

· 综述 ·

检验医学发展的新趋势——临床检验组学^{*}

党颖强¹, 姜瑶², 吴茜³, 孟灵¹ 综述, 尤崇革^{1△} 审校1. 兰州大学第二医院检验医学中心, 甘肃兰州 730030; 2. 遂宁市中心医院检验科, 四川遂宁 629000;
3. 兰州大学第二临床医学院, 甘肃兰州 730030

摘要:随着人工智能与机器学习算法在医疗领域的快速发展,以及国家对医院和各个科室提出的高质量发展要求,检验医学发展呈现新趋势。检验科发展已从最开始的检验组套到基于临床路径和诊断相关组支付产生的检验路径,再到临床检验组学。临床检验组学是指利用高通量的方法来获取大量实验室项目结果数据,并结合患者的临床特征,应用统计学方法和目前常用的机器学习算法来揭示隐藏在大量医学数据背后的信息,以辅助临床医生诊疗。临床检验组学可能是实验室医学未来发展的新趋势,很有可能在检验医学领域上发挥重要作用。

关键词: 检验医学; 临床路径和诊断相关组; 临床检验组学; 大数据分析**DOI:** 10.3969/j.issn.1673-4130.2025.15.014**文章编号:** 1673-4130(2025)15-1873-06**中图法分类号:** R446**文献标志码:** A

A new trend in the development of laboratory medicine: clinical laboratory omics^{*}

DANG Yingqiang¹, JIANG Yao², WU Qian³, MENG Ling¹, YOU Chongge^{1△}

1. Department of Laboratory Medicine Center, Lanzhou University Second Hospital, Lanzhou, Gansu 730030, China; 2. Department of Clinical Laboratory, Suining Central Hospital, Suining, Sichuan 629000, China; 3. the Second Clinical Medical College of Lanzhou University, Lanzhou, Gansu 730030, China

Abstract: With the rapid development of artificial intelligence and machine learning algorithms in the medical field, as well as the high-quality development requirements put forward by the state for hospitals and various departments, the development of laboratory medicine shows a new trend. The development of clinical laboratory has evolved from the initial test suite to the test pathway based on clinical pathway and diagnosis-related groups payment, and then to clinical laboratory omics. Clinical laboratory omics refers to the use of high-throughput methods to obtain a large number of laboratory project results data. Combined with the clinical characteristics of patients, statistical methods and machine learning algorithms are commonly used to reveal the information behind a large number of medical data to assist clinicians in diagnosis and treatment. Clinical laboratory omics may be a new trend in the future development of laboratory medicine, and it is likely to play an important role in the field of laboratory medicine.

Key words: laboratory medicine; clinical pathways and diagnosis related groups; clinical laboratory omics; big data analysis

人体正常的新陈代谢会产生各种代谢产物,这些产物在一定程度上具有相对稳定性,能够反映身体的生理健康状况,被称为生物标志物。一旦机体发生病变或出现某种症状和体征,体内的生物标志物便会发生量或质的改变,成为可用于疾病预警和评估的标志物,即所谓的疾病标志物。当疾病标志物可以在医学实验室中被常规检测时,即成为检验指标,这也是人们熟知的检验项目,用于疾病的诊断、治疗和预后判断,以及健康评估,甚至传染病的预防。在 2022 年,有研究提出了“临床检验组学”的概念,该概念结合了患者的临床特征,采用高通量技术获取大量实验室检

验数据,并利用统计学方法和机器学习算法,揭示隐藏在大量医学数据背后的信息,以辅助临床医生进行诊断和治疗^[1]。而早在 2018 年,有研究已提出了“检验组学”的概念,指的是整合多组学实验室数据的多领域交叉学科,包括基因组学、蛋白质组学、代谢组学和药物组学等领域,并运用先进的大数据分析方法进行指标筛选和疾病分类^[2]。因此,本文将从检验组套、检验路径及临床检验组学的发展进行综述。

1 基于某种疾病诊断的检验项目组合形成检验组套

在临床实践中,通常会根据特定疾病设置相应的检验组套,以明确或排除该疾病的诊断可能性。这种

^{*} 基金项目: 兰州大学第二医院(第二临床医学院)萃英科技创新计划(CY2023-BJ-02)。[△] 通信作者, E-mail: youchg@lzu.edu.cn。

