

• 临床研究 •

HIV 感染/AIDS 患者合并结核病危险因素及预测模型的构建*

田苗¹, 田文广^{2△}, 赵妮¹

(1. 重庆医科大学第五临床学院, 重庆 402160; 2. 重庆医科大学附属永川医院感染科, 重庆 402160)

[摘要] 目的 挑选人类免疫缺陷病毒(HIV)感染/AIDS患者合并结核分枝杆菌(MTB)感染的危险因素, 构建预测模型并验证。方法 将 2020 年 6 月至 2023 年 6 月重庆医科大学附属永川医院收治的 1 300 例 HIV 感染/AIDS 患者纳入研究, 收集其临床资料, 将处理好的数据根据 8 : 2 的比例随机分为模型组与验证组。经过 LASSO 回归筛选特征指标, 再采用多因素 logistic 回归分析法分析 HIV 感染/AIDS 患者合并结核病的危险因素, 并构建列线图模型后验证。结果 Logistic 回归分析结果显示, 职业、淋巴细胞计数、发热、咳嗽、体重下降、低蛋白血症史是 HIV 感染/AIDS 患者合并结核病的危险因素($P < 0.05$); 利用其构建的预测模型进行内部评价与内部验证的校准曲线准确度较高; ROC 分析结果显示模型组曲线下面积(AUC)为 0.767(95%CI 0.697~0.837), 验证组 AUC 为 0.723(95%CI 0.683~0.763)。决策曲线分析(DCA)显示该模型的阈概率在 0~0.57 时, 患者的净收益率大于 0; 校准曲线显示, 模型组与验证组的模型与理想模型基本契合, 提示该模型预测度较好。结论 HIV 感染/AIDS 患者合并结核病与患者职业、淋巴细胞计数、发热、咳嗽、体重下降、低蛋白血症史等因素密切相关, 根据上述因素构建的模型具有较好的预测价值。

[关键词] 艾滋病; 结核分枝杆菌; LASSO 回归; 危险因素; 多因素 logistic 回归

DOI:10.3969/j.issn.1009-5519.2025.11.016 **中图法分类号:**R512.91; R521.1

文章编号:1009-5519(2025)11-2586-07

文献标识码:A

Construction of risk factors and prediction models for tuberculosis in patients with HIV/AIDS*

TIAN Miao¹, TIAN Wenguang^{2△}, ZHAO Ni¹

(1. The Fifth Clinical College of Chongqing Medical University, Chongqing 402160, China;

2. Department of Infectious Diseases, Yongchuan Hospital Affiliated to Chongqing Medical University, Chongqing 402160, China)

[Abstract] **Objective** To select the risk factors of Mycobacterium tuberculosis(MTB) infection in patients with human immunodeficiency virus(HIV) infection/AIDS, construct a predictive model and verify it. **Methods** A total of 1,300 patients with HIV infection/AIDS admitted to Yongchuan Hospital Affiliated to Chongqing Medical University from June 2020 to June 2023 were included in the study. Their clinical data were collected, and the processed data were randomly divided into model group and verification group according to 8 : 2. After LASSO regression screening of characteristic indicators, multivariate logistic regression analysis was used to analyze the risk factors of HIV infection/AIDS patients with tuberculosis, and the neagram model was constructed for verification. **Results** Logistic regression analysis showed that occupation, lymphocyte outcome, fever, cough, weight loss and history of hypoproteinemia were risk factors for tuberculosis in HIV/AIDS patients($P < 0.05$). The calibration curve for internal evaluation and internal verification using the prediction model constructed by it has a relatively high accuracy. The ROC analysis results showed that the area under the suite curve(AUC) of the model was 0.767(95%CI 0.697~0.837), and the AUC of the validation was 0.723(95%CI 0.683~0.763). Decision Curve analysis(DCA) shows that when the threshold probability of this model is between 0 and 0.57, the net rate of return of the patients is greater than 0. The calibration curve shows that the models in the model group and the validation group are basically in line with the ideal model, suggesting that the model has a good predictive accuracy. **Conclusion** Tuberculosis in AIDS patients infected with HIV is closely related to factors such as the patient's occupation, lymphocyte results, fever, cough, weight loss, and history of hypoproteinemia. The model constructed based on the above factors has a good pre-

* 基金项目:重庆市重点学(专)科“传染病防治”项目(2024145)。

作者简介:田苗(1998—),硕士研究生,主要从事艾滋病合并结核病危险因素分析的研究。△ 通信作者,E-mail:twg9366@163.com。

网络首发 [https://link.cnki.net/urlid/50.1129.R.20251009.1134.006\(2025-10-09\)](https://link.cnki.net/urlid/50.1129.R.20251009.1134.006(2025-10-09))

dictive value.

