

人工智能技术在感染性疾病诊断与治疗中应用的研究进展

荆雯雯^{1,2} 程训佳^{1,2△}

(¹医学分子病毒学教育部/卫健委重点实验室/复旦大学基础医学院病原生物学系 上海 200032;

²上海市重大传染病和生物安全研究院 上海 200032)

【摘要】 感染性疾病每年导致数百万人死亡,而新发传染病与耐药病原体的出现加剧了诊疗带来的负担。传统的诊疗技术在效率和灵敏度方面存在明显的不足,亟需创新性的技术手段实现感染性疾病的高效诊断与及时治疗。本文综述了人工智能(artificial intelligence, AI)技术在病原微生物检测、医学影像检查、病原微生物抗生素耐药性检测、流行性传染病趋势预测与疫情监控、便携式与现场快速检测等感染性疾病诊疗的多个领域中的应用研究进展,为感染性疾病诊疗相关的基础研究及临床应用提供思路。

【关键词】 感染性疾病; 抗生素耐药性; 流行病学; 人工智能(AI); 深度学习(DL); 精准诊疗

【中图分类号】 R183, TP18 **【文献标志码】** A **doi:** 10.3969/j.issn.1672-8467.2026.05.015

Research progress on the application of artificial intelligence technology in the diagnosis and treatment of infectious diseases

JING Wen-wen^{1,2}, CHENG Xun-jia^{1,2△}

(¹Key Laboratory of Medical Molecular Virology, MOE and NHC; Department of Medical Microbiology and Parasitology, School of Basic Medical Sciences, Fudan University, Shanghai 200032, China;

²Shanghai Institute of Infectious Disease and Biosecurity, Shanghai 200032, China)

【Abstract】 Infectious diseases cause millions of deaths annually, and the emergence of novel pathogens and antimicrobial resistance has further increased the diagnostic and therapeutic burden. Conventional approaches have clear limitations in terms of efficiency and sensitivity; therefore, innovative technologies are urgently needed to achieve rapid and accurate diagnosis and timely treatment of infectious diseases. This review summarizes research progress on the application of artificial intelligence in infectious disease diagnostics and therapeutics, including pathogen detection, medical imaging analysis, antimicrobial resistance testing, epidemic trend prediction and surveillance, and portable rapid on-site diagnostics, providing insights for both basic research and clinical practice in infectious disease management.

【Key words】 infectious diseases; antibiotic resistance; epidemiology; artificial intelligence (AI); deep learning (DL); precision medicine

* This work was supported by the Youth Program of National Natural Science Foundation of China (82302580).

感染性疾病每年导致全球数以百万计的患者死亡,其诊断和治疗是全球医疗负担的重要组成部分

分^[1]。新发传染病和耐药病原体的出现使感染性疾病的难治性和复杂性进一步增加,也给传统的诊疗

国家自然科学基金青年项目(82302580)

[△]Corresponding author E-mail: xjcheng@shmu.edu.cn

网络首发时间:2026-06-26 14:43:06 网络首发地址:https://link.cnki.net/urlid/31.1885.R.20260626.1129.010

技术带来了严峻的挑战。目前传统的感染性诊疗技术主要面临三大关键短板:一是检测速度与准确性的限制。病原培养结合分子检测需要数天至数周才能完成,而单纯利用分子检测的方法虽然可以提升检测速度,却容易出现假阳性或达不到最低检测限导致的假阴性结果;免疫诊断依赖特异性的抗原抗体,检测速度与检测灵敏度和特异度无法兼得。二是实时性与客观性的限制。耐药性分析主要通过培养后测定或对已知耐药基因的检出,或者需要借助高分辨率但成本更高的二代测序;流行病学监测则主要依靠人工统计及流行病学调查报告;显微镜和影像判读高度依赖操作者的主观经验;技术的自动化、高通量和标准化实时监控能力不足。三是研发周期漫长,个性化诊疗能力不足。新药、疫苗从筛选到上市通常需要几年的时间,缺乏个体化精准化设计治疗方案的技术。因此,医疗领域亟需借助创新的技术手段实现感染性疾病的快速检测、早期诊断和精准治疗。

近年来,以深度学习(deep learning, DL)为代表的人工智能(artificial intelligence, AI)技术的快速发展为感染性疾病的诊疗带来了新的机遇, AI技术具有通过深层神经网络从海量复杂的医学影像、基因组序列、临床大数据等多源医疗数据中自动、高效提取关键信息的能力,已展现出在病原微生物检测、医学影像辅助诊断、抗生素耐药性预测、流行病趋势监测以及新药和疫苗开发等多个领域的应用前景^[2-6]。本文就AI技术在感染性疾病诊疗中的应用进行综述, 以为感染性疾病诊疗相关的基础研究及临床应用提供新的思路。