基于特定疾病的检验组套设计旨在优化诊断流程,减少不必要的检验项目,进而提升诊断效率与准确性。

1.1 生化检查 生化检查的项目名称在不同的三甲医院可能有所不同,如“生化1”“生化2”“生化全套”“速检生化”“肝功6项”等,但总体内容通常涵盖肝功能、肾功能、血脂、心肌、电解质、糖尿病等相关项目。检验科根据临床需求,制订相应的生化检验组套,以便支持疾病的诊断或鉴别诊断^[3]。

1.1.1 肝功能检查 在临幊上,医生会依据患者的具体症状和体征选择不同的肝功能检验组套。例如,当怀疑患者存在肝细胞实质性损伤时,通常检测丙氨酸氨基转移酶(ALT)、天冬氨酸氨基转移酶(AST)、ALT与AST比值、γ-谷氨酰转肽酶(γ-GT)及碱性磷酸酶(ALP)。若怀疑胆红素代谢异常或胆汁淤积,则检测总胆红素(TBIL)、直接胆红素(DBIL)、间接胆红素(IBIL)、血清总胆汁酸(TBA)、γ-GT和ALP。若怀疑蛋白质合成功能受损,通常检测白蛋白(ALB)、前白蛋白(PA)和胆碱脂酶(CHE)。因此,检验科会根据临幊需要,设立不同的肝功能检验组套(如肝功能1、肝功能2等),各医院的具体项目可能略有差异。

1.1.2 肾功能检查 肾功能检查主要用于评估肾脏排泄代谢废物的能力,包括尿素、肌酐、尿酸、胱抑素C(CysC)、视黄醇结合蛋白(RBP)、α₁微球蛋白(α₁-MG)等项目。通常,对无基础疾病的患者,若怀疑肾功能损伤,仅筛查前三项指标;而对于患有高血压、糖尿病等基础疾病的患者,则需进一步完善其他项目,以评估是否存在早期肾损伤。因此,不同医院的检验科会根据临幊需求,设立不同的肾功能检验组套(如肾功能1、肾功能2等)。

1.2 传染病项目检查 在住院检查中,通常会进行传染病项目检测,以明确或排除患者是否患有常见的传染病,包括乙型肝炎、丙型肝炎、梅毒和艾滋病。不同行政机构可能设置不同的检验组套,如“传染病4项”或“传染病8项”“乙型肝炎5项”等,但总体上均能辅助临幊医生判断患者的传染性疾病状态,进而采取适当的隔离或治疗措施。

2 基于临床路径和诊断相关组(DRGs)支付产生的检验路径

随着国家层面对高质量专科建设与发展的重视,建立高质量的检验医学平台已成为医院发展的重要目标。同时,临床路径是医生、护士及其他专业人员在循证医学的基础上,为提高医疗资源利用效率,专门针对某一疾病、手术或操作所制订的一种程序化、标准化的疾病管理模式^[4]。该模式涵盖患者从入院到出院的全程医疗服务流程。DRGs预付费模式最早起源于美国,其根据患者的年龄、性别、主要诊断、合并症、并发症、手术操作及住院时间等因素,将具有相似临床特征的患者分为同一DRG组^[5-6]。随后,根据循证医学的方法计算每个DRG组的费用标准,并将预付款项支付给医疗服务机构^[7]。随着医保支付方

式改革的深入,DRGs付费模式在保障参保人员权益、规范医疗服务行为、控制医疗费用不合理增长等方面的作用更加显著^[8]。DRGs付费与临床路径作为现代化的支付和管理手段,可以相互配合、相互补充,从而提高医院核心竞争力,为医保改革的深入推行提供支撑^[9]。为适应国家医保改革和推进DRGs付费模式,检验科医生需要提高检验项目的检测速度,确保及时将各项疾病的检测结果反馈给临床科室。同时,检验科医生应依据不同临床疾病,确定特定的、具有敏感性和特异性的实验室生物标志物,并开发针对特定疾病的创新检测项目。此外,应建立以单病种为基础的检验路径医嘱,以协助临幊医生进行快速、高质量、标准化的疾病诊断及预后预测,进而形成基于临床路径的检验诊断路径。该路径以疾病为中心,为临幊医生提供适合的检验项目,有助于理解检验结果的变化在疾病进展中的意义,从而促进并规范临床诊疗行为。另外,检验路径和临床路径的对接问题也是很重要的^[10]。