[Key words] AIDS; Mycobacterium tuberculosis; Lasso regression; Risk factor; Multivariate logistic regression

艾滋病,全称“获得性免疫缺陷综合征”,通常简称为 AIDS。这是一种由人类免疫缺陷病毒(HIV)引发的疾病。HIV 病毒侵害人体的免疫系统,特别是对抗病毒感染所必要的 CD4⁺ T 细胞,导致人体免疫力下降,以至于不能有效抵抗各种疾病和感染^[1-2]。HIV 感染者的免疫系统受损,使其更容易感染结核分枝杆菌(MTB)或从潜伏性结核感染发展为活动性结核病。结核病作为一种并发症,能够加速 AIDS 的病情恶化进程,深刻影响患者的预后状况。结核病是 HIV 感染者的主要死因之一,2020 年全球约有 21.4 万人死于 HIV/MTB 双重感染,占 HIV 相关死亡人数的约 30%^[3]。我国 HIV 与 MTB 等病原体的共感染现象突出,尤其是在静脉吸毒史高发的云南、广西等边境地区,多重感染率可达 21.5%,加剧了临床管理难度^[4]。但当并发结核病时,其临床表现及影像学特征往往呈现不典型性,给早期诊断带来了显著挑战^[5-6]。因此,针对 HIV 感染/AIDS 患者合并结核病的潜在危险因素进行早期精准识别,进而构建高效的预测模型,可以从根本上降低 HIV 感染/AIDS 患者罹患结核病的风险,最终达成改善预后、延长生存期的目标。

1 资料与方法

1.1 数据来源 对 2020 年 6 月至 2023 年 6 月重庆医科大学附属永川医院收治的 HIV 感染/AIDS 患者 1 300 例临床资料进行回顾性研究,其中 HIV 感染/AIDS 和结核病患者 193 例,单纯 HIV 感染/AIDS 患者 1 107 例。同时通过 HIS 病历系统收集研究以下信息:年龄、性别、职业、婚姻状况、吸烟史、饮酒史、发热、咳嗽、气促、食欲缺乏、体重下降、腹泻、合并糖尿病史、合并尘肺病史、合并营养不良、合并低蛋白血症、白细胞计数、淋巴细胞计数、中性粒细胞计数、血小板计数、血红蛋白浓度、肌酐等。纳入标准:经重庆市永川区疾病预防控制中心确诊为 HIV 感染/AIDS 患者^[7];肺结核病诊断符合参考文献中的相关标准^[8],表现为咳嗽、咳痰等症状,并经影像学检查、实验室检测确诊者;临床资料完整者。排除标准:拟分析相关资料不全者;合并严重恶性肿瘤者;合并重要脏器功能不全者;合并年龄小于 12 岁者。本研究已获重庆医科大学附属永川医院伦理委员会审核通过(批号:2024EC0043)。研究流程图见图 1。

1.2 数据分组 将样本数据中存在严重缺失、生化指标显著异常者整行删除 111 例,最终纳入样本量 1 189 例。将单纯 HIV 感染/AIDS 患者定义为未感染组,样本量为 1 008 例,同时有 HIV 感染/AIDS 和结核病者定义为感染组,样本量有 181 例。按照 8:2 的比例随机分为模型组和验证组。其中,模型组 951

