· 结核病主动发现与预防性干预专题 综述 ·

结核分枝杆菌潜伏感染检测技术与诊断的研究进展

陈国智[1] 综述；赵丽娜[2] 审校

1.乐清市疾病预防控制中心（乐清市卫生监督所），浙江 乐清 325600；
2.温州市疾病预防控制中心（温州市卫生监督所），浙江 温州 325000

摘要：结核分枝杆菌潜伏感染（LTBI）是感染结核分枝杆菌后的特殊免疫状态，影响全球约1/4的人口，构成了85%~90%的活动性结核病病例。目前，LTBI常用的检测方法是结核菌素皮肤试验（TST）和γ-干扰素释放试验（IGRA），然而均存在一定局限性，LTBI诊断标准尚不统一。随着分子生物技术和人工智能技术的发展，RNA测序、蛋白质组学和机器学习等为LTBI诊断提供了新方向。RNA测序和蛋白质组学能够揭示LTBI状态下基因与蛋白表达的复杂性和多样性，通过识别特异性标志物提升诊断准确性；机器学习可通过算法训练诊断模型，为LTBI检测提供快速诊断和个性化决策支持。本文综述了LTBI的诊断现状、检测新方法和机器学习在LTBI辅助诊断中的应用，为LTBI的诊断提供理论依据。

关键词：结核分枝杆菌潜伏感染；检测技术；诊断方法；机器学习
中图分类号：R52 **文献标识码：**A **文章编号：**2096-5087（2026）05-0447-05

Research progress on the detection techniques and diagnosis of latent tuberculosis infection

CHEN Guozhi[1], ZHAO Lina[2]

1.Yueqing Center for Disease Control and Prevention (Yueqing Institute of Public Health Supervision), Yueqing, Zhejiang 325600, China; 2.Wenzhou Center for Disease Control and Prevention (Wenzhou Institute of Public Health Supervision), Wenzhou, Zhejiang 325000, China

Abstract: Latent tuberculosis infection (LTBI) refers to a specific immune state after *Mycobacterium tuberculosis* infection, affecting approximately one quarter of the global population and contributing to 85%-90% of active pulmonary tuberculosis cases. At present, the tuberculin skin test and interferon-gamma release assay are the main detection methods for LTBI, yet both have certain limitations, and there is no unified standard for LTBI diagnosis. With the rapid advancement of molecular biotechnology and artificial intelligence, technologies such as RNA sequencing, proteomics and machine learning have opened up new perspectives for LTBI diagnosis. RNA sequencing and proteomics can reveal the complexity and diversity of gene and protein expression profiles under LTBI status, and improve diagnostic accuracy by identifying specific biomarkers. Machine learning can establish diagnostic models through algorithm training, so as to provide rapid diagnosis and personalized decision support for LTBI screening. This paper reviews the current diagnostic situation, novel detection techniques of LTBI and the application of machine learning in auxiliary diagnosis of LTBI, aiming to provide theoretical references for the diagnosis of LTBI.

Keywords: latent tuberculosis infection; detection techniques; diagnostic methods; machine learning

DOI：10.19485/j.cnki.issn2096-5087.2026.05.004
基金项目：浙江省疾病预防控制科技计划项目（2026JKZ066）；温州市基础性科研项目（Y20240884）
作者简介：陈国智，本科，副主任医师，主要从事传染性疾病控制工作
通信作者：赵丽娜，E-mail：landy816@qq.com