AI技术概述 AI技术是指利用计算机算法来模拟和增强人类智能(如感知、学习、推理、决策等)的系统与方法,从而在特定或复杂任务中达到甚至超越人类智能表现^[7]。其核心包括以DL为代表的机器学习算法(machine learning, ML)、以专家系统和知识图谱为代表的符号AI(symbolic AI)、自然语言处理以及生成式、可解释、多模态等诸多领域^[8]。其中, ML通过自动对海量数据进行模式学习来实现分类、预测和决策。DL作为ML的子领域,利用多层神经网络的端到端训练,从图像、文本和时间序列等非结构化数据中提取高层语义,具有卓越的建模能力^[9]。典型的DL网络有擅长图像分析的卷积神经网络(convolutional neural network, CNN)、

擅长捕捉时间及文本序列数据的循环神经网络(recurrent neural network, RNN)及其变体长短期记忆网络(long short-term memory, LSTM),以及以自注意力机制为核心的广泛用于自然语言处理和数据建模的变换器模型^[10-12]。近年来还出现了用于处理生物分子结构的图神经网络(graph neural network)、用于数据增强与新样本生成的生成对抗网络GAN(generative adversarial network)和变分自编码器VAE(variational autoencoder)等^[13-15]。

AI技术在感染性疾病诊疗中的应用

AI技术在病原微生物检测中的应用 病原微生物的快速准确检测对于尽快明确感染性疾病的病因至关重要。AI技术在传统检测技术的自动化和智能化方面正在发挥推动作用。例如,研究者使用预训练的CNN对革兰染色涂片显微镜图像进行分类,成功识别血液培养阳性样本中不同的细菌形态,有望替代人工镜检及鉴定^[16]。用于细菌鉴定的基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry, MALDI-TOF MS),其传统分析软件是基于谱峰规则匹配,而ML方法则可以利用质谱数据的内在模式进行鉴定和耐药性预测^[17]。Weis等^[18]建立了包含超过30万株临床菌株质谱和对应耐药表型的大规模抗菌素耐药性质谱数据库(database of resistance information on antimicrobial susceptibility, DRIAMS),用其训练了逻辑回归、深度神经网络多层感知机(multilayer perceptron, MLP)和轻量级梯度提升机(light gradient boosting machine, LightGBM)等模型,可以对常见的803种病原菌的抗菌药物敏感性进行预测。在病原体序列片段识别方面,研究者开发了深度学习病毒序列识别工具(DeepVirFinder等CNN模型)用于宏基因组数据中的病毒序列检测,在没有参考基因组的情况下也可以发现新的病毒^[19]。研究者借助分析细菌基因组的k-mer模式来完成对细菌物种及毒力因子的快速分类鉴定^[20]。利用CRISPR核酸检测以及AI判读信号,已开发出针对病原体识别的商业化设备^[21]。这些AI驱动的方法有望大幅缩减已知或未知感染病原的鉴定时间。

AI技术在医学影像检查中的应用 X射线、CT、MRI和超声成像等能够为感染性疾病的诊断和评估提供直接的影像学依据。AI的医学影像计

计算机辅助诊断(computer-aided diagnosis, CAD)代替人工阅片是医学影像学的未来趋势,可以帮助自动识别感染相关异常,提高诊断的客观性和准确性。比如在肺结核筛查上,DL算法可以自动识别胸部X光片中的可疑病灶^[22-23]。前瞻性的研究显示,AI软件对肺结核X射线的分析敏感度可达93%,符合WHO对结核筛查的要求^[24]。WHO于2021年发布的指南同样支持将经过验证的AI读片软件用于结核病大规模筛查,以缓解放射科人力不足的问题^[25]。研究者构建的DL模型,可用于从胸部CT和X光片中识别COVID-19肺炎,并与其他肺炎相区分^[26]。采用残差网络(ResNet50)的CNN模型在1752张COVID-19胸片上诊断准确率达到91.0%^[27]。Hu等^[28]开发的DL管线在14万余张胸片的大型数据集上训练,对病毒性肺炎、非病毒性肺炎和正常病例的三分类曲线下面积(area under the curve, AUC)达到0.94~0.98,区分COVID-19肺炎与其他肺炎的AUC为0.94以上。王霞等^[29]构建了基于多维临床数据的肺炎病原判别模型预测肺炎病原体,达到94.87%的预测准确度。邝琳玲等^[30]开发了用于识别需氧菌性阴道炎的阴道分泌物分析AI系统,其自动化诊断与人工镜检的一致率达92.5%。上述技术有望在实际应用中,处理疫情暴发时的大规模筛查任务,并辅助放射科医师提高诊断效率和一致性。

