

【DOI】 10.3969/j.issn.1671-6450.2023.05.008

论著·临床

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

黎夏, 魏登军, 吕翻翻, 沈大燕

基金项目: 湖北省卫生健康委科研项目(WJ2019M018)

作者单位: 442000 湖北省十堰市太和医院呼吸内科(黎夏、吕翻翻、沈大燕), 呼吸与危重症医学科(魏登军)

通信作者: 魏登军, E-mail: 306797919@qq.com

【摘要】目的 分析耐药性肺结核患者非结核分枝杆菌(NTM)感染的特征及其危险因素, 构建预测模型并评估模型的预测效能。**方法** 纳入 2020 年 3 月—2022 年 5 月十堰市太和医院呼吸内科收治耐药性肺结核患者 230 例, 根据是否存在非结核分枝杆菌感染分为 NTM 组 39 例和无 NTM 组 191 例。比较 2 组患者临床资料; 采用多因素 Logistic 回归方程分析耐药性肺结核患者发生 NTM 感染的危险因素。使用 R 软件建立发生 NTM 感染的列线图预测模型并进行内部验证。**结果** 耐药性肺结核患者 230 例共发生非结核分枝杆菌感染 39 例(16.96%), 无混合感染; 排名前 4 位的 NTM 菌株分别为胞内分枝杆菌(33.33%)、脓肿分枝杆菌(23.08%)、戈登分枝杆菌(12.82%)、鸟分枝杆菌(10.26%); NTM 组患者男性、年龄 >40 岁、农民、小学及以下文化程度、家庭收入 <2 万元/年、合并慢性阻塞性肺疾病(COPD)、恶性肿瘤及应用免疫抑制的比例均高于无 NTM 组($\chi^2/P = 5.487/0.019, 5.529/0.018, 8.129/ <0.001, 6.776/0.009, 5.890/0.015, 5.623/0.017, 5.957/0.014, 7.333/0.007$); 男性、年龄 >40 岁、农民、患有 COPD、合并恶性肿瘤是耐药性肺结核患者发生 NTM 感染的危险因素[$OR(95\% CI) = 10.205(2.068 \sim 50.361), 36.324(8.128 \sim 162.328), 7.640(1.941 \sim 30.072), 13.832(3.938 \sim 48.588), 18.796(2.786 \sim 126.802)$], $P < 0.01$]; 列线图预测耐药性肺结核患者 NTM 感染的一致性指数(C-index)为 0.904(95% CI 0.862 ~ 0.961)。**结论** NTM 感染在耐药性肺结核患者中具有较高的检出率, 感染人群以男性、农民及年龄 >40 岁的人群为主; 通过构建的预测模型能够早期评估耐药性肺结核患者 NTM 感染情况, 指导临床早期干预。

【关键词】 耐药性肺结核; 非结核分枝杆菌感染; 菌群分布; 预测模型; 列线图**【中图分类号】** R521 **【文献标识码】** A

Construction and efficacy analysis of a predictive model for the risk of NTM infection in drug-resistant pulmonary tuberculosis patients Li Xia*, Wei Dengjun, Lyu Fanfan, Shen Dayan. * Department of Respiratory Medicine, Taihe Hospital, Hubei Province, Shiyan 442000, China

Corresponding author: Wei Dengjun, E-mail: 306797919@qq.com

Funding program: Scientific Research Project of Hubei Provincial Health Commission (WJ2019M018)