结核病是由结核分枝杆菌引起的慢性传染性疾病，全球每年发病例数超过 1 000 万例，其致死率在传染性疾病中居第 2 位[1-2]。结核分枝杆菌潜伏感染（latent tuberculosis infection，LTBI）是指感染结核分枝杆菌后，对结核抗原产生持续免疫反应，但无活动性结核病的临床表现、影像学改变或病原学证据[3]。LTBI 影响全球约 1/4 的人口，是活动性结核病持续不断的新发患者库[4-5]。宿主免疫功能受损可致潜伏的结核分枝杆菌再激活，构成了 85%~90% 的活动性结核病病例，导致疾病传播链长期且持续[6]。因此，LTBI 的早期诊断与积极干预是预防疾病进展和传播的关键。然而，传统免疫学诊断方法无法区分活动性结核病与 LTBI——两者均可呈阳性反应，可能导致活动性结核病的漏诊或 LTBI 的过度治疗。为突破这一局限，当前研究聚焦于深入认识结核分枝杆菌与宿主免疫反应的相互作用、开发新型检测技术和应用人工智能辅助诊断 LTBI。本文系统检索中国知网、PubMed 数据库中 2005—2025 年关于 LTBI 检测技术与诊断的相关文献，综述其诊断现状、新型检测技术和机器学习在辅助诊断中的应用，为 LTBI 的诊断提供理论依据。

1　LTBI 诊断现状

1.1　LTBI 定义与诊断标准差异

部分重点人群需加强 LTBI 的筛查，包括学生、流动人口、羁押人群、≥65 岁老年人、糖尿病患者、免疫功能低下者及存在特异性免疫缺陷的人群等；与病原学阳性肺结核患者有密切接触史的人群，以及结核病诊治一线的医务人员和检验人员[5]。目前，全球范围内对 LTBI 的定义和诊断标准尚未统一。美国疾病预防控制中心将其定义为感染结核分枝杆菌但无活动性结核病的临床症状与体征[7]。世界卫生组织（WHO）的诊断标准为高危个体若无相关症状，结核菌素皮肤试验（tuberculin skin test，TST）或 γ-干扰素释放试验（interferon-γ release assay，IGRA）阳性、胸部 X 线结果阴性且无其他异常，可考虑诊断为 LTBI。美国疾病预防控制中心则依据病史、结核相关检查、胸部 X 线和体格检查，并且在某些情况下结合痰检结果进行综合判断。我国 LTBI 的诊断依据《中国结核病预防控制工作技术规范（2020 年版）》。LTBI 的定义与诊断标准的差异会一定程度上影响诊断结果与治疗决策。因此，有必要在全球范围内推动相关标准与指南的协调统一，以改善 LTBI 的诊治效果。

1.2　LTBI 常用检测方法

1.2.1　TST

TST 是将旧结核菌素或纯化蛋白衍生物（purified protein derivative，PPD）作为抗原注入皮内，若受试者既往感染过结核分枝杆菌，注射后 48~72 h 内会出现局部超敏反应，表现为红肿和硬节[8]。Meta 分析结果显示，TST 灵敏度为 0.68，不足之处在于部分抗原成分与卡介苗和非结核分枝杆菌抗原成分相同，会发生交叉反应，特异度仅为 0.67[9]。尽管如此，TST 因成本低廉、操作简便和对实验室设备要求低，仍被广泛应用于 LTBI 筛查。

1.2.2　IGRA

IGRA 是一种体外检测方法，通过检测宿主对结核分枝杆菌特异抗原的免疫反应判断是否存在结核分枝杆菌感染，主要分为酶联免疫吸附法（enzyme-linked immunosorbent assay，ELISA）和酶联免疫斑点技术（enzyme-linked immunospot，ELISPOT）。该方法采用结核分枝杆菌早期分泌抗原 6（early secretory antigen-6，ESAT-6）、培养滤液蛋白 10（culture filtrate protein 10，CFP-10）和结核分枝杆菌抗原 Rv2654c（TB7.7）作为特异性抗原，在体外刺激全血或外周血单个核细胞[10]。ELISA 如 QuantiFERON-TB Gold In-Tube（QFT-GIT）检测、QuantiFERON-TB Gold-Plus，通过定量致敏 T 细胞释放的 IFN-γ 水平判断感染状态；ELISPOT 如结核感染 T 细胞斑点试验（T-cell spot test for tuberculosis，T-SPOT.TB）则通过释放 IFN-γ 的致敏 T 细胞计数评估感染情况[11]。IGRA 阳性结果表明存在结核分枝杆菌感染。在免疫正常人群中 IGRA 的灵敏度约为 85%~90%，特异度可达 96%[12]。

