

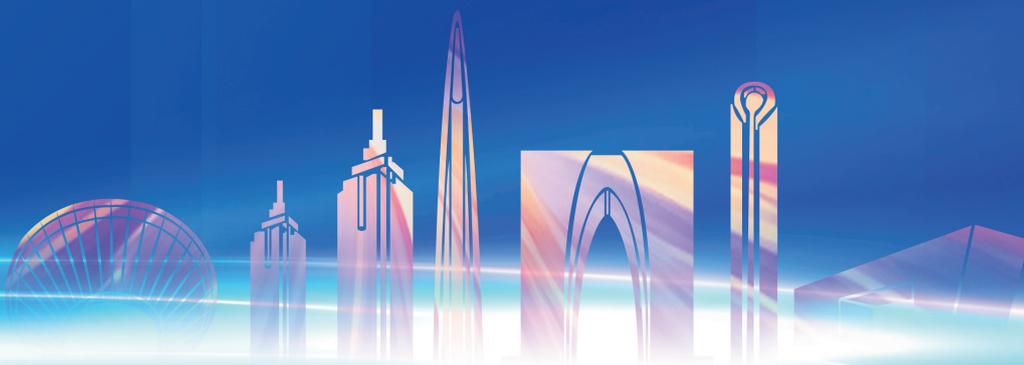


第十一届数字病理与人工智能学术专题会  
暨《中华病理学杂志》创刊70周年学术活动

# 会议手册

2025年9月19-21日

江苏·苏州



# 病理金桥·中国中杉 | 双基地·双引擎:重新定义中国病理智造

全链路自主可控, 攻克技术壁垒

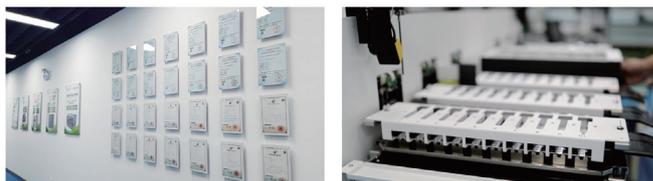
## 试剂研发生产基地「品质保障」

**政府认可:** 自2011年荣获“国际单克隆抗体研发中心”称号, 严格遵循ISO13485与GMP规范

**全链条管理:** 从抗体筛选到生产, 精细管控, 确保每一步均达国际最高标准

**关键资源:**

- 全球顶尖人类基因库: 拥有14万+ cDNA克隆
- 全自动液氮系统: 保障数十万杂交瘤与稳转细胞库
- 多平台研发: 涵盖小鼠单克隆与兔重组单克隆抗体
- 国际标准设施: 超380m<sup>2</sup> SPF级动物实验室
- 高通量验证: 具备国内专利的17K蛋白芯片, 精准检测抗体特异性
- 规范化生产: GMP车间确保试剂卓越品质



## 设备研发生产基地「科技引擎」

专注国产高端病理设备, 持续迭代创新  
UltraPATH® 全自动免疫组化系列, 服务中国病理市场

- 2018年 Ultra60: 高通量全自动
  - 2019年 Ultra30: 小型化高效升级
  - 2023年 Ultra 60 Plus、Ultra 30 N: 精准温控、多模式染色
- ISO13485质量体系贯穿全流程, 确保每台设备精准可靠

北京中杉金桥生物技术有限公司

服务热线: 400-810-9781

技术服务: 010-63634171

服务邮箱: sales@zsbio.com

公司官网: www.zsbio.com

公司地址: 北京经济技术开发区科创十四街99号11幢

100%自主链路, 助力病理诊断更快更准!



中杉金桥 在线服务



了解更多 敬请关注



# Contents / 目录

---

组织机构 .....	01
会议日程 .....	02
名誉主席 .....	08
大会主席 .....	09
执行主席 .....	10
主席团成员 .....	11
特邀嘉宾 .....	13
学术委员会 .....	18
组织委员会 .....	33
交通指南 .....	44
基本信息 .....	45
会场平面图 .....	46
论文汇编 .....	47



## 组织机构

### 名誉主席

詹启敏 卞修武

### 大会主席

梁智勇 步宏

### 执行主席

郭凌川 王世贤

### 主席团成员

丁彦青 丁华野 朱明华 刘东戈 王哲 张智弘 沈波

### 特邀嘉宾

刘冰 来茂德 陈杰 郑杰 朱雄增 孙保存 范钦和 周晓军  
张祥宏 李向红 朱虹光 霍临明 石怀银 李文才 韩安家 刘艳辉  
王坚 薛卫成 奥田修二郎 余维淼

### 学术委员会

(排名不分先后)

陈刚 陈凯 王国平 周建华 孔令非 金木兰 高洪文 邱雪杉  
郑建明 孟刚 林冬梅 刘易欣 唐峰 王立峰 梁莉 杨文涛  
刘月平 姚小红 滕梁红 邢晓明 聂秀 孟凡青 章宜芬 成志强  
李晟磊 郑洪 陈东 师晓华 曾瑄 周炜洵 武莎斐 苏丹  
侯英勇 郝彦凤 宋志刚 袁静萍 肖德胜 孟宇宏 冯一中 段亚琦  
郭晓静 李媛 周晓燕 蒋翔男 黄剑 陈铤 邹泓 叶丰  
查小明 雷哲  
杨林 张少霆 徐军 王连生 何永红 陈浩 王书浩 (人工智能组)

### 组织委员会

(排名不分先后)

章宏峰 包骥 石晨曦 张丽华 王聪 刘慧 李青 章建国  
饶秋 顾冬梅 吕京浓 陈旭东 刘毅 齐晓薇 蔡颖 孙屏  
肖芹 魏晓莹 胥传海 陈铜兵 王正 刘蔚 张永胜 刘标  
张晓凡 柯心怡 易宇豪 李金泽



## 会议日程

2025年9月19日 (周五)

🕒 时间	📄 讲座主题	👤 授课专家	🎤 主持专家
------	--------	--------	--------

12:00-21:00 报到、注册

2025年9月20日 (周六) 上午 二层宴会厅ABC

### 主会场

🕒 时间	📄 讲座主题	👤 授课专家	🎤 主持专家
------	--------	--------	--------

08:00-09:00	开幕式 《中华病理学杂志》创刊70周年活动		郭凌川 张智弘
-------------	--------------------------	--	------------

09:00-09:30	大会主旨报告	卞修武	
-------------	--------	-----	--

09:30-10:00	大会主旨报告	詹启敏	梁智勇 刘东戈 丁华野
-------------	--------	-----	-------------------

10:00-10:30	病理智能大模型研发进展与展望	丁彦青	
-------------	----------------	-----	--

10:30-10:40	中场休息		
-------------	------	--	--

10:40-11:10	AI病理：媒体与实际	来茂德	
-------------	------------	-----	--

11:10-11:40	智能化生物信息学：多组学时代的解决方案	奥田 修二郎 (日本)	朱明华 孙保存
-------------	---------------------	-------------	------------

11:40-12:10	Transforming Medical Pathological Diagnostics: Secure Data Ecosystems and the Path from Foundation Models to Clinical Models	余维淼 (新加坡)	周晓军 范钦和
-------------	--	-----------	------------

12:10-12:40	病理科的数字化建设及人工智能应用	王 坚	
-------------	------------------	-----	--



## 2025年9月20日（周六）下午 二层宴会厅ABC

### 主会场

🕒 时间	📄 讲座主题	👤 授课专家	🎤 主持专家
14:20-14:50	数智病理与人工智能新发展	杨 林	李文才 王 哲
14:50-15:10	医疗多模态通专融合范式：基础模型驱动下的智慧病理革新	张少霆	
15:10-15:30	数据与知识驱动的计算病理研究进展	徐 军	韩安家 刘艳辉
15:30-15:50	计算病理：多模态、大模型和DeepSeek	王连生	
15:50-16:10	大模型时代下数字与智能病理学的加速变革	何永红	薛卫成 高洪文
16:10-16:30	大模型时代的病理诊断与精准医疗	王书浩	
16:30-16:50	乳腺癌精准诊疗新时代	查小明	邢晓明 杨文涛
16:50-17:10	PIK3CA 助力乳腺癌分子病理新时代	刘月平	
17:10-17:40	专题会：《胃癌Claudin18.2临床检测专家共识（2025版）》解读	周炜洵	李晟磊 陈 刚
17:40-18:10	专题会：人工智能在CD30免疫组化判读中的应用新进展	蒋翔男	
18:10-18:25	不同癌种MMR蛋白表达的差异及如何选择最佳的检测方法	章宜芬	郑建明



## 2025年9月20日 (周六) 下午 二层宴会厅D

### 分会场一 —— 病理大模型及智慧病理科实践专场

🕒 时间	📄 讲座主题	👤 授课专家	🎤 主持专家
14:00-14:10	主席致辞 (步宏、王哲、郭凌川)		郭凌川
14:10-14:30	SooPathAI大模型建设应用及发布	雷 哲	
14:30-14:50	病理大模型的发展现状、临床实践与未来展望	柯心怡	
14:50-15:10	构建可信的病理AI: 模型评估与性能增强方案	易宇豪	滕梁红 梁 莉
15:10-15:30	病理多模态大模型的应用与创新	张晓凡	
15:30-15:40	中场休息		
15:40-15:55	病理AI模型赋能临床应用建设与落地实践	李金泽	
15:55-16:10	全数字化病理平台构建与智能化应用	姚小红	王立峰 苏 丹 唐 峰
16:10-16:25	病理科数智化的昨天, 今天和明天	侯英勇	
16:25-16:35	讨论		
16:35-16:50	量体裁衣-综合大型医院病理科数智能化建设布局落地方案展示	聂 秀	陈 东 刘易欣
16:50-17:05	浅谈病理AI实践应用体会	郝彦凤	
17:05-17:20	病理大模型在组织病理诊断中的应用	宋志刚	
17:20-17:35	初步探索数智能化病理人工智能应用	章宏峰	成志强 袁静萍
17:35-17:45	讨论		
17:45-17:50	主席总结		



2025年9月20日 (周六) 下午 多功能厅K2&K3

分会场二 —— 临床病理精准诊疗与转化专场

🕒 时间	📄 讲座主题	👤 授课专家	🎤 主持专家
14:30-14:40	主席致辞 (刘东戈、张智弘、沈波)		
14:40-15:00	2025年肺癌罕见驱动基因突变新进展	沈 波	陈 凯 肖德胜
15:00-15:20	淋巴瘤病理诊断的感悟	周建华	
15:20-15:40	非小细胞肺癌罕见靶点精准检测	林冬梅	金木兰 郑 洪
15:40-16:00	数智病理AI精准诊断过程中的难点和痛点及应对策略	孔令非	
16:00-16:20	讨论环节: 孟凡青 曾瑄 刘慧 李青		
16:20-16:30	中场休息		
16:30-16:50	结直肠癌MSI人工智能模型建立及其临床应用前景	周晓燕	孟宇宏 冯一中
16:50-17:10	病理诊断中的数学问题	孟 刚	
17:10-17:25	胃癌新兴靶点FGFR2b的检测进展	师晓华	段亚琦 武莎斐
17:25-17:40	乳腺病理数智化建设	郭晓静	
17:40-18:00	讨论环节: 张丽华 饶秋 章建国 吕京滢		
18:00-18:10	主席总结		



## 2025年9月20日 (周六) 下午 多功能厅K1

### 分会场三——杂志发展与展望专场

🕒 时间	📖 讲座主题	👤 授课专家	🎤 主持专家
13:30-15:30	《中华病理学杂志》 学科发展与建设	来茂德 李向红 张祥宏 郑杰 朱虹光 朱雄增 陈杰 卞修武 步宏 李文才 刘东戈 刘艳辉 王坚 王哲 薛卫成 霍临明 周晓军 范钦和 张智弘 郭凌川 高洪文 韩安家 师晓华	梁智勇

## 2025年9月21日 (周日) 上午 二层宴会厅D

🕒 时间	📖 讲座主题	👤 授课专家	🎤 主持专家
08:20-08:30	开场致辞	步宏	郭凌川
08:30-08:50	同济 AI病理的探索与实践	王国平	石怀银 邱雪杉
08:50-09:10	面向癌症精准诊疗的病理大模型：挑战与机遇	陈浩(中国香港)	
09:10-09:25	LLM-Agent 赋能肺癌多模态精准诊断： 打造从病理图像到 MDT 报告的全链路 智能引擎	黄剑	李媛 叶丰
09:25-09:40	建设面向未来的“四维一体”智慧化全 数字病理科--基于浙大二院数字病理云 平台的实践探索	邹泓	
09:40-09:48	PathBot: 数字病理通用诊断模型	路梦康	包骥 陈妮
09:48-09:56	区域中心医院数智化病理科建设及应用 体会	范璐瑶	
09:56-10:06	中场休息		



10:06-10:14	细胞核蛋白免疫组化染色结果评估的方法和挑战	王媛媛	王 聪 陈旭东
10:14-10:22	SegMAN语义分割在结直肠癌分化辅助诊断中的应用	杨倩倩	
10:22-10:30	病理大模型的关键挑战与未来路	闫 芳	齐晓薇 孙 屏
10:30-10:38	AI驱动下多图谱融合的病理学智慧教学新范式构建与实效研究	刘学光	
10:38-10:46	一种模拟医生诊断逻辑的病理图像分析智能体构建方法	祝骋路	肖 芹 刘 毅
10:46-10:54	大模型赋能的乳腺癌预后预测：病理报告文本与临床资料的融合应用	王 旖	
10:54-11:02	病理诊断模型在临床实践应用中的体会	张大川	蔡 颖 魏晓莹
11:02-11:10	基于HE全切片图像人工智能分析的乳腺癌标准化病理诊断报告系统构建与应用	黄 劼	
11:10-11:18	基于形态学先验知识引导和临床数据多模态融合的乳腺浸润性小叶癌智能诊断模型	刘 淇	胥传海 陈铜兵
11:18-11:26	基于人工智能整合病理形态及空间组学剖析免疫微环境并预测免疫治疗反应	杨明磊	
11:26-11:34	METex14跳突型NSCLC中MDM2基因扩增的空间分布特征	张昕雯	刘 蔚 王 正
11:34-11:42	基于深度学习的浆膜腔积液TIS分类模型构建与应用	曾赛凡	
11:42-11:50	基于HE切片人工智能预测乳腺癌激素受体表达	杨野梵	张永胜 刘 标
11:50-11:58	GIST核分裂象AI计数在临床病理诊断中的实践应用	阎 萌	
11:58-12:10	总结+闭幕	步 宏	郭凌川



## 名誉主席



詹启敏

中国工程院院士，享受国务院特殊津贴，苏州大学苏州医学院院长  
 国家科技部生物技术发展战略专家委员会主任  
 国家卫健委科技创新专家委员会副主任  
 先后担任国家高技术863计划生物和医药技术领域专家组组长  
 国家科技专项“重大新药创制”生物药责任专家组组长  
 国家卫生计生委行业科技专项专家委员会主任  
 获第七届医学家年会 “十大医学杰出贡献专家奖”（2022）、第八届“树兰医学奖”（2021）、中国抗癌协会科技一等奖（2016）、华夏医学科技一等奖（2012）、科技部“十一五”国家科技计划执行突出贡献奖（2011）、北京市科技进步二等奖（2010）、教育部自然科学一等奖（2009）、中华医学二等奖（2006）



卞修武

陆军军医大学第一附属医院  
 中国科学院院士  
 陆军军医大学全军临床病理研究所所长，主任医师、教授  
 中国医师协会病理科医师分会 会长  
 中国细胞生物学学会干细胞生物学分会 会长  
 中华医学会病理学分会 常委



## 大会主席



**梁智勇**

北京协和医院病理科主任  
国家病理质控中心主任  
中华医学会病理学分会主任委员  
中国医师协会病理科医师分会副会长  
CNAS医学专业委员会副主任  
《中华病理学杂志》总编  
《诊断病理学杂志》总编  
WHO肿瘤分类编委会常委  
Endocrine Pathology、Chinese Medical Journal编委



**步宏**

四川大学华西医院病理科教授、博士生导师、临床病理研究所所长  
四川省学术与技术带头人，四川省卫生健康委首席专家  
从事乳腺病理、分子病理学诊断和数字病理及人工智能研究，是国家卫健委  
“肿瘤病理规范化诊断标准”总牵头人  
国际病理学会中国分会主席  
中华医学会病理学分会前任主任委员  
中华医学会病理学分会数字病理与人工智能学组组长  
CSCO肿瘤病理专家委员会主任委员  
中国抗癌协会常务理事兼肿瘤病理专业委员会前任主任委员  
国务院学位委员会学科评议组成员  
国家自然科学基金委员会专家委员会委员  
卫生部全国病理质控中心专家委员会副主任委员  
卫生部全国肿瘤规范化诊疗专家委员会委员  
《美国外科病理学杂志中文版》、《中华病理学杂志》、《临床与实验病理学杂志》、《诊断病理学杂志》等期刊的主编、副主编



## 执行主席



**郭凌川**

苏州大学附属第一医院病理科主任  
苏州大学第一临床医学院临床病理教研室主任  
国家级临床病理规培基地主任  
国家临床重点专科建设项目负责人  
苏州大学精准肿瘤分子病理研究院副院长  
苏州大学临床病理与精准诊疗研究所所长  
中华医学会病理学分会委员  
国家病理质控中心委员  
国家卫健委能力建设和继续教育病理专家委员会副主任委员兼病理诊断组组长  
中国医疗保健国际交流促进会病理专委会副主任委员  
江苏省医学会病理学分会前任主委  
江苏省医师协会病理科医师分会会长  
中华医学会病理学分会青委会第十二届副主任委员  
中华医学会病理学分会淋巴瘤学组副组长  
中国临床肿瘤学会 (CSCO) 肿瘤病理专委会常委



**王世贤**

《中华病理学杂志》编辑部主任  
副编审  
中华医学会杂志社资深编辑  
中国科技期刊青年编辑骏马奖获得者  
STAR病理学专科委员会委员  
国家新闻出版署“医学期刊知识挖掘与服务重点实验室”出版专业委员会委员



## 主席团成员

(排名不分先后)



**丁彦青**

南方医科大学病理学系/南方医院病理科教授、主任医师、博士研究生导师，享受国务院政府津贴专家  
国务院学位委员会学科评议组成员；国家级教学名师，国家优秀博士生导师  
第三届中国医师协会病理科医师分会会长  
第十一届中华医学会病理学分会副主任委员  
第六届中国抗癌协会肿瘤转移专业委员会副主任委员  
第三届国际病理协会中国区分会副会长  
第一届吴介平基金会病理学部副主任委员



**丁华野**

解放军总医院第七医学中心病理科主任医师、教授，博士研究生导师，国务院特殊津贴专家  
代表著作有：《乳腺病理学》、《乳腺病理诊断和鉴别诊断》、《乳腺肿瘤临床病理学》、《乳腺病理诊断病例精选》、《刘彤华诊断病理学》乳腺部分和《乳腺组织病理学图谱上、下册》等



**朱明华**

海军军医大学第一附属医院  
上海长海医院病理科主任医师，教授  
国家病理质控中心（PQCC）工作组委员  
中国非公立医疗机构协会病理学专委会名誉主委



**刘东戈**

北京医院  
中华医学会病理学分会候任主任委员  
北京市病理学会前任主任委员  
中华病理学杂志副主编  
中国医师协会病理科医师分会常委  
北京医师协会病理科医师专科分会副主任委员  
北京市病理质量控制与改进中心副主任委员  
中国研究型医院学会超微与分子病理专委会主任委员  
在国内外学术期刊发表学术论文100余篇



**王哲**

空军军医大学病理教研室暨西京医院病理科主任、教授  
中华医学会病理学分会副主任委员  
中国医师协会病理医师分会副会长  
中国抗癌协会肿瘤病理专业委员会候任主任委员  
中华医学会病理学分会淋巴造血病理学组组长  
《中华病理杂志》、《诊断病理学杂志》副主编  
第五版WHO淋巴造血组织肿瘤分类编者  
获评陕西省“三秦人才”、第三届“国之名医”。主要从事淋巴造血系统、软组织和男性泌尿生殖系统病理诊断



**张智弘**

南京医科大学第一附属医院/江苏省人民医院病理科主任  
主任医师，博士生导师  
中华医学会病理学分会常务委员  
中国医师协会病理科医师分会常务委员  
中国女医师协会病理专委会副主任委员  
CSCO肿瘤病理专业委员会常务委员  
江苏省医学会病理学分会主任委员  
江苏省医师协会病理科医师分会候任会长  
CNAS 医学实验室 ISO15189 技术评审员



**沈波**

江苏省肿瘤医院/南京医科大学附属肿瘤医院 肿瘤内科主任  
主任医师、研究员、博士生导师/博士后合作导师  
中国抗癌协会 理事 中国临床肿瘤学会 (CSCO) 理事  
国家卫健委能力建设和继续教育肿瘤学专委会 委员  
国家肿瘤质控中心肺癌质控专家委员会 委员  
中国抗癌协会肿瘤内科学专委会 副主委  
中国抗癌协会小细胞肺癌专业委员会 副主委  
中国医师协会肿瘤多学科诊疗 (MDT) 专委会 常委  
中国医药教育协会肿瘤转移专委会 副主委



## 特邀嘉宾

(排名不分先后)



刘冰

编审。中华医学会杂志社副社长，负责159种中华医学会系列杂志出版、经营、数字化等有关管理工作。兼任《Bio-X Research》编辑部主任。国家新闻出版署-医学期刊知识挖掘与服务重点实验室副主任。中国科技期刊卓越行动计划优秀百人--优秀期刊管理人。

《编辑学报》《中国科技期刊研究》编委，中国科技期刊编辑学会副秘书长兼医学期刊工作委员会主任。中国期刊协会常务理事。中国音像与数字出版协会知识服务与数字版权保护技术工作委员会第一届理事会副主任委员。北京师范大学出版科学研究院特聘专家。南京大学信息学院硕士导师。CSCD评审专家。北大核心要目总览评审专家。



来茂德

医学博士

浙江大学病理学教授，主任医师

德国国家科学院院士，浙江省特级专家

现任中国药学会副理事长，教育部科技委员会药学与中药学学部副主任，教育部基础医学教学指导委员会副主任委员。担任《Pathology Research and Practice》副主编，《Virchows Archiv》编委，《中国医药导刊》主编等。曾先后担任浙江医科大学副校长、浙江大学副校长、中国药科大学校长，中华医学会病理学会主任委员和中国医师协会病理医师分会副会长等职务。从事大肠癌病理学研究。



陈杰

中国医学科学院北京协和医院

曾任中华医学会病理学分会第八、第九届主任委员，名誉主任委员

全国病理医师定考专家委员会主任委员，中华医学会理事

教育部科技委生物与医学学部委员，获国务院政府特殊津贴

健康中国2020战略研究专家，国家杰出青年基金获得者

全国抗击非典型肺炎优秀科技工作者，卫生部突出贡献专家

北京市有突出贡献的科学、技术、管理人才

北京协和医院副院长、党委副书记，病理科主任，北京协和医学院病理系主任

国家病理质控中心主任及专家委员会主任委员



郑杰

北京大学医学部病理学系

曾任中华病理学会常务委员、副主任委员

IAP中国分支秘书

中国病理科主任联会副主任委员

北京医学会病理专业委员会副主任委员

中国抗癌协会肿瘤转移分会副主任委员

中华病理学杂志主编

"实验动物科学与管理"副主编

曾任曾任北京实验动物学会副理事长



**朱雄增**

复旦大学附属肿瘤医院，病理科  
教授，博士生导师  
中国医师协会病理医师分会常委  
中国抗癌协会淋巴瘤专业委员会名誉主任委员  
中央和上海市干部保健局专家  
《中华病理学杂志》顾问  
《中国癌症杂志》副主编  
培养博士研究生13名、硕士研究生6名，已发表论文150余篇



**孙保存**

教授、博导  
天津医科大学病理学系主任  
天津医科大学总医院病理科主任  
天津医大肿瘤医院病理教研室主任  
国务院特贴专家  
《中国肿瘤临床》杂志常务副主编  
天津市病理质控中心主任  
天津市医师协会理事、病理学分会名誉会长  
国家住院医师规培天津病理基地主任



**范钦和**

主任医师，教授，博士生导师  
江苏省人民医院肿瘤研究所副所长  
澳太地区软组织肿瘤会诊中心委员  
中国病理工作者委员会名誉主任委员  
全国骨和软组织学组第二，三届组长  
曾任中华医学会病理分会常委  
中国病理工作者委员会主任委员  
中国抗癌协会病理分会第三届副主任委员  
中国病理主任联合会副主席



**周晓军**

解放军东部战区总医院病理科主任医师  
南京大学医学院病理学教授、博士生导师  
先后担任国家教委基础医学指导委员会委员  
中华医学会病理学会副主任委员  
江苏省病理学会主任委员  
全军临床病理中心主任  
南京军区南京总医院病理科主任等职



**张祥宏**

河北医科大学第二医院  
医学博士 主任医师 教授 博士研究生导师  
河北医科大学代谢病与肿瘤研究中心/二院病理科  
【中华病理学杂志】等杂志顾问  
【中国肿瘤临床】等杂志编委  
河北省抗癌协会 副理事长  
【中华病理学杂志】副总编辑  
【中华肿瘤杂志】副总编辑  
中华医学会病理分会（12届） 副主任委员



**李向红**

主任医师，医学博士  
现任北京大学肿瘤医院病理科主任  
担任北京市病理学会副主任委员  
中国抗癌协会恶性淋巴瘤专业委员会委员  
中国医师学会病理学分会委员等职务  
从事病理工作 30 余年，积累了丰富的病理实践经验，尤其是在淋巴瘤，肺癌和胃肠道肿瘤病理等领域



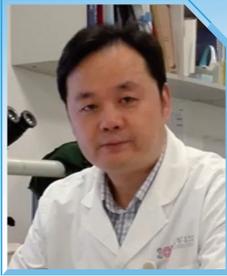
**朱虹光**

复旦大学上海医学院病理学系教授、博导  
2006/2019病理学系主任  
中华医学会病理学分会12届副主任委员  
国际病理学会中国区第4届副主席  
上海医学会病理学专科分会9届、10届主任委员  
中国医师协会病理学分会2~4届常委  
中华病理学杂志10~11届副总编  
发表论文114篇，其中94篇被SCI收录，影响因子大于5的SCI论文27篇，大于10的6篇



**霍临明**

《中华病理学杂志》编辑部前主任



**石怀银**

解放军总医院第一医学中心病理科主任，主任医师、教授，博士研究生导师  
中华医学会病理学分会副主任委员  
中国医师协会病理医师分会副会长  
北京市医学会病理学分会主任委员  
《中华病理学杂志》编委  
《诊断病理学杂志》主编  
中央保健委员会会诊专家  
军委保健委员会专家组成员



**李文才**

郑州大学第一附属医院学科首席专家  
二级教授，主任医师，博士研究生导师，博士后合作导师  
主任医师、二级教授、学科首席专家  
博士研究生导师、博士后合作导师  
中华医学会病理学分会副主委、皮肤病理学组组长  
中国医师协会病理科医师分会常委  
中国临床肿瘤学会（CSCO）病理专业委员会副主委  
中国医疗器械行业协会（CCPI）病理专委会主委  
中国抗癌协会淋巴瘤专委会常委



**韩安家**

中山大学附属第一医院病理科/病理学教研室主任  
中华医学会病理学分会副主委  
教育部高等学校医学技术类专业教学指导委员会委员  
中华医学会病理学分会软组织和骨学组副组长  
中国医师协会病理科医师分会常委  
广东省病理专业质量控制中心主任  
广东省粤港澳合作促进会医药卫生大健康委员会病理联盟主委  
广东省健康管理学会病理学专业委员会主委  
广东省干部保健专家□2020年荣获国之名医-优秀风范



**刘艳辉**

主任医师  
现受聘于中山大学肿瘤防治中心病理科  
曾任广东省人民医院病理医学部主任兼病理科主任  
中国抗癌协会肿瘤病理专委会第六届主任委员  
中国抗癌协会第三、四、五届淋巴瘤专委会常委  
中华医学会肿瘤学分会第二届淋巴血液学组副组长  
国家卫健委能力建设和继教中心淋巴瘤专科建设项目专家组成员  
NCC国家肿瘤质控中心淋巴瘤质控专家委员会委员  
CNAS 医学实验室 ISO15189 技术评审员



王 坚

复旦大学附属肿瘤医院病理科主任

专科方向：软组织和骨肿瘤病理



薛卫成

北京大学肿瘤医院病理科主任医师

香港大学病理学博士

医促会病理分会副主委

中华医学会病理学分会乳腺疾病学组副组长

《乳腺病理诊断规范》执笔人

卫健委《结直肠癌诊疗规范》病理专家

第五版WHO女性生殖系统肿瘤分类编委

《中华病理学杂志》副总编



奥田 修二郎

新潟大学医学部 医疗人工智能研究院教授

新潟大学研究生院 生物信息学专业教授

新潟大学附属医院 基因组医疗部 基因组信息管理中心主任

京都大学博士

日本生物信息学会会员

日本分子生物学会会员

日本微生物生态学会会员

著有英语论文百余篇，含《自然》、《细胞》等国际一流期刊及其子刊论文20余篇。



余维淼

新加坡科技局生物信息研究所

Senior Principal Investigator (Primary Appointment)

Head of Intelligent Digital and Molecular(iDMP) Lab

Director of National AI Digital Pathology (AiDP) Programme

Bioinformatics Institute (BII), Agency of Science Technology and Research (A\*STAR).

