

• 综 述 •

深度学习在人体肠道寄生虫虫卵识别中的研究进展*

廖婉婷¹, 胡 岚²综述, 薛成军^{1△} 审校

1. 重庆两江新区中医院医学检验科, 重庆 401123; 2. 重庆市公共卫生医疗救治中心医学检验科, 重庆 400036

摘 要: 人体肠道寄生虫在我国尤其是偏远地区, 呈现流行范围广、危害严重等特征。传统病原学检测手段主要依赖人工显微镜观察, 存在效率低、主观性强等局限。近年来, 随着人工智能的快速发展, 深度学习凭借其图像数据识别领域的出色表现, 被广泛应用于寄生虫自动识别方面研究。该文系统综述了以卷积神经网络为核心的深度学习模型(如 AlexNet、ResNet、YOLO 系列)在人体肠道寄生虫虫卵自动识别中的研究进展, 为进一步推动新型人工智能技术在该领域的应用提供参考。

关键词: 人体肠道寄生虫; 深度学习; 自动识别

DOI: 10. 3969/j. issn. 1673-4130. 2026. 01. 017

中图法分类号: R446. 1

文章编号: 1673-4130(2026)01-0097-05

文献标志码: A

Research progress of deep learning in the identification of human intestinal parasite eggs*

LIAO Wanting¹, HU Lan², XUE Chengjun^{1△}

1. Department of Medical laboratory, Chongqing Liangjiang New Area Traditional Chinese Medicine Hospital, Chongqing 401123, China; 2. Department of Medical Laboratory, Chongqing Public Health Medical Treatment Center, Chongqing 400036, China

Abstract: Intestinal parasites in humans exhibit characteristics of a wide prevalence range and severe harm in China, especially in remote areas. Traditional diagnostic approaches mainly rely on manual microscopic observation, which has limitations such as low efficiency and strong subjectivity. In recent years, with the rapid development of artificial intelligence, deep learning has been widely applied to the research of automatic parasite identification, owing to its excellent performance in image recognition tasks. This article systematically reviews the research progress of deep learning models with the convolutional neural network as the core (such as AlexNet, ResNet, and the YOLO series) in the automatic identification of intestinal parasite eggs in humans, providing a reference for further promoting the application of new artificial intelligence technologies in this field.

Key words: intestinal parasites in human; deep learning; automatic identification

近年来, 随着计算机性能和可用图像数据集数量的提高, 人工智能被广泛应用于人脸识别、自然语言处理、药物开发和计算机辅助诊断等领域^[1]。目前, 医学图像识别的主要需求包括荧光点、细胞、器官、病灶等目标区域的检测, 以及图像中生物学性质和病理状态等结论性信息的分类, 而深度学习因其在对图像数据识别方面的出色表现而被应用于皮肤病、影像学、病理学和细胞学等方面的研究^[2-3]。ATTAL-LAH 等^[4]利用基于卷积神经网络(CNN)算法的深度学习技术训练的一套系统可以用来准确诊断皮肤癌的亚类。胡尘翰等^[5]利用大样本建立基于 bpMRI 图像的深度学习模型, 并联合机器深度学习技术与临床

特征构建混合模型, 最后证实该模型与临床特征模型诊断能力相当。ARAÜJO 等^[6]开发了 1 种以 CNN 为基础的深度学习系统, 对乳腺病理图像进行分类, 1 组分为癌组织和非癌组织两类, 准确率为 83. 3%; 另 1 组分为正常组织、良性病变组织、原位癌和浸润癌 4 类, 准确率为 77. 8%。在细胞学领域, REHMAN 等^[7]将 CNN 算法用于血液细胞的自动分类, 显著提高了诊断的准确性和效率。以上研究进一步证实了深度学习在医学图像识别领域的应用价值。

