四川大学学报（医学版） 2026，57（2）：313－318
J Sichuan Univ（Med Sci） doi: 10.12182/20260360501

在线全文

人工智能在临床微生物检测中的应用进展*

李 惠[1]，宋 珍[1]，赵亚楠[1]，李 敏[2△]
1. 上海交通大学医学院附属瑞金医院 医学技术学院（上海 200025）；2. 上海交通大学医学院附属仁济医院 检验科（上海 200127）

【摘要】 传统微生物检测技术在检测速度、灵敏度和特异性等方面存在固有局限，已难以应对日益增长的临床需求。近年来，人工智能(artificial intelligence, AI)正加速融入临床微生物检测领域，多项研究证实其在提升病原体识别、预测抗菌药物敏感性以及推动实验室自动化方面展现出巨大潜力。本文系统回顾了经典AI算法及其在该领域的最新应用进展。在视觉数据应用方面，基于深度学习的模型被用于显微镜图像和菌落形态的自动化分析，显著提高了识别效率与判读准确性。在非视觉数据领域，AI在基因组学、转录组学及宏基因组学等多组学数据的解析中取得了突破性进展，广泛应用于病原体的快速鉴定和抗生素耐药性的预测。尽管AI应用前景广阔，但目前在临床微生物检测中的应用仍处于从科研探索向临床转化的初期阶段。本文进一步探讨了AI技术转化过程中面临的关键挑战与机遇，旨在帮助临床专业人员全面了解AI在该领域的发展现状、未来趋势及其潜在影响，以推动其向可靠、可推广的常规检测方法迈进。

【关键词】 人工智能 机器学习 临床微生物检测 抗生素耐药性 综述

Advances in the Application of Artificial Intelligence in Clinical Microbiological Testing

LI Hui[1], *SONG Zhen*[1], *ZHAO Yanan*[1], *LI Min*[2△]. 1. *College of Health Science and Technology, Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai 200025, China*; 2. *Department of Laboratory Medicine, Renji Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai 200127, China*
△ Corresponding author, E-mail: ruth_limin@126.com

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 82302538), the "AI+ Course" cultivation project of the Medical Technology College of Shanghai Jiao Tong University in 2025, and the undergraduate teaching reform project of Shanghai Jiao Tong University in 2020.

[Abstract] Traditional microbiological detection methods have inherent limitations in detection speed, sensitivity, and specificity, making them increasingly unable to meet growing clinical demands. In recent years, artificial intelligence (AI) has been rapidly integrated into clinical microbiological testing, with numerous studies demonstrating its significant potential to enhance pathogen identification, predict antimicrobial susceptibility testing, and advance laboratory automation. This article systematically reviews classical AI algorithms and their latest advancements in this field. For visual data applications, deep learning-based models are used to automatically analyze microscopy images or colony morphology, significantly improving recognition efficiency and diagnostic accuracy. For non-visual data, AI has achieved breakthroughs in analyzing multi-omics data such as genomics, transcriptomics, and metagenomics, and is widely used for rapid pathogen identification and prediction of antimicrobial resistance. Despite its promising prospects, the application of AI in clinical microbiological testing remains in the early stages of transitioning from scientific research to clinical practice. This paper further discusses the key challenges and opportunities encountered during this technological translation, aiming to help clinical professionals comprehensively understand the current status, future trends, and potential impact of AI in this field, thereby promoting its development into reliable and scalable routine diagnostic methods.

[Key words] Artificial intelligence Machine learning Clinical microbiological testing Antimicrobial resistance Review

传统的临床微生物检测技术在历史上为感染性疾病诊断和防控做出了重要贡献，至今仍是临床微生物检测的基础，但其固有的局限性在人工智能(artificial intelligence, AI)技术飞速发展的映衬下日益凸显，在检测速度、灵敏度、特异性、工作流程自动化、数据管理以及应对现代临床需求等方面已显现出显著的瓶颈：传统的培养方法耗时较长，易延误最佳治疗时机[1-3]；部分病原体微生物学特性不典型，从而导致分类和鉴定困难[1, 4]；当样本中病原体浓度较低时，如感染早期或患者已接受抗生素治疗，传统技术可能无法达到检测阈值，出现假阴性结果[5]；传统的

* 国家自然科学基金（No. 82302538）、上海交通大学医学院医学技术学院2025年度“AI+课程”培育项目和上海交通大学医学院2020年本科教学改革项目资助

