



[DOI]10.3969/j.issn.1001-9057.2025.06.009

<http://www.lcnkz.com/CN/10.3969/j.issn.1001-9057.2025.06.009>

· 论著 ·

基于 Janus 蛋白酪氨酸激酶/信号转导因子和转录激活因子信号通路构建肺结核并发真菌感染的列线图预测模型与验证

曾德斌 钟永强 刘萍萍 吴杨宗

[摘要] **目的** 探讨肺结核并发真菌感染的影响因素,构建基于 Janus 蛋白酪氨酸激酶(JAK)/信号转导因子和转录激活因子(STAT)信号通路的列线图预测模型并验证。**方法** 回顾性选取我院诊治的肺结核患者 308 例,根据是否并发真菌感染将其分为并发组(35 例)和非并发组(273 例)。观察并发组患者病原性真菌分布情况,收集所有患者临床资料及实验室检查结果,采用单因素及多因素 logistic 回归分析评估肺结核并发真菌感染的危险因素,并以此构建列线图预测模型。采用受试者工作特征(ROC)曲线评估相关危险因素及列线图预测模型对肺结核并发真菌感染的预测价值。采用 Bootstrap 法对列线图预测模型进行内部验证,采用校准曲线评估列线图模型的校准度,采用决策曲线分析验证列线图模型的临床净收益率。**结果** 35 例并发真菌感染患者中,23 例(65.71%)为曲霉菌,8 例(22.86%)为白假丝酵母菌,3 例(8.57%)为热带假丝酵母菌,1 例(2.86%)为光滑假丝酵母菌。多因素 logistic 回归分析结果显示,合并糖尿病及慢性阻塞性肺疾病(COPD)、长期应用广谱抗生素、病变累及肺野数>3 个、JAK2 及 STAT3 蛋白相对表达水平较高均为肺结核并发真菌感染的独立危险因素($P < 0.05$)。ROC 曲线分析结果显示,列线图预测模型的 AUC 均大于合并糖尿病及 COPD、长期应用广谱抗生素、病变累及肺野数、JAK2 及 STAT3。通过 Bootstrap 法行内部验证,一致性指数(C-index)为 0.909,表明肺结核并发真菌感染预测模型有良好的一致性。决策曲线分析结果显示,该列线图模型阈值概率在 2%~100% 时可获得临床净收益。**结论** 合并糖尿病及 COPD、长期应用广谱抗生素、病变累及肺野数>3 个、JAK2 及 STAT3 蛋白相对表达水平较高是肺结核并发真菌感染的独立危险因素,基于 JAK/STAT 信号通路及危险因素构建的列线图预测模型具有较高的预测价值。

[关键词] 肺结核; 真菌感染; Janus 蛋白酪氨酸激酶/信号转导因子和转录激活因子; 危险因素; 列线图预测模型

[中图分类号] R521

[文献标识码] A

Construction and validation of a nomogram prediction model for pulmonary tuberculosis complicated with fungal infection based on the Janus kinase/signal transducer and activator of transcription signaling pathway

Zeng Debin*, Zhong Yongqiang, Liu Pingping, Wu Yangzong.

* Department of Infectious Diseases, Huichang County People's Hospital, Ganzhou 342600, China

[Abstract] **Objective** To explore the influencing factors of pulmonary tuberculosis complicated with fungal infection, construct and validate a nomogram prediction model based on the Janus kinase (JAK)/signal transducer and activator of transcription (STAT) signaling pathway. **Methods** A total of 308 patients with pulmonary tuberculosis diagnosed and treated in our hospital were retrospectively selected. They were divided into concurrent group (35 cases) and non-concurrent group (273 cases) according to whether there was concurrent fungal infection. Observe the distribution of pathogenic fungi in concurrent group of patients, collect the clinical data and laboratory test results of all patients. Univariate and multivariate logistic regression analyses were used to evaluate the risk factors of pulmonary tuberculosis complicated with fungal infection, and a nomogram prediction model was constructed based on this. The receiver operating characteristic curve (ROC) was used to evaluate the related risk factors and the predictive value of this

基金项目:赣州市卫生局课题(GZWJW202402407)

作者单位:342600 江西省赣州市会昌县人民医院感染科(曾德斌、钟永强、刘萍萍、吴杨宗)