DL在中枢神经系统感染诊断及利用心脏超声评估感染性心内膜炎瓣膜病变方面也具备辅助潜力,但相关研究尚少,临床落地仍主要集中于内镜和病理影像分析。在胃镜检查中,AI算法能够高精度地检测胃黏膜的幽门螺杆菌感染相关征象。基于内窥镜图像的AI诊断幽门螺杆菌感染平均敏感度约93%、特异度92%,综合准确率约92%^[31]。在宫颈癌筛查中,与高危人乳头瘤病毒(human papillomavirus, HPV)感染相关的宫颈可视检查(visual inspection with acetic acid, VIA)可以借助AI提高准确性^[32]。美国国立卫生研究院(National Institutes of Health, NIH)的研究团队开发了基于DL的“自动视觉评估”算法,分析子宫颈数码图像来识别癌前病变,结果显示该AI模型对宫颈上皮瘤变的检测准确率优于人工细胞学涂片阅读^[33]。另外,未来随着多模态影像与临床数据融合,AI有望实现对感染性疾病的影像组学分析,进一步完善诊

断和疾病监测。

AI技术在病原微生物抗生素耐药性检测中的应用 抗生素耐药性的快速检测对于精准用药及遏制耐药传播非常重要。传统表型药敏法需要先进行菌株的分离、纯培养,然后再观察菌体是否大量生长来判断抑菌效果,周期一般为几天(如大肠埃希菌)、几周甚至几个月(如结核分枝杆菌);传统基因型检测可以迅速筛查已知耐药基因,但无法识别未知耐药基因,也无法提供最小抑菌浓度(minimum inhibitory concentration, MIC)等关键的临床信息^[34]。

目前,在基因型检测方面,AI算法能够利用细菌全基因组序列中的变异信息预测抗生素敏感性。例如,将基因组序列按固定长度切分为若干短序列片段,并对各片段的出现频率赋予不同权重。训练模型识别与耐药相关的突变模式,可以预测结核分枝杆菌等病原的耐药性^[35]。构建CNN分析结核分枝杆菌全基因组序列,能够突出显示与耐药相关的重要突变位点并提高对多药耐药结核的检测能力^[31]。在表型检测结合AI方面,有研究使用DL分析活菌显微图像,实现对单个细菌细胞耐药性的快速判定:Zagajewski等^[35]利用CNN分析大肠埃希菌单细胞在抗生素存在下的生长形态变化,成功区分出耐药菌和易感菌,实现了单细胞水平的快速药敏表型测定。在医院临床数据方面,有研究将患者的电子病历(包括用药史、检验结果等)输入DL模型(如RNN或集成模型),提前数天预测患者可能感染耐药菌并给出预警^[36]。还有研究通过RNN结合SHAP解释算法,利用ICU患者电子病历实现对耐药感染的早期预测和可解释性分析^[37]。Ayoola等^[38]使用梯度提升决策树(extreme gradient boosting decision tree, XGBoost)模型,成功根据非伤寒沙门菌的基因组预测出多种抗生素的MIC值范围,有助于更精细地指导给药剂量。王金宇等^[39]基于肺结核患者临床数据构建了改良机器学习模型以预测结核分枝杆菌对一线药物的耐药性,并在预测利福平耐药时AUC达0.932,在预测XDR时AUC达0.954。

AI技术在流行性传染病趋势预测与疫情监控中的应用 传染病的流行趋势预测有利于有效的疫情监控,从而助力感染的提前干预并合理分配医疗资源。传统的流行病学模型,如易感-潜伏-感

染-恢复(susceptible-exposed-infectious-recovered, SEIR)模型依赖预设传染参数,难以及时融入多源动态数据。而AI模型擅长从海量数据中挖掘模式,LSTM等深度时序模型已被用于传染病发病率的短期预测。多项关于COVID-19的研究使用LSTM预测未来几周病例数动态,并结合传统模型提高了预测精度^[40]。另有研究通过集成学习,将多个ML模型和经典流行病模型的输出加权平均,提升了COVID-19病例数预测的稳定性。利用物理知识嵌入的神经网络——物理信息神经网络(physics-informed neural networks, PINNs)和流行病学感知AI模型(epidemiology-aware AI models, EAAMs)通过在神经网络结构中融合流行病学微分方程或传播机制,可以提高长期预测和参数推断能力。Ye等^[41]综述汇总了近年来245项将AI与机理模型相结合的研究,证明这种融合策略在疾病预测、模型参数校准等方面具有实际价值。

就疫情监测而言,ML模型可整合多种来源的大数据,比如流感监测历史数据,天气因素,人口流动状况,社交媒体舆情等,从而对疾病传播的地域范围及强度展开实时预警,利用社交媒体和搜索引擎数据训练而成的模型曾经提早察觉到流感爆发的趋势^[42]。BlueDot公司研发的大数据AI平台曾经预测了2009年甲型H1N1流感在墨西哥的暴发,并且在2014年和2019年分别预测了埃博拉和寨卡疫情向特定地区扩散的风险^[43]。此类系统通过分析全球航班旅行数据、新闻报道和动物疫情信息等,迅速找出异常情况,给公共卫生应对争取时间。还有些AI模型把人口移动和病例报告数据结合起来,以识别疫情高风险地区,从而为边境管控措施提供参考^[44]。机器学习模型还能够改善接触者追踪策略,提高追踪效率;强化学习算法被用于探索不同防控策略的效果,从而为决策者提供最佳的行动方案。由AI推动的数字疾控工具能够自动处理大量的报告和舆情,做到对异常事件的自动告警和绘制实时的疫情地图^[45]。在此类疫情预测与监控里,数据质量和模型透明度十分重要,需要确保数据不存在偏倚或延迟,而且给出不确定范围,还需要结合流行病学专家的解读。

