

基于血常规参数的人工智能疾病模型临床应用进展*

陈晓玲¹综述, 曹科², 崔胜金¹, 刘永棠¹, 罗小娟^{2△}审校

1. 香港大学深圳医院检验医学部, 广东深圳 518000; 2. 广东省深圳市儿童医院检验科, 广东深圳 518038

摘要:血常规参数直接反映了机体血液系统的关键生理和病理状态, 具有检测简便、高效、蕴含信息量大等特点。随着人工智能(AI)技术的迅猛发展, 机器学习和深度学习在医学数据分析及部分影像识别中的应用为深度挖掘血常规参数的临床价值开辟了新途径。该文综述了基于血常规参数的 AI 诊断模型构建与临床应用研究进展, 涵盖线性模型、树模型/集成学习、支持向量机和神经网络等方法, 通过整合血常规参数和其他临床数据, 可构建用于疾病筛查、诊断与风险预测的高效模型, 在恶性肿瘤、感染性疾病及良性非感染性疾病的早期识别、预后与转归判断方面展现出应用价值。然而, AI 模型的构建和应用仍面临数据隐私和安全性、模型泛化能力及临床整合等挑战。未来需进一步推动多中心前瞻性研究、完善方法学规范, 并加强与临床信息系统的深度融合, 以促进 AI 技术在医疗领域的规模化与规范化应用。

关键词:血常规参数; 人工智能; 疾病诊断; 风险预测; 深度学习**中图分类号:**R446.11; TP181**文献标志码:**A**文章编号:**1672-9455(2025)24-3328-07**Advances in the clinical applications of artificial-intelligence disease models based on complete blood count parameters***CHEN Xiaoling¹, CAO Ke², CUI Shengjin¹, LIU Yongtang¹, LUO Xiaojuan^{2△}

1. Department of Laboratory Medicine, the University of Hong Kong-Shenzhen Hospital, Shenzhen, Guangdong 518000, China; 2. Department of Laboratory Medicine, Shenzhen Children's Hospital, Shenzhen, Guangdong 518038, China

Abstract: Complete blood count parameters directly reflect key physiological and pathological states of the hematologic system and are characterized by simplicity, high efficiency and rich information content. The rapid advancement of artificial intelligence (AI), particularly in machine learning and deep learning as applied to medical data analysis and image recognition, has opened new avenues for the in-depth exploration of the clinical value of complete blood count parameters. This article reviews recent advances in the development and clinical application of AI diagnostic models based on complete blood count parameters. Methods including linear models, tree-based/ensemble learning, support vector machines and neural networks are covered. By integrating complete blood count parameters with other clinical data, efficient models can be developed for disease screening, diagnosis and risk prediction. These models have demonstrated application value in early detection, prognosis assessment, and outcome prediction for malignancies, infectious diseases and benign non-infectious conditions. However, the development and application of AI models are still confronted with challenges related to data privacy and security, model generalizability and clinical integration. Future efforts should prioritize multicenter prospective studies, refined methodological standards, and deeper integration with clinical information systems to facilitate the scalable and standardized application of AI in healthcare.

Key words: complete blood count parameter; artificial intelligence; disease diagnosis; risk prediction; deep learning

血常规(CBC)检测是临床诊断的重要工具, 其参数反映机体功能状态, 具有广泛的临床应用价值。CBC 是常见的实验室检测项目之一, 可提供患者健康状况信息并揭示潜在疾病风险。其主要参数包括红

细胞计数(RBC)、白细胞计数(WBC)、血小板计数(PLT)等, 这些指标对疾病的诊断和预后评估具有重要意义。RBC 和血红蛋白(Hb)可评估贫血情况, WBC 提示感染或炎症情况, PLT 及其形态学参数与

* 基金项目: 广东省基础与应用基础研究基金企业联合基金(2023A1515220156, 2024A1515220079)。

△ 通信作者, E-mail: luoxiaojuan1983@126.com。

引用格式: 陈晓玲, 曹科, 崔胜金, 等. 基于血常规参数的人工智能疾病模型临床应用进展[J]. 检验医学与临床, 2025, 22(24): 3328-3334.

多种疾病相关^[1-3]。

近年来,随着医学技术的发展,人工智能(AI)特别是机器学习与深度学习技术,逐渐应用于 CBC 数据的分析与解读。AI 能处理大量医疗数据,识别潜在模式,帮助医生做出更准确的诊断。例如,研究发现 CBC 中的中性粒细胞与淋巴细胞比值(NLR)和血小板与淋巴细胞比值(PLR)在某些疾病的早期识别和预测中具有重要的临床价值^[4-5]。这种结合传统检测与现代数据分析的方法,提高了对疾病识别的准确性,为临床决策提供了科学依据。

CBC 参数与 AI 模型结合,可实现疾病的早期筛查、精准诊断和风险预测,提升临床决策的效率。例如,研究发现将 NLR 与其他 CBC 参数结合使用,可更有效识别高风险急性缺血性脑卒中患者,以便及时干预^[6]。此外,AI 技术还可帮助挖掘新型生物标志物,拓展 CBC 检测的临床应用潜力^[7-8]。