通讯作者:钟永强;E-mail:Zyq946142930@163.com

predictive model for pulmonary tuberculosis complicated with fungal infection. The *Bootstrap* method was used to conduct internal validation of the nomogram prediction model, the calibration degree of the nomogram model was evaluated by using the calibration curve, and the clinical net rate of return of the nomogram model was verified by using the decision curve analysis. **Results** Among the 35 cases of concurrent fungal infections, 23 cases (65.71%) were *Aspergillus*, 8 cases (22.86%) were *Candida albicans*, 3 cases (8.57%) were *Candida tropicalis*, and 1 case (2.86%) was *Candida glabra*. Multivariate *logistic* regression analysis showed that combined diabetes and chronic obstructive pulmonary disease (COPD), long-term use of broad-spectrum antibiotics, the number of lung fields involved by the lesion > 3, and the relatively high expression levels of JAK2 and STAT3 proteins were all independent risk factors for pulmonary tuberculosis complicated with fungal infection ($P < 0.05$). The results of *ROC* curve analysis showed that the *AUC* of the nomogram prediction model was greater than that of combined diabetes and COPD, long-term use of broad-spectrum antibiotics, the number of lung fields involved by lesions, JAK2 and STAT3. Internal verification was conducted through the *Bootstrap* method, and the consistency index (*C-index*) was 0.909, indicating that the prediction model for pulmonary tuberculosis complicated with fungal infection has good consistency. Decision curve analysis results showed that the clinical net benefits could be obtained when the threshold probability of this nomogram model was between 2% and 100%. **Conclusion** Diabetes mellitus, chronic pulmonary obstruction, long-term use of broad-spectrum antibiotics, the number of lung fields involved in the disease > 3, high JAK2 and high STAT3 protein relative expression are independent risk factors for pulmonary tuberculosis complicated with fungal infection. The prediction model based on the JAK/STAT signaling pathway and risk factors has high predictive value.

[**Key words**] Tuberculosis; Fungal infection; JAK/STAT; Risk factors; Nomogram prediction model

肺结核作为一种全球性公共卫生问题,其高发病率和致死率一直备受关注^[1]。尤为严峻的是,肺结核患者在治疗过程中常面临多种并发症风险,其并发真菌感染的临床问题日益凸显,对患者预后及公共卫生安全构成重大威胁^[2]。真菌感染,尤其是曲霉菌、白假丝酵母菌等,与肺结核并发时,不仅加剧病情复杂性,更显著增加治疗难度及病死率^[3]。因此,深入探讨肺结核并发真菌感染的机制及其影响因素,构建有效的风险预测模型,对于指导临床治疗和改善患者预后具有重要意义。Janus 蛋白酪氨酸激酶(JAK)/信号转导因子和转录激活因子(STAT)信号通路作为免疫调节的关键环节,在免疫应答中扮演着核心角色^[4]。已有研究表明,该信号通路的异常激活与肺部免疫失衡、易感性增强密切相关,尤其是在肺结核并发感染的背景下,JAK2、STAT3 等关键蛋白的表达上调,可能通过调节免疫细胞功能,促进真菌的侵袭与定植,成为并发感染的潜在生物标志物^[5]。本研究旨在通过回顾性分析肺结核患者的临床资料,结合 JAK2、STAT3 蛋白相对表达水平的检测,探讨肺结核并发真菌感染的影响因素,并基于 JAK/STAT 信号通路构建列线图预测模型,以期早期识别并发真菌感染高风险人群,指导个体化治疗策略,降低病死率,提升患者生存质量。

对象与方法

1. 对象:回顾性选取 2021 年 1 月~2024 年 8 月我院诊治的肺结核患者 308 例。纳入标准:(1)年龄 ≥ 18 岁;(2)均符合《肺结核诊断标准(WS 288-2017)》^[6],并经临床表现、胸部影像学检查及痰涂片

确诊;(3)资料完整。排除标准:(1)肺癌、肺气肿等非肺结核性肺部疾病;(2)免疫系统疾病或正在接受免疫抑制治疗;(3)妊娠或哺乳期;(4)伴有严重肝肾功能不全;(5)3 个月内使用过抗真菌药物;(6)无法进行长期随访或预计生存期 < 3 个月。根据是否并发真菌感染将 308 例患者分为并发组(35 例)和非并发组(273 例),真菌感染符合《肺真菌病诊断和治疗专家共识》^[7]中相关诊断标准。本研究经过我院伦理委员会审核批准。