△ 通信作者，E-mail：ruth_limin@126.com

出版日期：2026-03-20

药敏试验在临床上广泛使用,但其固有的时间延迟显著影响了精准医学的实施和抗生素管理的有效性[4, 6];由于依赖人工判读和数据整合,加之数据处理维度的局限,传统技术在时效性和准确性上难以达到现代流行病监测的要求[4, 7-8]。与此同时,操作流程与数据管理的碎片化问题也日益突出。传统微生物实验室的工作流程仍以人工操作为主,数据管理和系统集成程度低,限制了整体效率的提升和向现代化转型[4, 8]。最后,从经济效益与资源配置的角度来看,尽管人工智能系统的初期投入较高,但其在自动化、效率提升、减少人为错误和优化治疗决策等方面的长期回报显著,而传统技术的经济劣势愈发明显[7-8]。

AI在临床微生物鉴定与分析中的应用正带来范式变革。大量研究证实,AI在该领域具有多重优势,诸如快速识别病原体并预测其耐药性;通过自动化流程提高实验室效率,减少人为误差;并能够整合多源异构数据,支持精准抗感染治疗和实时的流行病学监测,推动临床微生物检测向智能化与个体化方向发展[1, 8-9]。基于此,本综述系统总结了AI算法及其在临床微生物学检测领域的最新研究进展、当前面临的局限性与挑战,旨在为临床专业人员提供全面的视角,加强对AI技术在该领域发展现状、应用前景及其深远影响的理解。

1 关于AI的几个关键概念

1956年,McCarthy创造性提出了“artificial intelligence”(人工智能)这一术语[10],催生了一个新的跨学科研究领域。在过去的20年里,AI使机器能够执行通常需要人类智能的任务,包括推理、学习、视觉和语言理解[11]。机器学习(machine learning, ML)是实现AI的一种主要方式,经典的ML算法分为四个方向:监督学习(supervised learning)、无监督学习(unsupervised learning)、深度学习(deep learning, DL)和强化学习(reinforcement learning, RL)[12]。

监督学习利用已知类别标签样本数据构建预测模型,分为统计分类和回归分析两大任务[12]。分类任务包括判断“疫苗候选或非疫苗候选类别”、“该菌株是/否耐药”或“患者是/否发生感染”等。常用的分类算法包括贝叶斯模型、支持向量机和随机森林等。WANG等[13]应用随机森林模型预测COVID-19住院患者发生医疗相关细菌或真菌合并感染的风险,以辅助临床早期识别高危患者。回归分析则用于预测连续型数值,如利用临床特征数据或基因组数据预测疾病指标,常用算法包括线性回归、岭回归(Ridge Regression)和LASSO回归(Least Absolute Shrinkage and Selection Operator Regression)等。有研究采用LASSO回归与逻辑回归结合的方法构建肺炎相关血流感染的临床预测模型,包含六项临床可获取的预测因子,该模型具有良好的区分度(AUC 0.80~0.83)、校准度和临床实用性,可帮助临床早期识别高风险患者,优化抗生素使用和感染控制策略,降低脓毒症发生率和死亡率,对提升肺炎诊疗质量具有重要临床价值[14]。

无监督学习是从未标记的数据中发现隐藏的结构和模式,主要包括聚类和降维[12]。聚类善于处理复杂的高维生物医学数据,如高通量测序、质谱分析等技术产生的规模庞大、维度极高的数据集[15],其算法包括层次聚类、层次贝叶斯聚类、K-均值聚类以及谱聚类等。其中,层次贝叶斯聚类算法被广泛应用于分析病原体的种群结构[16-17]。降维可以简化数据处理、提高模型性能,并便于数据可视化和分析。降维方法如主成分分析、均匀流形逼近和投影和t分布随机邻居嵌入(t-SNE)等[12]。MARQUES等[18]应用t-SNE可视化图表分析了SARS-CoV-2确诊患者及临床未明确的SARS病例的“症状数据”,发现两组数据显著重叠,难以视觉区分,提示需结合多源数据来优化诊断。

DL是ML的一个特定子集,旨在原始数据中捕获尽可能多和完整的关系[12],是一项在临床微生物检测领域日益受到关注的成熟技术。DL发展出了多种针对不同数据类型的核心模型架构,其中最具代表性的是卷积神经网络(convolutional neural network, CNN)、循环神经网络(recurrent neural network, RNN)和Transformer。DL通过其强大的非线性特征提取和识别能力,可从显微图像、质谱、光谱及基因组测序等复杂数据中快速、准确地提取诊断信息。越来越多的研究采用CNN等深度学习算法实现快速、自动化的病原体诊断[1, 8-9]。