例,其中 MTB 感染 144 例;验证组 238 例,其中 MTB 感染 37 例。

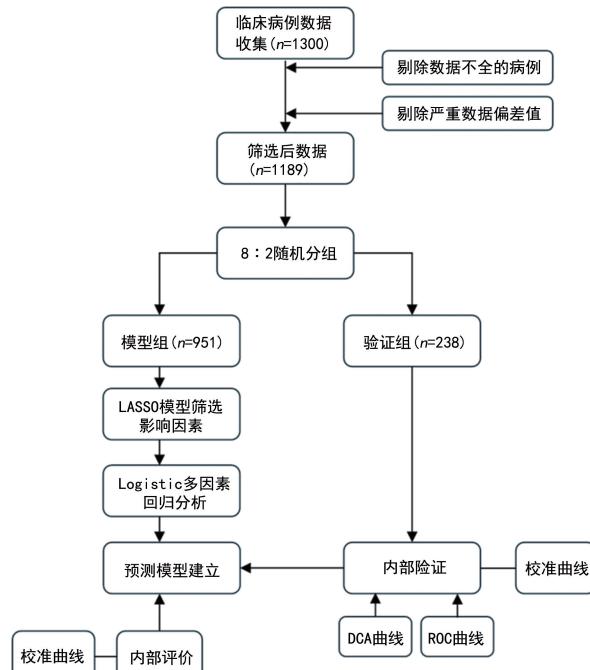


图 1 研究流程图

1.3 统计学处理 利用 python 与 R 语言对数据进行处理分析。计量资料经 Shapiro-Wilk 检验,正态分布计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,组间比较采用独立样本 t 检验,不符合正态分布的采用 $M(P_{25}, P_{75})$ 进行统计描述,采用 Mann-Whitney U 检验;计数资料以例数表示,组间比较采用 χ^2 检验。首先利用 R 语言“glmnet”包进行 LASSO 回归分析,以是否合并结核病作为因变量,通过五折交叉验证确定最优惩罚系数 λ ,保留回归系数非零的变量。将所得变量纳入多因素 logistic 回归模型,以 $P < 0.05$ 为标准确定独立危险因素。基于最终变量,使用 R 语言“rms”包构建风险预测模型,并绘制受试者工作特征(ROC)曲线评估判别效能,同时进行决策曲线分析(DCA)及校准曲线以分别评价临床实用度与模型校准能力。验证组数据用于模型内部验证。

2 结 果

2.1 2 组患者各指标比较 2 组间性别、职业、吸烟史、合并尘肺病史、合并营养不良史、合并低蛋白血症史、咳嗽、气促、食欲缺乏、体重下降、精神神经症状、发热、淋巴细胞计数、血红蛋白浓度、谷草转氨酶差异有统计学意义($P < 0.05$)。感染组与非感染组单因素分析结果见表 1、2,模型组与验证组的基本资料比较见表 3、4。

2.2 LASSO 回归分析结果 采用 LASSO 回归方法

进行了影响因素的筛选工作，并通过五折交叉验证技术来确定最佳的惩罚项系数 λ 。当惩罚项系数 λ 设定为 $\lambda \cdot 1se(0.042)$ 时，模型展现出了最优的性能。在此参数配置下，LASSO 回归最终从众多潜在因素中筛选出了 6 个具有显著预测价值的变量，分别是职业类别、淋巴细胞计数、发热症状、咳嗽症状、体重下降情况及是否存在低蛋白血症病史。见图 2、3。

表 1 AIDS 合并结核病的单因素分析(n)

危险因素	感染组 (n=181)	非感染组 (n=1 008)	χ^2	P
性别			7.6664	0.006
男	151	740		
女	30	268		
职业			14.314	<0.001
农民	94	370		
其他	87	638		
婚姻状况			0.540	0.463
已婚	143	823		
其他	38	185		
吸烟史			14.514	0.001
有	111	460		
无	70	548		
饮酒史			0.973	0.324
有	51	246		
无	130	762		
合并糖尿病史			0.013	0.909
有	19	112		
无	162	896		
合并尘肺病史			13.033	<0.001
有	9	10		
无	172	998		
合并营养不良史			21.580	<0.001
有	59	175		
无	122	833		
合并低蛋白血症			42.613	<0.001
有	101	307		
无	80	701		
咳嗽			31.241	<0.001
是	132	505		
否	49	503		
胸闷			0.443	0.506
是	14	97		
否	167	911		
气促			9.025	0.003
是	84	347		
否	97	661		

续表 1 AIDS 合并结核病的单因素分析(n)

危险因素	感染组 (n=181)	非感染组 (n=1 008)	χ^2	P
胸痛			0.916	0.339
是	17	71		
否	164	937		
腹泻			2.790	0.095
是	25	95		
否	156	913		
食欲缺乏			11.588	0.001
是	117	510		
否	64	498		
体重下降			28.802	<0.001
是	89	289		
否	92	719		
精神神经症状			11.093	0.001
是	102	430		
否	79	578		
发热			25.424	<0.001
是	84	276		
否	97	732		