1 人体肠道寄生虫感染现状及实验室检测困境

人体肠道寄生虫感染作为全球的主要致病原因之一, 分布广泛, 但以经济落后、卫生条件差的地区较

* 基金项目: 重庆市科卫联合中医药科研项目(2024ZYB022)。

△ 通信作者, E-mail: xuecjun@sina. com。

为多见,热带和亚热带地区则更多。据世界卫生组织 2023 年的统计数据,全球约有 15 亿人感染了土源性蠕虫(STHs),主要包括蛔虫、钩虫和鞭虫等;超过 9 亿儿童和 1.39 亿孕产妇生活在有 STHs 的地区,需要进行治疗或采取预防措施^[8]。我国幅员辽阔,人口众多,寄生虫感染流行范围广、危害严重。全国第 3 次重要人体肠道寄生虫感染现状调查结果显示,全国寄生虫总感染率为 5.96%^[9]。近年来,尽管国家通过卓有成效的防控措施,分别于 2007 年、2021 年实现了消除淋巴丝虫病、疟疾目标^[10-11],而全国 354 个监测点人群中 STHs 总感染率还有 0.64%,其中蛔虫、钩虫和鞭虫感染率分别为 0.20%、0.40%和 0.10%^[12]。其他重要寄生虫感染仍呈区域性流行,血吸虫病在长江流域局部地区年报告病例超 3 000 例^[13],肝吸虫病(华支睾吸虫感染)在珠江三角洲地区感染率仍达 1.20%~4.50%^[14]。不仅如此,食源性寄生虫如阿米巴、绦虫等感染也反复出现^[15]。同时,随着国际交流的频繁,来源于非洲和拉丁美洲的输入性寄生虫感染也在增加,这给国内寄生虫感染的防控带来了新的挑战。

2024 年,国家下发《全国包虫病等重点寄生虫感染综合防治实施方案(2024—2030 年)》,指出应提高各级临床医疗机构对重点寄生虫感染的发现、诊断和治疗能力,加强寄生虫感染诊断实验室网络建设,提高实验室检测能力。目前,实验室检测寄生虫的方法主要包括病原学检测、免疫学检测和分子生物学检测,而后两种检测方法是针对特定寄生虫进行检查,具有一定的局限性。病原学检测方法是目前最主要和最有效的寄生虫感染诊断方式,但该方法主要依靠人工在显微镜下进行肉眼识别,不仅工作量很大,而且检测结果很大程度上取决于检查人员的专业水平,主观因素影响较大,再加上寄生虫种类繁多,形态结构不规则,影响了检测结果的准确率^[16-17]。因此,结合新兴人工智能技术,建立寄生虫卵识别系统是防治寄生虫感染的一个重要的研究方向。

2 深度学习在人体寄生虫虫卵识别中的应用

近年来,研究者们针对寄生虫的自动识别和分类构建了多种深度学习模型,并已取得显著进展,尤其是在图像分类、目标检测和分割等任务中表现优异,取得了较高的准确性^[18-20]。CNN 作为深度学习的核心模型之一,在寄生虫虫卵的自动检测和分类系统中发挥了重要作用。CNN 通过多层卷积和池化操作,能够自动学习并提取图像中的深层次特征,这些特征对于寄生虫虫卵的识别和分类至关重要。此外,CNN 还具有强大的泛化能力^[21],能够在未见过的样本上取

得良好的识别效果,这在面对寄生虫虫卵形态变化和复杂的背景环境时显得尤为重要。在实际应用中,众多基于 CNN 的衍生架构也展现出了卓越的性能。基于深度学习的寄生虫检测方法通常使用 AlexNet、ResNet 和 Inception 等架构。

AlexNet 作为早期具有代表性的 CNN 架构,率先引入了 ReLU 激活函数,有效解决了梯度消失问题,其多层卷积和池化层的组合结构能够高效地提取寄生虫虫卵的特征。NAKASI 等^[22]利用 AlexNet 和 GoogleNet 模型对粪便样本中肠道寄生虫虫卵进行诊断性能评估,结果显示,AlexNet 在肠道寄生虫检测中的曲线下面积(AUC)为 100%。另一方面,ResNet 凭借其创新性的残差结构在寄生虫虫卵识别中也展现出突出表现。在复杂的肠道寄生虫虫卵图像场景中,由于存在多种杂质和相似形态的干扰,传统网络模型容易出现梯度消失或梯度爆炸问题,导致训练困难和性能下降。而 ResNet 的残差结构通过引入捷径连接,使得其能够轻松地学习到输入和输出之间的残差,大大缓解了模型训练的难度^[23]。SUWANNA-PHONG 等^[16]利用 ResNet 模型用于寄生虫虫卵的检测,其准确率为 90.77%,特异度为 99.57%,这进一步验证了 ResNet 在寄生虫检测领域的优势。