RL通过智能体与环境交互并依据奖励优化策略[12]。HIGGINS等[19]基于RL算法开发了幽门螺杆菌临床决策系统,根据患者个体特征推荐最优治疗方案,结果表现出良好的稳定性和临床适用性。深度强化学习(deep reinforcement learning, DRL)是一个新的研究热点,它结合了深度神经网络和强化学习的序列决策优势[12]。WANG等[20]利用DRL模型为脓毒症患者生成个性化抗生素组合方案,缩短了用药时长并提升预后,验证了其在抗生素决策中的有效性。

2 机器学习在临床微生物检测领域的应用

2.1 视觉训练模型

近年来,AI正通过训练视觉模型来识别和分类微生物图像,逐步革新传统上依赖人工显微镜检查和形态学

判读的检测模式，以期在降低人工成本的同时，全面提升诊断的效率与准确性。

CNN能够自动学习和提取显微镜下细菌染色涂片（如革兰氏染色）和真菌形态的关键视觉特征[21-23]，用于物种鉴定、分类或菌落计数。细菌性阴道病（bacterial vaginosis, BV）诊断的金标准为革兰氏染色后的Nugent评分法，然而该方法操作耗时，且评分结果易受人为因素和主观判断的影响。为克服上述局限，WANG等[24]开发并优化了基于CNN的模型，用于对显微镜图像中的阴道分泌物涂片进行自动分析，实现Nugent评分的自动识别与分类。该模型在多中心数据集上表现出高敏感性、特异性和准确性，为BV的自动化诊断提供了新方法。不断有研究提出基于CNN的改进方法来检测痰涂片图像中的AFB，特别是在结核病高负担且资源有限的地区，为结核病诊断提供了更具备可行性和准确性的解决方案[25-26]。XIAO等[27]提出了一种用于病毒分类的残差混合注意力网络，并通过透射电镜获取的病毒图像数据集对该模型进行验证。结果表明，其性能优于多种先进的AI模型，甚至超过了专家的判读水平。以上数据都证明了AI模型辅助甚至替代人工阅片的可行性，能够显著缩短获得初步鉴定结果的时间并提高准确率。CNN是医学图像分析的主流技术，擅长提取局部特征，但存在可解释性差、泛化能力差等局限性。有文章指出Transformer及其变体（如ViT）已成为微生物图像分析新的研究方向[23]。Transformer基于自关注机制，具有更强的全局信息表示能力，近年在计算机视觉领域表现突出，这可能有助于识别更复杂的微生物形态或菌落间的相互作用，但其在医学成像中应用尚处于初期，且与CNN的直接比较研究较少[28]。

AI模型也被用于自动识别和分类菌落图像。目前，临床实验室中已开始应用ML算法进行细菌菌落检测及培养结果判读。ML软件与显色培养基结合使用，通过分析菌落在特定培养基上的形态特征，实现了对耐甲氧西林金黄色葡萄球菌或耐万古霉素肠球菌等目标病原体的快速鉴定[29-30]。研究者还利用CNN模型直接对不同种类的细菌菌落进行分类[31]，显著减少了人工观察、挑取和初步判读所需的时间与人力成本。然而，自动识别和分类菌落图像依赖大量高质量的标注图像数据。目前公开的真实微生物菌落图像数据集相对稀缺且规模有限，难以满足模型训练的需求。此外，数据标注过程耗时耗力，尤其是当菌落密集生长或相互重叠时，实现准确的像素级分割与标注尤为困难。为减少对大规模真实标注数据集的依赖，研究人员致力于开发低资源依赖的合成数据集，同时确保合成数据的真实性与标注精度。已有研究提出将传统计算机视觉技术与DL算法相融合的策略，仅需100张真实微生物菌落图像即可生成具有精确标注的合成数据集，但在应用中仍存在合成数据集尚未充分覆盖真实样本中存在的复杂情况，例如出现极端光照条件或非典型菌落形态时，模型可能会出现漏检或误检[32]。此外，图像分析软件还可辅助抗菌药物敏感性试验的结果判读，通过精确测量纸片扩散法中的抑菌圈直径或解析肉汤微稀释法中的生长模式以确定最低抑菌浓度[6]。