AI技术在便携式与现场快速检测中的应用 AI驱动的微流控点式化学诊断平台突破实验室壁垒,已经实现现场分钟级病原识别与耐药预测。研究

人员利用智能手机微流控系统,将光学传感、环介导等温扩增(loop-mediated isothermal amplification, LAMP)与CNN相结合,可在20~30 min内完成血液或唾液样本中疟原虫和冠状病毒核酸的自动检测与分类,灵敏度和特异度分别高达95%和98%^[46]。微流控芯片集成磁珠富集、荧光成像和边缘AI推理,能够在15 min内对多重病原进行定量分析,检测性能接近实验室金标准^[47]。纳米孔测序、等温扩增和微流控集成技术在便携式显微与分子诊断中结合深度学习模型的信号去噪与实时决策,显著缩短检测流程并提高耐药基因的筛查效率^[48]。

AI在感染性疾病研究领域的其他应用 AI可从海量化合物库中高效筛选候选分子,从而大幅加速抗感染药物研发。Stokes等^[49]利用深度神经网络预测分子抗菌活性,仅数小时内即鉴定出对多重耐药菌株有效的新型广谱抗生素Halicin。Boulaamane等^[50]应用同类模型发现了针对鲍曼不动杆菌的候选化合物。Zhang等^[51]则将进化算法与DL结合用于抗菌肽序列的优化,并在体外实验中验证了其优异的杀菌效果。DL驱动的表面预测模型可快速筛选多表位疫苗设计所需的免疫原性表位,已在艾滋病、疟疾和结核病等候选疫苗中取得突破^[52]。在数字医疗领域里,面向传染病的智能问答系统可以凭借在线咨询和健康教育做到症状筛查和防护指导。在临床决策支持上,Yelin等^[53]开发了基于患者个体特征的ML算法,用来制定抗生素处方策略,把研究中的尿路感染二线抗生素使用率降低67%,显著优于传统的经验决策。研究者用AI技术从大量文献和电子病历的信息中抽取有效的信息并构建起知识图谱,揭示了病原与宿主相互作用及药物靶点^[54]。还有紫外线消毒机器人化病房消杀和实验室样本处理流水线,虽然这些并不完全依靠学习型算法,但同样显示了AI技术对于流程优化的价值,这对提高检测效率,降低医护人员的感染风险有着重要意义^[55]。

AI在不同感染性疾病诊疗中的应用实例 在疟疾诊断中,CNN可从血液涂片显微图像自动识别疟原虫感染的红细胞与正常细胞,报告准确率高达96%~99%,显示出接近人工专家的判别能力^[56]。在肺结核中,CNN模型用于分析胸部X光片筛查肺结核病灶^[57]。CNN还应用于猴痘等皮肤病变的图像识别。针对2022年猴痘暴发,有研究收集猴痘、

水痘、麻疹等皮损图像,训练了多种深度 CNN 模型^[58]。其中基于 DenseNet201 的模型在区分猴痘和其他皮疹时达到约 97.6% 的准确率(双分类情境),在同时区分猴痘/水痘/麻疹/正常皮肤的四分类情境下准确率约 95.2%。RNN 及其变种(如 LSTM)擅长处理时间序列,被用于流行病学数据建模。研究者用 LSTM 对长期的结核发病率数据进行训练,能够一定程度上预测未来的结核流行趋势,有助于提前部署干预措施。在流感等季节性传染病的病例数预测方面,LSTM 模型也常常被用来捕捉年周期和季节波动的模式。在 COVID-19 疫情暴发期间,很多团队使用 LSTM 来预测每日新增确诊和死亡人数的变化情况,为政府防疫决策提供参考^[59]。RNN 模型同样也可以用于分析患者住院期间的生命体征序列,进而较早察觉败血症等感染并发症的端倪^[60]。在研究新型冠状病毒时,Transformer 被用来分析病毒基因组序列之间的变异关系,以及被用来对文献进行文本挖掘(如从 COVID-19 开放研究数据集提取 COVID-19 的知识等)。有研究使用 Transformer 语言模型(类似于 GPT)来生成候选肽序列,并预测其抗菌活性。Transformer 也被用来开发医疗聊天机器人,为公众提供疫情咨询^[61]。强化学习(reinforcement learning, RL)主要被用来进行决策过程的优化,如抗生素给药策略的优化、疫苗接种策略和非药物干预措施的时机等的优化。目前这方面主要是理论模拟的研究,还需要更多临床方面的验证。迁移学习通过将已在大数据上训练的模型(如 ImageNet 图像数据库上的 CNN 或通用语言模型)适用于医疗小数据集,可以显著提升模型效果。例如,针对 HPV 相关宫颈图像分析,研究者经常先用在自然图像上预训练的 CNN,再在有限的宫颈图像上微调,从而提高模型对细微病变特征的敏感度^[62]。医学影像 AI 产品大多建立在经过迁移学习优化的模型之上,以弥补医疗数据量不足的问题。由此可见,AI 模型需根据任务特点选择合适的算法并进行针对性训练优化,通过各类模型的有效结合与创新来进一步拓展 AI 在感染病领域的应用边界。

