

目的：恶性淋巴瘤作为起源于淋巴造血系统的异质性肿瘤集群，是我国高发恶性肿瘤之一。其病理亚型复杂且易全身播散，而肺部原发或继发性外周T细胞淋巴瘤（Peripheral T-cell Lymphoma, PTCL）尤为罕见。此类病变的影像学表现多样，与肺炎、结核等常见病高度重叠，加之早期症状隐匿（如非特异性咳嗽、咳痰），导致临床误诊率高达60%以上。本研究通过报道一例罕见肺PTCL病例，旨在揭示其诊断挑战性，深化临床对该病的认知，并为优化早期筛查策略提供依据。

方法：本研究纳入一名35岁女性足浴店员工，因间歇性咳嗽、咳痰3个月入院。初诊行胸部CT检查提示感染性病变可能，随后进一步行胸部增强CT及经皮肺穿刺活检，并进行了免疫组化检查。

结果：免疫组化检查结果提示外周T细胞淋巴瘤。这一结果不仅揭示了肺部病变的复杂性，也证实了肺外周T细胞淋巴瘤的罕见性。该病例表明，由于初期症状非特异性及影像学特征复杂，早期诊断存

在挑战。

结论：本病例报告强调，外周T 细胞淋巴瘤作为原发性或继发性病变在肺部非常罕见，早期诊断困难，容易造成误诊、漏诊。

关键词 T 细胞淋巴瘤 肺 肺穿刺活检

阿美替尼诱导的间质性肺病1例

李敏

苏州市第五人民医院

目的：本研究旨在报告一例在接受阿美替尼治疗期间发生的老年男性患者罕见的间质性肺病（ILD）病例，从而揭示与该治疗药物相关的潜在风险。

方法：一名65岁男性被诊断为肺腺癌并伴有脑转移，携带EGFR 19DEL突变，接受110 mg阿美替尼的一线治疗方案。治疗开始一个月后，患者出现呼吸困难和阵发性干咳等症状。全面检查结果未能得出结论，而胸部CT扫描显示双肺弥漫性间质性肺病（ILD）。

结果：患者最终被诊断为与阿美替尼相关的ILD。在停止用药后，他接受了补充氧气和甲基泼尼松龙治疗。经过这一干预后，症状显著缓解，后续胸部CT影像学检查确认ILD改善。

结论：本病例强调了阿美替尼可能引发严重间质性肺病的潜在风险，尽管这种情况较为罕见，但需要临床医生保持警惕。进一步研究此类不良反应的机制是必要的，以提高该人群的患者安全性和治疗效果。

关键词 阿美替尼，表皮生长因子受体-酪氨酸激酶抑制剂，间质性肺病，肺腺癌

胸腔镜应用于穿透性脓胸手术中的疗效分析

邢富臣、刘宏

南京市第二医院

目的：探索胸腔镜在穿透性脓胸手术治疗中的应用疗效

方法：对我院2019年6月至2024年6月间的138例穿透性脓胸手术病人（包括112例初次手术病人及26例外院手术后复发至我院再手术的病人）的临床资料进行回顾性分析。所有病人术前至少应用2周规范抗结核治疗；术中沿胸壁病灶中心所在肋间取斜形切口或梭形斜切口，连同红肿皮肤切除窦道，打开脓腔、吸尽脓液、清除脓块、切除脓壁，遇病变肋骨予以切除，探查窦道进胸，胸腔镜沿切口探入胸腔，腔镜辅助下分离黏连、完整切除窦道及胸膜下脓肿纤维板、剥除全胸腔纤维板，生理盐水反复冲洗胸腔及切口，充分止血后另戳孔置入引流管至胸腔，妥善固定引流管后逐层缝合切口。术后予厚纱布加压包扎切口，无需皮下引流。术后继续规范抗结核治疗。

结果：全部患者手术顺利完成，随访12个月无复发。中位手术时长141.0（101.5,245.0）min，中位出血量60（50,200）ml。术后胸管拔除时间 10.21 ± 4.15 天。术后平均住院时间 13.14 ± 3.21 天。其中2例患者术后1月出现切口愈合不良，换药10天内愈合。