Adjunct Assoc. Professor of Department of Pathology

Adjunct Assoc. Professor of Department of Pathology

YLL School of Medicine, National University of Singapore



## 学术委员会

(排名不分先后)



陈刚

福建省肿瘤医院病理科主任 主任医师、博导  
中华医学会病理学分会常务委员  
中华医学会病理学分会病理技术学组组长  
CSCO肿瘤病理专家委员会副主任委员  
中国医疗保健促进委员会病理学分会副主任委员  
中国医疗器械行业协会病理专业委员会副主任委员  
中国研究型医院学会病理学专业委员会副主任委员  
中国抗癌协会肿瘤病理专业委员会常务委员  
中国抗癌协会肿瘤病理专业委员会淋巴瘤学组组长



陈凯

医学博士、博士生导师  
苏州大学附属第一医院肿瘤科主任、肿瘤学教研室主任  
中国抗癌协会肿瘤内科学专业委员会 常委  
中国抗癌协会肿瘤免疫治疗专业委员会 委员  
江苏省医学会肿瘤化疗和生物治疗分会 副主任委员  
江苏省医师协会肿瘤多学科诊疗专委会 副主任委员  
江苏省抗癌协会多原发与不明原发肿瘤专委会 主任委员  
江苏省抗癌协会肿瘤精准治疗专委会 副主任委员  
苏州市医学会肿瘤学分会 主任委员



王国平

华中科技大学同济医学院附属同济医院  
二级教授、博士生导师  
武汉同济医院病理研究所所长  
华中科技大学同济医学院病理学系主任  
中华医学会病理学分会常委  
中国医学装备协会病理装备分会副会长  
第四届“国之名医-卓越建树”入选者



周建华

中南大学湘雅医院--病理科主任  
中华病理学会常务委员  
中国病理科医师协会委员  
国家病理质控中心委员  
中国抗癌协会肿瘤病理专委会常委  
中国临床肿瘤学会病理专委会常委  
中国老年医学病理学会副会长  
中国医学装备委员会病理专委会副会长  
湖南省医学会病理学会主任委员



**孔令非**

河南省人民医院病理科首席专家  
中国医师协会病理科医师分会副会长  
国家病理质控中心专家委员会委员、病理诊断组组长  
河南省病理质控中心主任  
《临床与实验病理学杂志》常务编委，《中华病理学杂志》，《诊断病理学杂志》编委



**金木兰**

首都医科大学附属北京朝阳医院  
主任医师、教授、博士生导师  
病理学科管理主任  
中华医学会中华病理学分会 常委；细胞学组 组长  
中国医药教育协会理事、细胞病理学专业委员会 主任委员  
北京医学会北京病理学分会 副主任委员；技术学组、消化学组组长  
中国研究型医院学会超微与分子病理学专业委员会 副主任委员  
中华医学会结核病学分会病理专业委员会 副主任委员  
中华医学会消化内镜学分会 病理协作组 副组长



**高洪文**

主任医师 博士研究生导师  
吉林大学第二医院病理科主任  
中华医学会病理学分会常务委员  
中国医师协会病理科医师分会常务委员  
国家病理质控中心专家委员会委员  
中华医学会病理学分会头颈疾病学组组长  
吉林省医师协会病理科医师分会主任委员  
长春市医学会病理专业委员会主任委员  
《中华病理学杂志》编委



**邱雪杉**

中国医科大学附属第四医院  
教授 博士生导师  
国务院政府特殊津贴专家  
中华医学会病理学分会常委、消化学组副组长  
中国老年医学学会常务理事、病理学分会副会长  
辽宁省医学会病理学分会主委  
辽宁省临床病理质控中心主委  
《中华病理学杂志》《诊断病理学杂志》编委



**郑建明**

第二军医大学附属上海市长海医院 主任医师、教授、博导  
海军军医大学第一附属医院病理科，名誉主任  
中华医学会病理专科分会 第12、13届常委  
上海市医学会病理专科分会第11届 主委  
中国医师协会胰腺病学专业委员会第1-3届 常委  
中华医学会病理学分会消化学组委员  
中华医学会病理学分会分子病理学组委员  
中华病理学杂志第11、12届编委、临床与实验病理学、诊断病理学、中华胰腺病学等杂志编委



**孟刚**

安徽医科大学第一附属医院北区临床病理中心 教授、技术主任  
中华医学会病理学分会 常委  
中华医学会病理学分会乳腺学组 副组长  
《临床与实验病理学杂志》主编  
安徽省司法鉴定协会 会长  
安徽省抗癌协会肿瘤病理专委会主任委员



**林冬梅**

主任医师、医学博士、博士生导师  
北京大学肿瘤医院病理科 主任  
国际肺癌研究协会 (IASLC) 病理委员会委员  
中国抗癌协会肿瘤病理专委会常委、肺癌学组组长  
CSCO病理专委会副主任委员  
中华医学会病理专委会委员  
北京医学会病理专委会常委、胸心学组组长  
中国研究型医院协会病理分会副主任委员  
2021版WHO胸部肿瘤组织学分类参编作者



**刘易欣**

天津市中心妇产科医院/南开大学附属妇产医院病理科  
天津医科大学 硕士研究生导师  
中华医学会病理学分会 常委  
天津市医学会病理分会 主任委员  
中国老年医学会病理分会 副主任委员  
中华医学会病理学分会第十三届女性生殖学组指导专家  
中国妇幼保健协会病理专业委员会 委员  
中国医师协会妇产科医师分会 委员  
中国病理工作者委员会细胞学组 委员



唐 峰

博士，主任医师，教授  
复旦大学附属华山医院病理科主任  
中华医学会病理学分会第十三届委员会委员、皮肤学组副组长  
中国医师协会病理科医师分会第五届委员会常委  
中国医药教育协会疑难肿瘤专业委员会副主任委员  
中国抗癌协会肿瘤病理专业委员会乳腺肿瘤学组委员  
上海市医学会病理专科分会第十二届委员会主任委员  
《中华病理学杂志》杂志编委  
中华医学会第四届医疗鉴定专家库成员



王立峰

上海交通大学医学院附属新华医院病理科主任，博士生导师  
上海市医学会病理专科分会第十二届委员会候任主任委员  
中华医学会病理学分会第十三届委员会委员  
《中华病理学杂志》《临床与实验病理学杂志》编委



梁 莉

国家百千万人才工程入选者、享受政府特殊津贴人员、金凤实验室PI  
南方医科大学基础医学院病理学系/南方医院病理科主任、二级教授、主任医师  
广东省分子肿瘤病理重点实验室主任  
荣获“国之名医·优秀风范”和“中国杰出青年病理医师奖”  
国际病理学会中国区分会秘书长  
中国医疗保健国际交流促进会病理学分会主任委员  
中国抗癌协会肿瘤转移委员会候任主任委员  
中国医师协会病理科医师分会常委兼总干事  
中国医师协会病理科医师分会数字病理和人工智能病理学组组长



杨文涛

复旦大学附属肿瘤医院病理科副主任，主任医师，博士生导师  
中华医学会病理学分会乳腺学组组长  
第五版世界卫生组织（WHO）乳腺肿瘤分类编委  
国际癌症报告合作组织（ICCR）乳腺癌病理报告模板制定专家组成员  
中国医促会病理学分会副主任委员  
中国妇幼保健协会病理专业委员会副主任委员  
中国抗癌协会乳腺癌专业委员会常委  
中国临床肿瘤学会肿瘤病理专业委员会常委  
中国抗癌协会肿瘤病理专业委员会委员



**刘月平**

河北医科大学第四医院/河北省肿瘤医院病理科主任，博士生导师  
中国抗癌协会肿瘤病理专委会乳腺肿瘤学组组长  
中国临床肿瘤学会（CSCO）肿瘤病理专家委员副主委  
中华医学会病理学分会委员  
河北省医学会病理学分会主任委员  
河北省医师协会病理科医师分会主任委员  
《临床与实验病理学》副主编



**姚小红**

陆军军医大学第一附属医院病理科教授 主任医师  
博士研究生导师  
“四大慢病”重大专项首席科学家  
重庆市“英才”计划创新领军人才  
重庆市学术技术带头人  
第五届人民名医·优秀风范  
中国医师协会病理科医师分会青年委员会副主任委员  
中华医学会病理学分会青年委员  
中华医学会病理学分会第十二届委员会脑神经疾病病理学组副组长



**滕梁红**

主任医师，教授，博士生导师  
首都医科大学宣武医院病理科 主任  
首都医科大学临床病理学系常务副主任  
中华医学会病理学分会青年学组 副组长  
国家卫健委能建与继续教育病理学专家委员会 副主委  
中国医疗保健国际交流促进会病理学分会 副主委  
中国医师协会病理医师分会 委员  
中国抗癌协会肿瘤病理专委会 常委  
中国临床肿瘤学会肿瘤病理专委会 常委



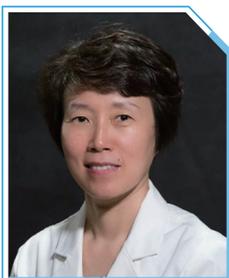
**邢晓明**

青岛大学附属医院 教授 博士研究生导师  
山东省肿瘤病理重点实验室主任  
中华医学会病理学分会第十三届委员会委员  
国家病理质控中心委员会委员  
国家卫健委能力提升病理学专委会副主任委员  
山东省医学会病理学分会副主任委员  
山东省抗癌协会肿瘤病理专业委员会副主任委员  
2021年度中国杰出青年病理医师



**聂秀**

教授、主任医师、博士生导师  
华中科技大学同济医学院附属协和医院病理科主任  
湖北省医学会病理学分会主任委员  
中国医师协会病理科医师分会常委  
中国抗癌协会肿瘤病理专业委员会常委  
主持国家自然科学基金、国家重点研发项目子课题5项  
以第一作者或通讯作者在《Cell》等杂志发表论文  
获湖北省自然科学技术二等奖



**孟凡青**

南京大学医学院附属南京鼓楼医院病理科主任  
中华医学会病理分会委员、胸部学组副组长  
中国医师协会病理分会委员  
CSCO肿瘤病理专委会常委  
江苏省、南京市病理质控中心主任



**章宜芬**

南京中医药大学附属医院/江苏省中医院病理科主任  
中华医学会病理学分会泌尿男生殖疾病学组成员  
中华医学会病理学分会分子病理学组成员  
江苏省医学会病理学分会候任主任委员  
江苏省中西医结合学会病理学专委会主任委员  
江苏省医师协会病理科医师分会副会长  
江苏省研究型医院学会分子及数字病理专委会副主任委员  
江苏省抗癌协会肿瘤病理专委会常委  
江苏省抗癌协会整合肿瘤学专委会常委



**成志强**

医学博士、教授/主任医师，硕士生导师，博士后合作导师  
深圳市第三人民医院病理科主任/学科带头人  
深圳市卫生系统特聘人才  
中华医学会病理学分会委员  
中华医学会病理学分会泌尿男生殖学组副组长  
中华医学会医疗鉴定专家库成员  
广东省医学会病理学分会副主任委员  
广东省临床病理质控中心副主任  
广东省医师协会病理科医师分会常委



**李晟磊**

博士、主任医师、博导，郑州大学第一附属医院病理医学部主任  
中华医学会病理学分会青年委员会副主任委员  
中华医学会病理学分会胸部疾病学组委员兼秘书  
河南省医学会病理学分会候任主委  
河南省医师协会病理医师分会副会长  
承担国家自然科学基金面上项目3项。发表SCI收录论文70余篇（第一作者或通讯作者20篇），发表中华系列杂志第一或通讯作者20余篇  
第四届中国医师协会病理医师分会“杰出青年病理医师”奖  
《中华病理学杂志》编委



**郑洪**

医学博士，二级教授/主任医师，国务院特殊津贴专家，贵州省省管专家，遵义医科大学病理学科带头人，博士生导师  
贵州省病理学分会主任委员  
中华医学会病理学分会委员  
中国病理医师协会常委  
中华医学会病理学分会女性生殖系统疾病学组委员  
第三届中国病理装备分会常委  
中日医学科技交流协会病理检验医学分会常委



**陈东**

主任医师、医学博士、硕士生导师  
首都医科大学附属北京安贞医院 病理科科长  
中华医学会病理学分会第十三届委员  
中华医学会病理学分会心血管疾病专业组组长  
北京市病理质量控制与改进中心副主任委员  
中国研究型医院学会超微与分子病理学专业委员会副主任委员兼秘书长、兼心血管疾病多学科协作学组组长  
北京医学会病理学分会副主任委员  
中国医疗器械行业协会第二届病理专委会副主任委员



**师晓华**

北京协和医院病理科 副主任医师  
中华医学会病理学分会第十三届委员会青年委员会 委员  
北京医学会病理学分会第十届委员会青年委员会 副主任委员  
北京医师协会临床病理专科医师分会 秘书  
中国临床肿瘤学会（CSCO）第三届肿瘤病理专委会 秘书  
中国女医师协会专业委员会第四届病理专委会 委员  
中国医疗保健国际交流促进会 委员  
中华肺癌学院 副秘书长  
中华医学会病理学分会第十三届委员会女性生殖学组委员



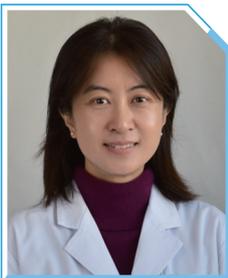
**曾 瑄**

北京协和医院病理科 教授/博士生导师  
中华医学会病理学分会分子病理学组 委员  
中国抗癌协会肺癌专业委员会 委员  
中国抗癌协会病理学分会乳腺学组 委员  
中国计量测试学会生物计量专业委员会 委员  
北京市病理质控中心 委员  
《中华病理学杂志》编委



**周炜洵**

北京协和医院病理科主任医师  
中华医学会病理学分会消化系统学组组长  
中华医学会消化分会炎症性肠病协作组  
中国抗癌协会肿瘤病理委员会胃癌中青年协作组等学术团体的委员  
《中华病理学杂志》编委  
以消化道病理作为专业方向，对消化道肿瘤及炎症性疾病的诊断有丰富的经验



**武莎斐**

北京协和医院病理学技术总技师长  
国家病理质控中心秘书  
中华医学会病理学分会分子病理工作组委员  
中华医学会病理学分会技术学组委员  
中国医疗保健国际交流促进会病理分会委员  
北京医学会病理学分会委员  
北京市病理质控中心秘书长



**苏 丹**

浙江省肿瘤医院病理科主任，中科院杭州医学所智能分子诊断中心副主任  
博士生导师，浙江省科技创新领军人才  
国家临床（病理科）重点专科学科带头人  
国家卫健委能力提升和继续教育病理专家委员会分子病理组副组长  
中国抗癌协会肿瘤病理专业委员会常务委员  
中国临床肿瘤学会(CSCO)肿瘤病理专家委员会常务委员  
中国抗癌协会肿瘤基因诊断专业委员会常务委员  
中国合格评定国家认可委员会(CNAS)医学实验室认可评审员



**侯英勇**

复旦大学附属中山医院病理科主任、教授、博士生导师、病理基地主任、病理  
专科基地主任、博士后流动站  
建立12项指标的胃肠道间质瘤良恶性、分期分级方法  
首次提出胃癌HER2免疫组化双蜡块以及全蜡块检测的临床意义  
发明高产组织芯片和高产细胞芯片制作方法，实现量产  
全国卫生产业企业管理协会实验医学专家委员会病理专业委员会主任委员  
上海市医学会病理专委会副主委  
上海市医师协会病理医师分会副会长



**郝彦凤**

博士，主任医师，博士生导师  
山西省肿瘤医院病理科主任  
享受国务院政府特殊津贴专家  
主要社会任职有：  
中华医学会病理分会委员  
中国医师协会病理医师分会委员  
中国抗癌协会肿瘤病理分会常务委员  
山西省医学会病理分会主任委员  
山西省医师协会病理分会会长



**宋志刚**

解放军总医院一中心病理科副主任，主任医师  
研究方向为头颈部疾病及人工智能辅助病理诊断在Nature Communications  
及Modern Pathology发表论文2篇，被引用超200次  
中华医学会病理学分会头颈学组委员  
中华医学会病理学分会尸检学组委员  
中华医学会病理学分会青委委员  
北京医学会病理学分会第二届青委副主任委员  
研究型医院协会超微与分子病理专委会常务委员  
研究型医院协会超微与分子病理专委会远程与人工智能病理学组副组长



**袁静萍**

医学博士，主任医师，博士生导师  
武汉大学人民医院病理科主任、病理规培基地主任、病理教研室主任  
中华医学会病理学分会第十二届委员会青年委员会委员  
中华医学会病理学分会乳腺疾病学组（协作组）委员  
中国医师协会病理科医师分会委员  
中国抗癌协会肿瘤病理学专业委员会肺癌病理学组委员  
湖北省医学会病理学分会副主任委员  
湖北省抗癌协会肿瘤病理专业委员会副主任委员  
武汉市医学会病理学分会副主任委员



**肖德胜**

医学博士、博士生导师  
中南大学湘雅医院病理科/基础医学院病理学系副主任  
中国医学装备人工智能联盟病理委员会常委  
湖南省医学会病理学专业委员会候任主委  
湖南省医学会病理学专业委员会青委会主委  
湖南省医师协会病理科医师分会副会长  
湖南省临床病理质量控制中心副主任委员  
湖南省抗癌协会肿瘤病理专业委员会副主任委员



**孟宇宏**

主任医师，科室主任，医学博士，研究生导师，Duke大学访问学者  
深圳大学总医院病理科（解放军总医院第六医学中心/海军总医院）  
亚专科方向：呼吸，耳鼻喉头颈，中枢神经，淋巴造血  
学术任职：中华病理学杂志编委，诊断病理学杂志常务编委，临床与实验病理学杂志编委。中国研究型医院学会超微与分子病理专业委员会副主任委员/神经学组组长，中华医学会病理学分会头颈学组委员，中国医师协会病理学分会委员，广东省临床医学会病理学委员会常委，广东省医学会病理学委员会委员，北京医学会病理专业委员会常务委员/头颈和神经学组副组长，深圳市医师协会病理医师分会副会长，深圳市医学会病理学专业委员会委员



**冯一中**

苏州大学附属第二医院  
教授，主任医师  
苏州医学会病理分会名誉主委  
原江苏省医学会病理分会副主任委员  
原苏州大学病理学系主任  
原苏州大学附二院病理科主任



**段亚琦**

华中科技大学同济医学院附属同济医院病理科主任  
专业方向：分子病理、乳腺病理及软组织病理  
中华医学会病理学分会分子病理委员会委员  
中华医学会病理学分会骨和软组织肿瘤学组委员  
中华医学会病理学分会国际交流工作委员会委员  
湖北省医学会病理学分会 副主任委员  
中国医药发展基金会乳腺学组委员  
发表JCI, CCR, Cancer Commun, GPB, NSR等SCI论文40余篇



**郭晓静**

教授、主任医师  
天津医科大学肿瘤医院 乳腺病理科主任  
美国康奈尔大学Methodist 医院博士后  
日本东京国立癌症中心 高级访问学者  
中国女医师协会病理专业委员会副主任委员  
中国妇幼保健协会病理专业委员会副主任委员  
天津市医学会病理学分会副主任委员  
天津市医疗健康学会乳腺疾病专委会副主任委员  
中国抗癌协会乳腺癌专业委员会常委



**李媛**

复旦大学附属肿瘤医院病理科副主任；主任医师；博士生导师  
复旦大学胸部肿瘤研究所副所长  
中国抗癌协会肿瘤病理专委会常委、青委会主任委员  
中国研究型医院学会病理学专业委员会常委  
中华医学会病理学专委会胸部学组委员  
中国女医师协会病理专委会常委  
上海抗癌协会青年理事  
上海市临床病理质控中心胸部病理工作专家  
CSCO 青年委员



**周晓燕**

医学博士，主任医师，教授，博士生导师。  
复旦大学附属肿瘤医院病理科副主任  
复旦大学附属肿瘤医院病理科分子病理室负责人  
中华医学会病理学分会分子病理组组长  
卫健委PQCC分子病理质控组副组长  
中国抗癌协会病理学分会分子病理协作组副组长  
中国抗癌协会病理专委会原发不明学组组长  
全国卫生产业企管协会实验医学专委会病理专委会副主任委员  
中国医疗器械行业协会病理专业委员会常务委员



**蒋翔男**

复旦大学附属肿瘤医院病理科 副主任医师/医学博士  
淋巴造血/头颈病理亚专科组成员/淋巴瘤多学科综合治疗组成员  
国家卫生健康委能力建设和继续教育中心淋巴瘤专科建设项目病理学组 秘书  
中华医学会病理学分会淋巴造血疾病学组 委员  
中国抗癌协会肿瘤病理专业委员会淋巴造血肿瘤学组 秘书  
中国抗癌协会肿瘤病理专业委员会甲状腺癌工作组委员  
上海市抗癌协会淋巴瘤专业委员会青年委员会 常务委员  
上海医药行业协会血液医学转化专业委员会 委员



黄 剑

教授、主任医师

现任南方医科大学-华银病理诊断中心、华银康集团病理首席专家  
曾任广东医科大学病理学系主任/附属医院病理诊断与研究中心主任/学科带头人  
加州大学旧金山分校(University of California at San Francisco)博士后、堪萨斯州立大学 (Kansas State University) 博士后  
曾任美国贝勒医学院(Baylor College of Medicine)病理系及乳腺癌中心病理实验室主任、威斯康辛医学院(Medical College of Wisconsin)病理系生物样本库中心主任



陈 妮

教授/主任医师，博士生导师

四川大学华西医院病理科副主任  
中华医学会病理学分会泌尿男生殖学组副组长□中华医学会病理学分会青委  
中华医学会病理学分会科研工作委员会委员  
中国抗癌协会肿瘤病理专委会青委  
中国临床肿瘤协会前列腺癌专委会委员□四川省医学会病理学专委会主任委员  
四川省卫健委学术技术带头人  
中华病理学杂志通讯编委  
临床与实验病理学杂志编委



邹 泓

浙江大学医学院附属第二医院病理科，常务副主任（主持工作），临床病理学  
国家住培专业基地主任

病理学教授/主任医师，博士，博士生导师，浙江大学“临床百人”A类研究员  
2014.10-2015.10年 国家留学基金委公派赴澳大利亚昆士兰大学访问学者  
中国医疗器械行业协会病理专业委员会常委  
中国研究型医院学会超微与分子病理学专业委员会委员，中国抗癌协会肿瘤基因诊断专业委员会委员  
中华医学会病理学分会病理教学工作委员会执行委员，中国女医师协会病理专业委员会委员



叶 丰

教授/博导，四川大学华西医院

1982生，四川成都人。四川省病理工程实验室副主任。全国百篇优秀博士论文  
省高层次人才（青城计划）。主持国家自然科学基金4项、国家863计划二级子  
课题、省科技厅\卫健委、成都市科技局等多个基金资助。获得国家发明专利十  
余项其中专利转化后获批医疗认证5个。