结语 尽管 AI 在感染性疾病的病原体检测、影像诊断、耐药预测、临床决策以及公共卫生监测等各个环节已经取得了诸多突破,但从算法原型过渡到临床应用,还需要在数据治理、模型透明度、临床

验证、跨学科协同与系统部署等方面进行不懈的努力。首先,模型的训练和评估要建立在多中心、多模态和高质量的数据集基础之上,但当前不同医疗机构之间的数据存在标注规范、存储格式和隐私合规方面不统一等问题,亟待在严格识别信息和隐私保护背景下搭建统一的数据共享平台,制定行业公认的标注与格式标准,使 AI 模型具有稳健性与泛化能力。其次,临床应用对模型的可解释性提出更高的要求,不但需要在诊疗流程中植入注意力机制的可视化、Shapley 值分析等可解释 AI 技术,使医务人员能够直观理解模型是在何种特征上做出的判断,从而增强医务人员及家属对 AI 决策的信任,从而帮助医师发现新的病理标志物的线索。最后,开展覆盖不同病原株、不同患者人群和不同诊疗流程的前瞻性、多中心临床试验,这是评估 AI 系统安全性和有效性的关键,相关的研究成果应当为监管部门制定合理的审批条件和质量控制指标提供支撑。感染病学专家、临床医师、微生物学家以及数据科学家、软件工程师需形成深度合作,从需求定义、数据标注、模型设计直至结果解读和落地部署的全流程均参与其中,从而保证算法设计符合临床实际并具备可操作性。针对资源受限地区的现场检测需求,要开发轻量化的神经网络,并结合模型压缩、量化以及边缘计算技术,在移动终端或者边缘设备上实现实时病原检测的目的。而且,利用联邦学习等隐私增强技术来支持跨机构协同训练,通过多任务学习在同一模型里实现病原识别、耐药预测和流行趋势监测。随着上述多个方面的改进,人工智能将建立起从精准诊断、个性化治疗到智能预警的完整生态,极大地提高感染性疾病诊疗的效率。针对我国在感染诊断领域中 AI 的应用情况,建议尽快完善 AI 领域应用的相关政策法规,保障医疗 AI 数据标准与隐私安全,使 AI 工具能够更安全、更合规地融入常规诊疗流程。同时,应该重视 AI 人才的培养,持续推动我国 AI 技术的规范化应用推广,最终有效提升感染病防治成效。