2.2　非视觉的训练模型

与视觉应用相比，基于非视觉数据的AI模型在临床微生物检测中的应用，在近几年取得了更为显著和具体的研究进展。这类模型不依赖图像，而是直接分析和解读海量的生物数据，以实现更深层次的诊断和预测[1, 9, 33]。

2.2.1　基于质谱与光谱数据的智能分析

AI在基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱（MALDI-TOF MS）数据中的临床应用，涵盖细菌鉴定、耐药性预测和菌株分型。目前，传统的质谱鉴定方法主要依赖于将待测图谱与商业或自建数据库中的参考图谱进行比对，在面对数据库未收录的罕见菌种或某些密切相关的近缘物种，亦或特定菌群鉴定时，往往能力受限。ML学习模型能够自动从原始或经少量预处理的图谱中进行特征提取，有望突破传统数据库匹配的局限，实现更精准的细菌鉴定。相较于病原体鉴定，利用MALDI-TOF MS数据进行抗菌药物敏感性预测是一个更具临床价值的研究方向[6, 34-35]。然而，现有研究多针对特定物种-药物组合构建模型，泛化能力有限且样本量小[36]。WEIS等[37]构建了大型公共数据库DRIAMS（Data for Resistance to Antimicrobial by MALDI-TOF and Inferred Susceptibility），该数据库包含超过30万个MALDI-TOF质谱数据和75万余个抗菌药物敏感性表型数据，实现了直接从质谱数据预测多种病原体的耐药性。DRIAMS数据集的出现为实现大规模抗菌药物耐药性（antimicrobial resistance, AMR）预测提供了重要的资源，但其应用仍存在若干局限，为解决模型泛化能力不足的问题，需要采用半监督学习策略来整合未标注的质谱数据；为提升模型在不同流行病学背景下的适用性，还应纳入耐药率较高地区的样本；此外，应进一步研究耐药机制与质谱特征之间的关联，以增强模型的可解释性。另有研究首次将多模态学习应用于AMR预测，通过整合MALDI-TOF质谱数据与抗菌药物化学指纹特征，构建DL模型以提升AMR预测性能。结果表明多模态模型显著优于传统单药单物种模型，为快速精准的临床抗菌治疗提供了新思路[38]。

拉曼光谱是一种无损、免标记的快速分析技术，通过

探测分子独特的振动模式,为物质鉴定提供了“分子指纹”。表面增强拉曼散射(surface-enhanced Raman spectroscopy, SERS)技术与DL结合后,已在细菌代谢监测、耐药性分析及物种鉴定中展现优势[39]。一项研究首次将SERS与CNN算法结合用于细菌性阴道病(BV)的快速诊断。研究者应用CNN模型对40名BV感染状态未知的参与者采集的阴道液样本SERS谱进行盲测,与BV blue Test结合常规镜检的结果相比,预测准确率达到90.75%。该技术简单、廉价、快速,有可能补充临床实验室中现有的BV诊断方法[40]。然而,SERS技术的进一步发展仍需构建多模态联用分析平台和标准化检测流程,以提升结果的可重复性和准确性;同时,还需开发灵活性和适应性更高的便携式设备,以满足即时诊断的需求。

2.2.2 基于组学数据的智能分析

随着全基因组测序(whole-genome sequencing, WGS)成本的持续下降,使得基于基因组数据进行高分辨率病原体鉴定和耐药性分析成为可能。DL模型能够直接从复杂的基因组序列中快速、精准地识别病原体[41]。目前,大量研究致力于利用WGS数据预测AMR[1, 8-9],其研究基础依赖于公开且经过充分注释的耐药基因数据库。其中,综合性抗生素耐药性数据库(Comprehensive Antibiotic Resistance Database, CARD)作为权威资源,提供了耐药基因的参考序列、作用机制和耐药谱等关键信息,为ML模型的训练提供了高质量的“标签”[42]。此外,ResFinder是另一个广泛使用的生物信息学工具,可从WGS数据中系统性地识别已知的获得性耐药基因[43]。

宏基因组下一代测序(metagenomic next-generation sequencing, mNGS)技术能够对临床样本中所有微生物的遗传物质进行无偏倚分析,为感染性疾病的诊断提供了前所未有的广度和深度[44]。然而,mNGS产生的数据高度复杂,AI在数据解读中发挥着核心作用,包括直接从脑脊液、血液等临床样本中识别病原体,检测耐药基因,解析微生物群落结构以及发现新发或罕见病原体[1, 45]。已开发出多种基于深度学习的工具,例如DeepARG,该工具专门用于从宏基因组数据中预测抗生素耐药基因[43]。