近年来,吴泽刚等^[11]构建了针对心血管疾病的临床诊断路径,针对高血压、高血糖、高血脂等不同高危因素人群,制订了相应的实验室检查项目。童永清等^[12]针对急性呼吸道感染,开发了基于病原学的临床检验诊断路径,以便疾病的快速分流与早期诊治。临床检验诊断路径的实施需要各亚专业的检验科医生与临幊医生的密切协作,以满足国家提出的精准医疗需求,缩小因区域医疗资源不平衡及专业知识水平差异所导致的诊疗差距。实施基于检验路径的管理,不仅有助于改善患者预后,避免过度医疗,还能有效减少医疗资源的消耗,提高诊疗的时效性。路径在实施过程中可进行动态评估与改进,确保患者接受的诊疗过程精细化、标准化、程序化,从而降低诊疗过程的随意性,提升医院资源的管理效率和利用率,进而规范医疗行为、降低成本并提升医疗质量;这与DRGs付费模式在保障参保人员权益、规范医疗行为、控制医疗费用不合理增长方面的目标一致;这也有助于国家医保体系的支付管理,避免社会及医疗资源的浪费。因此,建立基于临床路径和DRGs支付体系的检验路径已势在必行。

3 基于检验大数据挖掘的机器学习催生临床检验组学

随着人工智能技术在医学领域的迅速发展,尤其是机器学习算法(包括监督学习和无监督学习),现已能够通过学习已有数据,模拟人类的学习行为,从而获得新的知识和经验^[13-14]。在医学应用中,机器学习算法展现出巨大的潜力。借助大数据背景下的机器学习算法和深度学习算法,能够对医学数据进行深度挖掘,从海量信息中提取出隐藏的、有价值的疾病诊断、预测和预后评估模式和特征^[15-16]。尽管临床检验科拥有大量的数据资源,但这些数据在多数临床科室中尚未得到充分利用。检验医学中心的数据量庞大且结构复杂,使得医务人员难以直接从中提取有价值

的信息。因此,检验科医生应充分利用自身数据资源的优势,基于检验科的大数据,通过深度分析和挖掘这些数据,以期实现疾病早期分类与诊断的优化。

有研究应用了多种先进的机器学习算法,包括极致梯度提升(XGBoost)、支持向量机(SVM)、人工神经网络(ANN)和随机森林(RF),利用实验室医学中心的大数据构建了结直肠癌和胃癌的早期诊断模型,并获得了良好的预测性能^[17-18]。有研究基于患者的临床特征及实验室数据[如性别、年龄、甲胎蛋白(AFP)、甲胎蛋白异质体(AFP-L3)和异常凝血酶原(DCP)],建立了GALAD模型,用于诊断原发性肝细胞癌(HCC)并预测微血管浸润,该模型表现出较高的预测性能^[19]。此外,有研究采用了RF、梯度推进机(GBM)、广义线性模型(GLM)及深度学习模型4种机器学习算法,构建了预警高度近视相关视网膜脱离(HMRD)的临床检验组学模型,研究结果显示,GBM算法建立的模型具有最佳的预测性能^[20]。此外,SHI等^[21]基于临床组学评分和相关临床数据构建了用于预测原发性肺癌脑转移的列线图模型。该模型能够有效识别高危患者,为不同疾病阶段的临床决策提供重要参考。

在卒中研究领域方面,临床检验组学模型的应用已显示出显著的预测能力。基于临床检验组学模型的有效性,近年来的研究已在不同病理学方向上深入探索了其应用,如表1所示。例如,ZHENG等^[22]基

于预测、预防和个性化医疗(PPPM/3PM)的理念,使用6种机器学习算法,结合临床特征(如年龄)和14项实验室指标,构建了缺血性卒中(IS)诊断的临床检验组学模型。研究结果表明,基于XGBoost算法的模型提供了最精确的预测效果^[22]。另外,有研究指出,临床检验组学模型可以有效预测慢性肾病患者的心血管疾病发生风险^[23],并用于评估中国老年心房颤动患者的复合血栓事件风险^[24]。此外,该模型的适用性同样延伸至其他卒中相关疾病的预测,如预测心房颤动和卒中发作^[25]、症状性颅内动脉粥样硬化性动脉狭窄患者的卒中复发^[26]及卒中后癫痫的发生^[27]。研究还表明,该模型能预测IS患者的不良出院结局^[28],评估急性缺血性卒中(AIS)患者的预后情况^[29-31],并预测颈动脉内膜切除术或支架置入术后早期缺血事件的发生概率^[32]。值得注意的是,临床检验组学模型还可被用于评估AIS患者对溶栓治疗的耐药性发展趋势^[33]。近年来,本研究团队利用患者的临床特征与常规检验项目(包括血常规、生化和凝血检查),基于SVM算法构建了AIS新表型的临床检验组学模型,展示出较高的预测准确性^[34]。基于这些真实世界的临床特征和实验室数据所建立的疾病早期预警及短期预后预测模型,已在疾病预测及预后评估中展现出优异性能。实验室项目具有无创性和较低的成本,这些特点将进一步推动检验医学的高质量发展,并促进精准医疗的实现。