【Abstract】 Objective To analyze the characteristics and risk factors of non-tuberculosis mycobacterium (NTM) infection in drug-resistant pulmonary tuberculosis patients, construct a predictive model, and evaluate the predictive efficacy of the model. **Methods** Two hundred and thirty drug-resistant pulmonary tuberculosis patients admitted to the Respiratory Department of Taihe Hospital in Shiyan City from March 2020 to May 2022 were divided into an NTM group of 39 cases and a non NTM group of 191 cases based on the presence of non-tuberculosis Mycobacterium infection. Compare the clinical data of two groups of patients; Using multivariate logistic regression equation to analyze the risk factors for NTM infection in drug-resistant pulmonary tuberculosis patients. Use R software to establish a column chart prediction model for NTM infection and conduct internal validation. **Results** A total of 39 (16.96%) non tuberculosis mycobacterial infections occurred in 230 drug-resistant pulmonary tuberculosis patients, with no mixed infection; The top 4 NTM strains ranked were Mycobacterium intracellulatum (33.33%), Mycobacterium abscesses (23.08%), Mycobacterium Gordon (12.82%), and Mycobacterium avium (10.26%); The proportion of male patients in the NTM group, age >40 years old, farmers, primary school education or below, family income <20 000 yuan/year, comorbidities with chronic obstructive pulmonary disease (COPD), malignant tumors, and immunosuppressive therapy were higher than those in the non NTM group ($\chi^2/P = 5.487/0.019, 5.529/$

0.018, 8.129/ <0.001 , 6.776/0.009, 5.890/0.015, 5.623/0.017, 5.957/0.014, 7.333/0.007); Male, age >40 years old, farmer, COPD, and concomitant malignant tumors are risk factors for NTM infection in drug-resistant pulmonary tuberculosis patients [OR(95% CI)=10.025 (2.068 – 50.361), 36.324 (8.128 – 162.328), 7.640 (1.941 – 30.072), 13.832 (3.938 – 48.588), 18.796 (2.786 – 126.802), $P<0.01$]; The consistency index (C-index) of predicting NTM infection in drug-resistant pulmonary tuberculosis patients using the column chart was 0.904 (95% CI 0.862 – 0.961). **Conclusion** NTM infection has a high detection rate in drug-resistant pulmonary tuberculosis patients, with the main infected population being males, farmers, and people over 40 years old; The constructed predictive model can early evaluate the NTM infection status of drug-resistant pulmonary tuberculosis patients and guide clinical early intervention.

【Key words】 Drug-resistant tuberculosis; Non-tuberculous mycobacteria infection; Flora distribution; Predictive model; Nomogram

非结核分枝杆菌 (nontuberculous mycobacteria, NTM) 在自然界中广泛分布, 主要是指除结核分枝杆菌复合群即结核分枝杆菌、牛分枝杆菌、非洲分枝杆菌、田鼠分枝杆菌和麻风分枝杆菌之外的分枝杆菌。近年来报道显示^[1-2], NTM 在人群中的感染率呈上升趋势, 已经成为威胁人类公共卫生健康的一大难题。NTM 感染与结核分枝杆菌感染在临床上无明显的特性区分, 且耐药率较高^[3-4]。研究 NTM 感染的特征及分析哪些人群易出现 NTM 感染已经成为业内的热点^[5-6]。使用单一因素分析预测 NTM 感染风险受到的干扰较多, 且缺乏科学性。通过构建预测模型的形式能够将多种因素结合起来, 提高评估准确率, 更好地指导临床干预, 报道如下。

1 资料与方法

1.1 临床资料 纳入 2020 年 3 月—2022 年 5 月十堰市太和医院呼吸内科收治耐药性肺结核患者 230 例, 其中男 126 例, 女 104 例, 年龄 25 ~ 70 (51.23 ± 17.51) 岁。根据菌群培养鉴定耐药性肺结核患者是否存在非结核分枝杆菌感染分为 NTM 组和无 NTM 组。本研究已经获得医院伦理委员会批准 (K20200223083), 患者及家属知情同意并签署知情同意书。

1.2 病例选择标准 (1) 纳入标准: ①均为经医院确诊的耐药性肺结核患者; ②经药敏试验检测均符合耐药性结核分枝杆菌的诊断^[7]; ③均能够获得理想的深部痰液或肺泡灌洗液。(2) 排除标准: ①临床资料不完整; ②结核感染前确诊为非结核分枝杆菌感染。