除了静态的基因组信息,动态的转录组数据也被用于AMR预测。一篇预测铜绿假单胞菌耐药性的报道提出了一种结合转录组数据和ML的方法,研究人员采用遗传算法筛选出与耐药性显著相关的最小基因集,这个微小的基因集合足以高精度地区分耐药菌株和敏感菌株。基于此基因集构建的模型在独立测试数据集上取得了96%至99%的预测准确率,显示出其强大的判别能力。研究还发现了一些此前未被注释的耐药相关基因簇,并提示通过智能的特征选择方法,可将复杂的转录组信号简化为仅由少数基因构成的、具有临床可操作性的表达特征,为开发快速、精准的分子诊断工具奠定了基础[46]。

3 AI在临床微生物检测中面临的局限性和挑战

AI技术与临床微生物检测技术相结合,能够显著缩短检测周期并提升诊断的准确性。然而将这些新兴技术转化为可靠的临床常规检测方法,仍面临一系列严峻的挑战,其核心障碍体现在数据层面、模型层面和监管层面。

首先,视觉训练模型的性能高度依赖于训练数据的质量与规模。训练一个稳定的AI模型需要海量、高质量且经过精确标注的数据集,才能实现良好的泛化能力并避免过拟合[9, 33]。然而,数据标注工作繁琐且易引入偏差,直接影响模型的性能。当前公开的大规模、标准化菌落图像数据集依然稀缺,限制了模型训练的广度和深度[1]。非视觉的训练模型的数据采集同样面临数据标准化、质量控制和临床验证等方面的诸多问题[33]。

其次,AI在微生物检测领域的应用普遍存在鲁棒性不足的问题[12, 28]。鲁棒性即模型在面对真实世界中各种未预料到的数据变化时,仍能保持其性能的稳定。鲁棒性不足表现为,当识别形态极为相似的细菌或在血液、痰液等复杂背景的临床样本中准确识别细菌时,模型可能出现误判;当基于标准、单菌落图像训练的模型在处理高密度、混合生长的真实临床平板时,其鲁棒性能也可能下降。要解决鲁棒性不足的问题,不仅需要算法层面的创新,更需要建立大规模、多中心、标准化的基准数据集[33]。DL模型,尤其是复杂的CNN,其决策过程缺乏透明度和可解释性,常被诟病为“黑盒”[4, 8]。例如,AI模型通过分析数千个质谱峰的复杂模式来预测耐药性。这一过程对于专家来说是完全不透明的,模型为何判定某个菌株对某种药物耐药?是哪些蛋白峰的变化导致了这个结果?这种不透明性直接导致了临床医生对AI预测结果的不信任,使其难以作为独立的决策依据。

最后,如何将AI整合到现有临床实验室高通量的工作流程中,并满足严格的临床验证和监管审批要求,是决定其最终能否商业化和普及的现实问题[1, 8]。此外,伦理问题和数据隐私安全也至关重要[4, 9, 33],如患者数据的保密性或AI算法偏见和滥用的潜在风险可能导致医疗资源获取和患者治疗结果方面的不平等。这需要AI科学家、临床微生物检验专家、感染科医生和伦理法规专家紧密合作,确保其发展始终服务于临床需求,并符合伦理和法

规要求。

4　AI应用于临床微生物检测领域的展望与结论

AI已不再是遥远的概念，而是逐步渗透到临床微生物检测的各个核心环节，并对我们每一位相关从业者的角色定位、技能要求和职业发展路径提出了前所未有的挑战与机遇。展望未来，AI与现有诊断技术的深度融合将成为主流。AI正在推动临床微生物实验室从劳动密集型向自动化、智能化模式转型，从而实现诊断效率和成本效益的双重提升。然而，AI在该领域的应用虽然前景广阔，但仍处于从理论研究向临床实践过渡的早期阶段。通过积极学习和跨学科合作，我们必将充分驾驭这一强大工具，提升临床微生物检测水平，最终为患者提供更快速、更精准、更具前瞻性的诊断服务。

*　　*　　*

作者贡献声明　李惠负责论文构思、正式分析、调查研究、初稿写作和审读与编辑写作，宋珍负责论文构思和初稿写作，赵亚楠负责论文构思和经费获取，李敏负责论文构思和监督指导。所有作者已经同意将文章提交给本刊，且对将要发表的版本进行最终定稿，并同意对工作的所有方面负责。

Author Contribution　LI Hui is responsible for conceptualization, formal analysis, investigation, writing--original draft, and writing--review and editing. SONG Zhen is responsible for conceptualization and writing--original draft. ZHAO Yanan is responsible for conceptualization and funding acquisition. LI Min is responsible for conceptualization and supervision. All authors consented to the submission of the article to the Journal. All authors approved the final version to be published and agreed to take responsibility for all aspects of the work.