负责华西医学中心“分子病理学”，教育部国家高等智慧教育平台的“分子  
病理：基础与前沿” 在全国高校1000+课程排名中，持续5年保持全国第一。  
<https://www.gradsmartedu.cn/search>。2024年获批国家级示范研究生课  
程。2025全国高质量医学教师教学发展在线课程。



**查小明**

医学博士，副教授，主任医师，硕士生导师  
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）乳腺中心乳腺外科行政副主任  
中国抗癌协会乳腺癌专业委员会委员  
中华医学会乳腺癌专业委员会委员  
中国研究型医院乳腺专业委员会委员  
江苏省抗癌协会乳腺癌专业委员会副主委  
江苏省中西医结合学会乳腺病委员会副主委  
江苏省妇幼保健协会乳腺疾病分会委员  
江苏省医学会外科学分会乳腺外科学组委员



**雷哲**

2022年加入苏州大学附属第一医院病理科，副研究员，硕士生导师。硕士、博士就读于苏州大学基础医学与生物科学学院  
主要从事肺癌分子及表观遗传学、分子病理学方向研究  
美国国立犹太健康中心访问学者  
苏州市预防医学会生殖健康专委会委员  
苏州市抗癌协会胸外科分会委员  
先后主持国家自然科学基金青年项目（1项）、面上项目（2项）、江苏省高校自然科学基金面上项目等课题研究  
以第一/通讯作者在Cancer Research、Cell Reports、Oncogene、Molecular Cancer等期刊上发表多篇文章，被引2000余次，H-index: 26



## —— 人工智能组 ——



杨 林

2020-至今，西湖大学，工学院人工智能与生物医学影像实验室教授(Tenured Full Professor)

2014-2019，美国佛罗里达大学，电子与计算机工程、生物医学工程、计算机三系终身副教授

近年来在Nature Machine Intelligence、Nature Medicine、TPAMI 等国际期刊及CVPR、MICCAI、ISBI等顶级会议论文集上发表科研论文一百余篇，论文引用量达上万次



张少霆

上海交通大学计算机学院清源研究院院长。曾任美国北卡罗莱纳大学终身教职、浦江实验室即人工智能国家实验室智慧医疗中心主任等职务。其研究成果屡次获得顶级会议的青年科学家奖和最佳论文奖、美国橡树岭大学联合会青年教授奖等。主导研发全球首个医疗多模态基础模型群“浦医”，旨在为“跨领域、跨疾病、跨模态”的AI医疗应用提供开源的能力支持。发表论文200余篇，总引用2.6万次，H-Index 74。入选国家高层次人才、上海市青年科技杰出贡献奖等，担任医学图像分析顶会IPMI' 25及计算机视觉顶会CVPR' 26程序委员会主席等职位，并在《Medical Image Analysis》主编全球首本医疗图像大模型特刊，以及病理大模型特刊（12月15日截稿）



徐 军

现任南京信息工程大学人工智能学院（未来技术学院）副院长（二级教授）、智能医学图像计算江苏高校重点实验室主任。他2007年获浙江大学控制科学与工程系博士学位，先后在美国罗格斯大学及凯斯西储大学生物医学工程系担任博士后研究员，助理研究员及访问教授。他的研究研究成果主要发表于《Nature Communications》《Radiology》《IEEE Transactions on Medical Imaging》《Medical Image Analysis》等期刊。先后主持国家自然科学基金“重大疾病智慧诊疗”专项、联合重点项目、面上项目，科技部重点研发计划重点专项课题、省部级项目多项



王连生

现为厦门大学信息学院教授，医学院双聘教授，博士生导师

数字福建健康医疗大数据研究所副所长

福建省医学会放射学分会AI学组副组长

海医会智能医学影像与信息化专委会副主任

厦门大学医学院医学人工智能研究院负责人，MICS主席

长期从事医学影像处理研究，主持和参与多项科研项目，包括国家自然科学基金仪器专项、科技部科技创新2030重大项目、国家重点研发项目、国家自然科学基金面上和青年项目等



何永红

清华大学深圳国际研究生院 研究员、博导；光学检测与成像实验室 主任  
1、基础研究方面：主持自然科学基金、国家省市科技计划几十项，在Nat Commun., Optics Lett., Optics Express, Analytic Chemistry, Biosens. Bioelectron. Appl.Phys.Lett.,等权威杂志上发表SCI论文300多篇，被引6000多次，H因子36，共培养博、硕士研究生80多名（优秀毕业生、国家奖学金获得者、创业之星多名）；  
2、应用研究方面：授权中国专利40多项；国家标准2项；所研发的技术被制定成国家标准2项。获广东省科学技术一、三等奖，广东省省级南粤优秀教师奖、清华大学校级优秀工作者，教育部新世纪优秀人才获得者，深圳市鹏城学者特聘教授。



陈浩

中国香港科技大学  
香港科技大学计算机科学与工程系，化学与生物工程系和生命科学部助理教授，医工交叉联合创新中心主任，研究兴趣包括医疗大模型，计算病理，多模态融合，医学图像分析，计算机辅助微创诊疗等。在Nature Biomedical Engineering、Nature Communications、Lancet Digital Health、Nature Machine Intelligence、Jama、MICCAI、IEEE-TMI、MIA、CVPR、ICCV等顶级期刊和会议发表论文100余篇（谷歌学术引用35000余次，h-index 79），连续入选斯坦福大学全球排名前2%科学家名单，科睿唯安全球高被引科学家等



王书浩

理学博士 透彻未来首席技术官  
清华大学博士  
清华大学交叉信息研究院博士后  
北京市科技新星（创新新星）  
北京市医药卫生科技创新成果转化专家库成员  
曾先后于百度、硅谷异构智能（NovuMind）、京东从事人工智能研究  
于Nature Communications、Modern Pathology等发表30余篇学术论文  
拥有国家发明专利超过60项  
2025创业邦35岁以下创业先锋

## 组织委员会

(排名不分先后)



**章宏峰**

博士，硕士生导师  
武汉市中心医院病理科主任  
中国医学装备协会病理装备分会常委  
中国老年医学学会病理学分会常委  
湖北省医学会病理学分会常委  
武汉医学会病理学分会副主委  
武汉市病理质控中心主任



**包 骏**

四川大学华西医院临床病理研究所副所长、博士生导师  
教育部长江学者青年学者  
四川大学好未来教学名师  
中华医学会病理学分会数字病理与人工智能工作组委员兼秘书  
中国医师协会病理科医生分会数字与人工智能病理专委会副组长  
四川省肿瘤学会人工智能及大数据专委会常务委员  
成都高新医学会临床病理分会副主任委员



**石晨曦**

苏州大学附属第一医院病理科  
江苏省医学会病理学分会分子病理学组成员兼秘书  
中国医学装备人工智能联盟病理委员会委员  
长三角地区临床病理质控联合体—分子病理专科工作组委员  
苏州市医学会病理学专业委员会技术学组委员



**张丽华**

东南大学附属中大医院病理科  
医学博士、主任医师  
江苏省研究型医院学会分子及数字病理专业委员会主任委员  
中国医师学会病理专业委员会委员  
中国研究型医院学会超微与分子病理专业委员会常务委员  
中华病理学会病理分会女性生殖学组委员  
中国妇幼保健协会病理专业委员会副主任委员



王 聪

主任医师，江苏省人民医院病理科副主任  
中华医学会病理学会乳腺学组委员  
江苏省医学会病理学会副主任委员  
江苏省抗癌协会肿瘤病理分会副主任委员  
江苏省病理科医疗质控中心副主任  
江苏省中西医结合学会病理学专委会副主任委员  
江苏省研究型医院学会分子及数字病理专委会候任主委  
江苏省妇幼保健协会病理学分会候任主委  
江苏省医学会病理学会乳腺病理学组组长



刘 慧

博士，主任医师  
徐州医科大学病理学教研室主任  
徐州医科大学附属医院病理科主任  
江苏省医学会病理学分会 副主任委员  
江苏省抗癌协会肿瘤病理专业委员会 副主任委员  
江苏省医师协会病理科医师分会 副会长  
江苏省研究型医院协会分子及数字病理专业委员会 副主任委员  
中华医学会病理学分会淋巴造血疾病学组委员  
中华医学会病理学分会分子学组委员



李 青

常州市第一人民医院病理科  
常州市妇幼保健医院病理科  
主任医师，博士生导师  
江苏省医学会病理专业委员会副主任委员  
江苏省中西医结合学会病理专委会副主任委员  
江苏省研究型医院学会分子及数字病理专委会副主任委员  
江苏省抗癌协会病理专业委员会常委  
中国医疗保健促进会病理分会委员  
中国研究型医院学会病理专业委员会委员



章建国

临床医学博士、主任医师、硕士生导师  
南通大学附属医院 病理科主任  
江苏省医学会病理学会常务委员  
江苏省医师协会病理科医师分会副会长  
南通市医师协会病理科医师分会主任委员



**饶秋**

解放军东部战区总医院病理科主任，博士，主任医师，南京大学教授  
南京大学、南京医科大学、南中医博导，博士后合作导师  
2022年第五版WHO泌尿及男性生殖系统肿瘤分类编委  
《中华病理学杂志》、《临床与实验病理学杂志》常务编委、《诊断病理学杂志》副主编  
中华医学会病理学分会青委副主任委员，中华病理学会泌尿学组组长  
中国病理医师协会委员，中国抗癌病理分会委员  
江苏病理分会副主任委员，江苏省病理医师协会副会长  
江苏省质控中心副主任，江苏抗癌病理分会副主任委员



**顾冬梅**

苏州大学附属第一医院病理科副主任，硕士生导师  
中华医学会病理学分会细胞学组委员  
江苏省医学会病理学分会常委兼细胞学组组长  
江苏省病理质控中心副主任  
长三角地区临床病理质控联合体细胞病理专科工作组委员  
中国医药教育协会细胞病理专业委员会委员  
中国抗癌协会肿瘤病理专业委员会细胞学组委员  
中国医学装备人工智能联盟病理委员会委员  
中国妇幼保健协会妇女病防治专业委员会委员



**吕京燕**

南京医科大学附属苏州医院/苏州市立医院本部病理科主任  
苏州市妇幼保健院病理科主任  
医学博士，副教授，硕士生导师  
江苏省医学会病理学分会常委  
中华医学会病理学分会消化学组委员  
中国医师学会病理学分会青年委员  
江苏省研究型医院学会理事  
江苏省抗癌协会肿瘤病理专业委员会常委  
江苏省医师协会病理科医师分会委员



**陈旭东**

主任医师，南通市肿瘤医院病理科副主任（主持工作），南通大学兼职教授  
现任：  
全国抗癌协会病理分会委员  
江苏省医学会病理学分会委员  
江苏省医师协会病理学分会委员  
江苏省医学会病理学分会泌尿病理学组委员  
中国研究型医院学会超微与分子病理学专业委员会电镜诊断与技术学组委员  
江苏省肿瘤防治联盟胃癌专家委员会委员  
南通市病理诊断中心主任



**刘毅**

医学硕士，主任医师，硕士生导师  
连云港市第一人民医院医技党总支书记，病理科主任  
中国援外先进个人  
中华医学会呼吸病学分会委员  
江苏省百名医德之星  
江苏省抗癌协会病理学分会常务委员  
江苏省医学会病理学分会委员  
江苏省医师协会病理学分会总干事  
江苏省医院协会第八届理事会理事



**齐晓薇**

江南大学附属医院 病理科主任，硕士生导师，主任医师，博士  
江苏省医学会病理学分会委员  
江苏省抗癌协会病理专业委员会副主任委员  
无锡市医师协会病理医师分会会长  
无锡市医学会病理学分会候任主委  
江苏省中西医结合协会病理专业委员会常委  
江苏省医师协会病理医师分会委员  
中华医学会病理学分会尸检学组委员  
江苏省分子及数字病理专业委员会常委



**蔡颖**

博士，主任医师  
无锡市人民医院病理科主任  
江苏省医学会病理学分会委员  
江苏省抗癌协会肿瘤病理专业委员会委员  
江苏省研究型医院学会分子与数字病理专委会委员  
无锡市医学会病理学分会主任委员  
无锡市病理质控中心主任



**孙屏**

江南大学附属中心医院  
无锡市第二人民医院  
病理科副主任（主持工作）  
医学博士、主任医师、硕士生导师  
中华医学会病理学分会心血管疾病学组委员  
中国研究型医院学会超微与分子病理学专业委员会委员  
江苏省医学会病理学分会委员  
江苏省医师协会病理分会委员  
江苏省抗癌协会病理学分会委员



**肖芹**

江苏省苏北人民医院病理科主任  
中华医学会病理学分会第十三届委员会泌尿男生殖疾病学组委员  
江苏省中西医结合学会病理学专业委员会副主任委员  
江苏省医学会第十二届病理学分会委员  
江苏省抗癌协会肿瘤病理专业委员会第六届副主任委员  
江苏省医学会病理学分会泌尿学组副组长  
扬州市医学会第五届病理学专业委员会委员兼秘书  
江苏省卫生高级专业技术资格评审委员会专家库成员  
江苏省扬州市医学会医疗损害鉴定及医疗事故技术鉴定库成员



**魏晓莹**

东南大学附属中大医院 病理科  
副主任医师，硕士生导师，行政副主任（主持工作），党支部书记，教学主任  
从事病理诊断工作二十余年，2011年-2014年赴德国海德堡大学访问学习  
江苏省医学会病理学分会 常务委员  
江苏省抗癌协会肿瘤病理专业委员会 委员  
江苏省医师协会病理学分会 委员  
江苏省中西医结合学会 病理学专业委员会 委员  
江苏省研究型医院学会 分子及数字病理专业委员会 常务委员  
江苏省研究型医院学会 肺结节和肺癌MDT专业委员会 常务委员



**胥传海**

南京大学医学院附属盐城第一医院  
病理科主任、主任医师  
盐城市病理专业质控中心主任  
盐城市医学会病理学分会主任委员  
江苏省医学会病理学分会委员  
江苏省医师学会病理科分会委员  
江苏省中西医结合学会病理学专业委员会委员  
江苏省抗癌协会第六届肿瘤病理专业委员会委员  
江苏省医学会病理学分会第十二届细胞学组成员



**陈铜兵**

主任医师，硕士生导师  
常州市第一人民医院病理科副主任（主持工作）  
常州市医学会病理学分会副主任委员  
江苏省医师协会病理科医师分会委员  
江苏省医学会病理学分会泌尿生殖病理学组委员



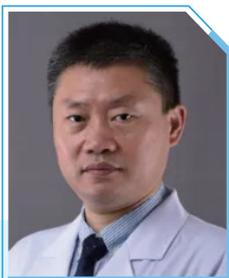
**王 正**

扬州大学附属医院病理科副主任  
主任医师 硕士生导师  
江苏省医学会病理学分会委员  
江苏省抗癌协会肿瘤病理专业委员会委员  
江苏省中西医结合学会病理专业委员会委员  
江苏省医师协会病理科医师分会委员  
江苏省医学会病理学分会分子病理学组成员  
中国研究型医院学会超微与分子病理学专业委员会委员



**刘 蔚**

苏州大学附属第一医院病理科副主任  
主任医师、副研究员、硕士生导师  
中华医学会病理学分会头颈学组委员  
中国医药教育协会淋巴瘤分会常务委员  
江苏省抗癌协会小儿肿瘤专业委员会委员  
江苏省“333高层次人才培养工程”第三层次培养对象  
从事临床病理诊断工作20年，擅长乳腺癌、淋巴瘤等肿瘤和分子病理诊断  
主持国家自然科学基金、江苏省自然科学基金等多个项目，发表SCI论文20余篇



**张永胜**

苏州大学附属第二医院病理科科长  
江苏省医学会病理学分会委员  
江苏省抗癌协会肿瘤病理专委会委员  
江苏省医师协会病理医师分会委员  
苏州市医学会病理学分会副主任委员  
苏州市中西医结合学会病理学分会主任委员  
苏州市临床病理质量控制中心主任



**刘 标**

博士，主任医师，博士生导师  
苏州市立医院  
南京医科大学附属苏州医院  
病理诊断中心主任



张晓凡

现任上海交通大学清源研究院长聘教轨副教授，博士生导师，上海创智学院全时导师。北京航空航天大学学士，美国北卡罗莱纳大学夏洛特分校博士学位。曾任京东硅谷研究院计算机视觉研究员、商汤科技北美智慧医疗实验室高级研究员。2021年6月加入上海交通大学清源研究院。研究领域：医学图像、文本分析，多模态决策。在国际顶级期刊及会议如 MedIA、TMI、CVPR、ACL、MICCAI 等发表多篇论文。Google Scholar 近五年引用千余次。申报美国专利3项。



柯心怡

北京协和医学院博士生在读，师从梁智勇教授  
研究方向为人工智能与数字病理，以第一作者或并列第一作者在Modern Pathology, CVPR, NeurIPS发表论文



易宇豪

博士，四川大学华西医院临床病理研究所特聘研究员，硕士生导师  
从事人工智能、机器学习、优化算法等方向的研究  
2023年入选四川省“天府峨眉计划”青年科技人才项目  
主持国家自然科学基金委员会“青年科学基金项目（C类）”一项  
已在IEEE TIT、TCYB、SIAM J. Control and Optimization、AAAI、IJCAI、WWW等计算机与自动化领域的高水平期刊和会议上发表论文二十余篇。目前的研究兴趣主要为医学图像处理、生物信息学、分布式机器学习等。



李金泽

河北医科大学第四医院病理科  
住院医师  
参与并发表SCI文章10余篇，影响因子最高达8.209分  
参与美国&加拿大病理学会(USCAP)年会、欧洲病理学年会(ECP)、美国临床肿瘤学会(ASCO)年会、中国临床肿瘤学会(CSCO)年会、全国病理年会等国际及国家级学术会议进行发言交流及壁报交流10余篇  
主要研究方向为病理人工智能及乳腺病理，重点探索 AI 在乳腺癌相关生物标志物检测等方面的价值。参与完成多项相关课题研究，曾获河北省卫生健康委重点课题研究计划一等奖



**路梦康**

西北工业大学工学博士，研究方向为人工智能在数字病理中应用，聚焦病理基础模型以及多模态病理预训练方向。在领域内顶级期刊和会议IEEE-TMI, IEEE-JBHI, Medical Image Analysis, CVPR, MICCAI等发表论文多篇。在国内外学术会议NeuralPS, MICCAI, 中国图象图形学学会等报告多次，并担任MICCAI, NeuralPS等审稿人。



**范璐瑶**

武汉市中心医院病理科 主治医师  
武汉市中心医院数智化病理科建设秘书  
全国卫生产业企业管理协会肿瘤分会委员  
2023年全国病理神探积分赛第三季一等奖及分子病理专项奖获得者



**王媛媛**

中国人民解放军联勤保障部队第920医院  
硕士生导师  
云南省医学会病理学分会委员  
云南省医学会阴道镜宫颈病理学分会委员  
云南省医院协会临床病理管理专业委员会委员  
云南省医学会病理学分会乳腺学组秘书  
主持省级课题 1项，参与国自然和省级课题7项  
申请专利 1项，发表统计源期刊 30余篇，SCI 8篇  
获中国实验动物学会科学技术奖一等奖一项



**杨倩倩**

苏州大学附属第一医院 病理科  
医学博士，主治医师，硕士研究生导师，住院医师规范化培训带教老师，民盟盟员  
第八批姑苏卫生人才C类特聘人才  
“博习优才铸造计划”后备人才  
苏州市听力协会会员  
苏州大学附属第一医院 博士后  
主持国家自然科学基金、江苏省自然科学基金、苏州市卫生健康委人才科研项目、院级科研项目各一项



闫芳

现任上海人工智能实验室青年研究员  
主要从事智慧病理、多模态医疗诊断及基础模型等领域的前沿研究  
曾受国家留学基金委资助至美国宾夕法尼亚大学学术访问  
主持国家自然科学基金青年项目、上海市启明星扬帆专项基金2项，参与国家自然科学基金等3项  
在NPJ Precision Oncology、MedIA、Nature Computational Science、Nature Biomedical Engineering、IEEE TMM、MICCAI等发表学术论文10余篇，授权发明专利2件。任MedIA特刊客座编辑，担任NeurIPS、ICCV、Neurocomputing等多个国际期刊与会议的审稿人



刘学光

副教授，硕士生导师，复旦大学基础医学院病理学系副主任  
复旦大学医学博士，美国哈佛大学附属布莱根&妇女医院病理学系访问学者，美国南卡罗来纳医科大学博士后  
中国罕见病联盟免疫与代谢相关罕见肾脏病分会委员  
中国研究型医院学会超微与分子病理学专业委员会委员  
上海市显微学学会会员  
上海市中西医结合学会器官纤维化专业委员会委员  
擅长肾活检病理诊断和尸体剖验  
上海高校市级一流课程和重点课程负责人



祝骋路

西湖大学工学院  
博士，杭州市D类人才  
在医学图像处理与分析、深度学习技术以及计算机视觉等跨学科领域的积累了十余年的研究经验。目前为西湖大学工学院人工智能与生物医学影像实验室助理研究员，从事生物医学图像与人工智能交叉领域的研究及工程应用。2021年毕业于浙江工业大学，授予控制科学与工程博士学位，曾于2017年10月至2019年1月，作为访问学者在澳大利亚阿德莱德大学进行人工智能和计算机视觉方向的研究。2021年3月至2023年2月以博士后身份加入西湖大学，完成出站后转至助理研究员岗位。



王旖

西安市第九医院  
目前为在读博士，自2018年起就职于西安市第九医院病理科  
其主要研究方向为医工交叉融合及人工智能在病理学中的应用  
科研方面，主持西安市市级课题1项，并参与1项国家自然科学基金地区项目在学术成果上，已发表SCI论文4篇、国内核心期刊论文5篇、中华病理学杂志论文1篇，另在数字医学年会及国际CCFB类会议上发表会议论文2篇



**张大川**

常州市第一人民医院/苏州大学附属第三医院，病理科科  
副主任，副主任医师，医学博士，硕士生导师  
美国匹兹堡大学访问学者  
江苏省第六期“333高层次人才培养工程”培养对象  
常州市“十四五”卫生健康高层次人才培养工程拔尖人才  
中国老年学和老年医学学会精准医疗分会委员  
中国抗癌协会第六届肿瘤病理专业委员会青年学组委员  
江苏省医学会病理学分会乳腺学组委员



**黄 劫**

上海交通大学医学院附属瑞金医院病理科规培医生



**刘 淇**

河北医科大学第四医院  
河北地质大学信息工程学院电子信息专业人工智能方向在读硕士  
现于河北医科大学第四医院数智病理中心开展实习研究  
主要研究方向为多模态病理诊断模型构建与病理基础大模型研发，期间发布SCI  
期刊论文2篇



**杨明磊**

郑州大学第一附属医院病理科助理研究员  
博士毕业于中山大学中山医学院精准医学生物信息实验室，从事基因组学，肿  
瘤基因检测，与肿瘤临床大数据人工智能研究十年  
以第一作者、通讯作者及其他作者身份基于基因组大数据和临床病理大数据研  
究在Genome medicine, Journal for ImmunoTherapy of Cancer, BMC medicine, Database, Genomics Proteomics Bioinformatics, Frontiers in immunology等国际知名期刊发表SCI论10篇，第一及通讯作者  
总影响因子30+。现为British Journal Of Cancer, Cancer Science, Fron-  
tiers 系列期刊审稿人



张昕雯

北京协和医院病理科24级医学技术专硕



曾赛凡

福建医科大学附属第一医院病理科 副主任技师 细胞学实验室负责人  
中国医学装备协会病理装备分会常委兼细胞学部副部长  
中国医学装备协会人工智能联盟病理委员会委员  
中国医疗器械协会病理专业委员会细胞学部委员  
《中华病理学杂志》审稿专家  
国内病理技术竞赛奖项3项、院内新技术三等奖1项  
发表细胞学文章10篇、参与课题10项、参编著作1部  
研究方向：(1)肿瘤细胞学的转移机制研究  
(2)细胞学AI辅助诊断模型研究



杨野梵

江苏省人民医院/南京医科大学第一附属医院病理科医师  
参与国家自然科学基金项目2项  
参与发表SCI和中文核心期刊论文十余篇



阎 萌

苏州大学附属第一医院 病理科  
分子病理 主管技师  
博士，苏州大学 博士后  
研究方向：肿瘤分子发病机制及临床病理检测新方法  
苏州市医学会病理学分会 青年委员  
江苏省青年科技人才托举工程资助对象  
主持国自然青年科学基金，吴阶平基金会科研专项资助基金等项目；参与国自然面上项目，重大项目多项；在Circulation Research, Cell Reports, Cell Reports Medicine 等期刊发表论文20余篇

## 交通指南

### A. 苏南硕放国际机场—苏州金鸡湖凯宾斯基大酒店（约48公里）

1) 打车：约50分钟，约100元。

### B. 苏州园区站—苏州金鸡湖凯宾斯基大酒店（大约10公里）

1) 打车：约23分钟，约19元。

2) 公共交通：乘坐地铁8号线（车坊方向），苏州园区火车站9口上车，斜塘站下车，换乘地铁5号线（太湖香山方向），李公堤南站（1口出）下车，步行2.7公里到达（步行37分钟建议下地铁后打车2.6公里约10元）。

### C. 苏州站—苏州金鸡湖凯宾斯基大酒店（大约15公里）

1) 打车：约27分钟，约32元。

2) 公共交通：乘坐地铁4号线，苏州火车站上车（同里方向），南门站下车，换乘地铁5号线（阳澄湖南方向），李公堤南站（1口出）下车，步行2.7公里到达（步行37分钟建议下地铁后打车2.6公里约10元）。

### D. 苏州北站—苏州金鸡湖凯宾斯基大酒店（大约23公里）

1) 打车：约35分钟，约46元。

2) 公共交通：乘坐地铁2号线（桑田岛方向），高铁苏州北站5口上车，劳动路站下车，换乘地铁5号线（阳澄湖南方向），李公堤南站（1口出）下车，步行2.7公里到达（步行37分钟建议下地铁后打车2.6公里约10元）。