作者贡献声明 荆雯雯 文献调研,论文构思、撰写和修订。程训佳 论文指导和修订。

利益冲突声明 程训佳是本刊编委,未参与此文同行评议和终审决策,没有其他利益冲突需要声明。

参 考 文 献

- [1] Cesaro A, Hoffman SC, Das P, *et al.* Challenges and applications of artificial intelligence in infectious diseases and antimicrobial resistance [J]. *NPJ Antimicrob Resist*, 2025, 3(1):2.
- [2] Ali HH, Ali HM, Ali HM, *et al.* The role and limitations of artificial intelligence in combating infectious disease outbreaks [J]. *Cureus*, 2025, 17(1):e77070.
- [3] Srivastava V, Kumar R, Wani MY, *et al.* Role of artificial intelligence in early diagnosis and treatment of infectious diseases [J]. *Infect Dis (Lond)*, 2025, 57(1):1-26.
- [4] Gao Y, Liu M. Application of machine learning based genome sequence analysis in pathogen identification [J]. *Front Microbiol*, 2024, 15:1474078.
- [5] Priyanka S, Shahani B. Chapter 9-Rapid detection and diagnosis of emerging and re-emerging infectious diseases using biosensing techniques, biosensors for emerging and re-emerging infectious diseases [M]. Amsterdam: Elsevier, 2022:225-240.
- [6] Smith K, Kirby J. Image analysis and artificial intelligence in infectious disease diagnostics [J]. *Clin Microbiol Infect*, 2020, 26(10):1318-1323.
- [7] Li D. Artificial intelligence in the rising wave of deep learning: the historical path and future outlook [J]. *IEEE Signal Process Mag*, 2018, 35(1):180-194.
- [8] Piplai A, Kotal A, Mohseni S, *et al.* Knowledge-enhanced neurosymbolic artificial intelligence for cybersecurity and privacy [J]. *IEEE Internet Computing*, 2023, 27(5):43-48.
- [9] Liu L, Wang Z, Bai J, *et al.* New frontiers of knowledge graph reasoning: recent advances and future trends [C]// Proceedings of the ACM Web Conference 2024 (WWW'24). New York: Association for Computing Machinery, 2024: 1294-1297.
- [10] Zhu X, Yan Z, Wang W, *et al.* Qrnn-transformer: recognizing textual entailment [C]// IEEE International Conference on Advanced Video and Signal-Based Surveillance. Piscataway, NJ: IEEE, 2024:1-7.
- [11] Rende R, Gerace F, Laio A, *et al.* Mapping of attention mechanisms to a generalized Potts model [J]. *Physical Rev Res*, 2024, 6(2):023057.
- [12] Ma Y. Comparison and transformer model and its variant algorithms in natural language processing [C]// 2024 Second International Conference on Networks, Multimedia and Information Technology (NMITCON). Piscataway, NJ: IEEE, 2024:1412-1416.
- [13] Nguyen L, Abdalla HI, Amer A, *et al.* Adversarial variational autoencoders to extend and improve generative model [J]. *AI Comput Sci Robotics Technol*, 2024, 3(1):1-15.
- [14] Wang J, Ju B, Qian X, *et al.* Graph-based generative adversarial networks for molecular generation with noise diffusion [J]. *ACM J Name*, 2024:1-12.
- [15] Yu MS, Jung TW, Yun DY, *et al.* A variational autoencoder cascade generative adversarial network for scalable 3D object generation and reconstruction [J]. *Sensors*, 2024, 24(3):751.
- [16] Walter C, Weissert C, Gizewski E, *et al.* Performance evaluation of machine-assisted interpretation of Gram stains from positive blood cultures [J]. *J Clin Microbiol*, 2024, 62(3):e0087623.
- [17] Wang W, Chiu C, Tsao S, *et al.* Accurate prediction of antimicrobial resistance and genetic marker of *Staphylococcus aureus* clinical isolates using MALDI-TOF MS and machine learning-across DRIAMS and Taiwan database [J]. *Int J Antimicrob Agents*, 2024, 64(6):107329.
- [18] Weis C, Cuénod A, Rieck B, *et al.* Direct antimicrobial resistance prediction from clinical MALDI-TOF mass spectra using machine learning [J]. *Nat Med*, 2022, 28(1):164-174.
- [19] Ren J, Song K, Deng C, *et al.* Identifying viruses from metagenomic data using deep learning [J]. *Quant Biol*, 2020, 8(1):64-77.
- [20] Qian J, Jin P, Yang Y, *et al.* Protein function annotation and virulence factor identification of *klebsiella pneumoniae* genome by multiple machine learning models [J]. *Microb Pathog*, 2024, 193:106727.
- [21] Sun X, Shan Y, Jian M, *et al.* A multichannel fluorescence isothermal amplification device with integrated internet of medical things for rapid sensing of pathogens through deep learning [J]. *Anal Chem*, 2023, 95(38):14113-14122.
- [22] Lee S, Fox S, Smith R, *et al.* Development and validation of a deep learning model for detecting signs of tuberculosis on chest radiographs among US-bound immigrants and refugees [J]. *PLoS Digital Health*, 2024, 3(9):e0000612.
- [23] 安超, 张晨, 郑广平, 等. 基于深度学习的胸部X线肺结核检测研究及多中心临床验证 [J]. *放射学实践*, 2022, 37(6):704-709.
- [24] Sridharan S, Hui A, Venkataraman N, *et al.* Real-world evaluation of an AI triaging system for chest X-rays: a prospective clinical study [J]. *Eur J Radiol*, 2024, 175:111783.
- [25] WHO. WHO consolidated guidelines on tuberculosis: module 2: screening: systematic screening for tuberculosis disease [M/OL]. Geneva: World Health Organization,