1.3 观测指标与方法

1.3.1 临床资料收集: 收集患者性别、年龄、职业、学历、家庭年收入、合并症、是否存在风险因素等临床资料。

1.3.2 菌群培养及鉴定: (1) 仪器设备与试剂: 北京博奥生物有限公司生产的核酸提取仪 (Extractor 36)、高速离心机 (Sigma3K15); 上海精宏实验设备有限公

司生产的电热恒温水槽 (DK-8D); 罗氏公司生产的实时荧光定量 PCR 仪 (LightCycler480); 改良罗氏培养基和含药改良罗氏培养基均购自珠海贝索有限公司。(2) 细菌培养: 于患者入院时选择合适时机采用纤维支气管镜获得患者深部痰液或支气管肺泡灌洗液, 使用碱处理中和离心沉淀法对痰液或支气管肺泡灌洗液进行前消化处理, 外送检验菌株传代处理, 待生长状态良好后进行药敏试验。菌群培养操作均严格按照结核分枝杆菌培养标准方法进行培养^[8]。(3) 菌群鉴定: 鉴定时结合分子诊断技术, 采用噻吩-2-羧酸肼 (TCH, 浓度 5 mg/L) 和对硝基苯甲酸 (PNB, 浓度 500 mg/L) 初步鉴定结核分枝杆菌和非结核分枝杆菌; 试验方法及结果报告参照国家标准方法^[9]。

1.4 统计学方法 采用 SPSS 19.0 软件进行数据处理。符合正态分布的计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示, 组间比较采用 t 检验; 计数资料以频数或率 (%) 表示, 组间比较采用 χ^2 检验; 多因素分析采用 Logistic 回归方程; 使用 R 软件建立预测发生 NTM 感染的列线图预测模型, 应用一致性指数 (C-index) 量化模型预测性能, 并对其进行 Bootstrap 内部验证, 绘制校正曲线。 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 2 组患者临床资料比较 耐药性肺结核患者 230 例出现非结核分枝杆菌感染 39 例 (16.96%), 其中胞内分枝杆菌 13 例 (33.33%), 脓肿分枝杆菌 9 例 (23.08%), 戈登分枝杆菌 5 例 (12.82%), 鸟分枝杆菌 4 例 (10.26%), 偶然分枝杆菌 2 例 (5.13%), 堪萨斯分枝杆菌、草分枝杆菌、母牛分枝杆菌、蟾蜍分枝杆菌各 1 例 (2.56%), 其他 2 例 (5.13%), 无混合感染患者。据此分为 NTM 组 39 例和无 NTM 组 191 例, NTM 组患者男性、年龄 >40 岁、农民、小学及以下文化程度、家庭年收入 <2 万元/年、合并慢性阻塞性肺疾病 (COPD)、恶性肿瘤及应用免疫抑制剂比例高于无 NTM 组, 差异均有统计学意义 ($P<0.05$), 见表 1。

表 1 无 NTM 组和 NTM 组患者临床资料比较 [例(%)]

Tab. 1 Comparison of clinical data between non NTM group and NTM group

项目	无 NTM 组 (n=191)	NTM 组 (n=39)	χ^2/Z 值	P 值
性别	男 98(51.31)	28(71.79)	5.487	0.019
	女 93(48.69)	11(28.21)		
年龄	≤40 岁 88(46.07)	10(25.64)	5.529	0.018
	>40 岁 103(53.93)	29(74.36)		
职业	农民 75(39.27)	25(64.10)	8.129	<0.001
	工人 58(30.37)	8(20.51)		
	公司职员/公务员 28(14.66)	2(5.13)		
	其他 30(15.71)	4(10.26)		
学历	小学及以下 61(31.94)	21(53.84)	6.776	0.009
	中学/中专 80(41.88)	9(23.08)		
	大专及以上学历 50(26.18)	9(23.08)		
家庭年收入 (万元/年)	<2 55(28.79)	19(48.72)	5.890	0.015
	2~5 89(46.60)	11(28.20)		
	>5 30(15.71)	7(17.95)		
	拒绝透露 17(8.90)	2(5.13)		
合并症	高血压病 30(15.71)	6(15.38)	0.002	0.959
	糖尿病 44(23.04)	11(28.21)	0.476	0.490
	冠心病 26(13.61)	7(17.95)	0.495	0.481
	慢性肾功能不全 11(5.76)	3(7.69)	0.008	0.926
	COPD 78(40.84)	24(61.54)	5.623	0.017
	恶性肿瘤 21(10.99)	10(25.64)	5.957	0.014
	HIV 感染 11(5.76)	5(12.82)	2.494	0.114
	风险因素	当前吸烟者 61(31.94)	21(53.84)	1.717
应用免疫抑制剂 13(6.81)	8(20.51)	7.333	0.007	