## 基本信息

### 报到时间和地点

报到时间：9月19日12:00-21:00

报到地点：苏州金鸡湖凯宾斯基大酒店一层大厅注册区

### 会议时间和地点

会议时间：9月20日全天，21日上午

会议地点：苏州金鸡湖凯宾斯基大酒店二层宴会厅ABCD，一层多功能厅K1、多功能厅K2&K3

### 讲者须知

- (1) 讲者须在报到后再次核对本日程册内的发言时间安排、熟悉会场位置；
- (2) 讲者须在参与的学术单元日程开始前15分钟到场，并向主持人报到；
- (3) 讲者须准备中文幻灯一套，报到时将幻灯提交至注册区，或在发言前至少提前3小时将幻灯提交至会场前方控制台，会场内不允许讲者使用自带的电脑；
- (4) 讲者须遵守会议时间安排，主持人将适时提醒讲者。

### 主持人须知

- (1) 主持人须在报到后确认所主持的学术单元时间和会场位置；
- (2) 主持人须提前15分钟到达会场，了解会议安排有无变化及讲者到场情况；
- (3) 主持人须严格控制时间，适时提醒讲者按时完成发言；
- (4) 主持人须围绕主题组织讨论、控制会场秩序，遇特殊情况要及时向会场工作人员大会秘书处或学术委员会报告。

## 会场平面图



苏州金鸡湖凯宾斯基大酒店  
楼层指示图(1F-3F)

# 迈新提供全方位 病理诊断解决方案

鉴别  
诊断

伴随  
诊断

分子  
诊断

智慧  
病理

病理  
诊断中心



一机多用

- 兼容 IHC、ICC、双染、EBER、FISH
- 试剂低温保存
- Module 液盖膜技术
- 单独控温
- 过夜延迟运行
- 支持医院 LIS/HIS 系统
- 缓冲液及废液一键补充/排放
- 缓冲液及废液自动报警
- 多位点滴加，全组织覆盖



# 第十一届数字病理与 人工智能学术专题会

## 论文汇编

第十一届数字病理与人工智能学术专题会暨《中华病理学杂志》创刊70周年学术活动

## LLM-Agent 赋能肺癌多模态精准诊断： 打造从病理图像到 MDT 报告的全链路智能引擎

黄剑<sup>1</sup> 卢成煜<sup>2</sup> 叶楠<sup>2</sup> 罗伟全<sup>3</sup> 丁明<sup>2</sup> 黄春波<sup>2</sup> 丁彦青<sup>1,4</sup>

<sup>1</sup>南方医科大学. 华银病理诊断中心

<sup>2</sup>广州华银康医疗集团 AI 创新中心

<sup>3</sup>广州华银康医疗集团病理实验室

<sup>4</sup>南方医科大学病理学系/南方医院病理科

**【摘要】背景与意义** 肺癌精准诊疗的实质，是对病理组织学形态、基因分子图谱（如 NGS 数据）、影像学表现及临床病史的多源深度融合。然而，在现实临床实践中，这一过程高度依赖资深专家协作，且流程耗时、分散、易受主观差异影响——这在基层及非肿瘤专科尤为突出，常导致诊断链条断点与治疗决策次优。为破解这一瓶颈，我们构建并验证了首个基于 LLM-Agent 的肺癌多模态 AI 全流程综合诊断系统，旨在用病理大模型+大型语言模型（Large Language Model, LLM）智能体，实现由数据接入、特征解析到 MDT 级综合报告产出的自动化闭环，加速并提升诊断的准确性、效率及深度解释能力。**方法与技术路线** 本研究基于 2022 年 1 月至 2024 年 12 月的 6000 例肺癌真实病例，其中 1000 例具备 WSI 全切片+NGS 测序+影像报告+临床资料的完整多模态链路。我们构建了由 24 个二级病理标签组成的高标准标注体系，经 10 名中级（及以上）病理医师标注、2 名高级医师质控，累计生成超过 50,000+精细化 Mask 区域。AI 系统由三大模块构成：（1）病理深度特征提取：基于基础病理大模型，对多尺度（10×/20×）WSI 图块抽取高维形态特征。（2）并行化智能预测：①切片级诊断模型：自动识别“肺腺癌”等诊断级别；②ConvNeXt-U 分割模型：精准分割腺泡型、实体型等亚型并量化面积占比（3）LLM-Agent 多模态中枢引擎（核心创新）：①集成 DeepSeek-R1 与自建知识库，融合常规病理+NGS 基因突变+影像学+临床病史；②支持跨模态推理、病理/基因/影像证据追溯；③全自动生成：结构化多模态肺癌整合式报告（病理诊断+亚型比例+关键分子标记物+MDT 治疗建议）。**结果** （1）诊断性能（五折交叉验证）：①恶性敏感性：0.9545±0.02；②良性特异性：0.9230±0.02；（2）亚型分类：对腺泡型、乳头状等主要亚型识别精度可匹敌高级病理医师；（3）效率提升：完成多模态整合+自动化实时生成 MDT 报告；（4）系统稳定支持基层医疗完成三级医院水准

的肺癌综合诊断与医疗决策。**结论与特色** 我们首次实现了“WSI 图像→基因测序解读→MDT 级报告”的全链路自动化，并以 LLM-Agent 作为多模态信息中枢，让数据在不同模态间主动“对话”和补全，从而提供：①更精准：接近高级专家水平的诊断一致性；②更高效：半数时间即可完成复杂多模态整合；③更普及：将高水平诊疗能力延伸至基层与远程会诊。该技术为肺癌个体化精准诊疗与普惠化落地提供了关键的技术抓手。

## 构建面向未来的“四位一体”智慧化全数字病理科

### ——基于浙大二院自主数字病理云平台的实践探索与成效

邹泓 陈丽荣 王海军 胡柏来 许晶虹 洪波 相学平

浙江大学医学院附属第二医院病理科，杭州 310009

**【摘要】目的** 随着新一代诊断病理学的不断发展，病理科面临高强度工作负荷和多院区协同管理的双重挑战。为适应这一趋势，依托自主研发的数字病理云平台，构建智慧化全数字病理科，推动病理学科数智化转型及多院区同质化管理，旨在实现临床诊断、远程会诊、教学培训与科研支持的协同融合，显著提升诊断效率与质量。**方法** 浙江大学医学院附属第二医院病理科覆盖三院区，年处理病理切片超过150万张，包括活检标本24.4万例、细胞学7.7万例及冰冻切片7.8万例。传统病理工作流程存在切片流转复杂、质控分散、信息孤岛等问题。自2021年底起，团队依托医工多学科协作，自主设计建设集“临床诊断、远程会诊、教学培训、科研支持”四位一体的数字病理云平台。平台覆盖标本从离体、扫描、流转、阅片到报告的全流程管理，结合数字化阅片医嘱和多层质控体系，制定符合实际工作的操作标准流程（SOP），实现工作精细化和标准化管理。**结果** 目前，浙大二院已建成全数字化病理科，通过浙大二院数字病理云平台，实现三院区多终端一键登录及远程病理切片浏览与报告发放，打破时空限制，促进多院区协同和同质化管理。引入宫颈细胞学AI及胃镜AI初筛模型，显著提升诊断效率和智能化水平。通过“远程系统+邮寄服务”双模式，构建涵盖20余家协作医院的区域病理网络，提升基层病理诊断能力和服务覆盖范围。教学平台建设了十大亚专科数字教学资源 and 线上考核体系，支持形成性评价，获得国家重点住培专家肯定。科研方面，开发科研样本管理

系统及数字切片质量评估工具，联合工科团队推进肿瘤甲基化分子分类器建设，推动病理智慧化创新。基于平台应用，常规 HE 诊断时效提升 29.5%，免疫组化诊断时效提升 31.1%，疑难病理会诊总体时效提升近 50%。淋巴瘤疑难病理会诊报告周转时间由 12.9 天缩短至 2.3 天，效率提升约 4.6 倍。团队重点落实标本全流程精细化管理、数字切片扫描流转、诊断同质化、数字阅片医嘱及质控标准，确保平台具备良好的可操作性和显著成效，实现数字化、标准化与智能化深度融合。该成果获央视新闻联播黄金时间报道。**结论** 自主研发的数字病理云平台有效解决多院区协同管理和高负荷环境下的质控难题，推动病理科数智化升级，促进数字病理、分子病理与人工智能技术深度融合。基于切实可行的流程和操作标准，显著提升诊断效率与质量，为全国大型医院数字病理建设提供可复制的示范范式，助力新型智慧病理学科体系的构建与发展。

### PathBot：数字病理通用诊断模型

路梦康 夏勇

西北工业大学计算机学院空天地海一体化大数据应用技术国家工程实验室，西安 710129

**【摘要】目的** 近年来，人工智能技术在计算病理学中的应用显著提升了诊断流程的自动化和智能化水平。然而，现有方法往往聚焦于特定任务或主要癌种，限制了其跨任务和跨疾病类型的泛化能力。因此，构建具备广泛适应性的通用病理诊断模型具有重要意义。**方法** 本文提出 PathBot，一种面向病理图像分析的通用视觉基础模型。PathBot 基于拥有十亿参数的 ViT-Giant 编码器构建，是迄今为止在公开病理学数据上训练规模最大的视觉模型。我们设计了一种融合对比学习与生成学习的掩码蒸馏网络 (Masked Distillation Network, MDN) 进行自监督预训练，使用来自癌症基因组图谱 (TCGA) 的 11,765 张诊断级全视野切片图像，提取超过 3 千万张图像 patch 用于模型训练。**结果** PathBot 通过将 ViT-Giant 编码器与多种任务解码器结合，支持分割、检测、分类、回归等下游任务，并涵盖基因组数据、病理报告、免疫组化 (IHC)、磁共振 (MR) 等多模态融合，总计完成 20 项任务的系统评估。实验结果表明，PathBot 在大多数任务中均达到了当前最优或领先性能，充分展示了其在病理图像分析中的通用性和先进性。**结论** PathBot 验证了其在泛癌场景中的通用病理诊断能力。未来工

作将聚焦于构建多模态医学大模型，发展面向各专科的垂直基础模型，以推动病理 AI 模型在实际临床中的广泛应用。

## 区域中心医院数智化病理科建设及应用体会

范璐瑶 章宏峰

华中科技大学同济医学院附属武汉中心医院病理科，武汉 430014

**【摘要】目的** 病理科业务流程和操作环节复杂，传统工作模式病理科难以进行标准化管理，亟需升级转型。随着数字化、自动化设备及智慧化信息技术的涌现，加快了病理科数智化转型的步伐。**方法** 武汉市中心医院作为区域中心医院进行了病理科数智化转型的探索实践，引入多类病理科数字化自动化设备，建设全流程智慧病理信息管理系统、标准病理数字切片管理系统、人工智能辅助诊断/质量控制模块及区域病理远程诊断平台。**结果** 建设数智化病理科提高了病理科日常运营效率，实现多院区病理科同质化管理，同时建立全市数智化病理服务体系，促进市域优质病理诊断资源下沉基层医疗机构，提升患者就医满意度，降低患者就医成本。**结论** 数智化病理工作有效地集合了设备、信息、网络和人工智能，不仅能为科室端降本提质，更是能为患者提供高质量的病理诊断资源，更精准地得到临床诊疗。

## 基于知识图谱和人工智能的病理学智慧课程构建与实践

吴江华 王惠 尼华 听夏 田新霞

北京大学基础医学院病理学系/北京大学第三医院病理科，北京 100191

**【摘要】目的** 本研究针对病理学教学中存在的知识体系复杂、形态学内容抽象等教学难点，探索人工智能与数字病理技术在医学教育中的创新应用。通过构建智慧化课程体系，旨在提升病理学教学质量，优化学生学习效果。**方法** 研究采用知识图谱技术和智能化教学平台相结合的方法，对病理学教学资源进行系统性整合。具体实施过程中，开发了树状、环状和网状三级知识图谱架构，实现了对 11 个核心能力目标和 105 个关键知识点的可视化呈现。在智慧树教学平台上，建设了包含 31 个教学视频、91 套教学课件和 365 道智能习题的数字化资源库，并配套开发了 AI 助教系统，为不同学习需求的学生提供个性化指导。课程内容设计上，既包含病理学总

论和各论的基础知识模块，又与临床病例分析和实习教学内容形成有机衔接。**课程特色** 本课程的主要创新特色体现在五个方面：在知识呈现方式上，采用多维度知识图谱实现知识的可视化表达；在教学案例方面，整合百余个典型临床病例，强化学生临床病理思维能力的培养；在教学模式上，采用互动式学习与AI助教相结合的混合式教学设计；在思政方面，注重将医学人文教育有机融入专业教学，提升学生的职业素养；在技术应用方面，开发了具有智能诊断功能的AI助教系统，能够实时分析学生的学习行为数据。本学期课程开发以来，该课程已吸引497名学生注册、参与学习，累计互动5394次，有效地促进了医学生自主学习效果。**结论** 随着数智技术的快速发展及医学教育学领域应用，本课程为本科病理学教育数智化转型提供了可借鉴的建设经验与实践方案。未来实践研究将着重开展学习行为数据的深度分析，并对长期教学效果进行追踪评估，以进一步优化智慧教学模式，为推进病理学教育的数智化发展探索新路径。

## 细胞核蛋白免疫组化染色结果评估的方法和挑战(经验分享)

邹佳奥 杨举伦 徐文涛 江亚 韩丹 冯强 王媛媛

解放军联勤保障部队第九二〇医院病理科，昆明 653000

免疫组化(IHC)作为肿瘤病理诊断的核心技术，对明确肿瘤分型、组织起源及生物学行为具有不可替代的作用。然而，其判读过程长期存在标准化不足与量化精确性有限的挑战。为促进技术规范并指导临床决策，本文系统综述细胞核蛋白免疫组化检测的临床意义、评估方法和常用评估软件的性能。

1. 目前报道的关键核蛋白标志物(包括ER、PR、p53、p63、p40、PCNA及Ki-67等)在诊疗决策中具有重要价值。其功能可归纳为三类：(1)治疗反应预测指标：ER与PR作为乳腺癌内分泌治疗敏感性的关键生物标志物；(2)组织学分型诊断指标：p53、p63及p40对肿瘤起源判定及亚型鉴别具有诊断价值；(3)预后评估指标：PCNA与Ki-67通过反映细胞增殖活性，为预后判断提供依据。

2. 细胞核蛋白的免疫组化染色的评估方法有定性、半定量、定量三大技术路径，其实现方式涵盖人工判读与AI辅助智能分析两类模式。

3. 当前可用的开源及免费病理图像分析平台包括：ImageJ、QuPath、DeepLIIIF、

Aperio ImageScope。本课题组自主研发了 Path920 系列 全切片自动化分析系统。

4. 影响细胞核蛋白的免疫组化一致性评估因素有人工判读差异、评估区域差异、智能分析平台差异（阳性阈值设置、肿瘤细胞参数）。

尽管自动分析技术持续进步，人工病理学评估仍是当前金标准且不可替代。开源免费智能判读软件在提升免疫组化分析的准确性、可重复性及效率方面展现显著优势。随着技术迭代与循证研究的深入，此类工具有望加速融入临床实践。

## SegMAN 语义分割在结直肠癌分化辅助诊断中的应用

杨倩倩<sup>1</sup> 祝敏圣<sup>1</sup> 陈婉婷<sup>2</sup> 崔磊<sup>2</sup> 雷哲<sup>1</sup> 杨林<sup>3</sup> 郭凌川<sup>1</sup>

<sup>1</sup>苏州大学附属第一医院病理科，苏州 215006

<sup>2</sup> 西北大学

<sup>3</sup> 西湖大学

**【摘要】目的** 结直肠癌是全球高发恶性肿瘤，对于其分化程度的精准判读有助于判断患者预后、指导临床治疗，从而实现个体化精准医疗。传统病理诊断存在主观性高、重复性差、耗时等问题，人工智能（AI）辅助诊断应运而生，然而现有的辅助诊断模型大多将不同分化程度的肿瘤视为同一类别，无法区分高、中、低分化，难以满足日常病理诊断工作中对于结直肠癌恶性程度的评估需求。针对这一问题，本研究旨在构建精准的多类别分割模型，实现对不同分化程度的肿瘤成分自动识别与量化分析，以减轻病理诊断医师的工作负担。**方法** 首先，在 20X 下对 HE 染色的 WSI 进行 ROI 采样，获得 518 张分辨率为 1024×1024 的病理图像，由两位独立病理学家标注四类腺体的像素级分割掩码。采用最新语义分割框架 SegMAN：该模型由编码器和解码器构成，编码器通过 LASS 模块融合滑动局部注意力（Natten）与动态状态空间模型（SS2D），在保留局部细节的同时实现全局建模，在线性复杂度下同时捕获腺体边界细节与长距离空间依赖；解码器含 MMSCoPE 模块，通过多尺度特征聚合与处理，增强跨尺度上下文信息提取能力，以应对腺体尺寸差异大、形态变化显著的问题。最后，设计 WSI 级腺体成分占比计算模块：将 WSI 按 1024×1024 分块，经坐标映射与加权融合后得到 WSI 的分割结果，计算高、中、低分化腺体面积占比，实现了 WSI 层面腺体分化程度的定量分析。**结果** 模型在测试集上表现优异，平均 Dice 系数达 89.14%，平均

Precision 89.38%，平均 Recall 89.02%，各类指标均衡且稳定，其中，中分化腺体和正常黏膜腺体的 Precision 高达 91.53% 和 93.37%，经病理学家核查确认分割效果良好。WSI 级定量分析模块输出的高、中、低分化腺体占比与两位病理学家复核结果高度一致。**结论** 本研究应用 SegMAN 模型首次实现了对结直肠癌腺体分化级别的自动、精准多类别分割，通过 WSI 级量化分析为临床恶性程度分级提供了依据。该成果突破了现有研究的局限，为结直肠癌的病理诊断、预后评估及个体化治疗提供了可靠工具，具有重要的临床价值与科学意义。

## 病理大模型的关键挑战与未来路径

闫芳<sup>1</sup> 陈毅<sup>1</sup> 张少<sup>1</sup> 王哲<sup>2</sup>

1 上海人工智能实验室

2 第四军医大学西京医院病理科

**【摘要】**人工智能大模型正驱动数字病理从任务定制化向通用化发展。现有研究多聚焦于缩放定律与多模态浅层融合，对模型泛化性、医学专业性、临床安全及伦理风险缺乏系统应对。本文以“通专融合”为指导，剖析病理大模型在数据、模型与临床转化环节的关键挑战，提出以任务泛化、模型可信与临床安全为核心的发展路径，构建临床价值导向、跨任务与多中心评测体系，推动模型由技术可行向临床可用的转型。

### 一、病理大模型的进展与挑战

病理图像信息密集、诊断链路复杂、多模态特征丰富，加之病理医生资源短缺，推动了病理大模型的加速发展。当前病理大模型的技术路径主要包括通用表征预训练、生成式多模态建模与多智能体协同，涌现出 Prov-GigaPath、CHIEF、UNI、GFPM、PathOrchestra、MUSK、CLOVER、PathChat、SmartPath-R1 与 SlideSeek 等成果，涵盖泛癌分类、罕见病诊断、标志物预测、报告生成、预后评估和治疗决策等任务。值得注意的是，哈佛大学团队开发的 PathChat DX 已获 FDA “突破性设备”认证，标志着该方向正逐步迈向受监管的临床转化阶段。然而，尽管病理数据体量可观，跨中心异质性、病种分布不均与高质量标注缺失，限制了模型的跨域泛化能力与适用边界。现有大模型未能充分建模病理诊断所依循的组织层级结构、病变演变逻辑及疾病发生机制，难以对齐病理医生的诊断链路和推理过程。同时，大模型风险量化缺失、推理

追溯受限与结论验证不足，既削弱临床信任与采纳意愿，也对患者安全构成潜在威胁。上述结构性瓶颈叠加，导致“规模扩张—临床转化”链路脱节。

## 二、病理大模型的构建逻辑与路径

病理诊断是一项多尺度、多模态、强因果约束的结构化推理任务，涵盖从组织形态解析、分子病理推断到临床报告生成的全链路决策。病理大模型的构建宜遵循“通专融合”原则，以跨病种可迁移的通用能力为基础，结合面向特定任务与临床场景的专业化适配机制，并通过双向反馈实现协同优化。通用性依托大规模、多中心、多模态病理数据，形成具备鲁棒性与广泛迁移性的能力，支撑跨疾病、跨任务的知识迁移与泛化；专业性则围绕特定场景与应用需求，在特征建模、算法设计、评测标准与交互流程等方面精确适配，并对通用能力施加结构化约束，以提升其在专病、专检、专用场景中的高效性、安全性与可控性。

## 三、病理大模型的发展前景

未来的病理大模型有望提升临床诊断效率与一致性，突破罕见病诊疗等复杂场景的决策瓶颈，并挖掘临床数据潜在规律，促进疾病机制解析与医学发现。为推动临床转化，应着力构建具备跨病种迁移能力的通用表征，建立覆盖多机构、多模态的验证体系，并引入伦理与临床反馈机制，形成可验证、可追溯、持续演化的可信架构，促进病理智能生态迭代与精准医疗落地。

# AI 驱动下多图谱融合的病理学智慧教学新范式构建与实效研究

刘学光 刘秀萍

复旦大学基础医学院病理学系，上海 200032

**【摘要】目的** 病理学作为连接基础与临床医学的桥梁学科，涵盖疾病的发病学、病理变化及转归，具有极强的临床实践性，知识体系庞杂。传统以教师为中心的讲授式教学面临两大核心挑战：学生理论学习与实践能力的脱节，以及难以满足学生个性化学习需求。针对以上教学痛点，我们试图借助人工智能（AI）技术探索病理学教学改革。**方法** 依托超星泛雅学习平台，我们坚持“以学为中心”的原则，分别构建了在传统分学科模式和整合课程模式下的病理学智慧课程系统。通过建设专业 AI 学习助手，并系统构建了知识图谱、问题图谱、能力图谱和思政图谱，深度融合了疾病的分

子机制、病理形态学特征、临床病理联系以及思政教育等多维度内容。**结果** 知识图谱、问题图谱和能力图谱的建设，实现了病理学知识体系的立体化、结构化呈现，显著增强了知识的关联性与系统性，有力促进了跨学科知识点的交叉融合。专业 AI 助手提供学习进度实时提醒，支持学生自主规划学习路径，有效实现了个性化学习与因材施教。教师可全程追踪每位学生的学习轨迹与成效，大幅提升了个性化指导与教学管理效率。思政图谱的应用显著提升了学生的专业素养和人文素养。连续四年的病理学考核成绩统计分析显示，学生平均分稳定上升，最高分与最低分之间的差距显著缩小，提示教学效果整体提升且学生个体差异得到改善。**结论** 本研究构建的 AI 赋能病理学教学模式，有效弥合了理论与实践的鸿沟，显著深化了学生对复杂病理概念的理解，并强化了其鉴别诊断思维能力的培养，为病理学教学改革提供了新思路。

### 一种模拟医生诊断逻辑的病理图像分析智能体构建方法

孙宇轩 斯乙轩 祝骋路 水逸益 杨林  
西湖大学/工学院，杭州 310030

**【摘要】目的** 当前病理大模型或基础模型在分析全视野切片 (WSI) 时，其决策过程透明性不足，无法模拟病理医生从全局到局部的动态阅片和分析思维，限制了临床应用价值。本研究旨在研发的创新病理大模型智能体 (CPathAgent) 构建方法，通过进行设计的大模型代理任务进行大模型指令学习，使其完成对高分辨率数字病理图像进行动态、可解释的分析，生成更详尽、更可靠的 WSI 诊断过程。**方法** 本研究核心是构建一个大模型对模拟病理医生诊断工作流的学习的三阶段过程：(1) 全局筛选与定位：模型首先在低分辨率下扫描 WSI 全局，自动识别并定位出具有诊断价值的大尺寸感兴趣区域 (ROI)；(2) 导航路径规划：针对筛选出的 ROI，模型自主规划一个包含不同空间坐标和放大倍率的动态观察路径；(3) 多尺度序列推理：模型沿规划路径，在不同放大倍率下观察多个视野，整合多尺度视觉信息，形成连贯的诊断推理链，并最终生成综合性诊断描述。为训练此模型，本研究构建了包含 27.8 万条指令的数据集 (CPathAgent-Instruct)。同时，为评测模型在关键区域的分析能力，我们构建了首个经三位资深病理医生验证的高分辨率大尺寸 ROI 图文问答基准数据集 (PathMMU-HR<sup>2</sup>)。**结果** 在涵盖图像块、大尺寸 ROI 和切片级三个维度基准测试中，CPathAgent

均表现出优越性能。在图像块级别的 PathMMU 基准上，模型准确率达 80.5%，显著优于现有通用及病理专用模型（GPT4.1、Qwen2.5VL、Gemini2.5pro、LLaVA-Med、Quilt-LLaVA 等）。在 PathMMU-HR<sup>2</sup> 基准上，准确率高达 88.6%，远超其他对比模型。在 WSI 分类任务上，CPathAgent 的平均准确率达到 82.8%，优于传统的 MIL 方法及主流多模态模型。病理专家的定性评估证实，CPathAgent 生成的导航路径和诊断逻辑符合临床实际。**结论** 本研究成功构建并验证了模拟病理医生诊断思维的智能体模型 CPathAgent。该模型通过动态导航与多尺度推理，不仅显著提升了病理图像分析的准确性，其透明且可追溯的诊断过程亦极大地增强了人工智能模型的可解释性。CPathAgent 为计算病理学的发展提供了一个富有前景的新范式，有望推动可信人工智能在临床辅助诊断中的深度应用。

## 大模型赋能的乳腺癌预后预测：病理报告文本与临床资料的融合应用

王旻<sup>1</sup> 温玉婷<sup>1</sup> 程琨<sup>2</sup> 陈自强<sup>3</sup>

1 西安市第九医院病理科，陕西西安，710054

2 西安市第九医院信息科，陕西西安，710054

3 上海复旦大学附属中山医院普通外科/胆道疾病中心，上海，200032

**【摘要】目的** 乳腺癌预后评估的精准性对个体化治疗方案制定至关重要。本研究旨在利用通义大模型处理大规模文本数据的能力，结合自然语言处理技术及深度学习模型，构建可准确预测乳腺癌患者预后的智能辅助系统，为乳腺癌风险评估和精准治疗提供可靠依据，提升临床决策智能化水平。**方法** 整合 TCGA 数据库中乳腺癌患者的临床资料与匹配的病理报告，利用通义大模型提取病理报告深层文本特征，并基于这些特征开发 Transformer-Cox 神经网络模型，用于乳腺癌患者预后预测。**结果** 基于通义大模型提取的病理报告文本 Embedding 特征，结合 Transformer-Cox 神经网络模型，在乳腺癌患者预后预测中表现出显著性能。K 折交叉验证中，模型平均 C-index 为 0.669，验证了其预测一致性和排序能力。时间依赖 ROC 曲线分析表明，模型在 12、36 和 60 个月的生存预测中保持较高准确性，AUC 值分别为 0.589、0.685 和 0.679，其中 36 个月时 AUC 达 0.687，表现突出。此外，Kaplan-Meier 生存曲线可清晰区分高风险组与低风险组患者，两组生存概率差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )，证实模型在患者风险分层中的有效性。**上述成果证明了通义大模型在医学文本特征提取**