结论：胸腔镜辅助下进行穿透性脓胸手术能有效减少复发，相对于传统手术方式有视野清晰、创伤小、效果好、美观且恢复快等特点，更有助于处理胸腔内合并症。

关键词 穿透性脓胸、胸腔镜

10例脓肿分枝杆菌肺病患者临床特征及治疗结局分析

杨磊、潘红秋、陈虹羽

镇江市第三人民医院

目的：通过分析不同药物治疗方案的脓肿分枝杆菌肺病成人患者的临床特征、影像学表现、治疗结局，为该疾病的临床诊治积累经验。

方法：研究采用回顾性方法，收集了2020年1月至2025年5月在本院肺科住院诊治的10例脓肿分枝杆菌肺病成人患者的临床资料，包括：人口学基线特征、合并症、临床症状、入院后实验室检查、影像学表现、药物治疗方案、治疗结局及随访情况。

结果：10例患者的年龄分布为60岁以上7人，3人低于60岁；男性5人、女性5人。合并症方面：同时合并活动性肺结核3例，胃癌1例，肝癌1例，尘肺病1例，既往抗结核治疗3例，无基础病4例。症状主要为咳嗽、咳痰、咯血，其中咳嗽、咳痰9例，痰血或咯血4例。痰Gene-Xpert阳性3例，阴性7例；T-SPOT阳性1例，阴性5例，3例未检测。结核菌抗体LAM阳性4例，阴性1例，未检测5例。所有病例结核菌培养均为非结核分枝杆菌生长。所有病例菌种鉴定均通过tNGS确诊。影像结果为7例空洞，5例支气管扩张，支扩+空洞3例，合并肺气肿1例，合并肺不张1例，合并肿块1例。所有病例均以头孢西丁、阿奇霉素或克拉霉素、阿米卡星为基础，+替加环素3例，+亚胺培南4例，+莫西沙星3例，+利奈唑胺1例。所有患者住院疗程1-3个月，12个月后痰菌转阴2例，菌阳5例，失访3例；空洞愈合1例，4例空洞不变，2例疾病进展为空洞增多，失访3例。

结论：脓肿分枝杆菌复合群肺病起病多缓慢，病程漫长，症状无特异性，肺部影像特点与非结核有类似性，因此首诊时易误认为活动性肺结核。细菌学涂片不能区分结核菌和非结核分枝菌，但培养可区分，最终确诊仍需分子生物学检测。目前2020版中国非结核分枝杆菌诊治指南已经给出了详细的药物治疗方案及疗程，但脓肿分枝杆菌肺病的治疗效果却不太满意，且患者肺部结构损害仍缓慢进展，痰菌多持续阳性，症状易反复。

关键词 非结核分枝杆菌、脓肿分枝杆菌、临床特征、治疗结局

继发性血色病合并肺结核伴肝功能损害1例

田雪婧、陈华昕、程亮、赵新国

无锡市第五人民医院

目的：血色病是指各种病因引起体内各器官进行性铁蓄积，尤其是在肝脏出现铁沉积，并对肝脏的结构和功能造成损害。血色病按病因可分为原发性和继发性。药物性肝损伤（drug-induced liver injury, DILI）是患者抗结核治疗过程中最常见的药物不良反应之一，明确危险因素可以预防和早期发现DILI。