2.2 耐药性肺结核患者发生非结核分枝杆菌感染的危险因素分析 以耐药性结核患者是否发生非结核分枝杆菌感染为因变量,以上述结果中 $P < 0.05$ 项目为自变量进行多因素 Logistic 回归方程分析,结果显示,男性、年龄 >40 岁、农民、患有 COPD、合并恶性肿瘤是耐药性肺结核患者发生 NTM 感染的危险因素 ($P < 0.01$),见表 2。

2.3 构建列线图模型及验证 将耐药性肺结核患者发生 NTM 感染的影响因素纳入列线图,见图 1,列线

图预测 NTM 感染的 C-index 为 0.904(95% CI 0.862 ~ 0.961)。校正曲线与实际曲线的平均绝对误差为 0.022,列线图模型预测 NTM 感染风险与实际发生的一致性较好,见图 2。

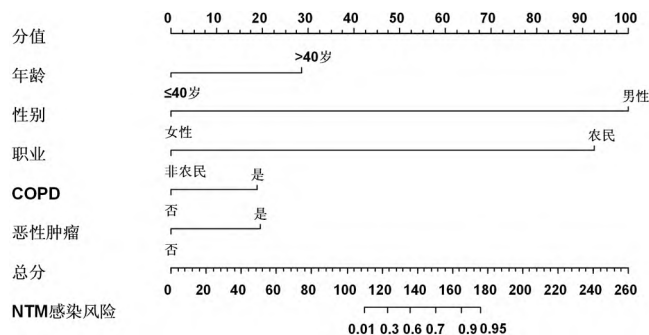


图 1 耐药性肺结核患者发生 NTM 感染风险列线图预测模型
Fig. 1 Line chart prediction model for NTM infection risk in drug resistant tuberculosis patients

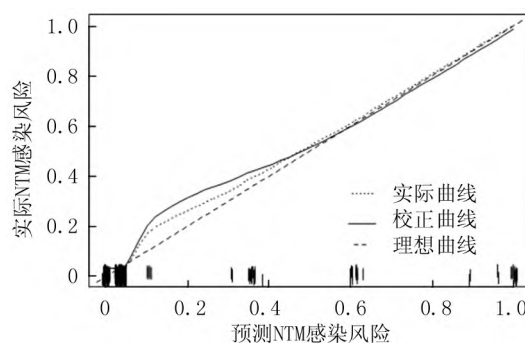


图 2 NTM 感染风险列线图模型的校正曲线
Fig. 2 Correction curve of NTM infection risk line graph model

3 讨论

本研究结果显示,230 例耐药性肺结核患者体内共分离出 NTM 菌株 39 例,略低于国家平均水平,考虑可能与地域差异有关,也可能是本研究纳入对象均为

表 2 耐药性肺结核患者发生非结核分枝杆菌感染的 Logistic 回归分析

Tab. 2 Logistic regression analysis of non tuberculosis mycobacterium infection in drug resistant pulmonary tuberculosis patients