表1 临床检验组学模型在卒中领域的研究汇总

作者信息	建模特征	建模作用	建模算法	最佳的模型
ZHENG等 ^[22]	人口统计学特征(年龄),8个常规血液学参数(NeuP、NeuC、MonP、MCHC、LymP、RDW-CV、MCV、HGB),以及6个生化指标(TC、HDL-C、UA、TP、CG和AKP)	诊断IS	XGBoost、NN、LR、Gaussian NB、KNN	XGBoost; AUC(95%CI): 内部验证集, 0.91(0.90~0.92); 外部验证集, 0.92(0.91~0.93)
ZHU等 ^[23]	年龄、高血压史、性别、抗血小板药物、HDL-C、Na ⁺ 、24 h尿蛋白定量和估计的肾小球滤过率	预测慢性肾病患者的心血管疾病发生风险	SVM、LR、NB、KNN、XGBoost、RF、BPNN	XGBoost; AUC: 测试集, 0.893
REN等 ^[24]	心功能不全、肾功能不全、高血压、糖尿病、卒中、血管疾病史、静脉血栓形成史、高脂血症、性别、卧床不起超过7 d、HR、年龄、TC、TG、抗凝血剂缺乏症、TP、UA和D-D	评估中国老年心房颤动患者的复合血栓事件风险	LR、DT、RF、XGBoost	RF; AUC(95%CI): 验证集, 0.93(0.91~0.94)
PAPADOPOUL等 ^[25]	包括临床特征和检验指标在内的99个特征	预测心房颤动和卒中发作	XGBoost、LightGBM、RF、SVM、DNN和LR(L1惩罚)	XGBoost; AUC(95%CI): 测试集, 0.631(0.604~0.657)
YU等 ^[27]	NIHSS评分、住院时间、D-D和皮质受累	卒中后癫痫的发生	LR、NB、SVM、MLP、AdaBoost和GBDT	NB; AUC: 内部验证集, 0.831; 外部验证集, 0.757
HE等 ^[28]	MonP、PLT、WBC、FIB、GLU、K ⁺ 、TG、ApoAI、LDH、脑梗死病史、入院收缩压、危险度、mRS、D-D、NLR、NIHSS、CHE、UBG、LymC和LymP	预测缺血性脑卒中患者的不良出院结局	CART、ET、KNN、LightGBM、LR、RF、SVM、CAT和XGBoost	RF; AUC: 内部验证集, 0.903
HUANG等 ^[29]	NIHSS、APTT、TT、D-D、FDP、GLU、UA、HCY、CRP、WBC、NEU、RBC、HGB、PLT、PLR、MLR、TSH和FT4	评估AIS患者的预后情况	XGBoost、LR、LightGBM、RF、AdaBoost、DT、GBDT、MLP、SVM	RF; AUC: 测试集, 0.852