表 2 感染组与未感染组实验室指标比较

危险因素	组别	$M(P_{25}, P_{75})$	U	P
年龄(岁)	感染组	58.00(49.00, 67.00)	85 506	0.089
	非感染组	60.00(51.00, 68.00)		
白细胞计数($\times 10^9 L^{-1}$)	感染组	5.10(3.90, 6.50)	89 703	0.360
	非感染组	5.20(3.90, 6.93)		
淋巴细胞计数($\times 10^9 L^{-1}$)	感染组	0.71(0.40, 1.11)	63 795	<0.001
	非感染组	1.02(0.64, 1.47)		
中性粒细胞计数($\times 10^9 L^{-1}$)	感染组	3.70(2.50, 5.17)	84 758	0.064
	非感染组	3.33(2.25, 5.07)		
血小板计数($\times 10^9 L^{-1}$)	感染组	189.00(136.00, 252.00)	85 145	0.077
	非感染组	182.00(129.00, 232.25)		
血红蛋白浓度(g/L)	感染组	112.00(92.00, 125.00)	81 160	0.009
	非感染组	116.00(99.00, 131.00)		
肌酐($\mu mol/L$)	感染组	66.00(55.00, 84.00)	86 885	0.154
	非感染组	65.00(54.00, 80.00)		
谷丙转氨酶(U/L)	感染组	21.00(12.00, 36.00)	88769	0.282
	非感染组	21.00(14.00, 32.00)		
谷草转氨酶(U/L)	感染组	26.00(20.00, 45.00)	85 755	0.099
	非感染组	26.00(20.00, 39.00)		

2.3 logistic 回归模型分析 利用 951 例模型组病例结果，将有无肺结核作为因变量，将上述筛选出的非影响因素作为自变量，进行多因素 logistic 回归分析，

结果显示,职业、淋巴细胞计数、发热、咳嗽、体重下降、低蛋白血症病史的差异有统计学意义($P < 0.05$)。见表 5。

表 3 模型组与验证组一般资料比较(n)

危险因素	模型组 (n=951)	验证组 (n=238)	χ^2	P
性别			<0.001	1.000
男	713	178		
女	238	60		
职业			2.378	0.123
农民	382	82		
其他	569	156		
婚姻状况			0.298	0.585
已婚	770	197		
其他	181	41		
吸烟史			2.191	0.139
有	446	125		
无	505	113		
饮酒史			0.031	0.860
有	236	61		
无	715	177		
合并糖尿病史			0.576	0.448
有	101	30		
无	850	208		
合并尘肺病史			0.962	0.363
有	13	6		
无	938	232		
合并营养不良史			0.371	0.543
有	191	43		
无	760	195		
合并低蛋白血症			0.016	0.899
有	325	83		
无	626	155		
咳嗽			0.021	0.884
是	511	126		
否	440	112		
胸闷			0.102	0.750
是	87	24		
否	864	214		
气促			0.034	0.853
是	343	88		
否	638	150		
胸痛			0.034	0.853
是	73	15		

续表 3 模型组与验证组一般资料比较(n)

危险因素	模型组 (n=951)	验证组 (n=238)	χ^2	P
否	878	223		
腹泻			0.356	0.551
是	93	27		
否	858	211		
纳差			1.034	0.309
是	509	118		
否	442	120		
体重下降			0.567	0.452
是	297	81		
否	654	157		
精神神经			0.021	0.885
是	427	105		
否	524	133		
发热			0.316	0.574
是	292	68		
否	659	170		
年龄(岁)	模型组	59.00(51.00,68.00)	84.302	0.428
白细胞计数 ($\times 10^9 \text{ L}^{-1}$)	模型组	5.10(3.80,6.80)	85.162	0.852
淋巴细胞计数 ($\times 10^9 \text{ L}^{-1}$)	模型组	0.92(0.59,1.40)	65.218	0.538
中性粒细胞计数 ($\times 10^9 \text{ L}^{-1}$)	模型组	3.34(2.30,5.07)	85.243	0.527
血小板计数 ($\times 10^9 \text{ L}^{-1}$)	模型组	183.00(129.25,232.00)	84.627	0.882
血红蛋白浓度(g/L)	模型组	115.00(98.25,131.00)	82.624	0.428
肌酐($\mu\text{mol/L}$)	模型组	65.00(54.00,79.00)	86.752	0.328
谷丙转氨酶(U/L)	模型组	21.00(14.00,34.00)	86.742	0.476
谷草转氨酶(U/L)	模型组	22.00(13.25,30.00)	85.766	0.553
	验证组	26.00(20.00,39.00)	85.766	0.553