尽管基于 CBC 参数的 AI 模型在临床中展现出巨大潜力,但仍面临数据质量问题、可解释性和适用性等挑战。未来,随着技术进步,这些模型有望在疾病筛查、诊断和管理中发挥更重要作用。本研究旨在总结其研究进展,分析临床应用现状及挑战,探讨未来发展趋势。

1 基于 CBC 参数的 AI 模型构建方法

1.1 CBC 参数的选择与预处理 CBC 检测是常用的医学检查,涉及重要的血液参数,选择合适的参数对 AI 模型构建至关重要。数据预处理包括缺失值处理、异常值检测及标准化,以确保模型输入数据质量^[9]。特征工程策略是构建高效模型的关键,包括特征选择和降维技术。这些方法提升模型的可解释性和预测性能,如在急性呼吸道感染研究中,通过机器学习从 CBC 参数中提取特征,提高预测准确性^[10]。

1.2 算法选择与优化 常用的机器学习算法包括:传统算法、集成学习和深度学习。其中传统算法包括 Logistic 回归和支持向量机(SVM)等;集成学习包括随机森林(RF)、分布式实现的随机森林(DRF)、梯度提升(GB)、梯度提升决策树(GBDT)和极端梯度提升(XGBoost)等;深度学习包括深度神经网络(DNN)、卷积神经网络(CNN)和循环神经网络(RNN)等^[11]。研究表明,RF 在处理高维特征数据时表现出良好的性能,同时具备较快的训练速度^[12];GBDT 具有较强的非线性关系建模能力^[13],例如,在癫痫发作预测研究中,研究团队利用 GBDT 对脑电图(EEG)信号的非线性特征(如近似熵、样本熵等)进行建模分析,结果表明该方法能够有效区分癫痫发作前与正常状态下的 EEG 模式,分类准确率超过 91%,验证了其在生物医学信号中识别复杂非线性模式的有效性^[14]。相比之下,深度学习模型具备自动提取多层次特征的能力,可显著降低对人工特征工程的依赖,从而提升诊

断或分类任务的准确性^[15]。例如,CNN 在脑卒中患者的识别中实现了高达 91%的分类准确率^[16]。此外,通过融合多模态数据,深度学习模型能够进一步挖掘潜在的数据关联与模式,增强预测性能^[17]。综上所述,不同类型的机器学习算法在准确性、计算效率及使用场景方面各具优势,应根据具体临床需求和数据特性选择最适宜的模型。

2 基于 CBC 参数的 AI 疾病模型临床应用现状

2.1 基于 CBC 参数的 AI 模型在恶性血液病中的应用 恶性血液病诊断依赖多种检查,但欠发达地区因技术有限,CBC 和血涂片仍是主要的初筛方法,其诊断结果易受检验人员经验水平的影响。将 AI 技术与 CBC 及生化、临床数据结合,可提升诊断准确性与效率。

及时准确地诊断急性淋巴细胞白血病(ALL)、急性髓系白血病(AML)和急性早幼粒细胞白血病(APL)对于此类疾病的治疗和预防早期死亡至关重要。传统方法的准确率约为 70%^[18]。为提高准确率,近年来,ALCAZER 等^[18]开发的基于 XGBoost 的模型整合了 1 410 例患者数据,准确率在不同亚型的诊断中达 86.3%~99.7%。该模型结合 CBC 参数,采用沙普利加性解释(SHAP)机制,提升了临床可接受度,并提出双重阈值策略以降低误诊率。与传统方法相比,AI 模型在 APL 诊断中表现突出,曲线下面积(AUC)达 0.97,但未纳入罕见亚型^[18]。该研究数据来自法国 6 个医疗中心,整体缺失率较低,训练集与测试集评估结果显示,诊断 APL、ALL、AML 的 AUC 分别为 0.97、0.90、0.89。设定置信阈值后,ALL 和 APL 的错误率分别为 0.14%和 0.28%。但该研究依赖常规实验室参数,未整合遗传学指标,可能影响分子亚型的鉴别力。基于 CBC 参数的 AI 诊断模型有望通过引入遗传信息和多组学数据进一步优化白血病分类性能,并扩大验证范围,以提升全球适用性。

多发性骨髓瘤(MM)是一种由浆细胞异常增殖引起的恶性肿瘤,可能导致多种并发症^[19]。YAN 等^[20]通过 GBDT、SVM、DNN 和 RF 算法整合 4 187 份血液和生化检查记录,开发了一个高精度的 MM 辅助诊断模型。该模型在 MM 风险评估中表现优异,能够提升早期诊断率,优化资源分配,其中 GBDT 模型最优,其诊断准确率为 92.9%,召回率为 90.0%,F1 分数 0.915,AUC 为 0.975,显示出良好的内部性能。该模型适用于社区医院和基层医疗机构,有助于推动个体化诊断路径的建立。然而,研究数据仅来自单一医疗中心,可能存在选择偏倚,且未整合其他关键指标,数据维度有限。基于 CBC 参数的 AI 模型为 MM 的早期筛查提供了新思路,随着技术进步和多学科协作,此类模型有望成为 MM 个体化诊疗的重要组成部分。