续表 1 临床检验组学模型在卒中领域的研究汇总

作者信息	建模特征	建模作用	建模算法	最佳的模型
WANG 等 ^[30]	SBP、DBP、HCY、MB、CRP、NSE、S100β 蛋白、治疗史(溶栓、血栓切除术、抗血小板、抗凝、他汀类药物、质子泵抑制剂药物)和并发症(吞咽困难和卒中相关性肺炎)	评估 AIS 患者的预后情况	NB、XGBoost、RF、DT、GBM、LR	RF; AUC: 外部验证集, 0.908
LV 等 ^[31]	NIHSS 评分(初始评分和变化评分)、HCY 及 HDL-C/LDL-C	预测 IS 患者在溶栓治疗后的短期预后	LR	LR; AUC(95%CI): 0.94 (0.89~0.99)
MATSUO 等 ^[32]	治疗前 mRS 评分、高血压史、糖尿病史、动脉硬化病史、LDL-C、ICA-PSV、有症状、渐进性 TIA 或进展性卒中、既往颈部放疗、Ⅲ型主动脉、对侧颈动脉闭塞、高位狭窄、活动性斑块和斑块溃疡、在飞行时间上具有高信号的斑块, 以及手术方式(颈动脉内膜切除术或颈动脉支架置入术)	预测颈动脉内膜切除术或支架置入术后早期缺血事件的发生概率	ANN、LR、RF、SVM、XGBoost	XGBoost; AUC(95%CI): 训练集, 0.719 (0.692~0.746)
WANG 等 ^[33]	入院时 NIHSS 评分、GLU、WBC、NeuC 和 BUN	评估急性缺血性卒中患者对溶栓治疗的耐药性发展趋势	LR、LASSO、XGBoost、SVM 和 RF	LASSO; AUC(95%CI): 训练集, 0.789 (0.717~0.862); 测试集, 0.765 (0.649~0.881)
JIANG 等 ^[34]	表型 1: 年龄、高血压史、吸烟史、SBP、WBC、LYM、SII、MII-2、RPR、CRP、RBC、MCV、RDW-CV、LDL-C、CRH II、GLU、TyG、Cl ⁻ 、Ca ²⁺ 、DBIL、ALP、CHE、AGR、PT 表型 2: 年龄、婚姻状态、冠心病史、心房颤动史、饮酒史、HR、SBP、体重、LYM、NHR、SII、MII-2、RPR、CRP、TG、LCI、GLU、CO ₂ 、Mg ²⁺ 、ALB、AGR、INR、TT	预测 AIS 新表型	SVM	SVM; AUC(95%CI): 表型 1, 训练集, 0.999 (0.998~1.000); 验证集, 0.977 (0.961~0.993) 表型 2, 训练集, 1.000 (0.999~1.000); 验证集, 0.984 (0.971~0.997)

注: NeuP, 中性粒细胞百分比; NeuC, 中性粒细胞计数; MonP, 单核细胞百分比; MCHC, 红细胞平均血红蛋白浓度; LymP, 淋巴细胞百分比; RDW-CV, 红细胞体积分布宽度变异系数; MCV, 平均红细胞体积; HGB, 血红蛋白; TC, 总胆固醇; HDL-C, 高密度脂蛋白胆固醇; UA, 尿酸; TP, 总蛋白; CG, 计算的球蛋白; TG, 总甘油三酯; D-D, D-二聚体; NIHSS 评分, 美国国立卫生研究院卒中量表评分; PLT, 血小板计数; MonP, 单核细胞百分比; WBC, 白细胞计数; FIB, 血浆纤维蛋白原; GLU, 葡萄糖; K⁺, 钾离子; ApoA I, 脂蛋白 A I; LDH, 乳酸脱氢酶; UBG, 尿胆素原; LymC 淋巴细胞计数; APTT, 活化部分凝血活酶时间; TT, 凝血酶时间; FDP, 纤维蛋白(原)降解产物; HCY, 同型半胱氨酸; CRP, C 反应蛋白; RBC, 红细胞计数; PLR, 血小板与淋巴细胞比值; MLR, 单核细胞与淋巴细胞比值; TSH, 促甲状腺激素; FT4, 游离甲状腺素; SBP, 收缩压; DBP, 舒张压; MB, 肌红蛋白; NSE, 神经元特异性烯醇化酶; LDL-C, 低密度脂蛋白胆固醇; mRS, 改良 Rankin 量表评分; TIA, 短暂性脑缺血发作; BUN, 血尿素氮; LYM, 淋巴细胞计数; SII, 系统性免疫炎症指数; MII-2, 多重炎症指数 2; RPR, 红细胞分布宽度与血小板比值; CRI-II, Castelli 指数-II; TyG, 甘油三酯葡萄糖指数; Cl⁻, 氯离子; Ca²⁺, 钙离子; PT, 凝血酶原时间; HR, 心率; NHR, 中性粒细胞与高密度脂蛋白比值; LCI, 脂蛋白综合指数; CO₂, 二氧化碳; Mg²⁺, 镁离子; AGR, 白蛋白/球蛋白比值; INR, 国际标准化比值; NN, 神经网络; LR, 逻辑回归; Gaussian NB, 高斯朴素贝叶斯; KNN, K-最近邻; NB, 朴素贝叶斯; BPNN, 反向传播神经网络; DT, 决策树; LightGBM, 轻量级梯度提升机算法; DNN, 深度神经网络; MLP, 多层感知器; AdaBoost 自适应提升; GBDT, 梯度提升决策树; CART, 分类与回归树; ET, 额外树; CAT, 分类提升; LASSO, 最小绝对收缩与选择算子; AUC, 曲线下面积; ICA-PSV, 颈内动脉峰值收缩速度。