利益冲突　所有作者均声明不存在利益冲突

Declaration of Conflicting Interests　All authors declare no competing interests.

参　考　文　献

[1] KHALAF W S, MORGAN R N, ELKHATIB W F. Clinical microbiology and artificial intelligence: Different applications, challenges, and future prospects. J Microbiol Methods, 2025, 232-234(7): 107125. doi: 10.1016/j.mimet.2025.107125.

[2] LI Y, CUI X, YANG X, *et al*. Artificial intelligence in predicting pathogenic microorganisms' antimicrobial resistance: challenges, progress, and prospects. Front Cell Infect Microbiol, 2024, 14: 1482186. doi: 10.3389/fcimb.2024.1482186.

[3] HAN G R, GONCHAROV A, ERYILMAZ M, *et al*. Machine learning in point-of-care testing: innovations, challenges, and opportunities. Nat Commun, 2025, 16(1): 3165. doi: 10.1038/s41467-025-58527-6.

[4] TIAN T, ZHANG X, ZHANG F, *et al*. Harnessing AI for advancing pathogenic microbiology: a bibliometric and topic modeling approach. Front Microbiol, 2024, 15: 1510139. doi: 10.3389/fmicb.2024.1510139.

[5] MEMON S, BIBI S, HE G. Integration of AI and ML in Tuberculosis (TB) Management: From Diagnosis to Drug Discovery. Diseases, 2025, 13(6): 184. doi: 10.3390/diseases13060184.

[6] LIAO H, XIE L, ZHANG N, *et al*. Advancements in AI-driven drug sensitivity testing research. Front Cell Infect Microbiol, 2025, 15: 1560569. doi: 10.3389/fcimb.2025.1560569.

[7] SHELKE Y P, BADGE A K, BANKAR N J. Applications of artificial intelligence in microbial diagnosis. Cureus, 2023, 15(11): e49366. doi: 10.7759/cureus.49366.

[8] DIEN BARD J, PRINZI A M, LARKIN P M, *et al*. Proceedings of the clinical microbiology open 2024: Artificial intelligence applications in clinical microbiology. J Clin Microbiol, 2025, 63(4): e0180424. doi: 10.1128/jcm.01804-24.

[9] XU C, ZHAO L Y, YE C S, *et al*. The application of machine learning in clinical microbiology and infectious diseases. Front Cell Infect Microbiol, 2025, 15: 1545646. doi: 10.3389/fcimb.2025.1545646.

[10] MCCARTHY J, MINSKY M L, ROCHESTER N, *et al*. A proposal for the Dartmouth summer conference on artificial intelligence. AI Magazine, 2006, 27(4): 12.

[11] CHEN Z H, LIN L, WU C F, *et al*. Artificial intelligence for assisting cancer diagnosis and treatment in the era of precision medicine. Cancer Commun (Lond), 2021, 41(11): 1100-1115. doi: 10.1002/cac2.12215.

[12] JIANG Y, LUO J, HUANG D, *et al*. Machine Learning Advances in Microbiology: A Review of Methods and Applications. Front Microbiol, 2022, 13: 925454. doi: 10.3389/fmicb.2022.925454.

[13] WANG M, LI W, WANG H, *et al*. Development and validation of machine learning-based models for predicting healthcare-associated bacterial/fungal infections among COVID-19 inpatients: a retrospective cohort study. Antimicrob Resist Infect Control, 2024, 13(1): 42. doi: 10.1186/s13756-024-01392-7.

[14] ZHOU Z, LIU S, QU F, *et al*. Development and validation of a clinical prediction model for pneumonia - associated bloodstream infections. Front Cell Infect Microbiol, 2025, 15: 1531732. doi: 10.3389/fcimb.2025.1531732.

[15] DIDELOT X, BOWDEN R, WILSON D J, *et al*. Transforming clinical microbiology with bacterial genome sequencing. Nat Rev Genet, 2012, 13(9): 601-612. doi: 10.1038/nrg3226.

[16] PIPER K R, IKHIMIUKOR O O, SOUZA S S R, *et al*. Evolutionary dynamics of the accessory genomes of Staphylococcus aureus. mSphere, 2024, 9(4): e0075123. doi: 10.1128/msphere.00751-23.