2. 方法:收集所有患者的临床资料[性别、年龄、BMI、病程、住院次数、吸烟及饮酒情况、合并糖尿病、高血压、高血脂及慢性阻塞性肺疾病(COPD)情况、侵入性操作、长期应用广谱抗生素、长期使用糖皮质激素、病变累及肺野数、肺部空洞、病原性真菌分布情况]及实验室检查结果[WBC 计数、Hb、白蛋白(Alb)水平、JAK2、STAT3 蛋白相对表达水平]。采用 Western Blot 法检测患者 JAK/STAT 信号通路蛋白的相对表达水平。

3. 统计学处理:应用 SPSS 26.0 软件进行统计分析。符合正态分布的计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,组间比较采用独立样本 *t* 检验。计数资料以例数和百分比表示,组间比较采用 χ^2 检验。采用多因素 *logistic* 回归分析评估肺结核并发真菌感染的危险因素,并构建列线图预测模型。采用受试者工作特征(ROC)曲线分析模型的预测效能。采用 *Bootstrap* 法对列线图预测模型进行内部验证,采用校准曲线评估列线图模型的校准度,采用决策曲线分析验证列线图模型的临床净收益率。以 $P < 0.05$ 表示差异有统计学意义。

结 果

1. 病原性真菌分布情况:308 例肺结核患者中有 35 例并发真菌感染,其中 23 例(65. 71%)感染曲霉菌,8 例(22. 86%)感染白假丝酵母菌,3 例(8. 57%)感染热带假丝酵母菌,1 例(2. 86%)感染光滑假丝酵母菌。

2. 两组患者一般临床资料及实验室检查结果的单因素分析:单因素分析结果显示,两组患者住院次数、合并糖尿病及 COPD、长期应用广谱抗生素、长期使用糖皮质激素、病变累及肺野数、肺部空洞、WBC 计数、JAK2、STAT3 蛋白相对表达水平比较差异均有统计学意义($P < 0.05$)。见表 1。

3. 影响肺结核患者并发真菌感染的危险因素分析:多因素 logistic 回归分析结果显示,合并糖尿病及 COPD、长期应用广谱抗生素、病变累及肺野数 > 3 个、JAK2 及 STAT3 蛋白相对表达水平较高均为肺结核患者并发真菌感染的独立危险因素($P < 0.05$)。见表 2。

表 2 影响肺结核患者并发真菌感染的多因素 logistic 回归分析结果

因素	β 值	S. E.	Wald χ^2	P 值	OR 值	95% CI
住院次数	0.996	0.768	1.684	0.194	2.707	0.601 ~ 12.187
合并糖尿病	1.984	0.894	4.922	0.027	7.273	1.260 ~ 41.972
合并 COPD	2.060	0.723	8.118	0.004	7.843	1.902 ~ 32.346
长期应用广谱抗生素	1.639	0.722	5.150	0.023	5.148	1.250 ~ 21.199
长期使用糖皮质激素	0.361	0.739	0.238	0.626	1.434	0.337 ~ 6.106
病变累及肺野数 > 3 个	1.679	0.712	5.557	0.018	5.358	1.327 ~ 21.636
肺部空洞	0.985	0.673	2.141	0.143	2.677	0.716 ~ 10.017
WBC	-0.011	0.094	0.014	0.905	0.989	0.823 ~ 1.189
JAK2	3.789	0.839	20.404	< 0.001	44.221	8.542 ~ 228.916
STAT3	2.202	0.544	16.369	< 0.001	9.045	3.112 ~ 26.286

表 1 两组患者一般临床资料及实验室检查结果的单因素分析[例, (%)]