4 基于检验路径从检验组学到临床检验组学形成所面临问题及化解之法

基于机器学习算法的临床检验组学模型在构建疾病早期预警系统或预后模型方面展现出显著优势, 同时能够识别新的诊断或预后标志物。然而, 目前多数疾病缺乏有效的临床检验组学模型支持。一方面, 对于门诊患者而言, 由于其流动性大且诊疗时间较短, 获取全面的临床特征较为困难; 另一方面, 许多患者在三甲医院就诊前已在基层医疗机构接受了相关干预措施, 这可能会影响其实验室检查结果的准确性, 导致检验结果无法充分反映疾病的当前特征。

此外, 临床医生通常依据疾病特点进行特定的实验室检查, 导致未能涵盖其他潜在相关的检测项目。

因此, 建立针对不同疾病的预警或预后临床检验组学模型仍面临较大挑战。未来研究需基于循证医学, 对特定疾病的实验室标志物进行临床价值评估, 以筛选出最佳的一级和二级检验指标。此外, 检验科还应积极开发新的实验室标志物, 并及时将其纳入检验路径, 以进一步完善疾病的临床检验诊断路径^[35], 建立覆盖不同疾病的全临床检验组学模型以实现更准确地早期预警和预后预测。然而, 这一过程需要国家及政策的支持, 包括提供科研资金, 支持检验科室开展研究; 同时, 鼓励不同疾病人群参与临床研究, 建立完整的疾病资料数据库, 进行定期随访并补充相关实验室检查数据。近年来, 随着国家对高素质专科建设的重视, 各专业领域普遍追求高质量发展, 特别是检

验医学。为了合理利用医疗资源,应该基于各疾病的临床检验组学模型开展相应的检测项目,以避免医疗资源的浪费。同时,随着大数据和机器学习算法在医学中的广泛应用,检验医学不仅承担着疾病诊断的责任,还在患者治疗预后预测中扮演着关键角色。因此,临床检验组学的兴起不仅有助于满足临床医生和检验科医生的需求,更可能代表实验室医学未来发展的新趋势,具有潜在的意义。

5 总 结

本研究系统地探讨了从检验组套到临床检验诊断路径,再到临床检验组学模型的逐步发展过程。研究表明,基于机器学习算法的临床检验组学模型在疾病的早期预警和预后预测方面展现出显著优势。然而,当前大多数疾病仍缺乏有效的临床检验组学模型支持,尤其在门诊数据的获取、基层干预的影响及检验项目的多样性等方面面临诸多挑战。因此,优化现有的临床检验路径并开发新型实验室标志物,将有助于进一步构建适用于不同疾病的临床检验组学模型,以满足个性化医疗的需求。未来临床检验医学的成功发展需要在国家政策和科研资金的有力支持下推动,提升医院检验科的科研能力和数据收集的系统化程度,从而实现高质量的临床检验组学平台建设。

6 未来研究方向

未来的研究应侧重于以下几个方面:首先,亟须建立涵盖不同人群的多层次临床和实验室数据的综合性疾病数据库,以支持机器学习模型的训练和优化。其次,应推动多学科协作(如临床科室、信息科及检验科),结合基因组学、代谢组学和蛋白质组学等多组学信息,以进一步丰富临床检验组学模型的内容。此外,应加快开发更多无创、灵敏且经济的实验室标志物,以便在诊断和预后评估中实现更广泛的应用。进一步地,还需深入研究各类机器学习算法在临床检验组学中的适用性和泛化性,特别是针对不同疾病和场景选择最优的算法模型。最后,伴随个性化医疗和精准医学需求的增长,未来研究应充分考虑将患者的个体特征融入检验组学模型中,以推动个性化疾病管理。这些探索将为检验医学的智能化和精准化发展奠定坚实基础。