[17] MATTOCK J, CHATTAWAY M A, HARTMAN H, *et al*. A One Health Perspective on Salmonella enterica Serovar Infantis, an Emerging Human Multidrug-Resistant Pathogen. Emerg Infect Dis, 2024, 30(4): 701-710. doi: 10.3201/eid3004.231031.

[18] MARQUES J G, De CARVALHO B M, GUEDES L A, *et al*. Pattern recognition in SARS cases: insights from t-SNE and k-means clustering applied to COVID-19 symptomatology. Front Artif Intell, 2025, 8: 1536486. doi: 10.3389/frai.2025.1536486.

[19] HIGGINS K, NYSSEN O P, SOUTHERN J, *et al*. The Helicobacter pylori AI-clinician harnesses artificial intelligence to personalise *H. pylori* treatment recommendations. Nat Commun, 2025, 16(1): 6472. doi: 10.1038/s41467-025-61329-5.

[20] WANG Y, LIU A, YANG J, *et al*. Clinical knowledge-guided deep reinforcement learning for sepsis antibiotic dosing recommendations. Artif Intell Med, 2024, 150: 102811. doi: 10.1016/j.artmed.2024.102811.

[21] BURNS B L, RHOADS D D, MISRA A. The Use of Machine Learning for Image Analysis Artificial Intelligence in Clinical Microbiology. J Clin Microbiol, 2023, 61(9): e0233621. doi: 10.1128/jcm.02336-21.

[22] MA H, YANG J, CHEN X, *et al*. Deep convolutional neural network: a novel approach for the detection of *Aspergillus fungi* via stereomicroscopy. J Microbiol, 2021, 59(6): 563-572. doi: 10.1007/s12275-021-1013-z.

[23] ZHANG J, LI C, YIN Y, *et al*. Applications of artificial neural networks in microorganism image analysis: a comprehensive review from conventional multilayer perceptron to popular convolutional neural network and potential visual transformer. Artif Intell Rev, 2023, 56(2): 1013-1070. doi: 10.1007/s10462-022-10192-7.

[24] WANG Z, ZHANG L, ZHAO M, *et al*. Deep Neural Networks Offer

Morphologic Classification and Diagnosis of Bacterial Vaginosis. J Clin Microbiol, 2021, 59(2): e02236-20. doi: 10.1128/JCM.02236-20.

[25] FU H T, TU H Z, LEE H S, *et al*. Evaluation of an AI-Based TB AFB Smear Screening System for Laboratory Diagnosis on Routine Practice. Sensors (Basel), 2022, 22(21): 8497. doi: 10.3390/s22218497.

[26] CHEN W C, CHANG C C, LIN Y E. Pulmonary Tuberculosis Diagnosis Using an Intelligent Microscopy Scanner and Image Recognition Model for Improved Acid-Fast Bacilli Detection in Smears. Microorganisms, 2024, 12(8): 1734. doi: 10.3390/microorganisms12081734.

[27] XIAO C, CHEN X, XIE Q, *et al*. Virus identification in electron microscopy images by residual mixed attention network. Comput Methods Programs Biomed, 2021, 198: 105766. doi: 10.1016/j.cmpb.2020.105766.

[28] TAKAHASHI S, SAKAGUCHI Y, KOUNO N, *et al*. Comparison of Vision Transformers and Convolutional Neural Networks in Medical Image Analysis: A Systematic Review. J Med Syst, 2024, 48(1): 84. doi: 10.1007/s10916-024-02105-8.

[29] MCELVANIA E, MINDEL S, LEMSTRA J, *et al*. Automated detection of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* with the MRSA CHROM imaging application on BD Kiestra Total Lab Automation System. J Clin Microbiol, 2024, 62(5): e0144523. doi: 10.1128/jcm.01445-23.

[30] SMITH K P, KIRBY J E. Image analysis and artificial intelligence in infectious disease diagnostics. Clin Microbiol Infect, 2020, 26(10): 1318-1323. doi: 10.1016/j.cmi.2020.03.012.

[31] KONG F, SU M, GUO J, *et al*. Implementation of convolutional neural networks for microbial colony recognition. Microbiol Spectr, 2025, 13(9): e0288524. doi: 10.1128/spectrum.02885-24.

[32] PAWŁOWSKI J, MAJCHROWSKA S, GOLAN T. Generation of microbial colonies dataset with deep learning style transfer. Sci Rep, 2022, 12(1): 5212. doi: 10.1038/s41598-022-09264-z.