组别	例数	男性	年龄 (岁, $\bar{x} \pm s$)	BMI ($\text{kg}/\text{m}^2, \bar{x} \pm s$)	病程 (年, $\bar{x} \pm s$)	住院次数 > 2 次	吸烟	饮酒
并发组	35	20(57.14)	58.43 \pm 7.41	25.36 \pm 2.79	4.43 \pm 1.04	12(34.29)	15(42.86)	10(28.57)
非并发组	273	150(54.95)	58.01 \pm 7.42	24.89 \pm 3.06	4.16 \pm 1.10	54(19.78)	110(40.29)	75(27.47)
χ^2/t 值		0.061	0.316	0.872	1.363	3.877	0.085	0.019
P 值		0.806	0.752	0.384	0.174	0.049	0.771	0.891
组别	例数	糖尿病	高血压	高血脂	COPD	侵入性操作	长期应用 广谱抗生素	长期使用 糖皮质激素
并发组	35	11(31.43)	8(22.86)	6(17.14)	14(40.00)	9(25.71)	17(48.57)	12(34.29)
非并发组	273	30(10.99)	56(20.51)	42(15.38)	48(17.58)	40(14.65)	48(17.58)	45(16.48)
χ^2/t 值		11.231	0.104	0.073	9.697	2.838	17.893	6.519
P 值		0.001	0.748	0.787	0.002	0.092	< 0.001	0.011
组别	例数	病变累及肺野数 > 3 个	肺部空洞	WBC 计数 ($\times 10^9/\text{L}, \bar{x} \pm s$)	Hb ($\text{g}/\text{L}, \bar{x} \pm s$)	Alb ($\text{g}/\text{L}, \bar{x} \pm s$)	JAK2 ($\bar{x} \pm s$)	STAT3 ($\bar{x} \pm s$)
并发组	35	18(51.43)	15(42.86)	14.54 \pm 3.43	99.40 \pm 15.39	25.13 \pm 4.27	2.83 \pm 0.74	2.90 \pm 0.76
非并发组	273	72(26.37)	56(20.51)	13.05 \pm 3.56	101.07 \pm 15.50	26.17 \pm 4.37	1.83 \pm 0.55	1.89 \pm 0.65
χ^2/t 值		9.416	8.732	2.340	-0.602	-1.325	9.59	8.394
P 值		0.002	0.003	0.020	0.548	0.186	< 0.001	< 0.001

4. 肺结核患者并发真菌感染的列线图预测模型构建:基于表 2 中的独立危险因素,构建肺结核并发真菌感染的列线图预测模型,见图 1。

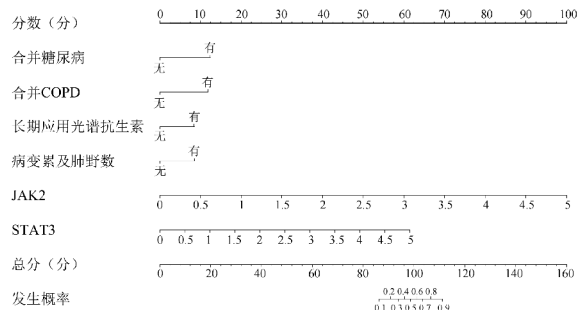


图 1 肺结核患者并发真菌感染的列线图预测模型

5. 各危险因素及预测模型对肺结核并发真菌感染的预测价值:ROC 曲线分析结果显示,列线图预测模型的 AUC 均大于合并糖尿病及 COPD、长期应用广谱抗生素、病变累及肺野数、JAK2 及 STAT3。见表 3、图 2。

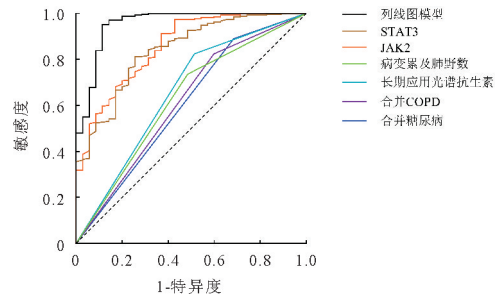


图 2 各危险因素及列线图预测模型对肺结核并发真菌感染的 ROC 曲线

6. 肺结核患者并发真菌感染列线图预测模型的验证与评价:通过 Bootstrap 法行内部验证,一致性指数 (C-index) 为 0.909,表明肺结核并发真菌感染预测模

表 3 各危险因素及预测模型对肺结核并发真菌感染预测价值的 ROC 曲线分析结果

变量	AUC	S. E.	P 值	95% CI	最佳截断值	约登指数	敏感度	特异度
合并糖尿病	0.602	0.055	0.049	0.494 ~ 0.711	0.500	0.204	0.314	0.890
合并 COPD	0.612	0.054	0.031	0.506 ~ 0.719	0.500	0.224	0.400	0.824
长期应用广谱抗生素	0.655	0.054	0.003	0.550 ~ 0.760	0.500	0.310	0.486	0.824
病变累及肺野数	0.625	0.053	0.016	0.522 ~ 0.728	0.500	0.250	0.514	0.736
JAK2	0.857	0.034	<0.001	0.790 ~ 0.923	2.780	0.545	0.571	0.974
STAT3	0.840	0.035	<0.001	0.772 ~ 0.907	2.465	0.556	0.743	0.813
预测模型	0.954	0.021	<0.001	0.913 ~ 0.996	0.226	0.838	0.886	0.952