变量	β 值	SE 值	Wald 值	P 值	OR 值	95% CI
常量	-29.027	5 715.893	0.000	0.996	—	—
男性	2.323	0.814	8.134	0.004	10.205	2.068 ~ 50.361
年龄 >40 岁	3.592	0.764	22.119	<0.001	36.324	8.128 ~ 162.328
农民	2.033	0.699	8.461	0.004	7.640	1.941 ~ 30.072
家庭收入 <2 万元/年	1.009	0.010	2.898	0.343	0.991	0.972 ~ 3.010
学历高	-0.032	0.059	0.286	0.593	0.969	0.863 ~ 1.088
COPD	2.627	0.641	16.794	<0.001	13.832	3.938 ~ 48.588
恶性肿瘤	2.934	0.974	9.072	0.003	18.796	2.786 ~ 126.802
应用免疫抑制剂	1.648	1.151	2.051	0.152	5.199	0.545 ~ 49.636

确诊的耐药肺结核患者。在菌株方面,排名前四位的 NTM 菌株分别为胞内分枝杆菌(33.33%)、脓肿分枝杆菌(23.08%)、戈登分枝杆菌(12.82%)、鸟分枝杆菌(10.26%),上述 4 种菌株均为致病性菌株,说明存在上述 4 种 NTM 菌群感染的患者容易合并肺结核。多因素 Logistic 回归分析显示,男性、年龄 > 40 岁、农民、存在 COPD、合并恶性肿瘤是耐药性肺结核患者发生 NTM 感染的危险因素。另外,本研究通过绘制列线图模型的方式预测 NTM 感染的一致性指数较高,显示列线图模型预测耐药性肺结核患者发生 NTM 感染的风险与实际发生较为接近。

环境中分枝杆菌的碱基序列存在高度同源性,种类繁多,分枝杆菌感染多数发生在免疫力低下的人群中。目前关于 NTM 感染人的机制尚不清楚,但多数学者认为其主要是从环境中获得 NTM 而导致感染,其中土壤和水为主要传播途径^[10]。2010 年全国第五次结核病流行病学调查显示^[11],NTM 的分离率从 1990 年的 4.9% 升高到 2000 年的 11.1%,继而升高到 2010 年的 22.9%。且多数 NTM 菌株对常规的抗结核药物天然耐药,使许多 NTM 感染患者难以获得有效的治疗^[12]。全国不同地域的调查显示^[13-14],沿海省份检出率较高,内陆省份检出率较低;南方省份检出率较高,北方省份检出率较低。相关研究表明^[15],耐药性肺结核患者更易出现 NTM 感染,且 NTM 感染在不同人群中的分布也存在较大差异。

研究耐药性肺结核患者发生 NTM 感染的危险因素,对于指导临床早期预警和干预具有重要意义。有研究指出^[16],农民、低收入人群和肺部存在基础疾病的人群 NTM 感染风险更高。年龄越大,患者的免疫力越低,本研究中以 40 岁为界值,虽然在正常人群中 40 岁是中青年,但本研究纳入对象为耐药性肺结核患者,且多数患者有多年的结核病史,其体质相对较差,随着年龄的增加,其机体的免疫力逐渐降低,与国内相关研究相一致^[17]。另外,男性多于女性,但安徽省的研究指出女性罹患率相对较高^[18],后期还需进一步研究。农民患者的检出率较高,可能与此类患者接触土壤较多,环境较为恶劣有关。一项研究指出^[19],81% 的结核病患者来自农村或从事体力劳动的农民或工人。因此在结核病防治方面加强基层特别是农村的宣传教育尤为必要。另外,患者存在肺部基础疾病如 COPD 等,非结核分枝杆菌的定植几率会大大增加;同时罹患恶性肿瘤的患者机体免疫力自然低下,在耐药性肺结核患者中也易出现非结核分枝杆菌感染。

本研究的局限性在于仅对本地区在笔者医院就诊

的人员进行了分析,在患者的纳入和菌种鉴定方法方面也可能存在一定局限性,但本研究的新颖点在于针对性地对耐药性肺结核患者的 NTM 感染情况和耐药情况进行了分析,有一定的临床价值。另外,随着各种检测技术的更新换代,更多的 NTM 菌株被检出,对 NTM 的临床诊断造成了一定的干扰。