目前,针对 STHs 的自动检测研究也取得了显著成果。BUTPLOY 等^[24]提出了 CNN 分类算法,用于 3 种类型蛔虫卵(受精卵、未受精卵和脱壳卵)的识别,其蛔虫卵的分类准确率高达 93.33%。对 STHs 的检测中,YOLOv4 模型在准确性上可能不如专门针对蛔虫卵设计的 CNN 分类算法,但其多尺度特征融合设计在识别混合肠道寄生虫虫卵时展现出高灵敏度^[24-26]。HOLMSTRÖM 等^[27]将人工常规显微镜识别和基于深度学习的图像分析软件 WebMicroscope-DL 自动识别进行了对比,结果显示,该软件对蛔虫卵、鞭虫卵和钩虫卵的检测灵敏度分别为 100.00%、83.30%和 93.80%。同时,YANG 等^[28]基于人工神经网络的检测程序 Kankanet 开发出 USB 视频类(UVC)软件并安装在智能手机上,该软件经过训练后,对蛔虫检测的灵敏度为 82.90%,特异度为 97.10%,与标准的管内自然沉降技术检测解读结果(灵敏度 97.00%,特异度 96.00%)相当。DACAL 等^[29]建立了一个利用智能手机辅助显微镜检测的远程医疗平台,使用 SSD-MobileNet 模型自动分析和量化 STHs 感染的流程,其算法使用来自 51 个粪便涂片上的 949 个鞭虫虫卵进行了训练和评估,交叉验证评估得出的精确度为 98.44%,召回率为 80.94%。上述研究采用的不同模型架构均取得了较好的检测

效果,但在模型前期训练过程中的虫卵数据标注也尤其关键。LIN 等^[30]使用招募非专业人员进行数据注释的方式训练了一个 MobileNet V2 模型,对蛔虫、鞭虫和无寄生虫样本进行分类,结果表明采用招募注释训练的模型与专家注释训练的模型表现相当,其 AUC 分别为 0.928、0.939。

STHs 虫卵虽然在大小和表面纹理上存在一定差异,但均具有较为规则的外形,而血吸虫虫卵在形态上具有独特的结构,其外壳相对较薄,且表面可能存在一些特殊的纹理或附属结构。这些差异使得实现自动检测血吸虫虫卵需要不同的研究思路和方法。在血吸虫虫卵检测方面,OLIVEIRA 等^[31]提出了用于自动化诊断曼氏血吸虫虫卵的 R-CNN 模型,在这项研究中,该模型利用了迁移学习,其在预测结果和标注结果之间的交并比为 0.765(设定阈值为 0.50),预测结果良好。WARD 等^[32]开发了一个基于深度学习的数字检测(AI-DP)设备用于检测曼氏血吸虫虫卵的自动识别,该设备在 4 个国家现场研究中的结果显示,其识别平均精度为 94.9%±0.8%,平均召回率为 96.1%±2.1%。而对于肝吸虫虫卵的检测,NAING 等^[33]使用了 YOLOv4-Tiny 模型,通过 50 张肝吸虫虫卵图片进行训练和测试,取得了精确度为 97.35%,

灵敏度为 81.48%和 F1 分数为 88.71%的准确结果。2022 年度图像处理国际会议(ICIP)寄生虫虫卵识别挑战赛中,委员会提供了 1 000 张肝吸虫虫卵的训练图片和 250 张测试图片。该比赛共有 30 支队伍参加,对肝吸虫虫卵识别准确度位于前 5 名模型的平均精确度为 89.00%,灵敏度为 97.00%,F1 分数为 93.00%^[34]。总体来看,血吸虫虫卵和肝吸虫虫卵的自动识别检测的研究相对较少,主要因为血吸虫虫卵的形态与其他寄生虫虫卵相比存在外形和内部结构变异性大等特性,与训练其他寄生虫虫卵识别模型相比更具挑战性^[35]。