- 2021.(2021-03-22)[2025-08-11].<http://apps.who.int/iris/handle/10665/340255>.
- [26] Jusman Y, Haq A, Nur' aini MA, *et al.* Classification of covid image based on deep learning model googlenet and resnet-50[C]//2024 International Conference on Electrical Engineering and Computer Science (ICECOS). Piscataway, NJ:IEEE,2024;1-6.
- [27] Parkash O. Use of artificial intelligence for the detection of helicobacter pylori infection from upper gastrointestinal endoscopy images: an updated systematic review and meta-analysis[J]. *Ann Gastroenterol*, 2024, 37(1):1-9.
- [28] Hu L, Mwanahamuntu M, Sahasrabuddhe V, *et al.* Internal validation of automated visual evaluation (AVE) on smartphone images for cervical cancer screening in a prospective study in Zambia [J]. *Cancer Med*, 2024, 13(12):1-12.
- [29] 王霞,赵玮,陈征,等.基于多维度临床数据的肺炎AI病原学类型判别模型[J].临床急诊杂志,2024,25(7):336-342.
- [30] 邝琳玲,于凡,胡正强,等.人工智能分析系统对需氧菌性阴道炎的判读方法初探[J].四川大学学报(医学版),2024,55(2):461-468.
- [31] Hu L, Bell D, Antani S, *et al.* An observational study of deep learning and automated visual evaluation of cervical images for cancer screening [J]. *J Natl Cancer Inst*, 2019, 111(9):923-932.
- [32] Hattab S, Adrienne H, Tariq Z, *et al.* Rapid phenotypic and genotypic antimicrobial susceptibility testing approaches for use in the clinical laboratory [J]. *Antibiotics*, 2024, 13(8):786.
- [33] Falcão I, Cardoso D, Santos A, *et al.* Model for predicting drug resistance based on the clinical profile of tuberculosis patients using machine learning techniques [J]. *PeerJ Comput Sci*, 2024, 10:e2246.
- [34] Wang Y, Jiang Z, Liang P, *et al.* Tb-drop: deep learning-based drug resistance prediction of Mycobacterium tuberculosis utilizing whole genome mutations [J]. *BMC Genomics*, 2024, 25(1):138.
- [35] Zagajewski A, Turner P, Feehily C, *et al.* Deep learning and single-cell phenotyping for rapid antimicrobial susceptibility detection in *Escherichia coli* [J]. *Commun Biol*, 2023, 6(1):1224.
- [36] Li Y, Cao Y, Wang M, *et al.* Development and validation of machine learning models to predict MDRO colonization or infection on ICU admission by using electronic health record data [J]. *Antimicrob Resist Infect Control*, 2024, 13(1):77.
- [37] Shi S, Zhang L, Zhang S, *et al.* Developing a rapid screening tool for high-risk ICU patients of sepsis: integrating electronic medical records with machine learning methods for mortality prediction in hospitalized patients-model establishment, internal and external validation, and visualization [J]. *J Transl Med*, 2025, 23(1):97.
- [38] Ayoola M, Das A, Krishnan B, *et al.* Predicting salmonella MIC and deciphering genomic determinants of antibiotic resistance and susceptibility [J]. *Microorganisms*, 2024, 12(1):134.
- [39] 王金宇,张可,夏翠萍,等.基于MALDI-TOF MS平台结合机器学习算法鉴别三唑类抗真菌药物耐药性[J].安徽医科大学学报,2022,57(5):801-804.
- [40] Sembiring I, Wahyuni S, Sediyo E. LSTM algorithm optimization for COVID-19 prediction model [J]. *Heliyon*, 2024, 10(2):e26158.
- [41] Ye Y, Pandey A, Bawden C, *et al.* Integrating artificial intelligence with mechanistic epidemiological modeling: a scoping review of opportunities and challenges [J]. *Nat Commun*, 2025, 16(1):581.
- [42] Yang L, Zhang T, Han X, *et al.* Influenza epidemic trend surveillance and prediction based on search engine data: deep learning model study [J]. *J Med Int Res*, 2023, 25:e45085.
- [43] Rahman A. The role of AI in tackling epidemics: lessons from recent outbreaks [J]. *J AI-Powered Med Innovat*, 2025, 3(1):115-125.
- [44] Liu K, Shi Y, Wang L, *et al.* Impact of initial outbreak locations on transmission risk of infectious diseases in an intra-urban area [J]. *Comput Urban Sci*, 2024, 4(1):32.
- [45] Olaboye JA, Maha CC, Kolawole TO, *et al.* Innovations in real-time infectious disease surveillance using AI and mobile data [J]. *Int Med Sci Res J*, 2024, 4(6):1190.
- [46] Shen H, Dong L, Gao Y, *et al.* Integrated microwell array-based microfluidic chip with a hand-held smartphone-controlled device for nucleic acid detection [J]. *Analytical Chemistry*, 2023, 95(40):15143-15151.
- [47] Li G, Gao Z, Jia C, *et al.* Simultaneous detection of multiple respiratory pathogens using an integrated microfluidic chip [J]. *Anal Chem*, 2024, 96(31):11723-11732.
- [48] Liu P, Wu H, Li Y, *et al.* Comprehensive pathogen identification and antimicrobial resistance prediction from positive blood cultures using nanopore sequencing technology [J]. *Genome Med*, 2024, 16(1):141.
- [49] Stokes J, Yang K, Swanson K, *et al.* A deep learning approach to antibiotic discovery [J]. *Cell*, 2020, 180(4):688-702.e13.
- [50] Boulaamane Y, Molina PI, Hmadcha A, *et al.* Antibiotic discovery with artificial intelligence for the treatment of