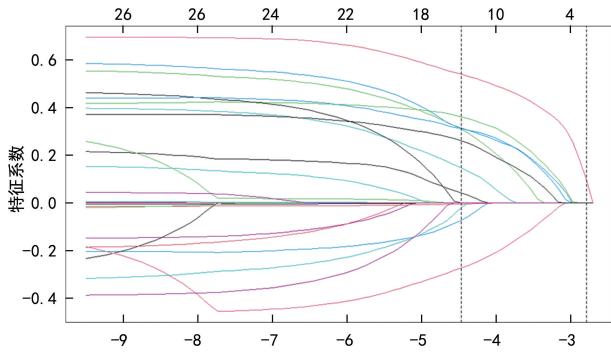


图 2 LASSO 回归系数路径图

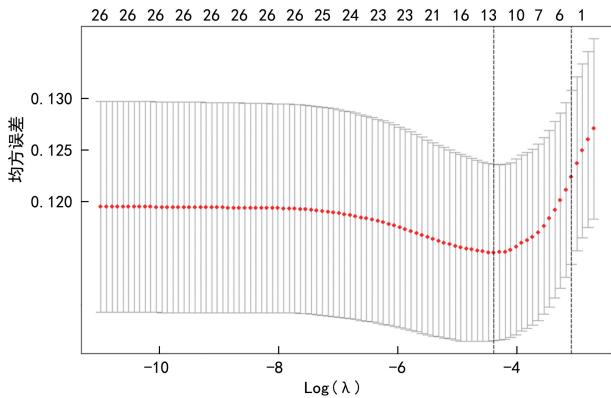


图 3 LASSO 五折交叉验证结果图

表 5 多因素 logistic 回归分析

变量	β	SE	Wald	P	OR	95%CI	
						下限	上限
常数	-2.497	0.292	-8.550	0.000	0.082	-3.077	-1.931
职业	0.495	0.189	2.620	0.009	1.641	0.124	0.866
淋巴细胞计数	-0.335	0.136	-2.470	0.014	0.655	-0.600	-0.069
发热	0.510	0.197	2.590	0.010	1.665	0.124	0.896
咳嗽	0.476	0.211	2.250	0.024	1.610	0.062	0.890
体重下降	0.490	0.194	2.530	0.011	1.632	0.110	0.869
低蛋白血症史	0.679	0.196	3.480	0.001	1.973	0.296	1.062

2.4 构建风险预测模型 利用多因素 logistic 回归分析得出的职业、淋巴细胞计数、发热、咳嗽、体重下降、低蛋白血症史等指标构建列线图模型, 见图 4。本模型的风险范围未覆盖 0~1 全区间, 但这反映了纳入研究的患者合并结核病的发病率(15.22%)和变量分布特征, 不属于模型缺陷。另外, 该范围已涵盖临床决策的重要阈值(0.3), 在某些地区, 可以根据具体实际承受能力选择阈值, 保守策略(避免过度诊疗):选择较高阈值(如 0.3~0.4)。积极策略(避免漏诊):选择较低阈值(如 0.1~0.2)。故对 TB 的分层管理仍具有一定实用价值, 如“风险>0.3: 建议 HIV 感染/AIDS 患者可行 Xpert MTB/RIF 或胸部 X 线片、

痰培养等检查, 必要时进行预防性治疗^[9]”。

2.5 模型验证 为了全面而深入地评估基于模型组数据所构建的预测模型的效能, 采用了多种内部评价方法, 具体包括 ROC 曲线、DCA 及校准曲线。为了验证模型的稳定性和泛化能力, 本研究还利用独立的验证组数据对模型进行内部验证, 以确保模型在实际应用中的可靠性和有效性。

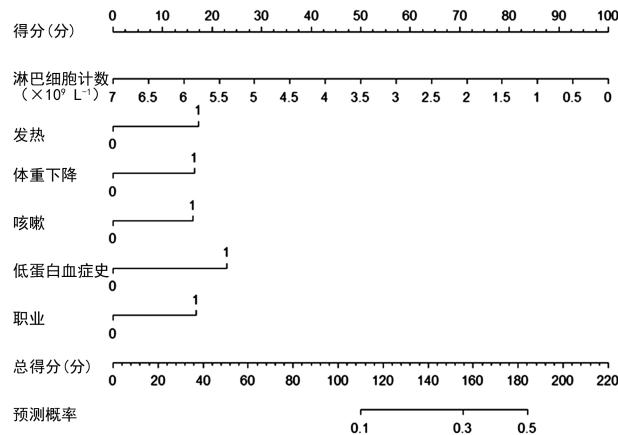


图 4 预测模型的列线图

2.5.1 ROC 曲线 通过 ROC 分析, 本研究对模型组所构建的 HIV 感染/AIDS 患者 MTB 感染预测模型的性能进行了量化评估。该模型的曲线下面积(AUC)达到了 0.767(95%CI 0.697~0.837), 显示出良好的预测准确性。同时, 为了验证模型的稳定性和可靠性, 本研究还对验证组数据进行了 ROC 分析, 得到 AUC 值为 0.723(95%CI 0.683~0.763)。对比 2 组 ROC 曲线, 发现其均具备较好的区分能力。见图 5。