IGRA 已经成为部分高收入国家 LTBI 筛查的首选检测方法[13]。然而，IGRA 费用昂贵、操作复杂且对实验室条件要求较高，不适合大规模人群筛查。在我国，因成本和可及性因素，TST 仍是 LTBI 检测的主要方法。在免疫功能受损的人群中，由于 $CD4^+$T 淋巴细胞功能受损，IGRA 的灵敏度会显著降低。PARK 等[14]研究发现，在接受免疫抑制治疗的炎性肠病患者中，即使 IGRA 结果为阴性，仍存在结核病发病的潜在风险。因此，建议该类患者进行 LTBI 检测时联合使用 IGRA 与 TST。

1.2.3　新型皮肤试验

新型皮肤试验原理与 TST 类似，均通过迟发型超敏反应判断感染状态。其核心改进在于采用结核分枝杆菌特异性抗原——ESAT-6 和 CFP-10，这 2 种

抗原只存于致病性较强的结核分枝杆菌菌株中，而卡介苗菌株和大多数非结核分枝杆菌均不表达，从而显著提高了检测特异度[5]。目前，俄罗斯研制的Diaskintest、丹麦研发的C-Tb试验和我国研发的EC试验已获批上市[15]。一项纳入61项研究、共3 777 083名受试者的研究显示，Diaskintest的特异度、灵敏度和准确率分别为98.0%，86.0%和95.1%[16]。C-Tb试验的灵敏度低于TST，但在接种过卡介苗的健康人群中具有较高的特异度[15]。2项Ⅲ期临床试验研究结果显示，94%的受试者C-Tb皮肤试验与QFT-GIT一致[17]；在儿童、人类免疫缺陷病毒（human immunodeficiency virus，HIV）阳性活动性结核病患者和LTBI者中，C-Tb试验的阳性率与TST和QFT-GIT相似[18]。我国在国家科技重大专项支持下自主研制的EC试验，已在临床试验中展现出较高的特异度和灵敏度[19-20]。

3种新型皮肤试验均具备成本相对较低、操作简单和安全性高等优势，可减少卡介苗接种所致TST假阳性反应，且较IGRA更具经济价值[15]。然而，现有检测方法仍无法鉴别活动性结核病与LTBI，也无法区分近期感染与长期持续感染。此外，基于ESAT-6和CFP-10抗原开发的预防性重组疫苗，未来可能对新型皮肤试验的诊断价值产生影响。

2 LTBI检测新方法

2.1 RNA测序

RNA测序技术具有高通量、高灵敏度、检测新基因与遗传变异等优势[21]，近年来在LTBI检测研究中得到广泛应用。已有研究通过分析并验证长链非编码RNA表达谱，筛选出可能用于诊断LTBI的相关长链非编码RNA[22]。此外，通过分析血浆中外泌体RNA的表达水平，也可筛选LTBI相关的分子标志物，其中外泌体非编码RNA，尤其是外泌体微小RNA，是当前的研究热点[23]。DE ARAUJO等[24]通过比较分析LTBI者外周血中小非编码RNA的表达水平，发现let-7a-5p、miR-589-5p、miR-196b-5p和SNORD104的组合也可能是诊断LTBI的潜在标志物。

2.2 蛋白质组学

蛋白质组学技术具有高通量、平行化、快速分析和所需样本量少等优点，是LTBI检测的潜在新方法[25]。贺仁忠等[26]采用Mtbprot™结核分枝杆菌蛋白芯片初步筛选出100个与LTBI相关的候选蛋白，经进一步验证后优选出8个蛋白标志物，其组合诊断LTBI的特异度、灵敏度分别是90.9%、83.1%。另一项研究采用无标记定量蛋白质组学技术，比较肺结核患者和LTBI者血浆中的蛋白表达差异，结果发现α1-抗胰凝乳蛋白酶、α1-酸性糖蛋白和E-钙粘蛋白是鉴别活动性结核病和LTBI的潜在蛋白标志物，三者联合鉴别的特异度、灵敏度分别为96.1%、75.0%[27]。MATEOS等[28]基于LTQ-Qrbitrap-Elite平台开展高分辨率定量蛋白质组学研究，分析了活动性肺结核患者、LTBI者和健康对照者的痰液和唾液样本。该研究结果显示，活动性结核病患者唾液中与葡糖糖、脂质代谢相关的蛋白质表达减少；而LTBI者相较于健康对照者，其痰液蛋白质呈现出独特的组学特征，表现为与苦味感知、病原体防御和固有免疫反应相关的蛋白质表达减少[28]。