**中的潜力。结论** 本研究成功构建了以通义大模型进行病理报告文本 Embedding 特征提取、结合 Transformer-Cox 神经网络的模型,实现了乳腺癌患者的有效预后预测。该模型挖掘了病理报告中丰富的非结构化信息,通过引入前沿大语言模型技术,为临床医生提供了强大的智能辅助工具。研究成果验证了大语言模型(尤其是通义大模型)在病理文本分析中的可行性与有效性,对乳腺癌个体化风险评估和治疗方案制定具有重要临床应用价值,也为病理人工智能的未来发展开辟了新研究方向。后续将进一步优化模型性能,探索其在实际临床环境中的验证与推广。

## 病理诊断模型在临床实践应用中的体会

宋慧敏 吴雯琤 夏存燕 雷婷 李青

常州市第一人民医院(苏州大学附属第三医院)病理科,常州 213003

**【摘要】目的** 随着数字病理与人工智能(artificial intelligence, AI)技术的快速发展,病理诊断的智慧化转型已成为趋势。本文基于常州市第一人民医院病理科 13 个月来数智化病理诊断模型在日常工作中的实践,探讨 AI 在病理诊断中的应用价值,评估其在提升诊断准确性、优化工作流程及推动科室转型方面的效果,并分析其在实际应用中存在的挑战,为同行提供参考。**方法** 引入数字化病理系统,包括数字化扫描设备、数字化阅片管理平台、AI 辅助诊断平台、智能报告系统及存储平台。结合 PathOrchestra 病理大模型对较为成熟的病理辅助诊断模块进行实践运用。构建四大数智化平台:数字病理阅片管理平台、智慧病理质控与辅诊平台、远程病理数智协同平台、智慧病理大模型标训平台,优化业务流程并推进数智化进程。同时,对医务人员进行培训,优化人机协作模式,对比分析 AI 辅助诊断与传统人工诊断在效率、准确率及一致性方面的差异,并总结实际应用中的问题,每周总结提升。**结果** 目前科室已建立 12 个 AI 辅助诊断模块,包括宫颈液基细胞学诊断、胃肠道内镜活检、前列腺穿刺、淋巴结转移癌以及乳腺癌免疫组化等 AI 辅助诊断。共扫描 50000 余张切片,其中,胃肠道内镜活检、前列腺穿刺活检及宫颈细胞学 AI 辅助诊断应用效果显著,初步形成“AI 初诊+医生复核”的标准化流程。总体上,数智化转型使工作流转效率提升 30%,切片质量水平提高 35%,显著优化了病理诊断的效率和准确性。但在实际工作中存在扫描仪设备标准化不足,数字切片结果受切片质量和扫描仪机械性能等因素影响;数字病理数据容量较大,数据存储成本较高;传统工作流程的改变导致部分

医生对 AI 诊断接受度较低，以及缺乏配套的收费政策支持，导致 AI 病理诊断系统高额的前期投入和运维成本等主要问题。**结论** AI 辅助诊断系统能够有效优化病理工作流程，提升诊断效率和质量。然而，实际应用中仍面临许多挑战，未来需进一步优化技术、完善标准并推动政策支持，以促进病理数智化的可持续发展。

## 基于 HE 全切片图像人工智能分析的乳腺癌标准化病理诊断报告系统构建与应用

黄劼 费晓春 阮森 竺倩

上海交通大学医学院附属瑞金医院病理科

**【摘要】目的** 探讨基于视觉大模型进行乳腺癌全视野数字病理图像 (WSI) 智能诊断的应用价值，构建人工智能驱动的病理可视化诊断平台及标准化报告自动生成系统，以提高乳腺癌病理诊断的准确性、标准化和工作效率。**方法** 本研究回顾性收集上海交通大学附属瑞金医院病理科 2023-2025 年间 2938 张乳腺切除标本的 WSI 图像及对应的规范化病理报告，按照 7:1:2 的比例划分为训练集、验证集和测试集。采用瑞金医院自主研发的 RuiPath 病理视觉基础模型 v1.0 (基于 Vision Transformer 架构) 作为视觉编码器；训练阶段，对 WSI 图像进行有效区域提取并分割为 224×224 像素的图像块输入模型；测试阶段评估模型在肿瘤检测 (有无)、组织学分型、Nottingham 分级 (核分裂像、腺管形成、核多形性) 及淋巴结转移等关键诊断任务中的性能，以 F1 score、ACC 值和 AUC 值为主要评价指标；最终开发具有审核功能的 Web 端可视化交互系统，实现从图像分析到报告生成的全流程自动化。**结果** 该病理可视化诊断系统在 WSI 级别的肿瘤检测任务中表现优异，可精准识别乳腺解剖结构 (乳头、基底、象限) 内有无肿瘤，提供肿瘤区域概率热力图及关键病理特征可视化标注，生成的标准化报告包含结构化诊断要素 (肿瘤大小、分型、分级、切缘状态、淋巴结转移等)，支持多维度交互式复核。**结论** 基于视觉大模型的人工智能辅助诊断系统能够高效整合 WSI 多尺度特征，实现乳腺癌病理诊断的自动化与标准化，显著提升诊断效率。本研究证实了该技术在辅助病理医师完成乳腺癌病理评估及报告生成中的临床应用潜力，为数字化病理的推广提供了新范式。未来需通过多中心前瞻性研究进一步验证其临床应用效能。

## 基于形态学先验知识引导和临床数据多模态融合的乳腺浸润性小叶癌智能诊断模型

刘淇<sup>1</sup> 刘畅<sup>2</sup> 刘月平<sup>2</sup>

<sup>1</sup>河北地质大学信息工程学院

<sup>2</sup>河北医科大学第四医院/河北省肿瘤医院病理科

**【摘要】目的** 本研究旨在搭建 PG-CIM (Pathology-Text Guided and Clinically Integrated Model) 智能诊断框架, 构建基于形态学描述引导的病理图像 (Whole Slide Images, WSI) 和基础临床数据融合模型, 以实现乳腺浸润性小叶癌 (ILC) 及亚型的精准诊断, 解决 ILC 病理诊断中观察者间一致性差的问题。**方法** 本研究纳入河北医科大学第四医院进行手术治疗的 1409 例乳腺癌患者, 共 2280 张 WSI, 其中 ILC 1173 张, 非特殊类型的乳腺浸润性癌-浸润性导管癌 (IDC) 1089 张, 引入 TCGA-BRCA 外部数据集 674 例患者, 包括 845 张 WSI, 其中 ILC 428 张, IDC 417 张, 纳入的临床因素包括年龄、肿瘤大小等, 以及 TILs、组织学分级等通过 WSI 直接判读的信息。采用病理专用预训练编码器提取 WSI 特征, 结合 MedSigLIP 跨模态模型筛选关键病理区域, 通过多实例学习框架与 FT-Transformers 分别建模图像与临床数据, 经逻辑回归加权融合输出结果。采用 5 折交叉验证评估模型稳健性, 以 AUC、F1 值等指标量化效能, 并通过注意力热图与 SHAP 值实现双维度可解释性分析。**结果** 本研究通过五折交叉验证评估了多编码器结合 Top-K 筛选及临床数据融合的 ILC 分型模型性能。(1) 基于 Virchow2 编码器、MedSigLIP 筛选 Top-0.05 关键区域及基础临床数据融合的模型表现最优: 在内部数据集的 ILC 与 IDC 鉴别中 AUC 达 0.9972, ILC 亚型分类中 AUC 达 0.9754, 外部数据集中灵敏度与特异度均衡优异; 该模型通过聚焦关键区域显著降低资源消耗, 在低计算成本下实现最优效能。(2) 模型有效改善 ILC 诊断一致性不足问题: 传统诊断中, ILC 观察者间一致率仅 65%~78%, 亚型诊断一致率 60%~75%, 影响诊疗精准性; 结合模型可解释性热图与特征权重后, 两类任务一致率分别提升至 92.1%和 90.3%, 其中 ILC 诊断灵敏度 0.93、特异度 0.94, 亚型诊断平均准确率 0.91。该模型仅依赖 WSI 及临床病理信息, 无需免疫组化检测, 节省时间与成本, 提升基层应用可行性。**结论** 本研究构建的 PG-CIM 框架通过形态学先验引导与多模态融合, 为临床医生提供了高精度、标准化的 ILC 诊断辅助工具。其优异诊断效能可减少主观判读差异, 可解释性结果助力医生把握关键诊断依据, 且不依赖免疫组化的设计便于基层应用, 为 ILC 精准诊疗与同质化诊断提供有力支撑。

## 基于人工智能整合病理形态及空间组学剖析免疫微环境并预测免疫治疗反应

杨明磊

郑州大学第一附属医院病理科

**【摘要】目的** 癌症免疫治疗 (CIT) 显著提高了部分肺鳞癌 (LUSC) 患者的生存率, 但仍有相当比例患者表现耐药。CIT 效果受肿瘤微环境 (TME)、年龄及性别等多重因素影响。数字病理图像包含丰富的 TME 信息, 如细胞形态与空间作用。系统整合 TME 与临床表型特征是提升 CIT 反应预测准确性的关键。本研究旨在利用人工智能整合病理图像与临床信息预测免疫治疗反应, 并结合空间转录组学探究相关分子与病理形态特征。**方法** 回顾性收集 600 例接受免疫治疗的 LUSC 患者病理图像、临床预后及表型多模态数据。基于临床可及数据, 本研究: ①采用多教师知识蒸馏策略, 集成多种病理大模型, 构建面向 CIT 反应预测的轻量级病理特征编码模型, 以提升泛化能力并降低计算成本; ②基于交叉注意力机制融合病理、分子及临床特征, 构建多模态预测模型解析 TME; ③结合空间及单细胞转录组分析, 识别关键分子与组织学特征, 增强模型可解释性。患者根据预后分为有反应与无反应两类, 按 7:3 比例划分训练集与测试集。病理图像切分为  $224 \times 224$  像素图块并标准化色彩空间, 利用知识蒸馏后的编码模型提取特征。将每张病理图像的所有图块特征作为输入, 构建基于自注意力机制的弱监督学习框架, 并整合临床特征预测免疫治疗反应。最终模型可定位预测价值较高的图块, 并结合空间转录组剖析其分子与空间组学特征。**结果** 构建了基于自注意力机制的病理图像弱监督预测模型, 在测试集上预测 CIT 反应的准确率达 73.3%, AUC 为 0.829。高自注意力得分区域分析显示, 这些区域富含淋巴细胞浸润。空间转录组结果进一步揭示了与免疫治疗反应相关的分子与空间特征。**结论** 本研究构建的深度学习网络可有效整合病理图像中的 TME 信息与临床表型信息预测免疫治疗反应, 并识别 TME 中对反应有预测价值的关键特征。结合空间转录组分析, 进一步揭示了免疫治疗反应的分子机制。

## METex14 跳突型 NSCLC 中 MDM2 基因扩增的空间分布特征

张昕雯 武莎斐 刘媛媛 张鸿曦 曾瑄

中国医学科学院 北京协和医院病理科, 北京 100730

**【摘要】目的** 作为一种高度异质性的疾病, 非小细胞肺癌经常表现出不同的组织病理学特征和遗传学改变。位于染色体 12q15 的肿瘤抑制基因 p53 的负调控因子-鼠双微体基因 2 (murine double minute 2, MDM2) 基因扩增 (在肺腺癌中占 11%~29%) 与肿瘤的侵袭性和较差的总生存率密切相关, 肺癌中 MDM2 基因扩增具有重要的价值。然而 MDM2 基因扩增在 METex14 跳跃突变型肺癌中的特征尚不清楚, 本研究旨在对此进行探索。**方法** 本研究针对存档的 38 例具有 MET 基因第 14 号外显子 (METex14) 跳跃突变的未经治疗的非小细胞肺癌 FFPE 标本进行 MDM2 基因状态分析。采用荧光原位杂交 (fluorescence in situ hybridization, FISH) 对 MDM2 (12q15) 扩增进行检测, 在 OLYMPUS BX51 荧光显微镜 (日本奥林巴斯公司) 及成像系统下判读结果、计数信号并采集图像。**结果** FISH 检测发现 14 例 MDM2 阳性样本 (36.8%, 14/38), 细胞平均 MDM2 阳性信号数为 5.78-17.28, 细胞平均 CEP12 信号数为 2.00-4.65, MDM2 阳性信号和 CEP12 信号比例为 2.63-7.12, 其中 8 例样本 (57.1%, 8/14) 呈局灶性扩增。因肺部组织标本特性, 除 1 例黏膜活检外, 其余肺组织活检和手术阳性样本中大部分阳性细胞均呈现紧靠导管和肺泡纤维成列排布的特点, 5 例样本 (35.7%, 5/14) 存在部分成团排布阳性细胞, 3 例样本 (21.4%, 3/14) 出现阴性细胞、阳性细胞镶嵌排布。细胞内阳性颗粒呈现分散独立和成簇两种特点, 仅具有分散独立阳性颗粒的样本为 5 例 (35.7%, 5/14)。**结论** 在数字化成像系统呈现的 MDM2 扩增样本 FISH 检测结果图像基础上, 对样本进行计数分析, 并提取阳性细胞的分布特征、阳性颗粒的分布特点, 这些数据均可作为输入变量纳入数据库。未来有望结合 AI 大模型, 通过大量临床样本训练, 让模型针对性捕捉临床数字化图像中的复杂特征, 从而实现 AI 大模型对 FISH 图像的辅助识别与信息总结, 有助于提升科研工作与临床工作的效率和一致性。

## 基于深度学习的浆膜腔积液 TIS 分类模型构建与应用

曾赛凡

福建医科大学附属第一医院病理科, 福州 350005

**【摘要】目的** 旨在构建基于深度学习的浆膜腔积液国际报告系统 TIS 五分类模型, 实现其多部位恶性筛查和标准化诊断提示。**方法** 构建了基于深度学习的 TIS 分类模型。通过分析 CEENet 模型输出与 TIS 分类标准, 构建全连接神经网络 (TIS Fully-Connected Network, TISFC), 并设计专用的 TISLoss 损失函数, 以提高分类准确性和减少不确定性类别。训练时将 WSI 分割成多个 Patch 输入 CEENet 模型预测, 得到每个 Patch 的预测概率值及 WSI 的预测标签。依据预测值将 Patch 划分为十个区间 (间隔为 0.1), 统计每个区间内 Patch 的数量并归一化, 得到十个元特征 (Meta-Features, F10), 作为 TISFC 的输入。优化策略采用 Adam 优化器, 初始学习率为 0.001, 批量大小为 64, 训练轮次为 20000, 并采用早停策略防止过拟合。**结果** 通过曼特检验 (Mantel Test), 模型提取的元特征与医师诊断结果具有显著相关性, 表明模型能够有效提取与 TIS 分类相关的特征。分析显示, AI 模型预测结果与 CB-WSI 良恶性金标准 (WSI Gold Standard, WSI-GS) 的相关系数为 0.9501, 略高病理学家筛查结果 (Pathologist Review, PR) 与 WSI-GS 的 0.9482。进一步分析 TIS 分类模型的预测结果 (AI)、PR 以及 WSI-GS 在各类别中的恶性肿瘤风险 (ROM), 发现 PR、AI 和 WSI-GS 在未查见恶性肿瘤 (NFM) 和恶性肿瘤 (MAL) 类别中的占比及 ROM 具有高度一致性。NFM 类别中, ROM 约为 28%; MAL 类别中, 占比为 35%~41%, ROM 均为 100%。对于 MAL 病例模型微调里扩展其恶性原发灶的来源分析, 其精确率达 91.5%; 对于意义不明的非典型 (AUS) 和可疑恶性 (SFM) 类别, PR 和 AI 的 ROM 显著升高且置信区间较宽, 继续 AUS 和 SFM 病例里 ICC 标定配准对齐核分割特征提取诊断, 分流精确率为 93.6%。**结论** 本研究构建的高效率及可解释性的 TIS-AI 分类系统, 对于 MAL 原发灶的来源分析, 以及 AUS 和 SFM 的精准分流, 均为首次构建的模型解读, 提高 TIS 诊断准确性和精准度的同时显著减少病理学家的工作量。

## GIST 核分裂象 AI 计数在临床病理诊断中的实践应用

阎萌<sup>1</sup> 刘文婷<sup>1</sup> 张昊<sup>1</sup> 雷哲<sup>1</sup> 杨林<sup>2</sup> 郭凌川<sup>1</sup>

1 苏州大学附属第一医院

2 西湖大学

**【摘要】目的** 核分裂象计数是胃肠间质瘤(GIST)病理诊断与风险分级的核心指标,其准确性直接影响临床治疗决策与患者预后评估。然而,传统人工计数依赖病理医生在高倍镜下逐视野观察,不仅耗时费力还存在主观性差异,此外 GIST 肿瘤组织中常混杂坏死区域或染色干扰物,进一步增加了人工计数的难度与漏检风险。本研究构建符合临床实际需求的 GIST 核分裂象 AI 计数系统,辅助病理医生提升诊断效率与准确性。**方法** 本研究构建基于深度学习的 GIST 核分裂象智能检测系统,采用三阶段级联式处理流程模拟病理医生诊断认知逻辑:第一阶段:将 40× GIST 全切片图像分解为数字显微视野单元,应用自适应组织区域分割算法精准识别肿瘤活性区域,自动排除无诊断价值背景区域。采用非线性颜色解卷积算法统一 HE 染色效果,消除批次差异及染色噪声干扰,生成尺寸标准化的图像块作为基础分析单元。第二阶段:采用双向特征金字塔的多尺度检测架构,构建难例样本挖掘机制,重点优化形态学相似细胞的分辨能力,提升模型对模糊/重叠细胞的泛化性能。基于本院病理专家标注的数据集明确核分裂象定量识别、疑似分裂象预警标注、非分裂细胞精确排除。第三阶段:开发聚合算法,整合所有视野块检测结果。构建网页端实时交互系统,病理医生可点击坐标跳转至可疑视野。部署不确定区域优先级排序算法,主动提示需复核的高风险区域。**结果** 本院 GIST 数据训练结果显示平均精度均值为 0.658、精准率 0.71、召回率 0.60。通过采用高精度切片训练后,模型平均精度均值提升至 0.707,精准率 0.71,召回率 0.673。搭建的人机协同标注平台可实现医生实时标注、复核及修正,修正结果自动回传训练系统形成闭环优化用于模型迭代。**结论** 基于苏大附一院病理科数据训练的 GIST 核分裂象 AI 计数系统可有效辅助病理诊断,具有较高的临床应用价值。通过持续纳入高质量数据,该模型性能可不断提升,为病理人工智能在临床诊断中的应用提供了可行路径。

## 基于 HE 切片人工智能预测乳腺癌激素受体表达

杨野梵

江苏省人民医院/南京医科大学第一附属医院

**【摘要】背景** 乳腺癌是全球女性最常见的恶性肿瘤和导致女性癌症相关死亡的重要原因。激素受体 (hormone receptor, HR) 状态, 由雌激素受体 (estrogen receptor, ER) 和孕激素受体 (progesterone receptor, PR) 的表达情况决定, 是乳腺癌亚型分类、预后评估及治疗决策的关键指标。免疫组化是检测乳腺癌 HR 的标准方法, 但其可靠性高度依赖于前处理条件、组织质量以及病理学专家的解读。由于取材及肿瘤异质性, 仅基于单个蜡块的检测往往难以准确反映整体 HR 状态。**方法** 为克服 IHC 检测的局限性, 本研究基于贝叶斯协同学习 (Bayesian Collaborative Learning, BCL) 框架, 开发了一种深度学习模型, 用于利用苏木精伊红 (HE) 染色的全切片图像 (whole-slide image, WSI) 预测 ER 和 PR 状态。该模型结合多实例学习 (multiple instance learning, MIL) 策略, 以解决弱标注数据及计算资源受限的问题, 实现了高效的特征提取与切片水平分类。同时引入了图块级分类器, 通过热图可视化增强了模型的可解释性。**结果** 本研究纳入 312 例女性浸润性导管癌患者的 HE 切片用于模型训练与验证。结果显示, ER 预测模型在训练集、验证集和测试集中的曲线下面积 (area under the curve, AUC) 分别为 0.969、0.953 和 0.923; PR 预测模型的 AUC 分别为 0.953、0.808 和 0.905。热图可视化结果提示模型注意力主要集中在浸润性肿瘤区。后续病理学分析表明, 腺管结构、肿瘤浸润淋巴细胞等特征更常与 HR 阳性相关, 而核分裂像和深染细胞核等特征更多见于 HR 阴性图块。**结论** 研究表明, 基于 HE 切片的人工智能模型在预测乳腺癌 HR 状态方面具有良好的可行性与稳健性。采用的 BCL 框架不仅实现了高精度分类, 还通过可视化提升了结果可解释性。该方法有望为临床诊断流程提供辅助, 尤其是在资源有限的医疗环境中。

## 人工智能辅助诊断系统在宫颈细胞学病变筛查中的临床应用

姜袁越 邓伟

昆山市中医医院病理科, 昆山 215300

**【摘要】背景** 浸润性宫颈癌需要漫长的发展过程, 早期发现局灶细胞病变对降低宫

颈癌的死亡率具有重大意义。宫颈液基细胞学检测是重要的宫颈癌筛查方法。传统巴氏染色效率低下，因此使用人工智能辅助诊断系统降低医师的工作强度、提高诊断的准确性迫在眉睫。**目的** 本文将结合国内外研究成果，从计算机辅助阅片系统（ThinPrep imaging system, TIS）、DNA 倍体定量分析技术等临床实践出发，分析人工智能在宫颈癌筛查和诊断中的应用现状，提出未来人工智能在宫颈癌筛查和诊断中面临的挑战，促进其早日推广应用。**方法** 以“人工智能、计算机辅助阅片系统、DNA 倍体定量技术”，联合“宫颈上皮内病变”为中文检索词，以“artificial intelligence; ThinPrep imaging system; DNA ploidy quantitative analysis techniques; cervical intraepithelial lesions”为英文检索词，分别检索万方数据、中国知网及 PubMed 数据库。检索时间为 2022 年 1 月至 2025 年 8 月，最后纳入 46 篇文献进行综述。**结果与结论** ①在宫颈癌筛查领域，人工智能的学习主要集中于图像分割、图像识别及分析；②人工智能与全视野数字图像的组合推动了促进数字病理学发展；③检测血清标志物及影像学检查也具有重要预测价值，但是目前相关研究仍不充分，且成本较高；④在应用前景方面，重点包括构建设备、图像处理及转换系统标准化平台，并培养具有多学科基础的医师。

## 人工智能技术在病理切片质控中的应用

杨妍 于国华

山东省烟台毓璜顶医院病理科，烟台 264000

**【摘要】目的** 病理诊断是临床诊断疾病的“金标准”，高质量的 HE 切片是病理诊断至关重要的基础和保证。传统病理切片质控依靠人工经验，人工质检因工作强度大、主观性强、易受视觉疲劳影响，常导致漏检和误检，同时还存在主观性强、效率低、标准不统一等问题，可能对某些疾病的确诊与治疗产生不利影响。数字病理学作为一门新兴学科，其核心技术全玻片组织学图像（Whole Slide Images, WSI）通过高分辨率扫描仪对组织切片进行全景数字化，结合多模态成像、人工智能和定量分析。本研究在 WSI 基础上利用人工智能技术对病理切片进行自动化、批量化、标准化处理，从而有效提高病理切片质量控制水平，提升病理诊断效率。**方法** 通过对 3 000 张 WSI（包含有各类伪影，如刀痕、折叠、气泡、染色等问题的）分析，

研发出数字病理切片质控 (Whole Slide Images Quality Control, WSIQC) 系统, 通过 WSI 数据库拓展使算法工程化, 实现对 WSI 图像病理切片组织中多类精准分割检测并自动计算 WSI 中伪影面积和与组织区域面积比得出评分, 可视化评判病理切片质量。**结果** WSIQC 技术实现了 3 大核心功能: (1) 可以对组织区域精准分割; (2) 对组织折叠、刀痕、气泡、染色等实现高精度分割检测; (3) 实现切片优良的自动化可视化评分。经测算, 传统人工质检方式通常需要 5~10 分钟/例 (含多倍镜检), 而采用 WSIQC 技术可实现 <1 分钟/例的检测速度, 根据评分直接得出切片优良率。**结论** WSIQC 技术高精度的质控评分, 显著提升质控效率与一致性, 并具备良好的可解释性和可视化能力。为病理切片质控工作提供了一个具备人工智能技术的数字化质控工具。该技术通过监测制片质量自动识别质控问题, 追踪和消除主要伪影源, 提升下游数字病理切片 AI 算法诊断可靠性, 同时为病理科标准化管理提供支持。推动病理诊断的精准化与高效化, 助力医疗机构实现更高质量的病理服务。

### 数字病理切片在临床病理科住院医师规范化培训中的教学实践

姚家美 张欣 葛晓雯 陈伶俐 刘亚岚 卢韶华 侯英勇

复旦大学附属中山医院病理科, 上海 200032

**【摘要】**住院医师规范化培训 (简称住培) 作为毕业后医学教育的组成部分, 以培养和提升住院医师临床诊疗能力为目标。本中心在临床病理科住培中创新应用数字病理切片技术, 构建了数字化教学模式。通过全切片扫描技术建立教学切片库, 实现教学资源永久存储与高效调阅。该平台突破传统玻璃切片的时空限制, 支持多院区同步教学、智能标注及人工智能辅助教学。在教学实践中, 住院医师可在终端完成预习、标注及实时互动, 学习主动性显著提升。考核体系依托数字切片实现规模化同步考试。实践表明, 数字化模式可以提升教学满意度和教学效率。尽管面临数据安全、存储压力和技术依赖等挑战, 数字病理切片通过融合音视频、人工智能等模块, 为后疫情时代远程教学常态化与区域教学资源共享提供了实践经验, 为病理学科数字化转型与智能教学生态建设奠定基础。本文从技术架构与教学模式两个维度, 系统解析数字病理切片在住培教学中的创新实践。