- Acinetobacter baumannii* infections [J]. *mSystems*, 2024, 9 (6):e0032524.
- [51] Zhang HQ, Wang YH, Zhu YR, *et al.* Machine learning and genetic algorithm-guided directed evolution for the development of antimicrobial peptides [J]. *J Adv Res*, 2024, 53:95-108.
- [52] Mubarak A, Ameen Z, Ozsarin D. Enhancing tuberculosis vaccine development: a deconvolution neural network approach for multi-epitope prediction [J]. *Sci Rep*, 2024, 14 (1):10375.
- [53] Yelin I, Snitser O, Novich G, *et al.* Personal clinical history predicts antibiotic resistance of urinary tract infections [J]. *Nat Med*, 2019, 25(7):1143-1152.
- [54] Elste J, Saini A, Mejia-alvarez R, *et al.* Significance of artificial intelligence in the study of virus-host cell interactions [J]. *Biomolecules*, 2024, 14(8):911.
- [55] Pandya V, Morsy M, Hassan A, *et al.* Ultraviolet disinfection (UV-D) robots: bridging the gaps in dentistry [J]. *Fron Oral Health*, 2023, 4:1270959.
- [56] Liang L, Sun B. Towards an adversarially robust convolutional neural network for automated diagnosis of malaria infection from microscopy images [J]. *Biomed Signal Process Control*, 2023, 85:105362.
- [57] Sarawagi K, Pagrotra A, Dhiman H, *et al.* Self-trained convolutional neural network (CNN) for tuberculosis diagnosis in medical imaging [J]. *Cureus*, 2024, 16 (6) : e63356.
- [58] Eliwa E, El Koshiry A, Abd el-hafeez T, *et al.* Utilizing convolutional neural networks to classify monkeypox skin lesions [J]. *Sci Rep*, 2023, 13(1):14495.
- [59] Arunkumar K, Kalaga D, Kumar C, *et al.* Forecasting of COVID-19 using deep layer recurrent neural networks (RNNs) with gated recurrent units (GRUs) and long short-term memory (LSTM) cells [J]. *Chaos Solitons Fractals*, 2021, 146:110861.
- [60] Nimbal N. Sepsis prediction [J]. *IJRASET*, 2024, 12 (5) : 3045-3055.
- [61] Hossain S, Sharar R, Bahadur M, *et al.* Medibert: a medical chatbot built using keybert, biobert and gpt-2 [J]. *Int J Intell Syst Appl*, 2023, 15(4):45-53.
- [62] Khozaimi A, Mahmudy W. New insight in cervical cancer diagnosis using convolution neural network architecture [J]. *IAES II-AI*, 2024, 13(3):3092-3100.
- (收稿日期:2025-08-25; 编辑:王蔚)

(上接第721页)

- [34] Steingass SK, Maloney-Newton S. Telehealth triage and oncology nursing practice [J]. *Semin Oncol Nurs*, 2020, 36 (3):151019.
- [35] Al Sayah F, Szafran O, Robertson S, *et al.* Nursing perspectives on factors influencing interdisciplinary teamwork in the Canadian primary care setting [J]. *J Clin Nurs*, 2014, 23(19-20):2968-2979.
- [36] 甄正阳, 郑粉善. 多学科协作护理模式在乳腺癌患者中的应用研究进展 [J]. *当代护士(下旬刊)*, 2024, 31(4):24-28.
- [37] Allen J, Hutchinson AM, Brown R, *et al.* Improving transitional care communication for older Australians from hospital to home: co-design of the TRANSITION tool [J]. *Health Soc Care Community*, 2022, 30(6):e4223-e4238.
- [38] 侯杰, 杨紫燕, 汤露, 等. 乳腺癌病人内分泌治疗依从性管理的证据总结 [J]. *循证护理*, 2024, 10(14):2476-2483.
- [39] Toledo G, Ochoa CY, Farias AJ. Exploring the role of social support and adjuvant endocrine therapy use among breast cancer survivors [J]. *Support Care Cancer*, 2020, 28 (1):271-278.
- [40] Bakker CJ, Wyatt TH, Breth MC, *et al.* Nurses' roles in mHealth app development: scoping review [J]. *JMIR Nurs*, 2023, 6:e46058.
- [41] Strasser R, Kam SM, Regalado SM. Rural health care access and policy in developing countries [J]. *Annu Rev Public Health*, 2016, 37:395-412.
- [42] Shan L, Gan Y, Yan X, *et al.* Uneven primary healthcare supply of rural doctors and medical equipment in remote China: community impact and the moderating effect of policy intervention [J]. *Int J Equity Health*, 2024, 23(1):97.
- [43] 胡巨林灵, 陈晨, 陈晨, 等. 乳腺癌患者经济负担对情绪健康及生活质量的影响研究进展 [J]. *医学与哲学*, 2022, 43 (22):46-49.
- (收稿日期:2025-06-10; 编辑:段佳)