慢性淋巴细胞性白血病 (CLL) 是常见的白血病亚型, 特征为小型成熟淋巴细胞在血液和骨髓中积聚, 占有白血病的 25%~30%^[21]。PADMANABHAN 等^[22]利用 CBC 参数研究 CLL 相关的免疫功能障碍, 构建了分类模型, 准确率为 97.05%~98.62%。这些成果为 AI 疾病模型的临床应用提供了技术基础, 特别是在资源有限的地区, 帮助医生更快识别 CLL 患者, 提高医疗资源利用效率。该研究证实了基于 CBC 参数的 AI 模型在资源受限场景的潜力, 但需通过跨中心、大样本验证, 动态更新机制和人机协同设计, 突破落地瓶颈, 实现从数据采集到模型应用的全链条支持。

AI 模型在恶性血液病中的应用提升了诊断效率和准确性, 尤其在资源有限地区展现出重要价值。基于 CBC 的模型可快速筛查高危患者, 增强了模型的可解释性。然而, 当前存在数据局限性和技术瓶颈, 如单一中心偏倚和动态更新不足。未来应整合多模态数据, 进行跨中心验证, 并开发适合基层的轻量化工具, 以推动 AI 技术的应用和发展。AI 模型的应用不仅能缩短诊断时间, 降低医疗成本, 还有助于促进医疗服务的公平性, 但需解决数据隐私和算法偏见问题。

2.2 基于 CBC 参数的 AI 模型在恶性实体肿瘤中的应用 恶性实体肿瘤的传统诊断依赖于临床表现、影像学检查、实验室检测和病理活检, 但这些方法主观性强、灵敏度不高。近年来, AI 技术通过多模态数据融合显著提升了诊断效果。

卵巢癌早期诊断尤为困难, 传统生物标志物, 如糖类抗原 (CA) 125 的灵敏度和特异度有限^[23]。CAI 等^[24]开发了基于多准则决策、多分类器融合 (MCF) 的风险预测框架, 整合了 20 个 AI 分类模型的预测结果, 利用 CBC 和生化指标等数据构建卵巢癌诊断模型。模型在内部和外部验证中表现良好, AUC 为 0.882~0.949, 显著优于传统指标^[25]。该研究团队进一步将模型开发为在线预测工具, 为临床提供低成本、高精度的辅助诊断手段, 尤其适用于资源有限地区。未来, 模型的应用范围有望通过纳入罕见病理亚型数据进一步扩大。基于 CBC 参数的 AI 模型在卵巢癌诊断中展现出巨大潜力, 适用于多种其他类型肿瘤, 但需进一步验证其跨癌种的适应性。AI 模型的实时更新和部署为在线工具有助于推动个性化医疗, 但在可解释性和临床落地方面仍需加强。

肺腺癌是最常见的肺癌亚型, 其进展机制复杂, 临床评估浸润程度对治疗决策至关重要^[26-27]。近年来, AI 模型结合 CBC 参数在肺腺癌领域逐渐受到关注。一项研究对 202 例肺腺癌患者进行回顾性分析, 筛选独立影响因素并建立回归模型, 采用 8 种机器学习算法 (包括岭回归、LASSO 回归、神经网络等) 构建诊断模型, 并使用 AUC 评估模型性能^[28]。结果显

示, 尿素水平升高、嗜碱性粒细胞百分比 (BA%) 升高和清蛋白 (ALB) 水平降低是独立危险因素。用岭回归算法结合尿素、纤维蛋白原、ALB、BA%、前清蛋白和癌胚抗原 (CEA) 这 6 个指标时表现最佳, AUC 可达 0.744, 优于联合 6 种肿瘤标志物 (CEA、细胞角蛋白 19 片段、鳞状细胞癌抗原、神经元特异性烯醇化酶、CA125 和胃泌素释放肽前体) 的诊断模型 (AUC=0.624)。这表明基于 CBC 参数的 AI 模型能更全面评估肺腺癌浸润程度, 为临床提供非侵入性、低成本的辅助工具。尽管现有研究存在样本量有限和回顾性设计带来的偏倚风险, 但该模型在恶性实体瘤中的初步应用展示了潜在的创新价值。未来通过多中心、前瞻性研究验证和整合影像学或基因组数据有望提升诊断精度, 并推动个性化医疗发展。

恶性肿瘤术后复发与 5 年生存率的评估主要依赖影像学检查、肿瘤标志物监测和病理活检, 但这些方法存在滞后性、特异度低和侵入性风险等局限。AI 技术通过多模态数据融合与动态建模, 有望突破这些传统瓶颈。胃癌作为全球第 5 大常见癌症, 占癌症总病例的 5.6%, 其异质性本质凸显了个性化医疗的重要性^[29-30]。在胃癌领域, KUWAYAMA 等^[31]回顾性分析了 2007—2016 年 1 687 例接受手术治疗的胃癌患者的数据, 整合了 PLT、Hb、平均红细胞血红蛋白浓度 (MCHC)、红细胞分布宽度、平均红细胞血红蛋白量 (MCH)、血细胞比容、RBC、平均血小板体积 (MPV) 等 CBC 参数, 以及生化指标和肿瘤标志物共 35 项临床病理参数。采用 Logistic 回归、RF、GB 和 DNN 等机器学习算法, 筛选关键变量以预测 5 年总生存率和 5 年无复发生存率。通过特征重要性排序、k 中心点算法聚类 and *t*-分布随机邻域嵌入可视化, 该模型实现了患者分层, 突破了 TNM 分期的局限。研究表明, 在 5 年总生存率预测中, DNN 的准确率最高 (76.9%), GB 的 AUC 表现最优 (0.73); 在 5 年无复发生存率预测中, Logistic 回归准确率最高 (85.5%), RF 的 AUC 表现最优 (0.721)^[31]。该模型虽并未优于 TNM 分期的整体判别力, 但能在同一期别内识别预后差异, 为个体化风险评估提供补充。未来, AI 模型需转向前瞻性验证, 解决数据异构性、算法透明性和临床整合度等问题, 并探索医保政策支持及多中心试验, 以验证临床获益。