参考文献

- [1] WEN X X, LENG P, WANG J S, et al. Clinlabomics: leveraging clinical laboratory data by data mining strategies [J]. BMC Bioinformatics, 2022, 23(1): 387.
- [2] LIU W, ZHANG Y, HUANG J, et al. Application value of laboratory omics in precision medicine [J]. Int J Lab Med, 2018, 39(9): 1025-1028.
- [3] 张宁,汪清.早期肾功能损害评价指标的研究进展[J].国际外科学杂志,2009,36(12):837-839.
- [4] 李梦雅,夏珂,和海妍,等.拉曼光谱技术在检验医学中的研究进展及应用[J].中华检验医学杂志,2021,44(1): 70-74.
- [5] FETTER R B, FREEMAN J L. Diagnosis related groups: product line management within hospitals [J]. Acad Manage Rev, 1986, 11(1): 41-54.
- [6] FETTER R B, FREEMAN J L, MULLIN R L. DRGs: how they evolved and are changing the way hospitals are managed [J]. Pathologist, 1985, 39(6): 17-21.
- [7] BUSSE R, GEISSLER A, AAVIKSOO A, et al. Diagnosis related groups in Europe: moving towards transparency, efficiency, and quality in hospitals? [J]. BMJ, 2013, 346: f3197.
- [8] 孙彦, 邓小虹, 张大发, 等. 医疗服务支付方式改革利益相关者分析[J]. 中华医院管理杂志, 2011, 27(11): 813-816.
- [9] 许欣悦, 王宁利, 唐佳骥, 等. 基于 DRGs 分析医药分开综合改革对患者住院费用的影响[J]. 中华医院管理杂志, 2017, 33(10): 734-777.
- [10] 龙思哲, 张瑞霖, 陈玉鉴, 等. 数据驱动的 DRG-DIP-临床路径多维融合分析评价[J]. 中华医院管理杂志, 2024, 40(1): 64-69.
- [11] 吴泽刚, 郑红云, 王京伟, 等. 临床检验诊断路径在心血管疾病预防中的价值[J]. 武汉大学学报(医学版), 2023, 44(5): 618-623.
- [12] 童永清, 赵志军, 徐万洲, 等. 急性呼吸道感染病原体的临床检验诊断路径[J]. 中华检验医学杂志, 2020, 43(7): 687-690.
- [13] JORDAN M I, MITCHELL T M. Machine learning: trends, perspectives, and prospects [J]. Sci, 2015, 349(6245): 255-260.
- [14] DEO R C. Machine learning in medicine [J]. Circulation, 2015, 132(20): 1920-1930.
- [15] ESTEVA A, ROBICQUET A, RAMSUNDAR B, et al. A guide to deep learning in healthcare [J]. Nat Med, 2019, 25(1): 24-29.
- [16] NGIAM K Y, KHOR I W. Big data and machine learning algorithms for health-care delivery [J]. Lancet Oncol, 2019, 20(5): e262-e273.
- [17] 贾音, 孙婷婷, 刘海东, 等. 常规检验大数据在胃癌早期诊断中的应用[J]. 中华检验医学杂志, 2021, 44(3): 197-203.
- [18] GUO J, LIU H, WEI Q. Development and validation of colorectal cancer risk prediction model based on big data in laboratory medicine [J]. Chin J Lab Med, 2021, 44(10): 914-920.
- [19] HUANG C, FANG M, XIAO X, et al. Validation of the GALAD model for early diagnosis and monitoring of hepatocellular carcinoma in Chinese multicenter study [J]. Liver Int, 2022, 42(1): 210-223.
- [20] LI S, LI M, WU J, et al. Developing and validating a clinlabomics-based machine-learning model for early detection of retinal detachment in patients with high myopia [J]. J Transl Med, 2024, 22(1): 405.
- [21] SHI Z X, CHEN Y X, LIU A Y, et al. Application of random survival forest to establish a nomogram combining clinlabomics-score and clinical data for predicting brain