肝脏活组织检查有助于DILI的诊断和鉴别诊断。

方法：因血色病合并肺结核所致抗结核治疗中DILI的病例鲜见报导，现将无锡市第五人民医院收治的一例上述患者的诊治过程记录，旨在增加临床医生对此疾病的认识。

结果：男性，63岁，汉族，务农，既往高血压病史。2022-06-28因“咳嗽、咳痰4月余”就诊无锡市第五人民医院门诊，外院CT见“肺部感染伴空洞”，痰检明确肺结核，肝功能正常，07-02予“乙胺吡嗪利福异烟片”抗结核治疗。患者出现明显乏力，全身出现散在红色皮疹，伴瘙痒，第1次住院经试药考虑利福平过敏，出院予“异烟肼、乙胺丁醇、吡嗪酰胺、左氧氟沙星”联合抗结核，辅以水飞蓟宾预防性保肝。09-19患者社区医院复查肝功能示DILI：ALT 345.3U/L，AST 243.8U/L。第2次入院停用抗结核药物，先后予甘草酸镁、谷胱甘肽静脉滴注及水飞蓟宾、甘草酸二铵口服保肝降酶等治疗。检验结果排除病毒性肝炎、自身免疫性肝病，09-30复查ALT 80.0 U/L、AST 35.0 U/L较前好转，予异烟肼、乙胺丁醇抗结核治疗，10-06复查ALT 132.0 U/L、AST 83.0 U/L再次提示DILI，停用异烟肼，调整为“帕司烟肼、乙胺丁醇、左氧氟沙星”联合抗结核，结核丸辅助抗结核，水飞蓟宾、甘草酸二铵联合保肝治疗，10-11复查肝功能 ALT 77.0 U/L、AST 32.0 U/L较前好转。2022-10-19患者外院查ALT 125.3U/L，AST 93.3U/L提示DILI，第3次住院期间予“乙胺丁醇、左氧氟沙星、阿米卡星”抗结核，结核丸辅助抗结核，甘草酸镁、谷胱甘肽、水飞蓟宾联保肝降酶。2022-10-25行超声引导下肝穿刺活检术，病理检查见2022-10-25行超声引导下肝穿刺活检术，病理常规见：①1.Inflammation II° ②Fibrosis II° ③铁过载。血色病病理补充：本病例见Ⅲ区坏死，同时严重铁过载。10-26肝脏穿刺病理电镜检查报告：1.符合非特异性肝病超微病理改变。10-29血清铁饱和度检测：未饱和铁结合力：20.80 μmol/L、血清铁：20.80 μmol/L、血清铁饱和度：50.00 %、总铁结合力：41.60 μmol/L，铁蛋白：>1500.00 ng/mL。11-04上腹部磁共振平扫：肝脏体积稍大，各叶比例稍失调，肝实质信号不均匀，呈短T1短T2信号影，其在IP信号较OP信号明显减低。诊断：1.肝脾信号异常考虑色素沉着性肝病。11-01遗传性血色病1/2/3/4型相关基因检测未见致病变异。经肝科医师会诊评估患者肝脏穿刺提示明确铁过载，血色病。MRI提示T2像“黑肝”。肝穿病理提示个别Kupffer细胞内可见色素颗粒及高电子致密度颗粒；外周血检查提示“铁过载”表现，但目前无明显“皮肤色素沉着、肝硬化及糖尿病”等血色病临床表现，提示处于疾病早期。患者基因检测提示继发性血色病，继发病因不明确。2022-11-07、2022-11-11分别行放血疗法，总计400ml。2022-11-09起予“地拉罗司分散片”螯合血清铁。11-16出院后“乙胺丁醇、左氧氟沙星”抗结核，结核丸辅助抗结核，水飞蓟素、甘草酸二铵联合保肝，监测肝功能正常。2023-02-27患者复查胸部CT提示部分空洞缩小，部分空洞增大。第4次住院期间，试药异烟肼后患者DILI，予更改“乙胺丁醇、左氧氟沙星、利奈唑胺”联合加强抗结核，甘草酸二铵、双环醇联合保肝。2023-05患者门诊复查胸部CT病灶较前好转吸收，抗结核治疗10+月评估停药。2025-06经电话随诊患者未复发肺结核，定期监测肝功能正常。

结论：抗结核治疗患者反复出现DILI，肝脏活组织检查有助于明确病因，如合并血色病尽量避免应用肝损药物，放血治疗及铁螯合治疗可能助于改善此类患者预后。

关键词 结核；血色病；药物性肝损伤；放血治疗；铁螯合

Diffuse lymphadenopathy with significantly elevated standardized uptake values on positron emission tomography-computed tomography: a case description of lymph node tuberculosis without lung lesions

Weiwei Gao,yi zeng
tuberculosisi

Tuberculosis (TB) is a preventable and curable disease. In 2023, it was the second leading cause of death from a single infectious agent worldwide, causing almost twice as many deaths as human immunodeficiency virus (HIV) or acquired immunodeficiency syndrome (AIDS). More than 10 million people contract TB every year (1,2). TB lymphadenitis is observed in nearly 35% of the cases of extrapulmonary tuberculosis (EPTB), which constitute approximately 15% to 20% of all cases of TB. EPTB accounts for approximately 15 – 20% of the cases of TB and is the type in which involvement of the peripheral lymph nodes is most common (3). However, most adult patients with lymph node TB have pulmonary TB, and simple lymph node TB is rare. This report describes a case of TB in which the patient had generalized and diffuse enlargement of lymph nodes that exhibited significantly elevated standardized uptake values (SUVs) but who had no lung lesions. The diagnosis and follow-up in this case were facilitated by positron emission tomography-computed tomography (PET-CT).

Key Words positron emission tomography-computed tomography (PET-CT); lymph node tuberculosis