基于 CBC 参数的 AI 模型在恶性实体肿瘤中主要用于诊断和预后预测。通过融合多模态数据与机器学习算法, 模型性能显著提升, 优于传统方法。这些模型能识别独立影响因素, 实现患者分层和个性化风险预测, 并推动临床应用。然而, 目前研究多基于回顾性数据, 样本量有限, 未来需通过多中心前瞻性研究验证其泛化能力, 并整合影像学或基因组数据以提升精度, 同时解决数据异构性和算法透明性等挑

战。随着相关技术的持续发展与完善,未来机器学习有望在肿瘤医学中扮演更为重要的角色,推动精准医疗的实现^[32]。

2.3 基于 CBC 参数的 AI 模型在感染性疾病中的应用 感染性疾病的早期诊断与风险评估是临床医学的重要环节。近年来,基于 CBC 参数的 AI 模型在这方面显示出巨大的潜力。研究表明,AI 可以通过分析患者的 CBC 参数快速识别感染高风险患者,例如:流行性感冒(流感)患儿,尤其是高危群体,因症状不典型且传统检测方法复杂、耗时,对其的早期诊断面临挑战^[33]。AI 技术可通过整合 CBC 参数与其他临床数据,快速构建辅助诊断模型。葛小玲等^[34]利用 2013—2020 年复旦大学附属儿科医院 63 101 例流感病毒阳性患儿的 CBC 参数(包括单核细胞百分比、嗜酸性粒细胞绝对值、PLT 和 WBC 等)构建了儿童流感辅助鉴别诊断模型。该研究采用十折交叉验证以降低过度拟合风险,并利用受试者工作特征(ROC)曲线与 AUC 评估模型性能。研究对比了 Logistic 回归与 GBDT 模型,后者在乙型流感诊断中 AUC 达 0.902,显著优于 Logistic 回归。该模型设计考虑了儿科患儿的生理特征,提升了儿童流感的诊断准确性,并可实时输出辅助诊断结论,缩短确诊时间,支持早期抗病毒干预。关键指标的预警有助于医师优先筛查流感,降低漏诊风险。然而,该模型未纳入非流感病原体进行鉴别,未来可整合更多临床数据以优化模型效能。值得注意的是,类似思路也已应用于新型冠状病毒感染与流感的早期鉴别诊断,例如有研究通过联合单核细胞计数与 BA% 等参数有效区分 2 类病毒性肺炎^[35],说明 CBC 参数在多病毒鉴别中具有广泛潜力。AI 模型结合 CBC 参数在传染性疾病中的应用逐步走向临床实用阶段,尤其适用于医疗资源受限地区或儿童等特殊人群。

肺结核的诊断传统上依赖痰涂片镜检和结核分枝杆菌培养,但这些方法存在灵敏度低、检测周期长等局限性^[36]。为寻找更高效的筛查手段,黄莺等^[37]收集了 469 例肺结核患者和 506 例健康对照者,结合 MPV、血小板分布宽度、RBC 等 10 项关键非共线性 CBC 指标,通过 LASSO 回归分析筛选指标。训练集与测试集按 3:1 比例分割,采用 5 倍交叉验证调参,系统性地比较了 DRF、GB、广义线性模型等传统/集成方法,并以若干深度学习模型作为对照,发现 DRF 表现最佳(测试集 AUC=0.8474)。该研究通过 LASSO 回归降维+DRF 算法创新性地将 CBC 数据转化为结核病筛查工具,虽具有高灵敏度和低成本优势,然而特异度不高及泛化能力缺陷成为其临床推广的主要障碍。未来需通过扩大样本量并探索与其他快速检测技术的联合应用策略。在肺结核诊断中,AI 更常与影像学结合应用,且准确率更高。例如,利用

胸部 X 射线和 CT 图像结合深度学习算法进行检测,准确率为 93.5%~98.0%^[38-39]。这些进展显示了 AI 模型在传染病筛查中的高效性和可扩展性。