型有良好的一致性,见图 3。决策曲线分析结果显示,该列线图模型阈值概率在 2% ~ 100% 时可获得临床净收益。见图 4。

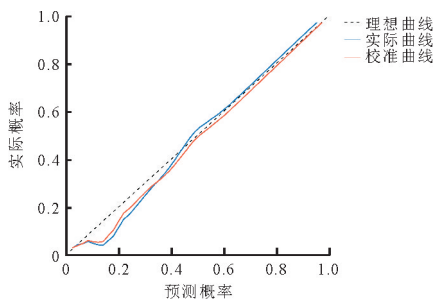


图 3 列线图预测模型的校准曲线

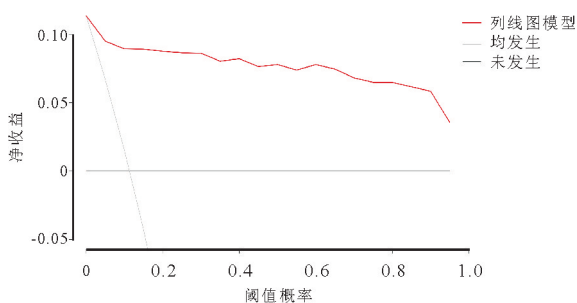


图 4 列线图预测模型的临床决策曲线

讨 论

肺结核是一种由结核分枝杆菌引起的慢性传染病,主要通过空气传播,在全球范围内广泛流行,尤其在发展中国家,是导致死亡和残疾的主要原因之一^[8-9]。尽管有有效的抗结核药物和治疗方案,但耐药菌株、治疗依从性差及合并症等问题仍阻碍其控制^[10]。特别值得注意的是,肺结核患者常并发真菌感染,其发生率高且与病程延长、营养不良、免疫调节药物使用紧密相

关,加剧了治疗难度,提高了治疗成本,并可能恶化患者预后,提升病死率^[11-12]。因此,深入探讨肺结核并发真菌感染的影响因素,并开发有效的预测模型,对于优化治疗策略、改善患者预后具有重大意义。本研究在 308 例肺结核患者中检出 35 例并发真菌感染,发生率为 11.36%,与既往研究结果相吻合^[13],再次凸显了本研究的迫切性和重要性。JAK/STAT 信号通路是细胞内重要的信号转导途径之一,其参与调节多种免疫应答相关细胞因子的信号传导,对维持免疫系统的正常功能至关重要^[14]。鉴于此,本研究旨在通过回顾性分析肺结核患者的临床资料及 JAK2、STAT3 蛋白表达水平,探讨肺结核并发真菌感染的影响因素,并基于 JAK/STAT 信号通路构建列线图预测模型,以期为临床早期识别高风险患者、制定个性化治疗方案提供科学依据。

本研究多因素 logistic 分析显示,合并糖尿病及 COPD、长期应用广谱抗生素、病变累及肺野数 >3 个、JAK2 及 STAT3 蛋白相对表达水平较高均为肺结核并发真菌感染的独立危险因素。既往研究发现,糖尿病患者由于长期的高血糖状态,会导致免疫系统功能受损,特别是细胞免疫功能下降,从而增加感染的风险^[15-16]。高血糖环境也为真菌的生长提供了有利条件,使得糖尿病患者更容易发生真菌感染,包括肺结核并发真菌感染。相关研究表明,合并 COPD 患者往往存在持续的气流受限和肺部炎症,这些都会削弱肺部的防御机制^[17-18]。同时, COPD 患者可能长期依赖吸入性糖皮质激素等药物治疗,这些药物虽然能缓解炎症,但也可能增加真菌感染的风险^[19]。此外,马清艳等^[20]和 Hu 等^[21]研究发现, COPD 患者的肺部结构改变,如肺气肿和支气管扩张,也为真菌的定植和感染提供了机会。在肺结核的治疗过程中,由于肺结核常伴随其他细菌感染,因此广谱抗生素常被用于辅助治疗。然而,有报道指出,广谱抗生素在杀灭或抑制有害细菌的同时,也会破坏人体内的微生态平衡,使得原本受到抑制的真菌有机会大量繁殖^[22]。加之肺结核患者本身免疫功能受损,进一步增加了真菌感染的风险。真菌因其强大的适应性和耐药性,在抗生素的选择性压力下可能转变为致病菌。因此,在肺结核的治疗过程中,应谨慎使用广谱抗生素,加强免疫支持,定期监测真菌感染情况,并采取综合治疗措施以应对可能发生的真菌感染。肺结核病变累及肺野数越多,说明病情越严重,肺部结构和功能受损越严重。这种情况下,患者的免疫力和肺部防御机制都会受到较大影响,使得真菌更容易在肺部定植和感染。Zhang 等^[23]研究发现, JAK/STAT 信号通路在细胞免疫应答中扮演核心