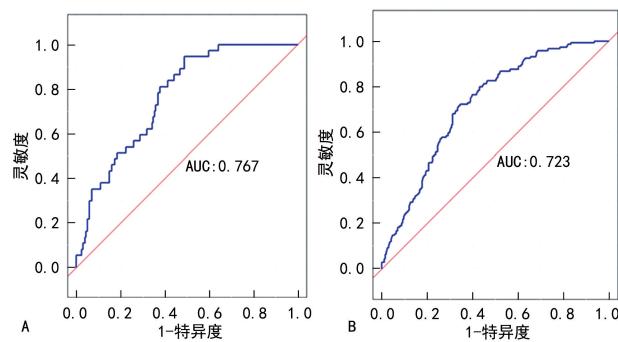


图 5 模型组(A)与验证组(B)的 ROC 曲线

2.5.2 DCA 曲线 当该模型的阈概率在 0~0.57 时, 患者的净收益率大于 0。因此该模型具有一定的临床应用价值。见图 6。

2.5.3 校准曲线 模型组与验证组的校准曲线均与预测概率曲线呈高度拟合状态, 并且与代表完美预测的理想曲线之间的偏差保持在较低水平。见图 7。

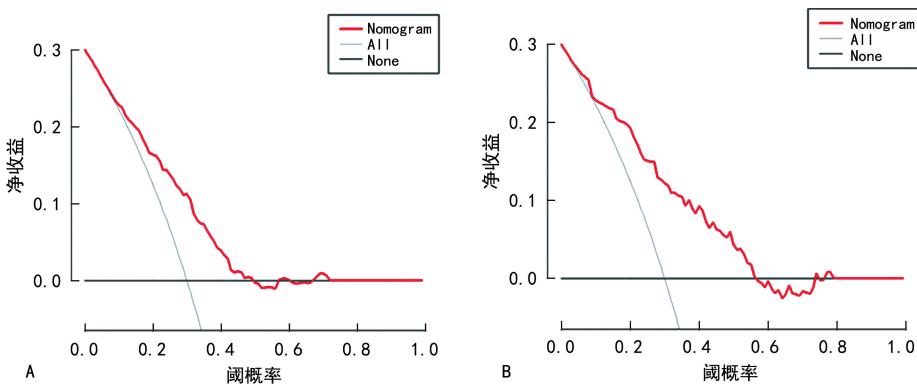


图 6 模型组(A)与验证组(B)的 DCA 曲线

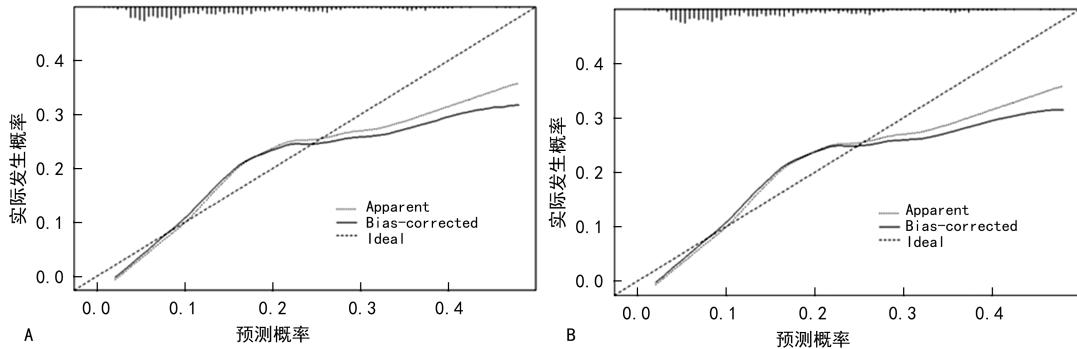


图 7 模型组(A)与验证组(B)的校准曲线

3 讨 论

HIV 削弱了免疫系统,使携带这种病毒的人更容易感染结核病,这反过来又可能导致潜伏性结核病的激活。这种相互作用加速了这两种疾病的发展^[10]。有报道称,HIV 感染成为 MTB 死灰复燃的首要诱发因素,使结核病复燃的风险增加了 20 倍^[11]。因此,同时感染的个体患这 2 种疾病的形式更严重,死亡率更高。当前,尽管已有关于 HIV 感染/AIDS 患者并发结核病的影响因素的相关研究报道^[12],但大多是在单因素分析的基础上进行多因素 logistic 回归分析,由此得出的风险因素可能会受到某些交叉影响,从而影响对临床事件预测的精确性。为了筛选出更精确的影响因素,本研究选择了 LASSO 回归模型,这是一种基于惩罚函数的模型。其通过压缩回归系数和保存子集缩小等特性,能有效解决复合共线性数据带来的偏估问题^[13-14]。