脓毒症作为全球公共卫生的重大挑战,其高病死率与诊断延迟密切相关^[40]。传统诊断方法依赖临床症状和生化指标[如序贯器官衰竭评估(SOFA)评分],但存在主观性强、时效性差等局限^[41]。近年来,AI 技术通过挖掘 CBC 参数等易获取数据,为脓毒症的早期预测和分层管理提供了新方向。谢政等^[42]基于 MIMIC-IV v2.0 数据库,筛选 3 295 例符合脓毒症 3 标准的脓毒性休克患者,通过三重特征筛选机制(LASSO 回归、RF 和 XGBoost 交叉验证)系统筛选出 16 个关键预测变量,包括入住重症监护室 24 h 内的最低 Hb、最低 WBC 和最高 WBC 等 CBC 参数,以及并发症、人口学特征和基础生命体征。基于这些变量构建的 Logistic 回归模型在预测 28 d 死亡风险方面表现出色(AUC=0.806),显著优于传统 SOFA 评分(AUC=0.625)。谢政等^[42]还探索了集成分类回归树、RF 和 XGBoost 的超级学习器(SL)算法应用于脓毒性休克预测,虽其 AUC(0.756)未超过单一算法,但为多模型融合提供了新思路。此外,该研究通过决策曲线分析证明模型在特定阈值下具有临床净获益,可用于高危患者的分层管理。

总体而言,AI 与 CBC 参数结合,在感染性疾病的早期诊断和风险评估领域已经展现出巨大的变革潜力,其研究正从理论验证逐步走向临床实用阶段。尽管在特异性、泛化能力和临床整合方面仍面临挑战,但通过多中心合作、多数据整合和持续的技术优化,这类模型有望成为未来临床医师手中强大的辅助工具,为实现传染病的早诊早治、优化医疗资源分配提供关键支持。

2.4 基于 CBC 参数的 AI 模型在良性非感染性疾病中的应用 AI 在重大疾病诊断中正推动精准医疗范式革新。以心血管病(CVD)、系统性红斑狼疮(SLE)和糖尿病(DM)为代表的复杂疾病诊疗过程中,通过机器学习算法与 CBC 参数的多维度融合,展现出突破性进展。

在 CVD 诊断方面,WANG 等^[43]分析了 25 794 例健康人和 32 822 例 CVD 患者的 22 项 CBC 参数和 28 项生化检测数据,涵盖了 69 种心血管亚型,数据量充足且疾病谱系广。研究构建了 LR、RF、SVM、XGBoost 和 DNN 5 种模型,并使用 AUC、准确率、灵敏度等指标对模型性能进行评估,同时通过 SHAP 算法解释特征的贡献。该研究较早地使用常规 CBC 参数和生化指标(非影像/基因等高成本数据)构建 CVD 筛查模型,这一方法有效突破了传统诊断的成本瓶颈。研究还构建了亚型分层模型,如扩张型心肌病鉴别模型(AUC=0.926 7),表明常规数据能够区分疾

病亚型。XGBoost 模型 AUC 达 0.992 1, 优于频谱组织多普勒测量的 E/e' 指数^[44], 适合资源匮乏地区开展大规模筛查, 助力早期干预。研究还发现代谢指标(如胆红素、血糖)与心血管健康存在显著关联, 提示调节代谢通路可能预防或延缓 CVD 的进展。该模型提供了一套易于在基层医疗机构实施的快速筛查方案, 帮助减少高成本检查并缩短确诊时间, 同时可辅助制订个体化治疗方案。未来, 需通过多中心研究验证其普适性, 并探索与电子病历系统的整合应用。

在自身免疫性疾病领域, 增殖性狼疮肾炎(PLN)是 SLE 患者中常见的严重器官损害形式, 与高病死率和肾衰竭相关^[45]。YANG 等^[46]收集了 2011—2021 年在四川大学华西医院确诊的 780 例 PLN 与非增殖性狼疮肾炎患者的数据, 按 7 : 3 比例分为训练队列和测试队列。在训练队列中, 构建了 9 种不同类型的机器学习模型并进行优化, 以识别重要的预测因子, 结合 WBC 和其他指标, 模型可准确识别 PLN。对这 9 种机器模型进行比较发现, RF 预测性能最优, AUC 达 0.880, 显示出高度区分 PLN 风险的能力, 为临床决策带来最大的净收益。Logistic 回归模型在预测概率与实际风险吻合度中表现最优。该研究的创新之处在于比较不同算法的模型, 并综合评估它们的区分度、校准度和临床实用性, 从而为临床决策提供有力的参考。该研究不仅确认了传统生物标志物在预测 PLN 中的关键作用, 还发现了一些此前被忽视或存在争议的指标(如血清氯、中性粒细胞百分比、血清胱抑素 C 等)具有重要价值。该研究还为无法接受肾活检的 SLE 患者提供了一个可靠的非侵入性诊断替代工具。然而, 由于数据来源为单中心回顾性数据, 且仅采用训练队列和测试队列分割进行验证, 这限制了其在临床中的实际应用价值。未来研究应优先开展多中心前瞻性验证, 以提升模型的稳健性和临床适用性。

DM 是一种慢性代谢性疾病, 早期预测对降低发病风险和减少并发症至关重要^[47]。LI 等^[48]研究分别收集了 1 000 例 DM 患者和健康对照者的 CBC 数据, 建立了 XGBoost、RF、SVM 和弹性网络的算法预测框架, 并通过对比发现 XGBoost 为最优模型。XGBoost 模型通过整合 MCHC、淋巴细胞百分比、红细胞分布宽度的标准差、MCH 和其他临床数据构建的 DM 预测模型, AUC 达 99.90%。研究团队使用 SHAP 算法解析关键预测因子, 基于 Logistic 回归构建列线图, 将模型输出转化为直观的 DM 风险评分, 供临床初步筛查使用。该研究系统验证了 CBC 参数组合对 DM 的预测效力, 并开发了便于临床使用的风险评分工具, 为基层医疗机构提供了低成本筛查方案。CBC 普及率高, 结合在线预测工具, 能帮助资源有限地区实现早期筛查。但需注意此研究外部验证