综上所述,NTM 感染在耐药性肺结核患者中具有较高的检出率,感染人群以男性、农民及年龄 > 40 岁的人群为主,并且以致病性 NTM 菌株居多。

利益冲突:所有作者声明无利益冲突

作者贡献声明

黎夏:设计研究方案,实施研究过程,论文撰写;魏登军:提出研究思路,分析试验数据,论文审核;吕翻翻:资料搜集整理,论文修改;沈大燕:进行统计学分析

参考文献

- [1] 钱宇迪,宋华峰,赵静,等.苏州地区 2015 年—2018 年间结核菌阳性患者中非结核分枝杆菌的检出及其耐药情况分析[J].抗感染药学,2020,17(5):656-658. DOI:10.13493/j.issn.1672-7878.2020.05-008.
 - [2] 张汇征,陈耀凯,严晓峰,等.重庆市流行非结核分枝杆菌菌种鉴定及感染人群特征[J].中国热带医学,2019,19(4):330-334. DOI:10.13604/j.cnki.46-1064/r.2019.04.07.
 - [3] 林建,林淑芳,戴志松,等.福建省非结核分枝杆菌菌种分布及其流行病学特征初步研究[J].中国防痨杂志,2020,42(5):518-522. DOI:10.3969/j.issn.1000-6621.2020.05.018.
 - [4] Toth E, Waller JL, Bollag WB, et al. Non-tuberculous mycobacterial infections in patients with end-stage renal disease: prevalence, risk factors, and mortality[J]. J Investig Med, 2022,33(29):112-117. DOI:10.1136/jim-2022-002462.
 - [5] 杨松,王乐乐,严晓峰,等.非结核分枝杆菌治疗药物研究进展[J].中华结核和呼吸杂志,2021,44(1):44-49. DOI:10.3760/cma.j.cn112147-20200227-00199.
- Yang S, Wang LL, Yan XF, et al. Progress in the research of drugs for the treatment of non-tuberculous mycosis[J]. Chinese Journal of Tuberculosis and Respiratory, 2021, 44(1): 44-49. DOI: 10.3760/cma.j.cn112147-20200227-00199.