## 探讨病理技术在数字病理图像扫描中的质控价值研究

税雪

解放军陆军军医大学第一附属医院, 重庆 400038

**【摘要】目的** 探讨由技术因素致使数字切片图像扫描失败的原因, 对失败后的处理结果进行分析, 并提出一种高标准的数字玻片制备质量控制方案。**方法** 收集 2023 年 12 月至 2024 年 7 月乳腺病例的 HE 病理玻片, 以有/无人为监督扫描法设立分组方案, 两组进行切片扫描, 对两组扫描流程差异进行对比分析, 并计算各组扫描的合格率。对扫描失败的数字切片进行原因分析, 采用二次扫描方式予以纠正处理, 并创新性提出一种数字玻片制备质量控制方案。**结果** 乳腺组织数字切片扫描失败最主要的原因包括图像失焦与缺失, 盖玻片污染和组织褶皱。人为监督 WSI 的合格率较高, 各类 WSI 质量问题均有明显改善。**结论** 在开展数字切片扫描工作中, 严格执行图像前处理阶段质量控制, 有利于一次性获取成功的数字切片, 将推动技术层面助力数字病理的全流程发展。

## 借助数据仓储和分析技术提高术中快速病理诊断及时率

王雅杰 滕梁红

首都医科大学宣武医院病理科, 北京 100053

**【摘要】目的** 通过病理系统数据仓储及分析技术提高术中快速病理诊断及时率。**方法** 病理科与病理管理工程师合作设计了数据建模, 并开发了小体积、易于维护的数据 ETL (数据抽取、转换、加载) 工具。通过建立数据仓库, 提升了数据统计效率和准确性, 可以快速响应统计需求, 制作相应的表格、图表及下钻分析。**结果** 通过分析、拆分, 发现影响术中快速病理诊断及时率因素主要包括以下 4 个方面: 工作量 (送检例数, 送检块数, 多例同时送检, 单病例多部位取材)、技术环节 (制片耗时, 补取、深切等技术原因), 诊断环节 (疑难病例), 系统和设备问题 (系统卡顿, 设备故障)。在精准识别出本科室术中快速病理诊断及时率改进方向后, 有针对性地采取改进措施, 包括优化冰冻标本整体送检流程、提高取材及制片的优良率, 缩短诊断环节, 完善设备的应急预案。通过数据仓库和分析技术对相关数据长期进行监控, 促进

及时改进。整改后的 4 个月（2021 年 6 月 2 日至 2021 年 10 月）术中快速病理诊断平均及时率为 85.6%，相较改造前的 75.0% 上升 10%。一季度平均发布耗时 33.5 分钟，三季度为 28.6 分钟，提升了 5 分钟，平均耗时缩短近 15%，有效地缩短了术中快速诊断时间。并且在 2022-2024 年期间，通过数据实时监测及持续改进，一直保障术中快速病理诊断平均及时率均在 85% 以上，缩短了手术时间，减少患者的麻醉风险和术中并发症。**结论** 通过建立规则库和数据仓库，将管理思路固化为程序，帮助科室持续应用复杂而统一的管理标准。通过优化规则库和统计报表，可以迅速将管理思路转化为量化指标，实现了对科室管理能力的持续提升。

## 面向小样本全切片图像分类的双基础模型融合两级提示学习框架

董海川 王满宁 刘秀萍

复旦大学基础医学院病理学系，上海 200032

**【摘要】**小样本弱监督全切片图像分类的出现为计算病理学中的癌症诊断提供了一种关键解决方案，可应对如专家注释稀缺、罕见疾病数据不足、患者隐私限制等数据层面的根本限制。在计算病理学领域，尽管当前已出现强大的病理学基础模型，但在上述资源受限场景中，其潜力仍未被充分挖掘。本文旨在整合基础模型（如 Conch、UNI）的强大表示能力与大语言模型的病理学先验知识，构建小样本病理图像学习框架，以有效利用文本与视觉先验知识，提升小样本场景下的病理图像的诊断性能。具体来说，本文提出面向小样本全切片图像分类的双基础模型融合两级提示学习框架。在提示设计层面，采用包级别与实例级别的静态提示与可学习提示组合，以指导预训练模型激活相关知识并促进关键病理模式识别；在模型架构层面，通过双分支设计充分发挥多模态与纯视觉基础模型的性能：视觉原型分支利用 UNI 模型提取图像视觉特征，与可学习视觉原型构建的“标准模板”计算相似度；跨模态对齐分支利用实例级文本描述建立语义桥梁，与实例级图像均经 Conch 模型提取特征并计算相似度。通过双分支互补验证以增强实例判别鲁棒性，降低单一模态误判风险。同时，框架通过冻结预训练模型避免小样本训练中的过拟合，并减少训练成本，实现实例级预测的同时合成包级别特征，完成鲁棒的包级别预测。实验结果显示，该方法在 CAMELYON16 乳腺癌淋巴结转移任务中表现优异：16-shot 场景下，包级别分类 AUC 达 0.983，实例级别分类

AUC 达 0.992, 8-shot 场景下, 包级别分类 AUC 达 0.97, 实例级别分类 AUC 达 0.991, 4-shot 场景下, 包级别分类 AUC 达 0.835, 实例级别分类 AUC 达 0.973, 显著优于现有小样本学习方法。综上所述, 本文提出的面向小样本全切片图像分类的双基础模型融合两级提示学习框架, 通过有效整合基础模型的跨模态与视觉先验知识, 成功缓解了病理小样本场景下的数据限制。实验结果证实了其在小样本病理图像分析中的有效性与优越性, 为癌症诊断提供了可靠的技术方案。

## 基于人工智能的肺癌病理切片分析方法及系统的研发与应用

马骏 苏可信 陈伟 陈韵泽 叶克鑫 刘毓坤 黄浩

温州医科大学附属第一医院

**【摘要】目的** 针对传统肺癌病理切片人工诊断中存在的效率低(单张耗时 15-30 分钟)、一致性差(不同医师诊断符合率仅 60%~80%)、量化不足等问题, 提出一种基于人工智能的分析方法及系统, 旨在提升肺癌病理诊断的准确性、效率及客观性, 为临床大规模筛查提供技术支持。**方法** 采集肺癌病理切片图像后, 经全切片扫描仪预处理使其符合数字病理参数标准; 采用比尔-朗伯转换法与稀疏矩阵分解法进行 RGB 图像颜色归一化, 消除染色差异干扰; 通过 DPU-Net 网络编码器提取特征, 结合细胞核分割分支与距离图分支联合分割细胞核(精准识别单个及重叠、接触细胞核轮廓), 并基于细胞核形态特征初步分类为正常切片组和疑似非正常切片组(裁剪为重叠率 50% 的小斑块); 将正常切片组小斑块输入多尺度特征融合网络在线学习, 更新分析模型; 最终以疑似组的细胞核聚集区域及细胞级形态学特征为输入, 通过带特征解耦通路的卷积神经网络完成分类, 结合 Grad-CAM 技术生成病理热点图。**结果** 该方法通过多尺度特征融合与在线学习优化模型, 显著提升细胞核分割精度(尤其重叠细胞边界识别)和分类准确性; 初步分类中, 以“非正常细胞核占比<5%”为阈值, 可高效筛选疑似病例; 最终分类结合 Grad-CAM 可视化, 实现病变区域精准定位, 解决了人工诊断中量化困难、主观偏差大的问题。**结论** 本系统通过 AI 技术实现肺癌病理切片的自动化分析, 不仅大幅提升诊断效率(减少人工耗时)和一致性, 还能通过热点图直观呈现病变特征, 为基层医院及资源匮乏地区的肺癌筛查提供可靠工具, 推动数字病理与人工智能在临床诊断中的深度应用。

## 智能宫颈 CerviAI 在宫颈液基薄层细胞学检查中的应用价值研究

马骏 苏可信 陈伟 陈韵泽 叶克鑫 刘毓坤 黄浩

温州医科大学附属第一医院

**【摘要】目的** 针对宫颈癌筛查中医疗资源分配不均、诊断效率低、误诊漏诊率较高等问题,验证人工智能(AI)辅助判读技术在宫颈液基薄层细胞学检查中的应用价值,探索其在病理医疗领域的实践可行性,以提升筛查准确性、效率及覆盖率,保障女性健康。**方法** 选取 2023 年 2 月至 11 月 MDE-LAB 公共数据库中 1500 例宫颈液基薄层细胞涂片样本(膜式制片 843 例、沉降式制片 657 例),以 TBS2014 分级系统为诊断标准。采用 YOLOv8 算法定位并识别病变细胞,结合卷积神经网络(CNN)提取细胞图像特征,通过支持向量机(SVM)完成病例级判读;利用混淆矩阵、t-SNE 方法分析细胞特征关联性,以灵敏度、特异度、准确率为评价指标,与病理医师人工阅片结果对比。**结果** AI 辅助判读平均耗时 58 秒/张,显著短于病理医师单独阅片的 70 秒;其灵敏度达 92.83%、特异度 98.56%、准确率 97.33%,综合性能优于单独 AI 阅片或病理医师阅片。细分制片方式后,膜式制片下 AI 辅助阅片灵敏度 96.13%、特异度 98.19%、准确率 97.75%;沉降式制片下分别为 88.57%、99.03%、96.80%,均表现优异。**结论** AI 辅助判读技术(YOLOv8+CNN+SVM 联合算法)可有效提升宫颈液基薄层细胞学检查的效率与准确性,尤其在基层及医疗资源匮乏地区具有显著应用价值,为缓解资源不均、推动宫颈癌早期筛查普及及数字医疗发展提供可行方案。

## 游戏化教学 AI 赋能留学生创新创业教育的实践与探索

马骏 苏可信 陈伟 陈韵泽 叶克鑫 刘毓坤 黄浩

温州医科大学附属第一医院

**【摘要】目的** 本课题旨在通过融合游戏化教学与人工智能技术,提升来华医学留学生在医学 AI、创新创业及科普传播领域的综合能力,解决当前创新创业教育中理论与实践脱节、技术赋能不足、学生参与动力弱等问题,培养具备全球竞争力的复合型医学人才,助力国际化医学教育。**方法** 采用模块化课程设计,围绕游戏化教学与 AI 智能学习系统、医学 AI 技术应用(含数字病理 AI 工具教学实践)、创新创业与商业模

式设计等六大核心主题，结合多元化教学方法。通过游戏化机制（积分、虚拟角色扮演）增强趣味性；利用 AI 智能导师、互动问答系统实现个性化学习；通过案例分析、项目驱动（如数字病理 AI 科普短视频制作、创业计划书撰写）、翻转课堂及跨文化团队协作强化实践；联动产学研资源，引入伦理模拟与人文叙事工作坊，平衡技术与伦理教育，总学时 36 学时，计 2 学分。**结果** 依托温州医科大学成熟的留学生教育体系（首批临床医学全英文授课资质、国际认证通过），前期已取得一定成果：留学生在创新创业竞赛中获国赛 3 金 1 银 5 铜，发表多篇高影响因子 SCI 论文，教师团队具备 AI 医学应用研究、跨文化教学及科普传播经验。课题实施后，预计学生创业项目孵化率提升 30%，AI 科普作品传播量增长 50%，形成系统教学方案并产出相关教学成果。**结论**：本课题通过游戏化与 AI 技术融合、产学研协同育人，构建了创新型医学留学生创新创业教育模式。该模式为解决现有教育痛点提供了可行路径，推动了医学教育与新兴技术的深度结合，有助于培养兼具技术能力、人文素养与国际视野的人才，为全球医疗健康领域发展及“健康中国”战略实施提供支持。

### 构建多组学数据融合模型预测胃癌化疗后病理反应：一项多中心研究

宋瑶琳 刘顺利 刘胤伯 邢晓明

青岛大学附属医院，青岛 266075

**【摘要】背景** 准确预测胃癌患者术前化疗后的病理反应有助于识别对化疗真正敏感的患者群体，实现个性化精准诊疗。本研究旨在开发并验证一个基于胃癌术前增强 CT 图像和活检病理 HE 染色图像构建的多组学数据深度学习模型，用于预测胃癌术前化疗后的肿瘤退缩分级（TRG 分级）。**方法** 我们回顾性招募了 363 例在 2015 年 1 月至 2023 年 12 月于青岛大学附属医院、青岛市市立医院、康复大学中心医院进行术前化疗并接受手术切除的胃癌病例。经过严格的纳排标准，最终入组 168 例胃癌，分为 1 个训练队列、1 个内部验证队列和 2 个外部验证队列。所有患者均接受术前增强 CT 扫描和胃镜活检，并有完整、系统的临床诊疗信息。我们采用弱监督学习（SimCLR）方法从增强 CT 图像和 WSI 图像中提取组学特征，并在 DSMIL 网络架构的基础上设计了一种基于交叉注意力的新型双流多实例、多模态学习框架，可直接输出二分类预测结果。模型性能通过以下指标进行评估：曲线下面积（AUC）、准确率（ACC）、受试者

工作特征曲线 (ROC)、灵敏度 (Sens)、特异性 (Spec)、阳性预测值 (PPV) 和阴性预测值 (NPV)。**结果** 我们分别基于影像组学特征和病理组学特征构建了两个单模态预测模型—影像组学模型和病理组学模型, 以及一个双模态融合模型—影像病理组学模型 (RPM)。结果发现, 融合模型 RPM 在多中心队列中具有良好的分类和预测能力, 在训练队列 (AUC 0.843)、内部验证队列 1 (AUC 0.776)、外部验证队列 2 (AUC 0.800) 和验证队列 3 (AUC 0.833) 中表现优异, 可准确预测胃癌化疗后 TRG 分级。此外, 在验证队列 2 中, 融合模型 RPM 的预测性能 (AUC 值 0.800) 显著优于影像组学模型、病理组学模型 (AUC 值分别为 0.733 和 0.667), 说明融合组学模型较单组学模型性能更佳。**结论** 我们构建的融合模型 RPM 能够有效、准确地预测胃癌化疗后的病理反应, 在多中心研究队列中具有稳健的预测性能。进一步经过多中心、大样本研究验证后, 该模型有望成为胃癌个体化精准治疗的辅助工具。

## 人工智能模型在尿细胞学诊断的应用

陈岚<sup>1</sup> 曹心怡<sup>2</sup> 刘龙腾<sup>1</sup> 孙铭君<sup>1</sup> 张伟<sup>1</sup>

<sup>1</sup>北京医院病理科 国家老年医学中心 中国医学科学院老年医学研究

<sup>2</sup>杭州智微信息科技有限公司

**【摘要】目的** 尿细胞学作为无创检测手段, 在尿路上皮癌的诊断与复发监测中发挥重要作用。本研究旨在以组织病理学为金标准, 系统评估尿细胞学在尿路上皮癌诊断中的临床应用价值, 并研究人工智能 (AI) 模型在辅助尿细胞学诊断中的潜力, 分析其在识别恶性病变及提升诊断效率方面的性能。**方法** 本研究为回顾性分析, 纳入 2024 年 6 月至 2025 年 6 月北京医院的尿细胞学检查病例 328 例, 其中 157 例有组织病理学随访结果, 细胞学诊断依据《巴黎报告系统》进行分类。以组织病理学为金标准, 对比细胞学诊断与组织学结果, 计算敏感性、特异性、阳性预测值、阴性预测值等指标。采用卷积神经网络建立尿细胞学图像 AI 模型, 对上述标本进行自动分类预测, 并将模型结果与人工细胞学诊断及组织病理结果对照, 评估 AI 模型的分类准确率和诊断性能。**结果** 组织病理学随访显示, 细胞学诊断为高级别尿路上皮癌 (HGUC) 或可疑高级别尿路上皮癌 (SHGUC) 的恶性风险度 (ROM) 为 100%, 非典型尿路上皮细胞 (AUC) 为 85.71%, 阴性仅 0.70%。以组织学为金标准, 细胞学以 HGUC 视为阳性时

诊断恶性 肿瘤的敏感性为 57.75%、特异性 100%；将阳性阈值放宽至包含 SHGUC 时敏感性升至 76.75%、特异性仍为 100%；细胞学提示低级别尿路上皮癌 (LGUC) 的特异性高达 98.64%。以人工细胞学诊断为参照，研究的 AI 模型在细胞学多分类诊断中，对高级别尿路上皮癌阴性 (NHGUC) 和高级别尿路上皮癌的敏感性分别为 83.92% 和 79.37%；特异性分别为 81.62% 和 82.67%。以组织学为参照，AI 模型诊断 NHGUC 的 ROM 为 14.58%，AUC 为 63.64%，SHGUC+ (包括 SHGUC 和 HGUC) 为 83.04%；AI 模型提示 SHGUC+ 诊断恶性肿瘤的敏感性为 66.90%、特异性 88.44%、准确率 77.85%。**结论** 人工尿细胞学诊断对高级别尿路上皮癌具有很高的特异性和阳性预测值，但对低级别病变敏感性低、特异性高。AI 辅助诊断可在保持高特异性的同时提高恶性肿瘤总体检出率，并有助于快速排除大多数阴性标本，提升筛查效率。目前 AI 对非典型病例的识别仍有局限，尚无法替代病理医生的判断，但作为辅助工具具有良好应用前景，可提高临床诊断准确性和效率。

## 基于深度学习的甲状腺细胞学分类及 BRAF V600E 预测的模型研究

郝兰香<sup>1</sup> 曾赛凡<sup>2</sup>

1 厦门大学附属中山医院病理科

2 福建医科大学附属第一医院病理科

**【摘要】目的** 构建融合自研细胞学大模型 KFD 与多实例学习 (Multiple Instance Learning, MIL) 机制的深度学习模型，实现对超声引导下细针穿刺 (fine needle aspiration, FNA) 甲状腺细胞学图像的智能诊断分级及 BRAF V600E 基因突变状态预测。依托省域多中心合作，我们已构建近 7000 例的甲状腺细胞学数字病理图像数据库，为模型训练与验证提供高质量数据基础。**方法** 本研究纳入厦门大学附属中山医院 2023—2025 年期间收集的 4925 张巴氏染色甲状腺细胞学液基玻片，以及福建医科大学附属第一医院 2023—2025 年采集的 2876 张 HE 染色甲状腺细胞液基玻片，并配套获取相应的细胞学诊断分级与 BRAF V600E 基因检测结果。以巴氏染色切片作为训练/测试集，HE 染色切片作为独立验证集。预测目标：(i) 三分类任务：将 Bethesda I—II 合并为一类、III—IV 为一类、V—VI 为一类；并在 III—IV 类上增设 A/B/C 亚型分类头；(ii) 二分类任务：BRAF V600E 突变预测；其中 (i) (ii) 分类头共享权重，

以促进表征迁移与任务协同。模型与学习策略：基于江丰自有 20 万张细胞学图像，使用 DINOv2 自监督学习对大模型 KFD 的 Backbone 进行预训练，对玻片进行滑窗取 patch，以 KFD 作为 patch 特征提取器；在此基础上，采用基于注意力机制的 ABMIL 实现切片级诊断/基因突变的续贯弱监督学习，并通过注意力热图与关键 patch 归因增强可解释性。全流程采用五折交叉验证，以准确率 (ACC)、灵敏度 (SE)、特异度 (SP)、F1 分数与受试者工作特征曲线下面积 (AUC) 评估性能。**结果** 在测试集中，诊断分类与 BRAF V600E 预测的 ACC 为 0.856, SE 为 0.858, SP 为 0.860, F1 为 0.851, AUC 为 0.863 (95% CI: 0.8295 - 0.9117)。在 HE 染色的独立验证集中，模型表现稳定，ACC 为 0.826, SE 为 0.823, SP 为 0.809, F1 为 0.831, AUC 为 0.847 (95% CI: 0.8295 - 0.9117)。**结论** 依托省域多中心、近 7000 例以上的甲状腺细胞学数据库与自研 KFD 大模型，结合续贯弱监督的 ABMIL 策略，本研究在细胞形态学分级与 BRAF V600E 突变预测方面取得了高效、精准且具备可解释性的效果。该模型能够在细胞级别整合形态学和分子学线索，对非典型 (Bethesda III) 病变具有分流潜力，更贴近临床路径，具有较高的应用与推广价值。

## AI 辅助前列腺穿刺病理诊断及切片质量评估中的应用

夏存燕 彭妍 雷婷 李青

常州市第一人民医院 (苏州大学附属第三医院) 病理科, 常州 213003

**【摘要】目的** 观察人工智能 (Artificial intelligence AI) 在前列腺穿刺活检病理诊断中的作用并同步进行 AI 组织切片质量评估，对前列腺癌 AI 实践应用进行总结分析。**方法** 对常州市第一人民医院 (苏州大学附属第三医院) 病理科 2025 年 3 月至 2025 年 7 月 5478 张前列腺穿刺活检石蜡切片通过数字扫描，应用 AI 辅助病理诊断系统阅片，与人工诊断比对，观察其诊断敏感性与特异性，同时对数字扫描切片进行质控评分，提升制片质量。**结果** AI 诊断在前列腺穿刺组织中敏感性 98%，特异性 94%。质控评分甲级片 5145 张，乙级片 329 张，丙级片 4 张，扣分项以制片不完整、皱褶为主，出现率达 94.5%；其次是制片污染，出现率达 3%；玻片中气泡出现率达 2.5%。**结论** 前列腺癌 (Prostate cancer, PCa) 是全球男性中最常见的癌症之一，其发病率在全球男性肿瘤中位居第二，我国多数患者初诊时已处于中晚期，

导致其总体预后远差于西方发达国家，因此对高危人群进行早期筛查、早期诊断是提高总生存率的有效率手段。前列腺穿刺活检是术前确诊前列腺癌的金标准，目前每位患者穿刺样本 12 条以上不等，制片、诊断耗费大量的人力，AI 辅助前列腺穿刺组织病理诊断敏感性高，特异性强，人工阅片复核病灶检出率一致性良好，在缩短诊断时间、避免诊断漏诊方面具有明显的优势。AI 不仅能够高效分析切片图像辅助诊断，而且数字切片能够在计算机屏幕上进行放大、旋转和精确对比，方便病理学家进行远程会诊、存档和共享。病理石蜡组织切片质量是护航 AI 诊断的基础，制片平整度、染色、切片厚度、无污染、无气泡溢胶等均是 AI 高质量诊断的前提。病理学结合 AI 的应用，不仅提升诊断能力，在切片质量控制中也发挥着高效、便捷、便于分析统计等优点，随着 AI 技术在前列腺活检样本中的应用，促使科室切片质量不断得以提升，科内诊断更加精准、快速，科室目前已推行多种疾病的 AI 病理诊断、会诊、质控建设，在建设中不断发现问题，提升 AI 模型的精准度，经过近一年实践，数字化和智能化发展得以大幅提升，前列腺癌中的 AI 运用越来越成为诊断组、技术组不可或缺的辅助工具。

### 基于人工智能的实时显微镜病理辅助诊断系统

丁利雅

浙江大学医学院附属邵逸夫医院，杭州 310009

**【摘要】目的** 癌症诊断通常依赖病理学家通过显微镜观察组织切片，识别异常细胞或组织结构完成诊断。这一过程高度依赖专业知识，存在主观性、时间消耗大以及诊断一致性不足等问题。在资源有限的地区，病理学家的短缺进一步限制了诊断效率和准确性。随着人工智能（AI）和深度学习技术的发展，计算机辅助诊断（CAD）系统逐渐被应用于病理学，以提高诊断的准确性和效率。然而，传统的 CAD 系统通常需要将组织切片数字化后进行分析，这高度依赖扫描仪、GPU、存储等硬件设备，增加了工作流程的复杂性，并可能延迟诊断结果。本研究将显微视频流与全切片成像（WSI）分别构建 AI 辅助诊断模型进行比较，为优化 AI 驱动的辅助诊断提供新的见解。**方法** 我们收集了 6 种类型的结肠镜活检样本，包括正常结肠黏膜、炎性息肉、增生性息肉、无蒂锯齿状腺瘤（SSA）、管状腺瘤和腺癌，共计 609 份样本。使用数字切片扫描仪扫

描 WSI，并使用 CCD 记录病理学家阅读过程的显微视频流。我们基于 WSI 和显微视频流构建了深度学习模型，并比较了不同模型的结果。**结果** 基于 WSI 的六类分类模型的准确率为 0.846，而基于显微视频流的模型的准确率为 0.867。我们还预测了结直肠癌的错配修复（MMR）状态，WSI 模型的 AUC 为 0.992，显微视频流模型的 AUC 为 0.979。**结论** WSI 和显微视频流在肠活检分类任务和腺癌 MMR 预测任务中的表现相当。因此，WSI 和显微视频流均可有效用于肠活检分类和腺癌 MMR 预测，并在这些诊断任务中提供可靠的性能。实时显微镜辅助诊断系统将图像处理技术和 AI 实时分析结合，突破了传统病理诊断的局限性。相比需要扫描的数字病理工作流程，实时显微镜辅助诊断系统实时提供 AI 推理结果，显著减少了诊断时间和工作流程的复杂性。