除了对单一虫卵的检测,研究人员也开展了对混合虫卵的自动识别探索。HE 等^[26]利用 YOLOv4 模型检测识别 467 张混合虫卵图片,组 1(鞭虫卵和蛔虫卵)精确度分别为 98.10%和 95.61%;组 2(鞭虫卵、蛔虫卵和十二指肠钩虫卵)精确度分别为 94.86%、93.28%和 91.43%;组 3(肝吸虫虫卵和绦虫卵)的精确度分别为 93.34%和 75.00%。该研究结果显示,基于 YOLOv4 的寄生虫虫卵自动识别系统在提升诊断速度和效率方面具有明显优势,并可以适应复杂诊断场景。见表 1。

表 1 深度学习模型在寄生虫虫卵识别中的性能对比

模型类别	虫卵类型	准确度 (%)	特异度 (%)	灵敏度 召回率(%)	AUC	精确度 (%)	平均精确度 均值(%)
ResNet ^[16]	蛔虫卵、缩小膜壳绦						
	虫卵、布氏姜片吸虫	90.77	99.57	—	—	—	—
	卵、带绦虫属虫卵						
AlexNet ^[22]	蛔虫卵、钩虫卵	—	—	—	1.000	—	—
CNN ^[24]	蛔虫卵	93.33	—	—	—	—	—
YOLOv4 ^[26]	组 1:鞭虫卵和蛔虫			组 1:97.48/			
	卵			93.16		组 1:98.10/95.61	组 1:99.01/96.84
	组 2:鞭虫卵、蛔虫卵		—	组 2:94.86/		组 2: 94.86/93.28/	组 2: 97.28/90.73/
	和十二指肠钩虫卵			48.03/90.14	—	91.43	96.39
WebMicroscope-DL ^[27]	组 3:肝吸虫虫卵和			组 3:82.01/		组 3:93.34/75.00	组 3:86.61/66.58
	绦虫卵			55.81			
	蛔虫卵、鞭虫卵、钩	—	—	100.00/83.	—	—	—
UVC ^[28]	虫卵			30/93.80			
SSD-MobileNet ^[29]	蛔虫	—	97.10	82.90	—	—	—
MobileNet V2 ^[30]	鞭虫卵	—	—	80.90	—	98.44	—
AI-DP ^[32]	蛔虫、鞭虫	—	—	—	0.928/0.939	—	—
YOLOv4-Tiny ^[33]	曼氏血吸虫虫卵	—	—	96.10±2.10	—	94.90±0.80	—
	肝吸虫虫卵	—	—	81.48	—	97.35	—

注:—表示无数据。

3 小结与展望

深度学习在医学图像识别领域展现出巨大潜力，尤其在人体寄生虫虫卵检测中取得显著进展。基于 CNN 及其衍生架构的模型（如 AlexNet、ResNet、YOLO 系列）通过高效特征提取与高泛化能力，已成功应用于蛔虫、钩虫、鞭虫等 STHs 虫卵的识别，展现出优秀的检测性能。针对形态复杂的血吸虫虫卵和肝吸虫虫卵，研究者通过迁移学习、混合模型优化（如 YOLOv4-Tiny、R-CNN）及多场景验证，逐步突破技术瓶颈，检测精确度可达 80.00%~97.00%。而基于 YOLOv4 的多类别检测模型则为复杂临床场景样本检测提供了新思路，可以减少混合虫卵识别中存在的错误分类问题。虽然深度学习在寄生虫虫卵识别中总体表现优异，但仍存在一定缺陷。一方面，各个研究模型的精确度存在参差不齐的情况，这主要源于不同模型在特征提取能力、结构复杂度、数据集的选择及对数据的适应性等方面的差异。另一方面，多数研究采取小样本数据训练，导致所训练的模型极易出现过拟合、泛化性能下降的情况，进而影响虫卵识别的准确性。因此，寄生虫虫卵形态多样性、数据标注依赖性强及模型泛化能力不足等问题仍是当前研究面临的主要挑战。

近年兴起的大规模预训练模型（如 Vision Transformer、SAM）为医学图像分析提供了新范式。通过大模型的强表征能力与自监督学习，可减少对标注数据的依赖，提升模型对小样本、复杂背景寄生虫图像的适应性。结合多模态数据（如患者临床信息、病理学图片和临床影像资料等），有望构建更全面的智能诊断系统。国内人工智能企业深度求索（DeepSeek）在通用大模型与垂直领域优化方面表现尤其突出。其研发的轻量化模型与高效训练框架，可加速寄生虫检测技术的临床落地。例如，利用 DeepSeek 的视觉大模型进行跨领域迁移学习，或开发针对低资源场景的终端设备（如智能手机端），将有效解决基层医疗机构的检测效率与成本问题。因此，基于先进人工智能技术的发展，通过多专业多领域研究人员的协同合作，有望加速推动寄生虫智能检测系统的研发进程，使检测技术惠及更多人群，降低疾病传播风险，保障全球公共卫生安全。

参考文献

[1] DING K, ZHOU Q, CHEN M, et al. Deep learning empowered parallelized metasurface computed tomography snapshot spectral imaging[J]. *Adv Mater*, 2025, 37(27): e2419383.