2.3 细胞因子检测

结核分枝杆菌感染的不同阶段，机体细胞因子谱会发生动态变化，这些细胞因子可作为诊断LTBI的潜在生物标志物[29]。WON等[30]检测了48例活动性结核病患者、15名LTBI者和13名健康对照者外周血中29种细胞因子的表达水平，结果发现，结核感染组（活动性结核病和LTBI）和健康对照组之间存在8种差异表达的细胞因子；同时，活动性结核病组和LTBI组之间也有8种细胞因子表达存在显著差异，分别为白细胞介素-2（IL-2）、白细胞介素-5（IL-5）、白细胞介素-10（IL-10）、表皮生长因子（EGF）、粒细胞-巨噬细胞集落刺激因子（GM-CSF）、干扰素-γ（IFN-γ）、肿瘤坏死因子-α（TNF-α）和血管内皮生长因子（VEGF）。然而，该研究的样本量较小，上述发现尚需更大样本量的研究予以验证。WANG等[31]则聚焦于细胞因子组合鉴别活动性结核病与LTBI的价值，研究构建了包含IL-10、白细胞介素-1受体拮抗剂（IL-1Ra）、白细胞介素-12p70（IL-12p70）、IFN-γ、干扰素-γ诱导蛋白-10（IP-10）和VEGF 6种细胞因子的预测模型，该模型在216人的验证队列中的灵敏度、特异度分别为88.2%、92.1%，在194人的前瞻性验证队列中的灵敏度、特异度分别为85.7%、91.3%。

3 机器学习在LTBI诊断中的应用

目前，机器学习已广泛应用于结核病相关领域，包括活动性结核病的诊断、非结核分枝杆菌肺部疾病与肺结核的鉴别诊断和抗结核药物的研发等[32]。然而，其在鉴别活动性结核病与LTBI方面的应用相对较少，原因主要在于LTBI者缺乏特异的临床

症状或影像学特征，现有研究多基于生物标志物数据，且以联合转录组学与蛋白质组学筛选生物标志物的策略为主[33]。

基于微阵列技术的机器学习方法为LTBI诊断提供了方向。LU等[34]对结核病患者、LTBI者和健康对照者的基因表达谱进行微阵列分析，采用决策树算法构建个由*CXCL10*、*ATP10A*和*TLR6*组成的LTBI诊断模型，该模型在外部验证队列中的灵敏度、特异度分别为71%、89%。WANG等[35]通过RNA测序技术联合机器学习算法，发现由*TNFRSF10C*、*EBF3*和*A2ML1*构成的基因组合诊断模型可能有效区分活动性结核病和LTBI，在包含147名疑似活动性结核病患者的样本中，该模型诊断活动性结核病的灵敏度、特异度分别为82.4%、92.4%。此外，新型高通量测序技术（如单细胞RNA测序）可发掘LTBI特异的基因表达特征、识别相关免疫细胞亚群和揭示免疫细胞活化状态等，基于单细胞RNA测序数据的机器学习模型值得进一步研究与开发[33]。