利用 LASSO 回归筛选出特征指标后,再利用多因素 logistic 回归分析,得出的结果:职业(农民)、淋巴细胞计数、发热、咳嗽、体重下降、低蛋白血症病史是 HIV 感染/AIDS 患者并发结核病的危险因素。分析其原因是,职业为农民的人群普遍文化程度处于我国中下水平,其对 AIDS 的传播途径及其相关知识相对匮乏。有研究结果显示,农村和城市老年人群知晓率分别为 28.5% 和 47.9%^[15]。淋巴细胞包括 T 细胞、B 细胞及自然杀伤细胞,其共同协作保持人体的免疫防御机制。HIV 侵犯人体的辅助性 T 淋巴细胞,从而使人体更易受到各种感染和疾病的攻击,故

淋巴细胞破坏增多,血液中淋巴细胞水平进行性降低^[16]。AIDS 发热的机制复杂,AIDS 患者发热的患病率为 24.5%~44.1%^[17]。有研究发现,在部分 AIDS 合并肺结核人群中,临床表现不典型,且起病急,疾病进展迅速,其发热常为高热,与结核病的午后潮热不相符^[18]。咳嗽是结核病最容易被识别的早期症状之一。患有 HIV 感染或已进展为 AIDS 的患者,如在过去 1 年内持续咳嗽超过 2 周,那么应高度警觉可能存在结核病感染的风险^[19]。AIDS、结核病、肿瘤均为消耗性疾病,当体重下降时或合并低蛋白血症时,除了排除肿瘤类疾病外,需警惕 MTB 感染,必要时行痰培养等相关确诊检查。

列线图模型作为一种新兴的预测工具,近年来在医学预测领域获得了广泛应用与认可。本研究旨在通过深入分析 HIV 感染/AIDS 患者合并结核病的多元风险因素,运用先进的统计方法构建一套科学、可靠的 MTB 感染风险预测模型。通过此模型的建立,期望能够为临床工作者提供一套实用性强、易于实施的预测工具,从而指导其针对高风险人群实施更加精准、个性化的预防与干预措施,进而有效遏制 HIV 感染/AIDS 患者结核病并发症的发生,最终促进患者整体健康水平的提升。

综上所述,本文通过收集 HIV 感染/AIDS 患者相关数据,成功建立了风险列线图模型,并通过内部评价及内部验证显示了其较好的预测作用,同时筛选出了 HIV 感染/AIDS 患者合并结核病的危险因素,对临床诊断具有一定指导意义。但本文为回顾性研