[2] HOLSTE G, ZHOU Y, WANG S, et al. Towards long-

tailed, multi-label disease classification from chest X-ray: overview of the CXR-LT challenge[J]. *Med Image Anal*, 2024, 97: 103224.

[3] BAXTER J S H, EAGLESON R. Exploring the values underlying machine learning research in medical image analysis[J]. *Med Image Anal*, 2025, 102: 103494.

[4] ATTALLAH O, SHARKAS M. Intelligent dermatologist tool for classifying multiple skin cancer subtypes by incorporating manifold radiomics features categories [J]. *Contrast Media Mol Imag*, 2021, 2021: 7192016.

[5] 胡士翰, 乔晓梦, 胡冀苏, 等. 基于双参数 MRI 的深度学习-临床混合模型对临床显著性前列腺癌诊断价值的研究[J]. *磁共振成像*, 2024, 15(2): 90-96.

[6] ARAÜJO T, ARESTA G, CASTRO E, et al. Classification of breast cancer histology images using Convolutional Neural Networks[J]. *PLoS One*, 2017, 12(6): e0177544.

[7] REHMAN A, NAZ S, RAZZAK M I, et al. A deep learning-based framework for automatic brain tumors classification using transfer learning [J]. *Circuits Syst Signal Process*, 2020, 39(2): 757-775.

[8] World Health Organization. Soil-transmitted helminth infections[EB/OL]. (2023-01-18) [2025-06-06]. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/soil-transmitted-helminth-infections>.

[9] 中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所. 2015 年全国人体重点寄生虫病现状调查报告[M]. 北京: 人民卫生出版社, 2018.

[10] 孙德建. 我国消除淋巴丝虫病的历史见证[J]. *中国寄生虫学与寄生虫病杂志*, 2019, 37(4): 383-387.

[11] 张丽, 丰俊, 夏志贵, 等. 2019 年全国疟疾疫情特征分析及消除工作进展[J]. *中国寄生虫学与寄生虫病杂志*, 2020, 38(2): 133-138.

[12] 王强, 许静, 夏志贵, 等. 我国重点寄生虫病疫情形势及防控工作重点[J]. *中国寄生虫学与寄生虫病杂志*, 2024, 42(1): 1-7.

[13] WANG W, BERGQUIST R, KING C H, et al. Elimination of schistosomiasis in China: current status and future prospects [J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2021, 15(8): e0009578.

[14] QIAN M B, CHEN Y D, FANG Y Y, et al. Epidemiology and burden of Clonorchis sinensis infection in China: a systematic review[J]. *Lancet Infect Dis*, 2022, 22(12): 378-386.

[15] 陈颖丹, 周长海, 朱慧慧, 等. 2015 年全国人体重点寄生虫病现状调查分析[J]. *中国寄生虫学与寄生虫病杂志*, 2020, 38(1): 5-16.

[16] SUWANNAPHONG T, CHAVANA S, TONGSOM S, et al. Parasitic egg detection and classification in low-cost microscopic images using transfer learning[J]. *SN Comput Sci*, 2023, 5(1): 82.