蛋白质组学联合机器学习在LTBI诊断中的研究多聚焦于使用结核分枝杆菌特异性蛋白、宿主特异性抗体和细胞因子作为生物标志物。LI等[36]采用机器学习算法对结核分枝杆菌特异性蛋白进行分类和组合，以优化诊断性能并筛选最佳蛋白组合。该研究构建了包含64种结核分枝杆菌相关抗原的蛋白芯片，检测了活动性结核病患者、LTBI者和健康对照者的血清样本，并采用随机森林算法筛选出由Rv1860、Rv3881c、Rv2031c和Rv3803c 4种蛋白组成的生物标志物组合，该组合区分活动性结核病和LTBI的特异度、灵敏度分别为97.7%、93.3%。另一项前瞻性研究采用蛋白质指纹图谱结合机器学习算法，构建了由4种蛋白质组成的诊断模型，其诊断准确率为94%，且诊断效能不受HIV感染状态影响[37]。

此外，蛋白质与细胞因子联合机器学习的策略也为LTBI诊断提供了新思路。一项研究采用多种生物标志物的组合，并运用随机森林等机器学习方法建立诊断模型，该模型在区分活动性结核病和LTBI的特异度、灵敏度分别为89.86%、92.80%[38]。

4 小 结

目前，不同国家和地区在LTBI的定义、检测方法和诊断标准上均存在一定差异，尚未形成统一的标准或指南，增加了结核病防治工作的复杂性。因此，需加强国际间的协调与合作，推动建立共同的标准。近年来，随着分子生物学技术的迅速发展，结核分枝杆菌从潜伏感染到活动性感染转化的分子机制正被逐步揭开。机器学习能够有效整合转录组学、蛋白质组学及免疫学等多维生物标志物数据，构建出具有较高灵敏度和特异度的LTBI诊断模型，为LTBI的精准识别提供了新的技术方向与循证依据。未来，可通过整合多类型数据，建立大规模结核病专病数据库，开发智能化的鉴别诊断模型，进一步完善LTBI的诊断路径。在此基础上，制定标准化的LTBI临床诊断与治疗方案，尝试解决传统LTBI诊断在儿童LTBI、免疫抑制人群、近期感染与远期感染鉴别等领域的应用难题，将有助于推动实现终结结核病流行的目标。

参考文献

[1] World Health Organization. Global tuberculosis reports, 1997 to 2025 [EB/OL]. [2026-04-25]. https://www.who.int/teams/global-programme-on-tuberculosis-and-lung-health/tb-reports.

[2] 王歆尧，姜美丽，庞元捷，等. 中国结核病疾病负担现状[J]. 中华流行病学杂志，2024，45（6）：857-864.

[3] ZHANG H Y, GUAN W W, ZHOU J K.Advances in the diagnosis of latent tuberculosis infection [J].Infect Drug Resist, 2025, 18：483-493.

[4] 邱曼玲，江毅，李梦映，等. 在校学生结核潜伏感染及预防性治疗研究进展 [J]. 预防医学，2024，36（1）：30-33.

[5] 张铭锦，刘绘影，高嘉，等. 结核潜伏感染的诊断现状与展望[J]. 中华传染病杂志，2024，42（8）：500-505.

[6] 姜雯雯，徐勇胜. 结核分枝杆菌潜伏感染筛查方法研究进展[J]. 中国实用儿科杂志，2023，38（12）：948-952.

[7] TAYLOR Z, NOLAN C M, BLUMBERG H M, et al.Controlling tuberculosis in the United States. Recommendations from the American thoracic society, CDC, and the infectious diseases society of America [J].MMWR Recomm Rep, 2005, 54（12）：1-81.

[8] CARRANZA C, PEDRAZA-SANCHEZ S, DE OYARZABAL-MENDEZ E, et al.Diagnosis for latent tuberculosis infection：new alternatives [J/OL].Front Immunol, 2020, 11 [2026-04-25]. https://doi.org/10.3389/fimmu.2020.02006.

[9] 张爽，赵弘，杨美霞. 结核潜伏感染检测方法的研究进展[J]. 上海预防医学，2025，37（1）：94-99.

[10] DING Y E, WONG M T J, NORAZMI M N, et al.Advancement in diagnostic approaches for latent tuberculosis：distinguishing recent from remote infections [J/OL].One Health Outlook, 2025, 7（1）[2026-04-25].https://doi.org/10.1186/s42522-025-00144-w.