角色,其异常激活与肺结核并发真菌感染存在密切关联。JAK2 和 STAT3 蛋白相对表达水平较高均为肺结核并发真菌感染的独立危险因素,可能通过增强促炎细胞因子信号传递,影响细胞因子网络平衡,减弱抗真菌免疫反应^[24]。具体机制可能为过度激活的 STAT3 促进了 Th17 细胞的异常分化,干扰了巨噬细胞的吞噬和杀菌功能,为真菌提供了有利的侵袭和生存环境^[25]。因此,了解 JAK/STAT 信号通路在肺结核并发真菌感染中的作用,对识别高危患者及制定个性化治疗方案至关重要。临床可监测 JAK2 与 STAT3 表达水平评估风险,并探索 JAK 抑制剂等调节该通路的药物,以降低感染风险。ROC 曲线分析结果显示,各危险因素及列线图预测模型 AUC 值介于 0.602 ~ 0.954, 展现出一定预测能力,但列线图最高,显著高于单一因素,表明该模型在预测肺结核并发真菌感染方面具有卓越性能。最佳截断值 0.226 时,该预测模型不仅保持了较高敏感度,即能够准确识别出大部分真正发生感染的患者,同时也拥有极高的特异度,即误判未感染患者为感染患者的比例极低。这表明该模型在区分感染与非感染患者方面具有极高的准确性和可靠性。通过 Bootstrap 法进行内部验证, C-index 值为 0.909, 进一步证实了该预测模型具有良好的稳定性和可重复性。临床决策曲线分析表明,采用该模型进行决策能够带来净收益,且明显优于不采取任何措施的无效策略,强调了其在临床实践中的应用价值。

综上所述,合并糖尿病及 COPD、长期应用广谱抗生素、病变累及肺野数 > 3 个、JAK2 及 STAT3 蛋白相对表达水平较高均是肺结核患者并发真菌感染的独立危险因素,基于 JAK/STAT 信号通路及危险因素构建的列线图预测模型具有较高的预测价值。然而,本研究样本量有限、单中心回顾性研究或存在选择偏倚,未来需扩大样本量、多中心前瞻性研究优化预测效能。此外,JAK/STAT 信号通路机制未深入探索,未来应结合分子生物学技术,解析其在肺结核并发真菌感染中的具体机制。

参 考 文 献

- [1] 宋旭东,任玉茹,李静,等.益气润肺汤辅助治疗对肺结核合并肺部真菌感染老年患者的临床疗效观察[J].广州中医药大学学报,2023,40(6):1355-1361.
- [2] 丁翔宇,张小蓬,郭建晖,等.肺结核合并肺部感染患者的病原菌分布特征及血清炎症因子水平与其严重程度相关性分析[J].转化医学杂志,2022,11(6):381-383,401.
- [3] Vignesh P, Sil A, Aggarwal R, et al. Tuberculosis and Bacillus Calmette-Guérin Disease in Patients with Chronic Granulomatous Disease: an Experience from a Tertiary Care Center in North India[J]. J