[33] MAIRI A, HAMZA L, TOUATI A. Artificial intelligence and its application in clinical microbiology. Expert Rev Anti Infect Ther, 2025, 23(7): 469-490. doi: 10.1080/14787210.2025.2484284.

[34] LÓPEZ-CORTÉS X A, MANRÍQUEZ-TRONCOSO J M, KANDALAFT-LETELIER J, *et al*. Machine learning and matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectra for antimicrobial resistance prediction: A systematic review of recent advancements and future development. J Chromatogr A, 2024, 1734: 465262. doi: 10.1016/j.chroma.2024.465262.

[35] WANG W Y, CHIU C F, TSAO S M, *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. Int J Antimicrob Agents, 2024, 64(5): 107329. doi: 10.1016/j.ijantimicag.2024.107329.

[36] De WAELE G, MENSCHAERT G, WAEGEMAN W. An antimicrobial drug recommender system using MALDI-TOF MS and dual-branch neural networks. Elife, 2024, 13: RP93242. doi: 10.7554/eLife.93242.

[37] WEIS C, CUÉNOD A, RIECK B, *et al*. Direct antimicrobial resistance prediction from clinical MALDI-TOF mass spectra using machine learning. Nat Med, 2022, 28(1): 164-174. doi: 10.1038/s41591-021-01619-9.

[38] VISONÀ G, DUROUX D, MIRANDA L, *et al*. Multimodal learning in clinical proteomics: enhancing antimicrobial resistance prediction models with chemical information. Bioinformatics, 2023, 39(12): btad717. doi: 10.1093/bioinformatics/btad717.

[39] NIE Z, HUANG Z, WU Z, *et al*. SERS-based approaches in the investigation of bacterial metabolism, antibiotic resistance, and species identification. Spectrochim Acta A Mol Biomol Spectrosc, 2025, 336: 126051. doi: 10.1016/j.saa.2025.126051.

[40] WEN X R, TANG J W, CHEN J, *et al*. Rapid diagnosis of bacterial vaginosis using machine-learning-assisted surface-enhanced Raman spectroscopy of human vaginal fluids. mSystems, 2025, 10(1): e0105824. doi: 10.1128/msystems.01058-24.

[41] JIANG G, ZHANG J, ZHANG Y, *et al*. DCiPatho: deep cross-fusion networks for genome scale identification of pathogens. Brief Bioinform, 2023, 24(4): bbad194. doi: 10.1093/bib/bbad194.

[42] ALCOCK B P, HUYNH W, CHALIL R, *et al*. CARD 2023: expanded curation, support for machine learning, and resistome prediction at the Comprehensive Antibiotic Resistance Database. Nucleic Acids Res, 2023, 51(D1): D690-D699. doi: 10.1093/nar/gkac920.

[43] MANAN A, BAEK E, ILYAS S, *et al*. Digital Alchemy: The Rise of Machine and Deep Learning in Small-Molecule Drug Discovery. Int J Mol Sci, 2025, 26(14): 6807. doi: 10.3390/ijms26146807.

[44] SU L D, CHIU C Y, GASTON D, *et al*. Clinical Metagenomic Next-Generation Sequencing for Diagnosis of Central Nervous System Infections: Advances and Challenges. Mol Diagn Ther, 2024, 28(5): 513-523. doi: 10.1007/s40291-024-00727-9.

[45] ROY G, PRIFTI E, BELDA E, *et al*. Deep learning methods in metagenomics: a review. Microb Genom, 2024, 10(4): 001231. doi: 10.1099/mgen.0.001231.

[46] SHAHREEN N, SHAHID S A, SUBHANI M, *et al*. Minimal gene signatures enable high-accuracy prediction of antibiotic resistance in *Pseudomonas aeruginosa*. NPJ Syst Biol Appl, 2025, 11(1): 108. doi: 10.1038/s41540-025-00584-0.

(2025 – 10 – 19收稿, 2026 – 02 – 24修回)

编辑 汤 洁

开放获取 本文使用遵循知识共享署名—非商业性使用4.0国际许可协议(CC BY-NC 4.0),详细信息请访问https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/。

OPEN ACCESS This article is licensed for use under Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International license (CC BY-NC 4.0). For more information, visit https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/.

© 2026《四川大学学报(医学版)》编辑部

Editorial Office of *Journal of Sichuan University (Medical Sciences)*