[11] HAAS M K, BELKNAP R W.Diagnostic tests for latent tuberculosis infection [J].Clin Chest Med, 2019, 40（4）：829-837.

[12] CODECASA L, MANTEGANI P, GALLI L, et al.An in-house RD1-based enzyme-linked immunospot-gamma interferon assay instead of the tuberculin skin test for diagnosis of latent *Mycobacterium tuberculosis* infection [J].J Clin Microbiol, 2006, 44（6）：1944-1950.

[13] AHMED A, FENG P I, GAENSBAUER J T, et al.Interferon-γ release assays in children <15 years of age [J/OL].Pediatrics, 2020, 145（1）[2026-04-25]. https://doi.org/10.1542/

peds.2019-1930.

[14] PARK C H, PARK J H, JUNG Y S.Impact of immunosuppressive therapy on the performance of latent tuberculosis screening tests in patients with inflammatory bowel disease: a systematic review and meta-analysis [J/OL].J Pers Med, 2022, 12 (3): [2026-04-25].https://doi.org/10.3390/jpm12030507.

[15] GONG W P, WU X Q.Differential diagnosis of latent tuberculosis infection and active tuberculosis: a key to a successful tuberculosis control strategy [J/OL].Front Microbiol, 2021, 12 [2026-04-25].https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.745592.

[16] STARSHINOVA A, DOVGALYK I, MALKOVA A, et al.Recombinant tuberculosis allergen (Diaskintest®) in tuberculosis diagnostic in Russia (meta-analysis) [J]. Int J Mycobacteriol, 2020, 9 (4): 335-346.

[17] RUHWALD M, AGGERBECK H, GALLARDO R V, et al.Safety and efficacy of the C-Tb skin test to diagnose *Mycobacterium tuberculosis* infection, compared with an interferon γ release assay and the tuberculin skin test: a phase 3, double-blind, randomised, controlled trial [J].Lancet Respir Med, 2017, 5 (4): 259-268.

[18] AGGERBECK H, RUHWALD M, HOFF S T, et al.C-Tb skin test to diagnose *Mycobacterium tuberculosis* infection in children and HIV-infected adults: a phase 3 trial [J/OL]. PLoS One, 2018, 13 (9) [2026-04-25]. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0204554.

[19] LI F, XU M, QIN C, et al.Recombinant fusion ESAT6-CFP10 immunogen as a skin test reagent for tuberculosis diagnosis: an open-label, randomized, two-centre phase 2a clinical trial [J/OL]. Clin Microbiol Infect, 2016, 22 (10) [2026-04-25]. https://doi.org/10.1016/j.cmi.2016.07.015.

[20] LI F, XU M, ZHOU L J, et al.Safety of recombinant fusion protein ESAT6-CFP10 as a skin test reagent for tuberculosis diagnosis: an open-label, randomized, single-center phase Ⅰ clinical trial [J].Clin Vaccine Immunol, 2016, 23 (9): 767-773.

[21] DAWADI P, POKHAREL B, SHRESTHA A, et al.From bench to bytes: a practical guide to RNA sequencing data analysis [J/OL]. Front Genet, 2025, 16 [2026-04-25]. https://doi.org/10.3389/fgene.2025.1697922.

[22] FANG Y L, ZHAO J J, WANG X Y, et al.Identification of differentially expressed lncRNAs as potential plasma biomarkers for active tuberculosis [J/OL]. Tuberculosis (Edinb), 2021, 128 [2026-04-25].https://doi.org/10.1016/j.tube.2021.102065.

[23] MIRZAEI R, BABAKHANI S, AJORLOO P, et al.The emerging role of exosomal miRNAs as a diagnostic and therapeutic biomarker in *Mycobacterium tuberculosis* infection [J/OL]. Mol Med, 2021, 27 (1) [2026-04-25].https://doi.org/10.1186/s10020-021-00296-1.

[24] DE ARAUJO L S, RIBEIRO-ALVES M, LEAL-CALVO T, et al. Reprogramming of small noncoding RNA populations in peripheral blood reveals host biomarkers for latent and active mycobacterium tuberculosis infection [J/OL].mBio, 2019, 10 (6) [2026-04-25].https://doi.org/10.1128/mbio.01037-19.