- Clin Immunol,2023,43(8):2049-2061.
- [4] 陆贝贝,陈姗姗,陈飞蓉,等. SerpinE1 通过 JAK/STAT 通路调节 HIV-1 在巨噬细胞中的复制[J].广西医科大学学报,2024,41(6):826-832.
- [5] 杨杰,吴天山,杨新文,等.纤维粘连蛋白靶向 JAK/STAT3 信号通路调控粘连性肠梗阻的机制[J].中国现代普通外科进展,2024,27(5):343-347.
- [6] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会.肺结核诊断标准(WS 288-2017)[J].新发传染病电子杂志,2018,3(1):59-61.
- [7] 中华医学会呼吸病学分会感染学组.肺真菌病诊断和治疗专家共识[J].中华结核和呼吸杂志,2007,30(11):821-834.
- [8] Duong TN, Le MH, Beardsley J, et al. Updated estimation of the burden of fungal disease in Vietnam[J]. Mycoses,2023,66(4):346-353.
- [9] 夏文娟,宋彪,李源,等.成人肺结核合并其他肺部感染的 CT 影像特征及病原学特点分析[J].中国现代医学杂志,2024,34(9):8-14.
- [10] 侯婧,方雪晖,厉虹森,等. PNI 与老年肺结核患者合并肺部细菌感染的相关性[J].中国老年学杂志,2023,43(8):1826-1829.
- [11] Sprute R, Salzer H, Seidel D. CPAnet: the challenges of gaining evidence-based knowledge in chronic pulmonary aspergillosis[J]. Eur Respir J,2022,59(4):2102879.
- [12] 曹雯雯,刘欣,杨阳.结核感染 T 细胞斑点试验联合胸腔积液腺苷脱氨酶检测对胸腔积液患者中活动性肺结核病的早期诊断及疗效评估价值[J].中国感染与化疗杂志,2022,22(3):282-288.
- [13] 侯婧,王华,吴莎莎.中性粒细胞/淋巴细胞比值和血小板/淋巴细胞比值对老年肺结核患者合并肺部细菌感染的诊断价值[J].中国医药,2023,18(6):850-854.
- [14] Patnam N, Trivedi K, Janu A, et al. Cross-sectional imaging review of common to uncommon lung cancer mimickers in a tertiary care oncology center[J]. Acta Radiologica,2023,64(10):2731-2747.
- [15] 黎夏,魏登军,吕翻翻,等.耐药性肺结核患者 NTM 感染风险的预测模型构建与效能分析[J].疑难病杂志,2023,22(5):484-488.
- [16] 夏岚,肖月,陈闯,等.四川省 2022 年入学新生结核分枝杆菌潜伏感染与肺结核患病情况分析[J].中国防痨杂志,2024,46(6):664-671.
- [17] 史生辉,石飞,雷琼,等.青藏高原肺结核合并念珠菌感染患者的病原菌分布特点及耐药率分析[J].药学实践与服务,2024,42(6):260-262,272.
- [18] Li M, Li M, Qiao L, et al. Role of JAK-STAT signaling pathway in pathogenesis and treatment of primary Sjgren's syndrome[J]. CMJ,2023,136(19):2297-2306.
- [19] 陈影影,施旭东,黄菁,等.肺结核患者 CD4⁺T 淋巴细胞计数水平与下呼吸道感染病原菌感染类型及耐药性的关系[J].临床检验杂志,2023,41(11):827-831.
- [20] 马清艳,康冠楠,侯莉莉,等.肺结核并 MDRO 肺部感染耐药情况及其危险因素分析[J].中国急救复苏与灾害医学杂志,2023,18(4):492-496.
- [21] Hu M, Liu R, Li J, et al. Clinical features and prognosis of pediatric acute lymphocytic leukemia with JAK-STAT pathway genetic abnormalities: a case series[J]. Ann Hematol,2023,102(9):2445-2457.
- [22] 徐春华,朱士玉,胡屹,等.重组结核杆菌融合蛋白在肺结核密切接触者中筛查结核分枝杆菌感染效果分析[J].中国防痨杂志,2024,46(8):897-902.
- [23] Zhang Y, Wu G, Yang Y, et al. Interleukin-4 Promotes Human Metapneumovirus Replication Through the JAK/STAT6 Pathway[J]. Viral Immunol,2023,36(7):449-457.
- [24] 朱小利,安惠,李荣科,等.基于 JAK2/STAT3 信号通路探讨红芪多糖对糖尿病胃轻瘫大鼠炎症反应的影响[J].中国药理学通报,2024,40(5):907-913.
- [25] 肖雨晨,苗倩倩,王珑,等.身痛逐瘀颗粒对类风湿性关节炎大鼠炎症及 JAK/STAT 信号通路的影响[J].广州中医药大学学报,2024,41(6):1567-1573.

(收稿日期:2024-07-16)

(本文编辑:余晓曼)