准确率只有 81.54%, 提示模型性能尚需提升, 未来还需更大规模、多中心的验证。

总体而言, 基于 CBC 参数的 AI 模型在良性非感染性疾病中表现出色, 但仍需多中心验证和前瞻性研究以提升模型的泛化能力和临床适用性。未来, 此类模型可与电子病历系统整合, 实现更高效的个体化健康管理和早期干预。

3 小 结

综上所述, 通过 AI 技术, 利用 CBC 参数或联合其他参数在良恶性疾病诊断、感染性疾病诊断、疾病预后和转归的建模应用中均展现出巨大的潜力。通过结合 CBC 参数和其他临床参数, AI 能够构建准确的诊断或预测模型, 提高诊断、预后和转归判断的准确性和效率, 实现更早期诊断、降低疾病诊断成本。未来, AI 的应用有望更加广泛, 然而, AI 模型的构建和应用仍面临数据隐私和安全性、模型泛化能力不足, 以及对临床医师的依赖性高等问题^[49]。未来的研究需要关注以下几个方向: (1) 提高 AI 模型的泛化能力和鲁棒性; (2) 加强数据隐私和安全性的保护; (3) 打通不同部门之间的数据壁垒; (4) 加强 AI 技术与临床实践的结合; (5) 开展多模态、多中心的模型构建、验证及转化应用研究。

参考文献

[1] MARIN M J, VAN WIJK X M R, BOOTHE P D, et al. An introduction to the complete blood count for clinical chemists: red blood cells[J]. J Appl Lab Med, 2024, 9(5): 1025-1039.

[2] OSA-ANDREWS B, VAN WIJK X M R, HERRERA RIVERA N, et al. An introduction to the complete blood count for clinical chemists: white blood cells[J]. J Appl Lab Med, 2025, 10(2): 459-475.

[3] VAN WIJK X M R, SANCHEZ OVIOL Z, WINTER W E, et al. An introduction to the complete blood count for clinical chemists: platelets[J]. J Appl Lab Med, 2024, 9(4): 833-847.

[4] KIM Y H, KIM S Y, YOO I H, et al. Clinical utility of complete blood count indices in pediatric MOG antibody-associated disease[J]. Mult Scler Relat Disord, 2025, 98: 106446.

[5] JIANG C, WU Y, HUANG J H, et al. Clinical value of complete blood count ratio in benign and malignant thyroid diseases[J]. Cancer Epidemiol, 2024, 92: 102636.

[6] CHANG T, NUPPNAU M, HE Y, et al. Racial differences in laboratory testing as a potential mechanism for bias in AI: a matched cohort analysis in emergency department visits[J]. PLoS Glob Public Health, 2024, 4(10): e0003555.

[7] WU Y, SUN G Y, CHENG Y X, et al. The clinical influence of complete remission with incomplete count recovery (CRi) on single-unit unrelated cord blood transplanta-