[25] GUO J B, ZHANG X M, CHEN X C, et al.Proteomics in biomarker discovery for tuberculosis: current status and future perspectives [J/OL].Front Microbiol, 2022, 13 [2026-04-25]. https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.845229.

[26] 贺仁忠，王霄，陈玲，等.结核潜伏感染诊断新型候选标志物的筛选及临床验证 [J].中国人兽共患病学报，2018，34 (9)：794-800.

[27] SUN H S, PAN L P, JIA H Y, et al.Label-free quantitative proteomics identifies novel plasma biomarkers for distinguishing pulmonary tuberculosis and latent infection [J/OL].Front Microbiol, 2018, 9 [2026-04-25].https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01267.

[28] MATEOS J, ESTÉVEZ O, GONZÁLEZ-FERNÁNDEZ Á, et al. High-resolution quantitative proteomics applied to the study of the specific protein signature in the sputum and saliva of active tuberculosis patients and their infected and uninfected contacts [J].J Proteomics, 2019, 195: 41-52.

[29] DOMINGO-GONZALEZ R, PRINCE O, COOPER A, et al.Cytokines and chemokines in *Mycobacterium tuberculosis* infection [J/OL].Microbiol Spectr, 2016, 4 (5) [2026-04-25].https://doi.org/10.1128/microbiolspec.tbtb2-0018-2016.

[30] WON E J, CHOI J H, CHO Y N, et al.Biomarkers for discrimination between latent tuberculosis infection and active tuberculosis disease [J].J Infect, 2017, 74 (3): 281-293.

[31] WANG S, LI Y, SHEN Y J, et al.Screening and identification of a six-cytokine biosignature for detecting TB infection and discriminating active from latent TB [J/OL].J Transl Med, 2018, 16 (1) [2026-04-25].https://doi.org/10.1186/s12967-018-1572-x.

[32] THEODOSIOU A A, READ R C.Artificial intelligence, machine learning and deep learning: potential resources for the infection clinician [J].J Infect, 2023, 87 (4): 287-294.

[33] LI L S, YANG L, ZHUANG L, et al.From immunology to artificial intelligence: revolutionizing latent tuberculosis infection diagnosis with machine learning [J/OL]. Mil Med Res, 2023, 10 (1) [2026-04-25].https://doi.org/10.1186/s40779-023-00490-8.

[34] LU C Y, WU J, WANG H H, et al.Novel biomarkers distinguishing active tuberculosis from latent infection identified by gene expression profile of peripheral blood mononuclear cells [J/OL]. PLoS One, 2011, 6 (8) [2026-04-25].https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024290.

[35] WANG S, HE L, WU J, et al.Transcriptional profiling of human peripheral blood mononuclear cells identifies diagnostic biomarkers that distinguish active and latent tuberculosis [J/OL]. Front Immunol, 2019, 10 [2026-04-25].https://doi.org/10.3389/fimmu.2019.02948.

[36] LI J, WANG Y G, YAN L, et al.Novel serological biomarker panel using protein microarray can distinguish active TB from latent TB infection [J/OL]. Microbes Infect, 2022, 24 (8) [2026-04-25].https://doi.org/10.1016/j.micinf.2022.105002.

[37] AGRANOFF D, FERNANDEZ-REYES D, PAPADOPOULOS M C, et al.Identification of diagnostic markers for tuberculosis by proteomic fingerprinting of serum [J].Lancet, 2006, 368 (9540): 1012-1021.

[38] LUO Y, XUE Y, LIU W, et al. Development of diagnostic algorithm using machine learning for distinguishing between active tuberculosis and latent tuberculosis infection [J/OL]. BMC Infect Dis, 2022, 22 (1) [2026-04-25]. https://doi.org/10.1186/s12879-022-07954-7.

收稿日期：2026-01-20 **修回日期**：2026-04-25 **本文编辑**：刘亚敏