- [6] Neha P, Prajna L, Gunasekaran R, et al. Clinical and demographic study of non-tuberculous mycobacterial ocular infections in South India [J]. *Indian J Med Microbiol*, 2021, 39 (1): 41-47. DOI: 10.1016/j.ijmmb.2020.10.005.
- [7] 《中国防痨杂志》编辑委员会, 中国医疗保健国际交流促进会结核病防治分会基础学组和临床学组. 结核分枝杆菌耐药性检测专家共识 [J]. *中国防痨杂志*, 2019, 41 (2): 129-137. DOI: 10.3969/j.issn.1000-6621.2019.02.003. Editorial Committee of Chinese Journal of Tuberculosis Prevention, Basic Group and Clinical Group of tuberculosis Prevention and Control Branch of China Association for the Promotion of International Exchange in Health Care. Expert Consensus on Drug Resistance Detection of Mycobacterium Tuberculosis [J]. *Chin J Antituberc*, 2019, 41 (2): 129-137. DOI: 10.3969/j.issn.1000-6621.2019.02.003.
- [8] 赵雁林. 结核病实验室诊断技术培训教程 [M]. 北京: 人民卫生出版社, 2014: 44-71.
- [9] 黄海荣. 非结核分枝杆菌的菌种鉴定技术 [J]. *中国医刊*, 2016, 51 (3): 10-13. DOI: 10.3969/j.issn.1008-1070.2016.03.004. Huang HR. Strain identification technology of non-tuberculous mycobacterium [J]. *Chinese Med J*, 2016, 51 (3): 10-13. DOI: 10.3969/j.issn.1008-1070.2016.03.004.
- [10] Chai J, Han X, Mei Q, et al. Clinical characteristics and mortality of non-tuberculous mycobacterial infection in Immunocompromised vs. Immunocompetent Hosts [J]. *Front Med (Lausanne)*, 2022, 55 (9): 884446. DOI: 10.3389/fmed.2022.884446.
- [11] Ricci J, Jones P, Le A, et al. Increasing recognition of community-acquired, non-tuberculous mycobacterial infections of the hand and wrist [J]. *Cureus*, 2022, 14 (2): e22105. DOI: 10.7759/cureus.22105.
- [12] Pennington KM, Vu A, Challener D, et al. Approach to the diagnosis and treatment of non-tuberculous mycobacterial disease [J]. *J Clin Tuberc Other Mycobact Dis*, 2021, 33 (24): 100244. DOI: 10.1016/j.jctube.2021.100244.
- [13] Verma AK, Arora VK. Non-tuberculous mycobacterial infections in geriatric patients-A neglected and emerging problem [J]. *Indian J Tuberc*, 2022, 69 (2): S235-S240. DOI: 10.1016/j.ijtb.2022.10.010.
- [14] Veziris N, Andréjak C, Bouée S, et al. Non-tuberculous mycobacterial pulmonary diseases in France: An 8 years nationwide study [J]. *BMC Infect Dis*, 2021, 21 (1): 1165. DOI: 10.1186/s12879-021-06825-x.
- [15] Tanaka G, Jo T, Tamiya H, et al. Factors affecting in-hospital mortality of non-tuberculous mycobacterial pulmonary disease [J]. *BMC Infect Dis*, 2021, 21 (1): 698. DOI: 10.1186/s12879-021-06395-y.
- [16] Matsumura Y, Tabusadani M, Yamane K, et al. Prevalence of and risk factors for depressive symptoms in non-tuberculous mycobacterial pulmonary disease [J]. *Int J Tuberc Lung Dis*, 2022, 26 (4): 310-316. DOI: 10.5588/ijtld.21.0527.
- [17] Twabi HH, Mukoka-Thindwa M, Shani D, et al. Non-tuberculous mycobacterial pulmonary disease identified during community-based screening for mycobacterium tuberculosis: A case report [J]. *Malawi Med J*, 2021, 33 (1): 65-67. DOI: 10.4314/mmj.v33i1.10.
- [18] Xu P, Yang K, Yang L, et al. Next-generation metagenome sequencing shows superior diagnostic performance in acid-fast staining sputum smear-negative pulmonary tuberculosis and non-tuberculous mycobacterial pulmonary disease [J]. *Front Microbiol*, 2022, 13: 898195. DOI: 10.3389/fmicb.2022.898195.
- [19] Kumar K, Kon OM. Personalised medicine for tuberculosis and non-tuberculous mycobacterial pulmonary disease [J]. *Microorganisms*, 2021, 9 (11): 2220. DOI: 10.3390/microorganisms9112220.

(收稿日期: 2023-01-28)

作者 · 编者 · 读者

《疑难病杂志》被 Scopus 数据库收录

2023 年 5 月 5 日, 疑难病杂志社接到 Scopus Title Evaluation Support 团队的通知:《疑难病杂志》已通过 Scopus 内容选择与咨询委员会(Content Selection & Advisory Board, CSAB)的评估, 正式被 Scopus 数据库收录。《疑难病杂志》被 Scopus 收录, 对扩大期刊传播范围, 增加期刊显示度, 提升学术影响力具有重要意义。

Scopus 数据库由荷兰爱思唯尔(Elsevier)公司于 2004 年底正式推出, 是全球最大的文献摘要和引文数据库, 目前该数据库收录了来自全球 7 000 余家出版商的 25 000 余种来源文献, 为科研人员提供一站式获取科技文献的平台。其收录的文献均经同行评议, 包括科学期刊、图书和会议论文集等。Scopus 数据库提供科学、技术、医药、社会科学、艺术和人文领域的世界科研成果全面概览, 是可以追踪、分析和可视化研究成果的智能工具。