### 不同组织学类型乳腺癌 Ki67 全自动与半自动评估的可重复性研究

江亚 杨举伦 徐文滢 高自然 王媛媛

解放军联勤保障部队第九二〇医院病理科，昆明 650500

**【摘要】目的** Ki-67 在乳腺癌的分子分型中起着至关重要的作用，是乳腺癌患者是否接受细胞毒治疗及其预后判断的重要指标。虽然 2021 年国际乳腺癌 Ki-67 工作组推荐 Ki-67 免疫组化染色评估方法，但由于其使用上较为繁琐，对不同乳腺癌组织类型是否适用仍需要进一步被证实。本课题组在前期研究中建立了一种新的 Ki-67 评估方法，可进行全自动软件分析及半自动判读法。本文使用该方法对不同类型乳腺癌进行全自动与半自动判读，通过统计学分析将两种不同的判读方法进行总结与推荐。**方法** 选取 2021-2024 年的乳腺癌病例，浸润性导管癌、浸润性小叶癌、化生性癌各 15 例，组织学诺丁汉分级 I 级、II 级、III 级各 17 例。采用统一标准的免疫组化染色方法进行 Ki-67 染色并扫描成数字病理切片。由 3 位不同年资病理医师使用半自动和全自动软件分别进行判读，采用 SPSS 软件分析三位医生使用半自动软件对全部病例判读的组内相关系数（ICC），同时 3 位医生判读的平均值与全自动方法进行对比并分析判读的一致性。**结果** 3 位医生采用半自动方法判读诺丁汉分级为 I 级的 ICC 值为 0.968，II 级的 ICC 值为 0.967，III 级的 ICC 值为 0.942。判读浸润性导管癌的 ICC 值为 0.942，浸润性小叶癌的 ICC 值为 0.969，化生性癌的 ICC 值为 0.907。3 位医生采用半自动判读的平均值与全自动方法判读诺丁汉分级为 I 级的 ICC 值为 0.935，II 级

的 ICC 值为 0.934, III 级的 ICC 值为 0.979。判读浸润性导管癌的 ICC 值为 0.940, 浸润性小叶癌的 ICC 值为 0.934, 化生性癌的 ICC 值为 0.962。**结论** 我们建立的半自动和全自动 Ki67 判读方法在统计学上显示较好的可重复性。在不同组织学类型的乳腺癌和不同的诺丁汉分级中, 半自动和全自动都具有很好的一致性 ( $ICC > 0.8$ ); 在诺丁汉分级 III 级的乳腺癌中, 全自动判读的 ICC 值高于半自动。

## 人工智能辅助诊断在宫颈液基细胞学筛查中的应用体会

李婷<sup>1</sup> 李青<sup>2</sup> 强贤<sup>1</sup> 王海珍<sup>1</sup>

1 常州市妇幼保健院病理科, 常州 213000

2 常州市第一人民医院病理科, 常州 213000

**【摘要】目的** 探讨人工智能 (AI) 辅助诊断在宫颈液基细胞学筛查中的应用价值。**方法** 收集常州市妇幼保健院 2024 年 1 月至 2025 年 8 月常州市宫颈癌筛查中的 97201 例宫颈细胞学样本, 液基薄层细胞学制片后将玻片利用扫描仪进行数字化呈现, 采用人工智能辅助诊断进行识别及分析, 以 2022 版宫颈细胞学 TBS 报告分类系统为评判标准, 给出具体的诊断。将非典型宫颈鳞状上皮细胞/腺上皮及以上级别作为阳性标准。评估人工智能辅助诊断以及人工阅片方式在宫颈细胞学筛查的敏感度及特异度, 分析两种阅片方式筛查的敏感度、特异度、假阴性率及假阳性率。**结果** 人工智能 (AI) 辅助诊断在本次大规模人群宫颈癌筛查中的成功率为 99.91% (97114/97201)。人工智能 (AI) 辅助诊断与人工阅片相比, 在 NILM、ASCUS、ASCUS-H、LISL、HSIL、SCC、腺上皮异常的诊断一致率分别为 98.99% (8913/9004)、84.32% (3751/4449)、87.58% (213/244)、80.58% (1282/1591)、97.06% (324/334)、100% (6/6)、68.59% (142/207), 二者一致性较好 ( $Kappa$  系数  $> 0.800$ )。人工智能 (AI) 辅助诊断在宫颈癌筛查中的灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 94.51%、99.10%、87.42%、99.63%, 作为宫颈癌筛查工具效果较好。**结论** 人工智能 (AI) 辅助诊断在宫颈癌筛查中与人工阅片的一致性良好, AI 辅助诊断协同人工复核可有效提高宫颈液基细胞学筛查的敏感性和特异性, 降低漏诊风险, 极大的提高了阅片效率, 在面对大规模人群筛查中, 人工智能辅助诊断系统联合人工复核将阅片效率提高了 3~6 倍, 在工作效率提升上具有显著的优势。

## 基于组织学图像的人工智能预测模型在病理诊断中的应用进展

吴海波

中国科学技术大学附属第一医院（安徽省立医院）临床病理中心，合肥 230036

**【摘要】目的** 随着数字化切片扫描技术的快速发展，全切片数字化图像（whole slide image, WSI）在病理诊断中的应用日益广泛。人工智能（artificial intelligence, AI），尤其是深度学习技术，能够高效处理 WSI 数据，辅助病理诊断。本文旨在综述基于组织学图像的 AI 预测模型在病理诊断中的应用进展。**方法** 本文回顾了病理数字化与智能化的背景，介绍了适用于组织学图像分析的多种 AI 深度学习算法，重点阐述了 AI 预测模型在病理诊断中的应用，并总结了常用的模型可解释性方法及当前面临的主要挑战。**结果** 基于组织学图像的 AI 深度学习算法主要涵盖多实例学习、自监督学习和多模态学习。其中，多实例学习适用于弱监督学习场景，有效克服了数据量庞大及计算复杂度高难题；自监督学习减少了对人工标注数据的依赖，增强了模型的泛化能力；多模态学习通过整合基因组学、影像学和临床数据等信息，提升了预测的准确性。AI 预测模型在病理诊断中展现出广阔的应用潜力，主要包括肿瘤基因改变预测：如微卫星不稳定性（MSI）、EGFR 突变；关键蛋白表达预测：如 PD-L1、HER-2 及 ER/PR 表达预测；预后评估与治疗反应预测，通过组织学图像预测患者生存期及药物敏感性，为患者提供更直接的个体化治疗指导。常用的可解释方法主要有可视化技术、特征重要性分析、多模态融合解释等，有效提升了模型决策的透明度和预测的可信度。尽管取得显著进展，AI 模型仍面临数据标准化不足、临床应用受限及伦理监管等挑战。**结论** 基于组织学图像的 AI 预测模型已在病理诊断领域取得重要进展，为肿瘤精准诊疗提供了强有力的技术支持。未来全临床应用仍需解决数据质量、算法可解释性及伦理监管等问题。随着技术不断创新，AI 有望成为病理诊断中不可或缺的辅助工具，助力病理学家实现更加高效、精准的诊断决策。

## 基于多模态数据的肾透明细胞癌新分型辅助诊断模型构建

孙庆荣 胡贤良 项汝鑫 钟卫祥 周杰 来茂德 滕晓东 来翀

浙江树人学院 浙江大学 浙江大学医学院附属第一医院

**【摘要】目的** 肾透明细胞癌（KIRC）是肾细胞癌中最常见的病理亚型，占比约 80%，其预后较乳头状及嫌色细胞肾细胞癌差，且分子与形态学异质性显著，涉及组织学特征、分子组学、肿瘤微环境及影像特征等多层面差异。因此，融合数字病理与多组学信息的新型分型体系，结合临床预后，有望提升 KIRC 的精准诊断与个体化治疗价值。**方法** 本研究整合多中心、多模态数据，包括浙江大学医学院附属第一医院 500 例 KIRC 数字病理及影像组学数据、TCGA 数据库 408 例经质控筛选的 KIRC 多组学与数字病理数据，以及浙江大学医学院附属邵逸夫医院 100 例数字病理数据，为构建高鲁棒性融合模型奠定基础。方法上，首先基于 PUNet 框架（EfficientNet-B7 编码器+反卷积 CNN 解码器）提取数字病理图像多尺度特征，构建病理驱动分型模型；其次利用相似性网络融合（SNF）算法，将转录组、蛋白质组及 microRNA 组学信息整合，构建多组学驱动分型模型；再将两者进行多模态融合，形成综合分型体系。为优化模型性能，引入 DINOv2 大模型对多中心病理特征进行统一编码，减少批效应，并结合 Transformer 自注意力机制构建新亚型辅助诊断模型，实现更高效的特征交互与全局信息捕捉。**结果** 本研究将 KIRC 划分为 3 个分子与形态学差异显著的亚型，并在临床预后、分子通路及免疫微环境等方面均表现出显著差异，显示其潜在的临床应用价值。分类性能评估中，对比原始特征与大模型编码特征在多种分类器（LSTM、ViT-16b、ViT-32b、ResNet50、ResNet101）中的表现，发现基于大模型特征的 ViT-32b 性能最优，并在多中心验证中结果一致，进一步证明大规模预训练视觉模型在数字病理中的应用潜力。**结论** 本研究构建了融合数字病理与多组学信息的 KIRC 新型分型体系，并验证了其在多中心、多模态数据下的稳定性与临床应用潜力。该体系不仅有助于揭示 KIRC 的分子与形态学异质性，还为精准诊疗策略的制定提供了可行的技术路径和理论依据。

## AI 辅助颅内胶质瘤基因表型的预测模型

金焱<sup>1</sup> 赵祥宇<sup>2,3</sup> 卢艳花<sup>1</sup> 张冉冉<sup>2</sup> 秦文健<sup>2,3</sup> 何妙侠<sup>1</sup>

<sup>1</sup>海军军医大学第一附属医院病理科 海军军医大学, 上海 200433

<sup>2</sup>医学成像科学与技术系统全国重点实验室 中国科学院深圳先进技术研究院, 深圳 518055

<sup>3</sup>中国科学院大学, 北京 101408

**【摘要】背景** 脑胶质瘤是颅内最常见且异质性较大的恶性肿瘤。近年来, 基因检测技术的快速发展为脑胶质瘤的精准诊断、预后评估和靶向治疗提供了有力工具。但是, 除传统病理诊断技术以外, 基因检测成本高和耗时长在一定程度上制约了脑胶质瘤病理诊断的及时性。本研究旨在通过采集胶质瘤全切片数字图像 (Whole Slide Images, WSI), 提取其病理结构特征, 构建深度学习模型, 以预测与精准诊断密切相关的关键基因表型, 从而提升胶质瘤诊断的准确性与及时性。**方法** 本研究收集海军军医大学第一附属医院病理科 2021 年 1 月 1 日至 2024 年 12 月 31 日期间确诊的 238 例胶质瘤病例纳入研究, 筛选出 157 例同时包含 IDH1 基因表型、染色体 1p/19q 状态和 CDKN2A 基因表型结果的病例进行观察。获取 WSI 图像, 按照 7:1:2 划分训练集、验证集和测试集。输入的 WSI 经过灰度二值化和 RGB 阈值化处理获得前景, 进一步将前景切分为大小为 256×256 的图像片 (patches)。使用预训练并完成权重初始化的 ResNet34 作为骨干网络, 将每个图像片转换为一个多维特征向量。全切片多示例学习 (Multiple Instance Learning, MIL) 的关键在于将模型对图像片的输出结果聚合成 WSI 级别的预测结果, 因此课题组采用可学习的 top-K 选择器为每一个图像片分配一个相似性分数, 从而量化每个图像片对基因表型阳性类别 (基因突变或缺失) 的贡献值, 并筛选与基因表型阳性最相关的 K 个图像片, 进而平均池化相似性分数后获得 WSI 级别的基因预测分数。在单基因预测任务中, 我们采用交叉熵 (Cross-Entropy, CE) 损失函数训练模型。针对多基因的预测, 在以上模型框架的基础上采用多标签分类的方法进行训练, 即模型的输出经过 sigmoid 激活函数后转换成每个基因 (即每个标签) 对应的预测分数, 采用二元交叉熵 (Binary Cross-Entropy, BCE) 损失函数训练模型, 实现对每个基因的预测。结果: 157 例胶质瘤包括胶质母细胞瘤 73 例、少突胶质细胞瘤 30 例、星形细胞瘤 39 例及其他亚型胶质瘤 15 例。单基因预测结果表明 IDH1 基因、染色体 1p、染色体 19q 和 CDKN2A 基因的表型预测准确性分别为 0.4516、0.8065、

0.7097 和 0.7097; 联合预测 IDH1 基因表型和染色体 1p 表型, 其准确率分别为 0.6129 和 0.7419; 联合预测 IDH1 的基因表型和染色体 19q 的表型, 其准确率分别为 0.5806 和 0.7419; 联合预测染色体 1p 和染色体 19q 的表型, 其准确率均为 0.871。结论 本研究发现, 联合预测染色体 1p/19q 共缺失状态比单独预测 1p 或 19q 缺失状态准确率更高; 联合预测 IDH1 基因突变状态与 1p 缺失状态, 亦可提升单独预测 IDH1 突变的准确率, 对胶质瘤的诊断和预后判断具有重要意义。

## 面向用户的结构化病理报告解决方案

滕昊骅 冯铭礼 韩昱晨

上海市胸科医院 上海交通大学医学院附属胸科医院病理科

**【摘要】目的** 病理报告信息化及智能化是现代病理科建设的重要部分, 传统病理信息系统依据原有的病理流程及病理报告设计, 病理保存格式为信息化的文本内容。同时报告书写界面及形式沿用了纸质报告的书写习惯, 在研究和数据工作中缺乏信息化优势。我科于 2018 年基于现有信息系统, 以用户需求为导向重新设计了结构化的病理报告, 期望可以改善病理报告数字化的书写习惯, 完善病理报告的数据库建设。

**材料与方** 依据手术类型数量及常见肿瘤类型, 设计录入界面, 并对关键字段进行分割、定义及关联。确立标准术语集, 依据诊断标准设计录入内容, 依据各部分定义各数据结构。收集结构化前胸部肿瘤切除标本报告 (非结构化报告) 18188 份及面向用户设计的结构化病理报告 (结构化报告) 18738 份。通过对比二种报告内容填写数量、内容一致性、更正报告数量及关键内容提取方式, 对报告书写效率、报告质量、数据整齐和数据库建立难度进行评估。**结果** 结构化报告对重复填写内容进行了关联并对部分必填项目设置了默认值, 单病灶、双病灶及三病灶报告中需要填写的字段减少至 9、14 及 19 项, 相对非结构化报告的 21、34 及 47 项, 分别减少了 57.1%、58.8% 和 59.6%。结构化报告通过分割填写、默认填写和术语词典方式, 确保了病理报告风格的统一和完整。结构化报告更正率为 0.91% (171/18738), 而非结构化报告更正率为 2.31% (421/18188), 存在显著统计学差异 ( $P < 0.01$ )。结构化报告将关键字段进行了定义, 报告内容为字段化的结构数据, 直接映射为数据库数列, 可以通过不同的映射方式通过不同方式进行展现。非结构化报告为文字文本, 报告内容中的数据需进

行数据提取、解析和清洗，才可转化为数据库内容。**结论** 面向用户的结构化病理报告可以有效提升病理医师在信息系统中报告书写效率及正确率，让使用者更关注诊断内容的书写。同时结构化的病理报告支持结构数据的储存及检索，对后续的临床研究及科学研究提供高级分析与决策的支持。当前结构化报告由于原有数据架构及界面限制，部分功能存在缺陷，需在下一代病理信息系统的设计中予以考虑及解决。

## 人工智能在肾活检病理诊断中的应用

王晨 韩伟霞

山西医科大学第二医院病理科

**【摘要】目的** 人工智能在病理领域受到广泛关注，本文拟综述人工智能在肾活检病理诊断中的应用和进展。**方法** 检索、总结 PubMed 数据库中基于肾活检病理切片的深度学习模型探索文章；结合本中心给予肾活检病理图像的人工智能分析工作进行成果综述。**结果** (1) 基于肾活检病理切片的人工智能模型探索已初步完成如：a) 肾活检组织结构识别分类；b) 7 种病变模型的识别；c) 特定病种的诊断及病理分级评估；d) 不同染色方法的数字转变；(2) 本中心基于肾活检常规染色、免疫荧光、透射电镜图像分别进行病变识别模型的建立，具体包括：a) 基于肾活检常规染色进行切片评价，识别分割硬化肾小球及膜性肾病基底膜病变的识别分割，糖尿病肾病的诊断及分级；b) 评价免疫荧光图像的阳性强度、荧光的沉积方式；c) 基于透射电镜自动识别分割测量肾小球基底膜、热图显示电子致密无沉积部位。**结论** 人工智能具有较强图像分析处理能力，为精准高效的肾活检病理诊断提供有力支持。

## 试论病理医师在数智病理诊断中的作用

刘德纯

安徽蚌埠医科大学

1. 数智病理诊断简述：数智诊断是数字图像与智能分析深度结合而形成的一种新型的病理诊断技术，正在不断发展完善中，并已取得可喜的成果。由显微图像扫描获得的数字图像（WSI）具有可显示、可存储、可传输、可截图等功能，更可用于大数据

分析,深度学习资源,在算力算法加持下,形成智能诊断程序或软件,辅助病理医师进行诊断。因此病理图像和资料的数据化是数智诊断的基础和前提。利用人工智能(AI)进行病理诊断,类似或模仿病理医师日常病理诊断中观察病理图像及辨识、思考和决断的过程。其深度学习过程相当于我们日常工作中积累海量病理理论和图像知识的过程;人工智能的卷积神经网络(CNN)的运行机制相当于我们的思考和分析过程。因此,病理医师在数智诊断中具有重要的不可替代的作用。

2. 病理医师在数智病理学诊断开发过程中的作用:病理医师在整个开发过程中起到主导作用,从制定开发计划,确定研发对象,病种和病例的选择,制定诊断标准和参数,确定深度学习目标,挑选组织学切片和细胞学涂片,制作数字图像,标记 WSI 中的特定图像,为人工智能模型训练提供可靠数据,到场景应用(AI 切片,识别图像和诊断)及人工复核验证(与已知结果对照),把控质量,评估诊断模型,提出修改优化完善意见。当然,在开发过程中还需要与人工智能专家进行沟通和配合。因此病理医师是数智诊断的开发者、参与者和评估者。

3. 病理医师在数智病理学诊断应用过程中的作用:病理医师利用 AI 诊断程序,进行病理诊断,需要输入和核对患者的各种信息,提供患者的图像数据和辅助资料,为做出 AI 诊断做好准备。更重要的是复核和解读 AI 报告,修改和签发病理诊断书,并对诊断报告负责。最后还要对存在问题提出修正意见,不断改进完善 AI 诊断功能,总结经验推广应用。因此病理医师还是数智诊断的应用者、担责者和完善者。

### 前列腺穿刺病理人工智能评估系统

余力 李胜男 黄祖浩 王杰 黄春波 丁明

广州华银医学检验中心,广州 510515

**【摘要】目的** 前列腺癌(Prostate Cancer, PCa)的诊断和管理的关键环节在于前列腺活检的病理评估。传统活检诊断高度依赖病理医生的专业知识和经验,特别是对于 Gleason 分级存在主观差异性;并且随着活检数量的不断增加,工作负荷加大,对诊断效率构成了极大的挑战。此外,导管内癌、筛状生长模式占比以及神经侵犯是前列腺癌患者生化复发等不良预后的独立预测因素,准确识别对于患者的预后评估和治疗决策制定至关重要。本研究旨在采用人工智能(Artificial Intelligence, AI)技

术进行辅助阅片，显著提高 Gleason 评分的准确率、一致性和效率；并实现独立预后因素相关的复杂病理特征的精准识别，形成组织学诊断与疾病风险分层一体化的前列腺穿刺病理评估系统。

**方法** (1) 数据准备：收集多医疗中心前列腺穿刺活检样本 (n=8900 例)，中-高级别病理医师组成标注团队，逐像素勾画组织区域，分为 21 类进行精准标注；包括平滑肌、脉管、良性腺体等非肿瘤区域 5 类，筛状结构、成片实性结构、腺体融合、神经侵犯及高级别上皮内瘤变等肿瘤性特征 16 类。此外，由高年资泌尿亚专科病理医师采用双盲+仲裁方式进行 WSI 级诊断标注，每张 WSI 切片给予 Gleason 评分、并标记是否存在导管内癌、筛状生长模式及神经侵犯结构。标注数据随机分为训练集 70%、调优集 15%、内部测试集 15%。(2) 模型开发：基于 ConvNeXt-L 的改进架构编码器，引入动态稀疏注意力机制 (Sparse Attention)，增加轴向注意力子模块，使用 Group Normalization 替代 Layer Norm，并在特征金字塔输出尺度：1/4, 1/8, 1/16, 1/32 (对应输入 2048×2048 像素) 的特征图。级联式 U-Net++ 解码器改进架构，在每一级的跳跃连接中嵌入注意力门控 (Attention Gate) 和每个上采样阶段添加辅助损失建立监督机制。在 Mask R-CNN 实例分割头，根据病灶区域的长宽比调整 RPN 锚框尺寸，针对类别不平衡的问题，采用 Focal Loss ( $\alpha=0.25, \gamma=2$ ) 与 Dynamic R-CNN 的 IoU-aware 回归头，提升稀有类别召回率。

**结果** (1) 基于 ConvNext-L 模型输出实例分割结果通过聚合器得到的二分类混淆矩阵准确率为 97.9%；(2) WIS 级辅助判读的敏感性 95.0%，特异性 99.3%。

**结论** 本研究形成前列腺活检病理 AI 系统系统，实现 Gleason 精准评分，导管内癌、筛状生长模式占比以及神经侵犯的病理特征识别，分析结果输出形成结构化报告。此外，能够通过颜色编码突出活检切片中的可疑病变区域，从而辅助病理学家完成诊断。

## 人工智能辅助判读在食管鳞癌 PD-L1 CPS 评估中的性能验证研究

商占仙 冯铭礼 韩昱晨

上海市胸科医院/上海交通大学医学院附属胸科医院病理科

**【摘要】** 综合阳性评分 (CPS) 是指导食管鳞癌 (ESCC) 抗 PD-1/PD-L1 免疫治疗的重要生物标志物。然而，肿瘤细胞与免疫细胞的空间异质性以及蛋白表达的异质性给人工判读带来了挑战，可能导致判读不一致性。本研究旨在开发和验证一种基于人工智

能 (AI) 的病理图像分析系统, 用于精准、客观地评估 ESCC 组织中的 PD-L1 CPS。本研究采用 472 例 ESCC 样本, 分别用于建模 (102 例)、独立验证 (214 例) 及外部测试 (156 例)。采用严格的样本筛选标准, 剔除扫描模糊、无肿瘤组织或存在气泡干扰的样本。AI 分析流程包括三个核心步骤: Patch 分类模型 (MobileNet) 用于识别肿瘤组织区域; 区域分割模型 (U-Net) 进一步分割肿瘤区、间质区, 以及正常上皮及坏死区; 细胞识别模型 (YOLOX) 定位 PD-L1 阳性肿瘤细胞、阴性肿瘤细胞及阳性免疫细胞。基于模型输出, 计算 CPS ( $[\text{阳性肿瘤细胞数} + \text{阳性免疫细胞数}] / \text{评估区域内肿瘤细胞总数} \times 100$ ) 和 TPS ( $\text{阳性肿瘤细胞数} / \text{评估区域内肿瘤细胞总数}$ )。最终, 通过组内相关系数 (ICC) 评估 AI 结果与专业病理医生判读的一致性。研究结果表明, Patch 分类、区域分割及细胞识别模型均实现高精度, 可精准识别目标组织区域和细胞类别。更重要的是, AI 模型在内部验证集与外部测试集上, 其 CPS 评估结果均与病理医生判读高度一致。同样, AI 模型 TPS 评估结果与医生判读也高度一致, 且 TPS 的 ICC 相对高于 CPS。此外, 对于内部数据集中不同抗体 (22C3 和 SP263) 染色的样本, AI 模型在 CPS 与 TPS 评估中均稳定维持高性能。综上, 本研究成功开发并验证了一套基于 AI 的 ESCC PD-L1 CPS/TPS 智能评估模型。该 AI 模型在多个独立数据集上表现出与专业病理医生高度一致的评估能力, 并对不同染色试剂盒 (如 22C3 和 SP263) 展现出良好一致性。ESCC PD-L1 自动化分析系统有望显著提升病理诊断的准确性与效率, 改善患者预后, 在临床辅助诊断中展现出广阔的应用前景与巨大潜力。

## HER2 低表达的数字全切片分析

刘梦琳 武莎斐 刘媛媛 李凯咪 曾玲丽 张昕雯 曾瑄

中国医学科学院 北京协和医学院 北京协和医院病理科, 北京 100730

**【摘要】目的** 随着新型抗体偶联药物 T-DXd 在关键临床试验中展现显著生存获益, HER2 低表达 (IHC 1+或 2+/ISH-) 乳腺癌已被确立为独立治疗亚型。然而, 该亚型显著的瘤内及瘤间异质性特征对精准诊疗构成挑战, 成为识别肿瘤亚型和确定适当治疗方案的阻碍。因此在肿瘤进展和治疗中借助数字病理全组织切片图像精准识别肿瘤异质性至关重要。**方法** 收集北京协和医院 2023 年 1 月至 2023 年 12 月存档的甲醛固定石蜡包埋 (FFPE) 浸润性乳腺癌标本 30 例, 分别采用免疫组织化学技术 (IHC) 及

RNAscope 技术检测 HER2 的蛋白质及 mRNA 的表达并进行数字化扫描。采用计算机辅助的图像分析系统，对 HE、IHC 和 RNAscope 的全切片分布特征进行对比分析。结果在 HER2 IHC 无表达组 (n=8) 中，检测到 7 例 (7/8) RNAscope 评分为 0，以及 1 例 (1/8) RNAscope 评分为 1；在 HER2 IHC 超低表达组 (n=15) 中，发现 11 例 (11/15) RNAscope 评分为 0，4 例 (4/15) RNAscope 评分为 1；在 HER2 IHC 评分为 1 的样本 (n=7) 中确认了 3 例 (3/7) RNAscope 评分为 0，3 例 (3/7) RNAscope 评分为 1，1 例 (1/7) RNAscope 评分为 2。结论 通过数字病理全组织切片图像同步分析连续切片的 HE、IHC 和 RNAscope 图像，可精确定位 IHC 与 RNAscope 切片中的异质性区域，对乳腺癌精准分子分型和临床治疗决策的制订起到至关重要的作用。

### 基于单头多任务学习框架的乳腺癌多参数病理学分类

张献伟<sup>1</sup> 成琼<sup>1</sup> 谢红建<sup>1</sup> 王志茹<sup>1</sup> 张亚萌<sup>1</sup> 马士旗<sup>1</sup> 杨林<sup>3</sup> 史玉洁<sup>1</sup>