- metastasis in primary lung cancer[J]. Clin Transl Oncol, 2025, 27(4):1472-1483.
- [22] ZHENG Y L, GUO Z, ZHANG Y B, et al. Rapid triage for ischemic stroke: a machine learning-driven approach in the context of predictive, preventive and personalised medicine[J]. EPMA J, 2022, 13(2):285-298.
- [23] ZHU H, QIAO S, ZHAO D, et al. Machine learning model for cardiovascular disease prediction in patients with chronic kidney disease[J]. Front Endocrinol (Lausanne), 2024, 15:1390729.
- [24] REN J, WANG H, LAI S, et al. Machine learning-based model to predict composite thromboembolic events among Chinese elderly patients with atrial fibrillation[J]. BMC Cardiovasc Disord, 2024, 24(1):420.
- [25] PAPADOPOULOU A, HARDING D, SLABAUGH G, et al. Prediction of atrial fibrillation and stroke using machine learning models in UK Biobank[J]. Heliyon, 2024, 10(7):e28034.
- [26] GAO Y, LI Z A, ZHAI X Y, et al. An interpretable machine learning model for stroke recurrence in patients with symptomatic intracranial atherosclerotic arterial stenosis[J]. Front Neurosci, 2023, 17:1323270.
- [27] YU Y, CHEN Z, YANG Y, et al. Development and validation of an interpretable machine learning model for predicting post-stroke epilepsy[J]. Epilepsy Res, 2024, 205: 107397.
- [28] HE Y, ZHANG X, MEI Y, et al. Construction of a machine learning-based prediction model for unfavorable discharge outcomes in patients with ischemic stroke[J]. Heliyon, 2024, 10(17):e37179.
- [29] HUANG Q, SHOU GL, SHI B, et al. Machine learning is an effective method to predict the 3-month prognosis of patients with acute ischemic stroke[J]. Front Neurol, 2024, 15:1407152.
- [30] WANG K, HONG T, LIU W, et al. Development and validation of a machine learning-based prognostic risk stratification model for acute ischemic stroke[J]. Sci Rep, 2023, 13(1):13782.
- [31] LV S, SONG Y, ZHANG FL, et al. Early prediction of the 3-month outcome for individual acute ischemic stroke patients who received intravenous thrombolysis using the N2H3 nomogram model[J]. Ther Adv Neurol Disord, 2020, 13:1756286420953054.
- [32] MATSUO K, FUJITA A, HOSODA K, et al. Potential of machine learning to predict early ischemic events after carotid endarterectomy or stenting: a comparison with surgeon predictions[J]. Neurosurg Rev, 2022, 45(1): 607-616.
- [33] WANG X, LUO S, CUI X, et al. Machine learning-based predictive model for the development of thrombolysis resistance in patients with acute ischemic stroke[J]. BMC Neurol, 2024, 24(1):296.
- [34] JIANG Y, DANG Y, WU Q, et al. Using a k-means clustering to identify novel phenotypes of acute ischemic stroke and development of its Clinlabomics models[J]. Front Neurol, 2024, 15:1366307.
- [35] 孙伟峰,陈国千,谢国强,等.临床检验路径的实施探讨[J].国际检验医学杂志,2011,32(8):919-920.

(收稿日期:2024-09-15 修回日期:2025-03-02)

(上接第 1872 页)

- 专业委员会,中华医学会细菌感染与耐药防控专业委员会.中国碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌感染诊治与防控专家共识[J].中华医学杂志,2021,101(36):2850-2860.
- [49] HOU S Y, WU D, FENG X H. Polymyxin monotherapy versus polymyxin-based combination therapy against carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae*: a systematic review and meta-analysis[J]. J Glob Antimicrob Resist, 2020, 23:197-202.
- [50] WISTRAND-YUEN P, OLSSON A, SKARP K P, et al. Evaluation of polymyxin B in combination with 13 other antibiotics against carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae* in time-lapse microscopy and time-kill experiments[J]. Clin Microbiol Infect, 2020, 26(9):1214-1221.
- [51] LIU E, JIA P, LI X, et al. In vitro and in vivo effect of antimicrobial agent combinations against carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* with different resistance mechanisms in China[J]. Infect Drug Resist, 2021, 14: 917-928.

- [52] HAN R, SHI Q, WU S, et al. In vitro synergistic activity of ceftazidime-avibactam in combination with aztreonam or meropenem against clinical enterobacteriales producing bla_{KPC} or bla_{NDM} [J]. Infect Drug Resist, 2023, 16: 3171-3182.
- [53] GAIBANI P, LEWIS R E, VOLPE S L, et al. In vitro interaction of ceftazidime-avibactam in combination with different antimicrobials against KPC-producing *Klebsiella pneumoniae* clinical isolates[J]. Int J Infect Dis, 2017, 65: 1-3.
- [54] ZHENG G, ZHANG J, WANG B, et al. Ceftazidime-avibactam in combination with in vitro non-susceptible antimicrobials versus ceftazidime-avibactam in monotherapy in critically ill patients with carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* infection: a retrospective cohort study [J]. Infect Dis Ther, 2021, 10(3):1699-1713.

(收稿日期:2024-11-12 修回日期:2025-04-22)