究重庆医科大学附属永川医院相关病例,可能具有一定地域性,加之本文缺少外部验证,可能会对结论有所影响。因此,该结论应用于临床还有待进一步考究和验证。

参考文献

- [1] WAKCHOUR P, Momin K, KHAN A A. Pathogenesis of human immunodeficiency virus and mycobacterium tuberculosis infection as revealed by transcriptome and interactome data[J]. OMICS, 2023, 27(1): 15-23.
- [2] HE X B, EDDY J J, JACOBSON K R, et al. Enhanced human immunodeficiency virus-1 replication in CD4⁺ T cells derived from individuals with latent mycobacterium tuberculosis infection[J]. J Infect Dis, 2020, 222(9): 1550-1560.
- [3] World Health Organization. Global Tuberculosis Report 2021[R]. Geneva: World Health Organization, 2021.
- [4] 中华医学会感染病学分会艾滋病学组,中华医学会热带病与寄生虫学分会艾滋病学组. HIV 合并 MTB 感染诊治专家共识[J]. 中华临床感染病杂志, 2017, 10(2): 81-90.
- [5] 饶立歆, 肖筱, 陈静, 等. 结核病与艾滋病低流行地区 MTB/HIV 双重感染患者发现模式的效果评价[J]. 中国防痨杂志, 2021, 43(3): 240-247.
- [6] 沈晓萍, 张维东, 汤佳媚, 等. 艾滋病合并结核病危险因素及预测模型构建[J]. 中华医院感染学杂志, 2024, 34(11): 1606-1610.
- [7] 中华医学会感染病学分会艾滋病丙型肝炎学组, 中国疾病预防控制中心, 李太生. 中国艾滋病诊疗指南(2021 年版)[J]. 协和医学杂志, 2022, 13(2): 203-226.
- [8] 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/CD]. 新发传染病电子杂志, 2018, 3(1): 59-61.
- [9] 李志丽, 刘宇红.《世界卫生组织结核病整合指南模块 6: 结核病及其共患病-HIV》解读[J]. 中国防痨杂志, 2024, 46(8): 869-873.
- [10] BHATT A, QUAZI SYED Z, SINGH H. Converging epidemics: a narrative review of tuberculosis(TB) and human immunodeficiency virus(HIV) coinfection[J]. Curr Opin Clin Infect Dis, 2023, 15(10): e47624.
- [11] GETAHUN H, GUNNEBERG C, GRANICH R, et al. HIV infection-associated tuberculosis: the epidemiology and the response[J]. Clin Infect Dis, 2010, 50(Suppl 3): S201-S207.
- [12] 方喆, 黄移生, 王起, 等. 2017—2019 年长沙地区 HIV 感染者/AIDS 患者合并肺结核感染的流行现状及相关危险因素[J]. 职业与健康, 2020, 36(13): 1784-1788.
- [13] 李宏基, 赵晓龙, 胡伟, 等. 前列腺癌早期筛查风险预测模型的建立与验证研究[J]. 中国全科医学, 2024, 27(20): 2483-2490.
- [14] 刘姿, 王金来, 贾建超, 等. 基于 LASSO 的肺癌风险预测模型的构建[J]. 中国卫生检验杂志, 2022, 32(24): 3007-3010.
- [15] 卓小康. 基于 IMB 模型的广西农村老年人艾滋病高危行为研究[D]. 桂林: 桂林医学院, 2022.
- [16] TEBAS P, JADLOWSKY J K, SHAW P A, et al. CCR5-edited CD4⁺ T cells augment HIV-specific immunity to enable post-rebound control of HIV replication[J]. J Clin Invest, 2021, 131(7): 144486.
- [17] 陈守生, 李鹏宇, 徐赫文, 等. 基于“主客交”理论探析艾滋病发热病机及辨治思路[J]. 山东中医药大学学报, 2024, 48(1): 22-26.
- [18] 杨雪娟, 艾宇, 王利, 等. 单纯肺结核患者与艾滋病合并肺结核患者的临床特征与实验室检测结果对比分析[J]. 寄生虫病与感染性疾病, 2023, 21(4): 208-214.
- [19] SUDHARSHAN S, NAIR N, CURRI A, et al. Human immunodeficiency virus and intraocular inflammation in the era of highly active anti retroviral therapy—an update[J]. Indian J Ophthalmol, 2020, 68(9): 1787-1798.

(收稿日期: 2025-02-26 修回日期: 2025-06-23)

(上接第 2585 页)

- [8] 杨紫懿. 基于服务设计的膝骨关节炎患者自我管理系统设计[D]. 上海: 东华大学, 2022.
- [9] 昌敬惠. 基于增长混合模型的全膝关节置换患者健康结果及影响因素研究[D]. 广州: 南方医科大学, 2021.
- [10] NGUYEN J, NAYLOR J M, DENNIS S, et al. Voices from the clinic: a qualitative analysis of physiotherapy strategies in musculoskeletal care for knee osteoarthritis patients[J]. BMC Musculoskelet Disord, 2025, 26(1): 19.
- [11] FOCHT B C, REJESKI W J, HACKSHAW K, et al. The Collaborative Lifestyle Intervention Program in Knee Osteoarthritis Patients (CLIP-OA) trial: Design and methods[J]. Contemp Clin Trials, 2022, 115: 106730.
- [12] GINNERUP-NIELSEN E M, HENRIKSEN M, CHRIS-

- TENSEN R, et al. Prevalence of self-reported knee symptoms and management strategies among elderly individuals from Frederiksberg municipality: protocol for a prospective and pragmatic Danish cohort study[J]. BMJ Open, 2019, 9(9): e028087.
- [13] 秦夕茹, 张立智. 骨关节炎疼痛的机制[J]. 中华全科医学, 2021, 19(6): 1001-1007.
- [14] DASTE C, KIRREN Q, AKOUM J, et al. Physical activity for osteoarthritis: efficiency and review of recommendations[J]. Joint Bone Spine, 2021, 88(6): 105207.
- [15] 王云霄. 面向老年慢性病患者的居住环境设计研究[D]. 南京: 东南大学, 2021.

(收稿日期: 2025-02-23 修回日期: 2025-06-29)