- tion in patients with acute leukemia[J]. *Transplant Cell Ther*, 2024, 30(10): 1029. e1-1029. e10.
- [8] CHOI M H, KIM D, BAE H G, et al. Predictive performance of urinalysis for urine culture results according to causative microorganisms: an integrated analysis with artificial intelligence[J]. *J Clin Microbiol*, 2024, 62(10): e0117524.
- [9] CHICCO D, ONETO L, TAVAZZI E, et al. Eleven quick tips for data cleaning and feature engineering[J]. *PLoS Comput Biol*, 2022, 18(12): e1010718.
- [10] HU W W, LIU Y L, DONG J, et al. Evaluation of a machine learning model based on laboratory parameters for the prediction of influenza A and B in Chongqing, China: multicenter model development and validation study[J]. *J Med Internet Res*, 2025, 27: e67847.
- [11] WANG Y Y, YE Y Y, SHI S Y, et al. Prediagnosis recognition of acute ischemic stroke by artificial intelligence from facial images[J]. *Aging Cell*, 2024, 23(8): e14196.
- [12] SVETNIK V, LIAW A, TONG C, et al. Random forest: a classification and regression tool for compound classification and QSAR modeling[J]. *J Chem Inf Comput Sci*, 2003, 43(6): 1947-1958.
- [13] ZHANG Z D, JUNG C. GBDT-MO: gradient-boosted decision trees for multiple outputs[J]. *IEEE Trans Neural Netw Learn Syst*, 2021, 32(7): 3156-3167.
- [14] XU X, LIN M, XU T. Epilepsy seizures prediction based on nonlinear features of EEG signal and gradient boosting decision tree[J]. *Res Public Health*, 2022, 19(18): 11326.
- [15] ABBASI H S, KOYUNCU M, ALIZADEHSANI R. A survey of COVID-19 diagnosis using routine blood tests with the aid of artificial intelligence techniques[J]. *Diagnostics (Basel)*, 2023, 13(10): 1749.
- [16] YEGHAIAN M, BODALAL Z, TARECO BUCHO T M, et al. Integrated noninvasive diagnostics for prediction of survival in immunotherapy[J]. *Immunooncol Technol*, 2024, 24: 100723.
- [17] COHEN G, COOPER S, SISON E A, et al. Allopurinol use during pediatric acute lymphoblastic leukemia maintenance therapy safely corrects skewed 6-mercaptopurine metabolism, improving inadequate myelosuppression and reducing gastrointestinal toxicity[J]. *Pediatr Blood Cancer*, 2020, 67(11): e28360.
- [18] ALCAZER V, LE MEUR G, ROCCON M, et al. Evaluation of a machine-learning model based on laboratory parameters for the prediction of acute leukaemia subtypes: a multicentre model development and validation study in France[J]. *Lancet Digit Health*, 2024, 6(5): e323-e333.
- [19] SUDALAGUNTA P R, CANEVAROLO R R, MEADS M B, et al. The functional transcriptomic landscape informs therapeutic strategies in multiple myeloma[J]. *Cancer Res*, 2025, 85(2): 378-398.
- [20] YAN W, SHI H, HE T, et al. Employment of artificial intelligence based on routine laboratory results for the early diagnosis of multiple myeloma[J]. *Front Oncol*, 2021, 11: 608191.
- [21] CHOI E W, JEONG Y, AHN J O. Diagnosis of canine B-cell chronic lymphoid leukemia with a CD21 negative phenotype using the LT21 clone CD21 antibody in flow cytometry: a case report[J]. *BMC Vet Res*, 2024, 20(1): 490.
- [22] PADMANABHAN R, EL ALAOUI Y, ELOMRI A, et al. Machine learning for diagnosis and screening of chronic lymphocytic leukemia using routine complete blood count (CBC) results[J]. *Stud Health Technol Inform*, 2023, 305: 279-282.
- [23] XIAO L, LI H, JIN Y Y. Automated early ovarian cancer detection system based on bioinformatics[J]. *Sci Rep*, 2024, 14(1): 22887.
- [24] CAI G Y, HUANG F J, GAO Y, et al. Artificial intelligence-based models enabling accurate diagnosis of ovarian cancer using laboratory tests in China: a multicentre, retrospective cohort study[J]. *Lancet Digital Health*, 2024, 6(3): e176-e186.
- [25] DENG H Y, CHEN M, GUO X W, et al. Comprehensive analysis of serum tumor markers and BRCA1/2 germline mutations in Chinese ovarian cancer patients[J]. *Mol Genet Genomic Med*, 2019, 7(6): e672.
- [26] LI M Y, LIU L Z, DONG M. Progress on pivotal role and application of exosome in lung cancer carcinogenesis, diagnosis, therapy and prognosis[J]. *Mol Cancer*, 2021, 20(1): 22.
- [27] SUCCONY L, RASSL D M, BARKER A P, et al. Adenocarcinoma spectrum lesions of the lung: detection, pathology and treatment strategies[J]. *Cancer Treat Rev*, 2021, 99: 102237.
- [28] 王梦菲, 杨守志, 乔永霞, 等. 基于临床检验指标建立肺腺癌患者浸润程度判别模型[J]. *上海交通大学学报(医学版)*, 2024, 44(1): 98-107.
- [29] SUNG H, FERLAY J, SIEGEL R L, et al. Global cancer statistics 2020: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries[J]. *CA Cancer J Clin*, 2021, 71(3): 209-249.
- [30] RÖCKEN C. Predictive biomarkers in gastric cancer[J]. *J Cancer Res Clin Oncol*, 2023, 149(1): 467-481.
- [31] KUWAYAMA N, HOSHINO I, MORI Y S K, et al. Applying artificial intelligence using routine clinical data for preoperative diagnosis and prognosis evaluation of gastric cancer[J]. *Oncol Lett*, 2023, 26(5): 499.
- [32] HABEHH H, GOHEL S. Machine learning in healthcare[J]. *Curr Genomics*, 2021, 22(4): 291-300.
- [33] SHAUKAT H, WANG S, KIM D, et al. Practice patterns and perceptions of influenza testing amongst pediatric urgent care providers[J]. *Diagn Microbiol Infect Dis*, 2023, 105(2): 115818.
- [34] 葛小玲, 尚于娟, 徐锦, 等. 基于人工智能的儿童甲流和乙流辅助诊断模型研究[J]. *复旦学报(医学版)*, 2021, 48

(6):810-818.

[35] CHEN J N, PAN Y, LI G F, et al. Distinguishing between COVID-19 and influenza during the early stages by measurement of peripheral blood parameters[J]. J Med Virol, 2021, 93(2):1029-1037.

[36] KADIAN K, CHAUDHARY A, ARYA G, et al. Role of sequential approach to sample collection in microbiological diagnosis of smear negative pulmonary tuberculosis [J]. J Assoc Physicians India, 2025, 73(4):52-57.

[37] 黄莺, 周颖, 宋云霄, 等. 基于机器学习算法构建血常规指标肺结核诊断模型[J]. 检验医学, 2024, 39(7):668-672.