[17] WAN Z, LIU S, DING F, et al. C2BNet: a deep learning

- architecture with coupled composite backbone for parasitic egg detection in microscopic images[J]. *IEEE J Biomed Health Inform*, 2025, 29(4):2353-2364.
- [18] SINGH N, MAHORE V, DAS M, et al. Development of deep learning-based mobile application for the identification of *Coccidia* species in pigs using microscopic images[J]. *Vet Parasitol*, 2025, 334:110376.
- [19] ALDAHOUL N, KARIM H A, MOMO M A, et al. Parasitic egg recognition using convolution and attention network[J]. *Sci Rep*, 2023, 13:14475.
- [20] PARRA C, GRIJALVA F, NÚÑEZ B, et al. Automatic identification of intestinal parasites in reptiles using microscopic stool images and convolutional neural networks[J]. *PLoS One*, 2022, 17(8):e0271529.
- [21] DERRY A, KRZYWINSKI M, ALTMAN N. Convolutional neural networks[J]. *Nat Methods*, 2023, 20(9):1269-1270.
- [22] NAKASI R, ALIJIJA E R, NAKATUMBA J. A poster on intestinal parasite detection in stool sample using Alex-Net and GoogleNet architectures[C]//*Proceedings of the 4th ACM SIGCAS Conference on Computing and Sustainable Societies*, 2021, Virtual Event, Australia. New York, ACM, 2021:389-395.
- [23] LEE C C, HUANG P J, YEH Y M, et al. Helminth egg analysis platform (HEAP): an opened platform for microscopic helminth egg identification and quantification based on the integration of deep learning architectures[J]. *J Microbiol Immunol Infect*, 2022, 55(3):395-404.
- [24] BUTPLOY N, KANARKARD W, MALEEWONG INTAPAN P. Deep learning approach for *Ascaris lumbricoides* parasite egg classification[J]. *J Parasitol Res*, 2021, 2021:6648038.
- [25] BOCHKOVSKIY A, WANG C Y, LIAO H M. YOLOv4: optimal speed and accuracy of object detection[EB/OL] (2020-04-23) [2025-06-06]. <https://arxiv.org/abs/2004.10934>
- [26] HE W, ZHU H, GENG J, et al. Recognition of parasitic helminth eggs via a deep learning-based platform[J]. *Front Microbiol*, 2024, 15:1485001.
- [27] HOLMSTRÖM O, LINDER N, NGASALA B, et al. Point-of-care mobile digital microscopy and deep learning for the detection of soil-transmitted helminths and *Schistosoma haematobium*[J]. *Glob Health Action*, 2017, 10(3):1337325.
- [28] YANG A, BAKHTARI N, LANGDON-EMBRY L, et al. Kankanet: an artificial neural network-based object detection smartphone application and mobile microscope as a point-of-care diagnostic aid for soil-transmitted helminthiasis[J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2019, 13(8):e0007577.
- [29] DACAL E, BERMEJO-PELÁEZ D, LIN L, et al. Mobile microscopy and telemedicine platform assisted by deep learning for the quantification of *Trichuris trichiura* infection[J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2021, 15(9):e0009677.
- [30] LIN L, BERMEJO-PELJEZ D, CAPELLJNMA-RTÍN D, et al. Combining collective and artificial intelligence for global health diseases diagnosis using crowdsourced annotated medical images[C]//2021 43rd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine & Biology Society (EMBC), 2021, Mexico. New York, IEEE, 2021:3344-3348.
- [31] OLIVEIRA B A S, MOREIRA J M P, COELHO P R S, et al. Automated diagnosis of schistosomiasis by using faster R-CNN for egg detection in microscopy images prepared by the Kato-Katz technique[J]. *Neural Comput Appl*, 2022, 34(11):9025-9042.
- [32] WARD P, DAHLBERG P, LAGATIE O, et al. Affordable artificial intelligence-based digital pathology for neglected tropical diseases: a proof-of-concept for the detection of soil-transmitted helminths and *Schistosoma mansoni* eggs in Kato-Katz stool thick smears[J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2022, 16(6):e0010500.
- [33] NAING K M, BOONSANG S, CHUWONGIN S, et al. Automatic recognition of parasitic products in stool examination using object detection approach[J]. *PeerJ Comput Sci*, 2022, 8:e1065.
- [34] ANANTARASIRICHAIR T, CHALIDABHONGSE T H, PALASUWAN D, et al. Review of ICIP 2022 challenge on microscopic image detection and classification of parasite eggs[J]. *Int J Med Sci*, 2022, 19(1):535-543.
- [35] KUMAR S, ARIF T, ALOTAIBI A S, et al. Advances towards automatic detection and classification of parasites microscopic images using deep convolutional neural network: methods, models and research directions[J]. *Arch Comput Methods Eng*, 2023, 30(3):2013-2039.

(收稿日期:2025-06-13 修回日期:2025-08-28)