[38] NAYYAR A, SHRIVASTAVA R, JAIN S, et al. A framework for two-class classification of pulmonary tuberculosis using artificial intelligence[J]. Curr Med Imaging, 2025, 21:e15734056343819.

[39] SHARMA A, SHARMA A, MALHOTRA R, et al. An accurate artificial intelligence system for the detection of pulmonary and extra pulmonary Tuberculosis[J]. Tuberculosis (Edinb), 2021, 131:102143.

[40] GORECKI G P, TOMESCU D R, PLEŞ L, et al. Implications of using artificial intelligence in the diagnosis of sepsis/sepsis shock[J]. Germs, 2024, 14(1):77-84.

[41] YUAN K C, TSAI L W, LEE K H, et al. The development an artificial intelligence algorithm for early sepsis diagnosis in the intensive care unit[J]. Int J Med Inform, 2020, 141:104176.

[42] 谢政, 金晶, 刘东松, 等. 基于监督机器学习算法构建脓毒性休克患者死亡风险的预测模型[J]. 中华危重病急救医学, 2024, 36(4):345-352.

[43] WANG Z C, GU Y, HUANG L D, et al. Construction of machine learning diagnostic models for cardiovascular pan-disease based on blood routine and biochemical detection data[J]. Cardiovasc Diabetol, 2024, 23(1):351.

[44] ARQUES S, CHELAIFA H, VIEILLARD M, et al. Clinical relevance of spectral tissue Doppler-derived E/e' in older patients with preserved ejection fraction[J]. Ann Cardiol Angeiol (Paris), 2021, 70(5):286-293.

[45] YANG P Y, TANG X, LI P H, et al. A nomogram to predict the risk of proliferative lupus nephritis in patients with systemic lupus erythematosus involving the kidneys [J]. Clinical Immunology, 2024, 265:110296.

[46] YANG P Y, LIU Z Y, LU F J, et al. Machine learning models predicts risk of proliferative lupus nephritis[J]. Front Immunol, 2024, 15:1413569.

[47] MENINI S, IACOBINI C, VITALE M, et al. The inflammasome in chronic complications of diabetes and related metabolic disorders[J]. Cells, 2020, 9(8):1812.

[48] LI H H, SU D Q, ZHANG X P, et al. Machine learning-based prediction of diabetic patients using blood routine data[J]. Methods, 2024, 229:156-162.

[49] HASHIMOTO D A, WITKOWSKI E, GAO Lei, et al. Artificial intelligence in anesthesiology: current techniques, clinical applications, and limitations[J]. Anesthesiology, 2020, 132(2):379-394.

(收稿日期:2025-05-08 修回日期:2025-10-28)

(上接第 3327 页)

[27] MEYER A, SOLEMAN A, RIESE J, et al. Comparison of ChatGPT, Gemini, and Le Chat with physician interpretations of medical laboratory questions from an online health forum[J]. Clin Chem Lab Med, 2024, 62(12):2425-2434.

[28] YANG H S, LI J L, YI X, et al. Performance evaluation of large language models with chain-of-thought reasoning ability in clinical laboratory case interpretation[J]. Clin Chem Lab Med, 2025, 63(8):e199-e201.

[29] NANUA S, STEWARD R, NEELY B, et al. Retrieval-augmented generation for interpreting clinical laboratory regulations using large language models[J]. J Pathol Inform, 2025, 19:100520.

[30] 邹源, 谈玉平. 大语言模型与多模态模型在临床医学中的应用与挑战[J]. 广西科学, 2025, 32(1):88-95.

[31] MOHAMMAD B, SUPTI T, ALZUBAIDI M, et al. The Pros and Cons of using ChatGPT in medical education: a scoping review[J]. Stud Health Technol Inform, 2023, 305:644-647.

[32] JIN Q, LEAMAN R, RETRIEVE L Z. Summarize, and verify: how will ChatGPT affect information seeking from the medical literature[J]. J Am Soc Nephrol, 2023, 34(8):1302-1304.

[33] HE Z, BHASURAN B, JIN Q, et al. Quality of answers of generative large language models versus peer users for interpreting laboratory test results for lay patients: evaluation study [J]. J Med Internet Res, 2024, 26:e56655.

[34] MENG X, YAN X, ZHANG K, et al. The application of large language models in medicine: a scoping review[J]. iScience, 2024, 27(5):109713.

[35] ZACK T, LEHMAN E, SUZGUN M, et al. Assessing the potential of GPT-4 to perpetuate racial and gender biases in health care: a model evaluation study[J]. Lancet Digital Health, 2024, 6(1):e12-e22.

[36] OMIYE J A, LESTER J C, SPICHAK S, et al. Large language models propagate race-based medicine[J]. Npj Digit Med, 2023, 6(1):195.

[37] YANG H S, WANG F, GREENBLATT M B, et al. AI chatbots in clinical laboratory medicine: foundations and trends[J]. Clin Chem, 2023, 69(11):1238-1246.

[38] 陈紫林, 祝帆帆, 罗宇昕, 等. 大语言模型在医疗健康领域的应用现状与前景展望[J]. 医学与哲学, 2025, 46(12):32-37.

(收稿日期:2025-10-16 修回日期:2025-12-04)