1 河南省人民医院 病理科

2 西北大学 信息科学与技术学院

3 西湖大学 人工智能与生物医学影像实验室

**【摘要】目的** 本研究旨在开发一种基于全切片图像 (WSI) 的单头多任务学习 (MTL-SH) 框架，同时分类乳腺癌的七个关键病理参数：ER、PR、Ki67、组织学分级、HER-2 表达、原位癌 (CIS) 状态及核级，通过共享特征表示提升多参数分类性能。**方法** 我们构建了一种基于注意力机制的多实例学习 (ABMIL) 单头多任务架构，使用预训练医学模型 (MI) 提取特征。MTL-SH 模型包含三个核心组件：(1) 注意力池化层：通过 tanh 和 sigmoid 激活函数组合计算注意力权重，聚合切片级特征；(2) 共享特征提取层：由 512 维全连接层、ReLU 激活函数和 Dropout (0.2) 组成，学习所有任务的共享表示；(3) 任务特定输出层：为七个病理参数配备独立分类头。实验采用 5 折交叉验证评估性能，使用交叉熵损失优化参数，并与单任务学习 (STL) 和多头多任务学习 (MTL-MH) 对比。所有模型使用相同数据集、特征提取和评估指标，确保公平性。**结果** 实验结果表明，我们提出的 MTL-SH 模型在乳腺癌病理切片多分类任务中展现出显著性能优势。相较于 STL 模型，MTL-SH 模型在所有七项关键病理指标的 F1 分数上均实现了显著提升。具体地，MTL-SH 在 ER 分类 F1 分数上提升 3.84% (0.9118 vs STL 0.8781)，

PR 提升 1.29% (0.8945 vs STL 0.8831), Ki67 提升 8.03% (0.8862 vs STL 0.8203), 组织学分级提升 3.66% (0.8860 vs STL 0.8547), 原位癌识别提升 3.39% (0.8795 vs STL 0.8507)。尤其在挑战性的 Her2 表达 (F1: 0.8136 vs STL 0.7850) 和核分级 (F1: 0.8130 vs STL 0.7452) 任务上, MTL-SH 表现出更为明显的提升, F1 分数分别增长了 3.64% 和 9.10%。这些量化数据充分证明了多任务学习通过共享特征有效捕捉任务间内在关联, 从而提升各类诊断指标识别精度与鲁棒性的优越能力。**结论** 本研究提出的单头多任务学习框架通过共享特征显著提升了乳腺癌病理多参数分类性能, 尤其在样本有限的复杂任务中表现突出, 有望辅助病理医师实现更精准的乳腺癌诊断与分型, 支持临床决策。

### 以临床应用为导向的胃癌病理诊断与报告生成多模态人工智能模型

李金泽<sup>1</sup> 陈圣<sup>2</sup> 苗佳贤<sup>1</sup> 吴偲<sup>1</sup> 刘月平<sup>1</sup> 赵群<sup>2</sup>

<sup>1</sup>河北医科大学第四医院/河北省肿瘤医院病理科

<sup>2</sup>河北医科大学第四医院/河北省肿瘤医院外三科

**【摘要】目的** 胃癌作为我国高发的恶性肿瘤之一, 其确诊依赖病理诊断。然而, 传统病理诊断模式存在效率低、主观性强、难以应对高度异质性和复杂病灶等局限性, 难以满足临床对精准与高效诊断的迫切需求。为突破像素级标注依赖、多任务难以解耦及报告生成可解释性差等技术瓶颈, 以临床应用为导向, 本研究提出一种基于全切片图像 (WSIs) 的多模态人工智能模型 PathoReportGen-LLM, 融合计算机视觉与自然语言处理技术, 构建胃癌病理的智能辅助诊断流程。**方法** PathoReportGen-LLM 集成计算机视觉与自然语言处理两大核心引擎, 构建高性能病灶检测模型, 结合知识蒸馏与多任务学习策略, 完成肿瘤区域识别、切缘状态判断及淋巴结转移分析。在训练阶段引入 Focal Loss 与 IoU Loss 联合优化, 并采用类别重加权与数据增强策略应对类别不平衡问题; 并可将图像识别结果嵌入多模态模型后, 输入指令微调的大语言模型, 实现结构化病理报告的自动生成。**结果** 系统在多个关键任务中取得优异性能: 在良恶性分类任务中, 准确率为 0.91, AUC 为 0.88, F1 值为 0.86; 在低/高级别上皮内瘤变分类任务中表现最优, 准确率达 0.94, AUC 为 0.90, F1 值达 0.89, 充分展现模型对高风险病灶的识别能力; PathoReportGen-LLM 在各核心任务性能指标的对比

中，均处于同等或更高水平，充分体现了模型在病理图像解析等任务的融合能力和临床实用价值。**结论** PathoReportGen-LLM 实现了胃癌病理从 WSI 图像分析到结构化报告生成的智能化闭环流程，在提升病理诊断效率、规范报告内容及辅助临床决策方面展现出良好潜力。后续将进一步提升模型泛化能力，并在多中心真实临床场景中进行前瞻性验证，以推动其在数字病理领域的临床转化应用。

## 融合大模型技术的肿瘤病理专硕科研能力培养路径创新与实践

李金泽 邓会岩 刘月平

河北医科大学第四医院/河北省肿瘤医院病理科

**【摘要】目的** 在新医科建设推进过程中，临床病理学专业研究生培养需实现从知识灌输向科研能力与技术素养协同发展的转变。人工智能与大数据技术在病理诊断中的广泛应用，为医学人才培养提供了新契机。本研究旨在依托肿瘤病理 AI 大模型的科研实践，探索其在临床病理学专业硕士科研能力培养中的应用路径。**方法** 依托团队前期构建的肿瘤病理多任务诊断大模型项目，设计模块化教学内容，涵盖 WSI 图像处理、病理要素标注、模型训练、结果评估与结构化报告生成等环节。构建“科研任务驱动型”培养机制，组织研究生参与真实科研工作流程，包括数据预处理、模型调参优化、任务拆解与模型评估。通过阶段汇报、集中讨论与论文写作训练，提升学生科研问题识别与解决能力。**结果** 共 15 名临床病理学专硕研究生参与项目，其中 5 人参与核心任务模块，完成多组模型实验设计与结果分析。学生围绕泛瘤种的组织学类型、分化程度等病理要素构建子课题，完成小型研究方案设计与实验实施。部分任务模块优化后在测试集中表现优异，例如胃部肿瘤病灶组织学分类模型 AUC 达 0.89，灵敏度达 87.48%，特异度达 96.22%，F1 值为 88.15%。当前已有 6 名研究生完成初稿撰写，科研训练成果初步显现。**结论** 将肿瘤病理人工智能诊断大模型作为科研教学融合平台，是新医科背景下提升临床病理学专硕科研能力的有效举措。该模式不仅提升了学生的科研综合素质，也促进了病理学科与人工智能、大数据等新兴技术的深度融合。本研究探索了以“科研项目带动能力成长”为核心的培养路径，为构建高水平、复合型病理人才培养体系提供了实践经验与可推广范式。

## 非小细胞肺癌 WSI 中 c-MET 表达自动分级模型的构建与评估

郭静雯<sup>1</sup> 李金泽<sup>2</sup> 丁妍<sup>2</sup> 刘月平<sup>2</sup>

<sup>1</sup>邯郸市第一医院病理科

<sup>2</sup>河北医科大学第四医院/河北省肿瘤医院病理科

**【摘要】目的** 本研究构建基于病理切片图像 (Whole Slide Images, WSI) 的人工智能模型, 实现非小细胞肺癌 c-MET 表达自动评估, 探索其临床病理相关性, 助力精准诊疗。**方法** 收集河北医科大学第四医院 2020 年非小细胞肺癌患者的免疫组化 (IHC) 染色病理全切片图像 (Whole Slide Images, WSI)。利用 QuPath 切割生成 0、1、2、3 四个等级的图像 patch, 并通过组织面积及染色质量进行过滤。模型采用预训练的 CTransPath (Transformer 架构), 仅微调分类头, 基于整理好的标签 CSV 文件进行五折交叉验证训练。性能评估指标包括准确率 (accuracy)、精确率 (precision)、召回率 (recall) 及 F1-score, 并对各等级分类表现进行比较。**结果** 本研究基于五折交叉验证对非小细胞肺癌 c-MET 蛋白表达的自动分级模型进行了系统评估。(1) 模型在 2400 张测试图像上的整体准确率为 73.58%, 宏平均 F1-score 达到 0.7369, 表现稳定。(2) 各等级分类指标表现良好, 等级 0 和等级 3 的精确率较高, 分别为 0.7950 和 0.9319, 表明模型对低表达和高表达样本识别能力较强。(3) 混淆矩阵显示等级 1 与等级 2 之间存在一定混淆, 提示中间等级分类仍有提升空间。**结论** 本研究成功构建了基于深度学习的 CTransPath 模型, 实现非小细胞肺癌病理图像中 c-MET 蛋白表达的自动分级, 表现出较高的准确率和稳定性。未来可通过优化 CTransPath 模型结构及扩充训练数据, 进一步提升中间等级的分类性能, 为肺癌的精准诊断和个体化治疗提供坚实的技术支持。

## 融合多尺度特征的乳腺癌 Trop-2 全切片病理图像 H-score 自动化评估模型

李雨恒<sup>1</sup> 李金泽<sup>2</sup> 刘洪<sup>1</sup> 刘月平<sup>2</sup>

<sup>1</sup>河北地质大学信息工程学院

<sup>2</sup>河北医科大学第四医院/河北省肿瘤医院病理科

**【摘要】目的** 乳腺癌是全球范围内女性最常见的恶性肿瘤, 严重威胁女性的生命健康。Trop-2 (Trophoblast cell surface antigen 2) 在乳腺癌的发生发展、侵袭和

转移中发挥关键作用，其表达水平与抗 Trop-2 抗体偶联药物（ADC）疗效密切相关。研究表明，Trop-2 高表达、尤其是膜定位信号强阳性的患者在接受此类药物治疗时，客观缓解率和生存获益显著高于低表达患者，而低/中表达及表达异质性可能降低疗效。尽管部分药物在适应症范围内无需检测即可使用，但精准评估 Trop-2 表达水平和定位，可为患者分层、疗效预测及个体化治疗方案制定提供重要依据。然而，人工 H-score 判读存在主观性强、重复性差、易受非特异性染色干扰等问题，增加假阳性风险，影响诊断一致性与效率。为此，我们开发了 Trop2-HHM (Trop-2 Histopathology H-score Model) 深度学习模型，旨在实现 H-score 的自动化精准计算与可视化分析，精准评估乳腺癌不同病理类型间 Trop-2 表达情况，为临床病理评估提供标准化、量化的辅助工具。

**方法** 回顾性收集了 2018—2023 年河北医科大学第四医院 281 例不同病理类型乳腺癌手术患者的 485 张全切片数字病理图像 (Whole Slide Image, WSI)。由 2 名资深病理医生根据 Trop-2 阳性细胞染色强度和百分比进行评分，并按照公式计算 H-score:  $H\text{-score} = (1 \times \text{弱染色细胞}\%) + (2 \times \text{中等程度染色细胞}\%) + (3 \times \text{强染色细胞}\%)$ 。Trop2-HHM 采用 UNI 等病理大模型提取多尺度特征，结合 Transformer 架构在弱监督学习框架下预测 Trop-2 的 H-score，并通过区域识别模块与 DAB 强度热图增强可解释性。采用 5 折交叉验证评估性能，以 AUC、ICC 等指标量化效能。

**结果** 本研究采用 5 折交叉验证对模型性能进行评估。结果表明，模型能够精准识别 Trop-2 图像中的肿瘤、基质、坏死、淋巴细胞及背景五类区域，验证集与测试集 AUC 分别为 0.96 ( $\pm 0.03$ ) 和 0.95 ( $\pm 0.03$ )，有效实现不同病理区域的划分；使用 Trop2-HHM 模型后，病理医生判读结果一致性及可重复性得到显著提升，热图显示模型注意力分布与病理学家标注区域高度重合。

**结论** 本研究构建的 Trop2-HHM 模型可高效、精准地量化 Trop-2 染色图像的 H-score，有效解决传统 H-score 评估中的一致性低问题，并缩短评估时间、降低诊断成本。该模型具备直接临床转化潜力，可为乳腺癌靶向治疗决策提供标准化支持。

## 基于多实例学习的乳腺癌 HE 切片 Nottingham 分级预测研究

苗佳贤 刘月平

河北医科大学第四医院/河北省肿瘤医院病理科

**【摘要】目的** Nottingham 组织学分级系统在评估乳腺癌的严重程度及其预后预测

中发挥着关键作用。乳腺癌是全球范围内最常见的癌症之一。传统的分级方法依赖于病理专家的主观判断，不仅需要深厚的专业知识，而且评估过程耗时，且常常存在较大的观察者间差异。**方法** 为克服这些限制，本研究构建了一个基于人工智能的自动化模型，用于从苏木精-伊红(HE)染色的乳腺癌全玻片图像(Whole Slide Images, WSIs)中预测 Nottingham 组织学分级。模型采用预训练的病理基础模型 (UNI) 对图像进行深度特征提取，并结合多实例学习 (Multiple Instance Learning, MIL) 算法实现切片级预测。研究数据来源于河北医科大学第四医院 2016 年至 2021 年间采集的具备 Nottingham 分级标签的 HE 切片图像。**结果** 在 Nottingham 分级预测任务中，表现最佳的模型在多分类任务中实现了平均 AUC 值为 0.8212，表明模型具备良好的类别判别能力，能够较为准确地地区分不同组织学等级的乳腺癌病例。在全图 (WSI) 层级的分类任务中，模型在验证集上的整体准确率达到 70.8%。**结论** 本研究提出的基于 AI 的自动化 Nottingham 分级系统在乳腺癌的组织学评估中展现出良好的判别能力和生物学解释性，为提升病理诊断效率、减少主观偏差提供了可行路径。

#### AI 增强精准诊断：通过人工智能复核提升病理医师对 HER2 超低表达的判读信心

王馨平 高洪文 孙平丽

吉林大学白求恩第二医院病理科

**【摘要】目的** 人表皮生长因子受体 2 (HER2) 状态的准确评估，尤其是对“HER2 超低表达”的精确识别，对乳腺癌的诊断和靶向治疗（如曲妥珠单抗）至关重要。然而，HER2 超低表达通常表现为弱而异质的染色模式，传统诊断方法难以准确判读，易导致分类模糊和治疗决策欠佳。本研究探讨人工智能 (AI) 技术在提升乳腺癌 HER2 超低表达检出和分类中的应用价值。**方法** 我们分析了 188 例穿刺活检与切除标本的配对样本（含新辅助治疗病例），以及来自吉林市中心医院的 35 张独立验证切片。每例 HER2 切片均由原报告病理医师首次判读，两周洗脱期后在 AI 辅助下再次评估。通过混淆矩阵分析 AI 使用前后 HER2 评分的准确性，并采用桑基图可视化 CNB 人工判读、AI 辅助判读与术后切除标本金标准之间 HER2 分型的动态变化，以及新辅助治疗前后不同阶段的表达变化。最后比较不同资历病理医师在 AI 辅助前后的判读差异。**结果** 在 HER2 超低表达组，F1 值由 0.78 提升至 0.98，精确度由 0.39 升至 0.91，召回率由 0.72 升至 0.96。与切除标本金标准相比，AI 辅助将穿刺判读一致率由 33.5% 提高到

45.7%。针对新辅助治疗后样本，AI在51例中调整了16例的初始分类，使一致率由64.7%提高至96.1%。在不同资历病理医师中，AI均显著提升HER2超低表达的诊断准确率，尤其是资深专家从62.5%提升至100%。**结论** AI辅助判读在检出传统评估易遗漏的HER2超低表达方面表现优异，可显著提升诊断精度，促进乳腺癌个体化治疗策略的制定。

## 多任务学习人工智能框架用于胰腺神经内分泌肿瘤评估

储金<sup>1,2</sup> 马士旗<sup>3</sup> 李涵生<sup>3</sup> 黄丹<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> 复旦大学附属肿瘤医院病理科

<sup>2</sup> 复旦大学上海医学院肿瘤学系

<sup>3</sup> 西北大学信息科学与技术学院

**【摘要】目的** 胰腺神经内分泌肿瘤（pNEN）因其高度异质性、诊断灰区及隐匿性转移风险构成临床鉴别难题。本研究提出多任务深度学习框架PanMTL，通过同步整合形态学、分级及转移风险特征，构建可解释的协同诊断系统。该框架利用全切片图像的深层形态学关联，为pNEN鉴别、分级及个体化预后评估提供人工智能驱动的全景式方案。**方法** 本研究开发了基于注意力机制的多任务学习框架PanMTL，整合7个多中心队列的623例患者常规H&E染色全切片图像，其核心架构包含：（1）采用医学基础模型UNI提取组织形态学特征；（2）通过注意力多实例学习（ABMIL）自适应聚合判别性图像块特征生成切片级表征；（3）多任务学习模块设计共享特征层捕获跨任务共性，并针对肿瘤识别、组织学分级及淋巴结转移预测三项任务构建独立输出层。模型性能经五折交叉验证严格评估。**结果** PanMTL模型在胰腺神经内分泌肿瘤的多任务分析中展现了强大的性能。在肿瘤识别任务上，模型取得了优异的结果：准确率0.98，精确率0.95，召回率0.95，F1值0.94，其高召回率表明了对阳性样本的出色识别能力。在组织学分级任务上，模型同样表现稳健，准确率、精确率、召回率和F1分数均达到0.92。对于淋巴结转移预测任务，PanMTL取得了准确率0.7766，精确率0.7040，召回率0.6853，F1分数0.6910。这一结果显著优于单任务学习模型（单任务：准确率0.7117，精确率0.6394，召回率0.6601，F1分数0.6438）。总体而言，PanMTL在核心识别与分级任务上表现出色，并在淋巴结转移预测任务上，其多任务学习框架也

展现出明显优势，为复杂肿瘤分析提供了更有效的工具。**结论** PanMTL 多任务学习框架通过协同建模胰腺神经内分泌肿瘤的关键病理特征，实现了诊断效能的提升。模型基于注意力机制的可解释特征聚合机制，为异质性肿瘤的精准分型、标准化分级及个体化预后管理提供了可迁移的人工智能范式。

## 基于分期特异性的动态融合模型优化结直肠癌风险分层

储金 陈心祎 黄丹

复旦大学附属肿瘤医院病理科/复旦大学上海医学院肿瘤学系

**【摘要】目的** 结直肠癌预后评估长期依赖病理分期系统，但其难以整合影像、文本等多维信息，导致风险分层效能受限。现有基于静态权重分配的多模态融合方法因忽视分期特异性需求，无法实现生物学驱动的动态协同。本研究提出可解释动态融合框架 DAFFusion-FM：通过预训练医学基础模型提取跨模态深度特征，创新性引入分期自适应的门控注意力机制，构建可量化特征贡献度的预后模型，为个体化辅助治疗决策提供精准支持。**方法** 回顾性收集 3 家中心和 TCGA 公开数据库的 1653 例样本，包括临床病史，影像图片和 H&E 染色数字病理切片。分别使用预训练的大语言模型 BioLinkBERT-large，影像基础模型 MedSAM 和病理基础模型 PLIP，对特征进行高效预编码，并可视化特征。随后引入基于两级注意力机制的多实例多模态的动态自适应聚合网络来对每个模态的特征进行建模。最后，基于临床、影像和病理数据开发了一个预测 CRC 患者 OS 和 PFS 的多模态预后模型，与单模态模型，静态融合模型以及消融模态和缺失模态情形下的模型预测性能相比较。最后，在肿瘤医院队列和 TCGA 队列中进行分子验证及免疫浸润分析。**结果** DAFFusion-FM 在多模态验证队列中，总体生存预测 C-index 为 0.921 (95%CI:0.884-0.958)，无进展生存预测 C-index 为 0.941 (95%CI:0.910-0.963)。消融实验表明，晚期患者病理特征消融时模型效能保持 (C-index=0.746)，而 CT 特征消融导致预测效能显著下降 (C-index=0.502)。Kaplan-Meier 分析证实模型在所有队列中均能显著分层高风险与低风险患者 ( $P<0.05$ )。分子验证显示高风险组特异性激活 KRAS 信号通路 (ES=2.32,  $P<0.001$ )，并呈现 M2 巨噬细胞富集 ( $P<0.001$ ) 及三级淋巴结构减少 ( $P<0.001$ ) 的免疫抑制微环境。**结论** 本研究应用分期引导的多模态动态融合范式，通过门控注意力机制解析跨尺度生物学特

征,克服了静态融合模型的分期盲区。所构建的预后框架为患者提供可量化风险分层,其与关键肿瘤驱动通路及免疫微环境重塑的深度关联,为高精度预后预测系统提供了生物学验证基础与临床转化路径。

## 基于大语言模型与层次化 Transformer 的泛器官淋巴结转移智能预测系统构建 与多中心验证

彭声旺<sup>1</sup> 陈劲涛<sup>1,2</sup> 区初斌<sup>1</sup>

<sup>1</sup>广州方信医疗技术有限公司, 广州 510525

<sup>2</sup>华南理工大学自动化学院, 广州 510641

**【摘要】目的** 淋巴结转移是影响恶性肿瘤患者分期、治疗决策及预后的关键因素,其准确识别对临床诊疗具有重大意义。传统病理诊断依赖医师经验性评估 HE 染色切片,存在主观性强、工作量大、诊断标准不统一等问题,尤其在小淋巴结 (<5 mm) 或微转移灶的识别上易出现漏诊 (假阴性率可达 15%~30%)。近年来,基于深度学习的病理图像分析虽取得进展,但现有模型多局限于单一器官,且依赖精细标注数据,泛化能力不足,且忽视同一患者多标本间的空间关联,难以满足多中心、多器官的临床需求。本研究旨在构建首个适用于多器官的淋巴结转移智能预测系统,提升临床诊断的准确性与可推广性。**方法** 本研究整合国内 3 家三甲医院 2022—2024 年共 35,827 例涵盖肺、胃、乳腺、结直肠等 8 大器官系统的淋巴结全切片图像 (WSI),其中利用来自 2 家医院的数据作为训练集,来自另外 1 家医院的数据作为外部验证集。创新性地引入大语言模型 (基于 DeepSeek-V3-0324 API) 对原始病理报告进行结构化处理,自动提取转移状态、原发灶位置和转移灶尺寸等信息,并由两名资深病理医师双盲复核,确保标签质量。提出层次化 Transformer 架构,实现局部病理特征 (100~500  $\mu\text{m}$ )、整张玻片特征及多标本空间关联特征的三级融合,提升模型对复杂转移模式的识别能力。**结果** 在包含 7,165 例样本的多中心外部验证集中,模型预测淋巴结转移的 AUC 达 0.993 (95%CI:0.989-0.996),准确率 (ACC) 为 0.986,灵敏度 (SEN) 0.991,特异度 (SPE) 0.983,显著优于对比方法,尤其在微小转移 (<5mm) 检出方面表现优异。模型在不同器官间展现出良好的泛化性能,验证了其跨中心、跨病种的应用潜力。**结论** 本研究构建了首个面向泛器官的淋巴结转移智能预测系统,通过多层次特征融合与高质量数据标注,实现了高精度、强泛化的转移识别。该系统具备临床应用潜力,

未来将融合多组学数据、优化小样本性能，并探索术中实时辅助诊断，推动病理人工智能向多器官综合诊断跃迁，有望重塑淋巴结转移的临床评估标准，助力精准病理进入新阶段。

## 基于全切片图像的人工智能辅助甲状腺癌核分裂象自动化检测与计数

张慧娟 王璐瑶 吕新全

郑州大学第一附属医院病理科

甲状腺癌是内分泌系统中常见的恶性肿瘤之一。近年来，甲状腺癌发病率在全球范围内呈逐年上升的趋势。核分裂象 (Mitotic figure, MF) 作为肿瘤细胞增殖活跃的标志，在甲状腺癌的病理诊断及预后评估中具有重要意义。第 5 版 WHO 甲状腺肿瘤分类中，将核分裂象计数纳入高级别甲状腺滤泡源性癌 (high grade follicular-derived thyroid carcinoma, HGFCTC) 的诊断标准；与此同时，核分裂象增多也是间变性甲状腺癌 (anaplastic thyroid carcinoma, ATC) 的重要病理特征之一；不仅如此，国际癌症报告联盟 (ICCR) 专家组也强调，在甲状腺癌规范化病理报告中应包括核分裂象的记录，以便更合理地指导临床治疗决策。因此，准确的核分裂象检测与计数对于甲状腺癌患者的临床管理和精准化治疗至关重要。

然而，传统的核分裂象需要病理医生在显微镜下通过移动组织切片手动计数。一方面，这种计数方法高度依赖病理医生的经验，存在一定的主观性和误差；另一方面，手动计数需要耗费大量时间和精力且计数结果可能会因观察者的差异而改变。随着计算机视觉领域的发展和全切片图像 (whole-slide image, WSI) 扫描技术的进步，人工智能 (artificial intelligence, AI) 为核分裂象的自动化检测与计数带来契机。本研究基于 You Only Look Once version 5 (YOLOv5) 深度学习模型提出一种创新性的标注方法，即预训练模型辅助人工标注，用于获取甲状腺癌核分裂象数据集。通过提取甲状腺癌 WSI 的感兴趣区域 (regions of interest, ROIs) 并结合预训练模型辅助人工标注，构建高质量数据集。在此基础上，对模型进行迭代训练不断提升模型性能，为甲状腺癌核分裂象的自动化检测与计数提供可靠基础。

**【摘要】目的** 本研究旨在以 DTC、HGFCTC 和 ATC 的数字化病理切片为基础，利用 YOLOv5 预训练模型辅助人工标注，优化高质量数据集的获取流程，高效地搭建甲状腺

癌核分裂象的自动化检测和计数平台，提高核分裂象计数的效率和可重复性，为病理医生提供量化分析和诊断决策支持。

**方法** (1) 病例入组：收集 2023 年 1 月至 2024 年 12 月郑州大学第一附属医院及郑州市中心医院病理科诊断为 DTC、HGFCTC 和 ATC 的患者病理资料，共 134 例。从每名患者的病理切片中挑选出肿瘤区域内含有一定数量的核分裂象且无明显杂质干扰、染色效果良好的 HE 切片共 223 张。(2) 切片数字化与标签数据集的建立：使用全切片扫描仪将上述 223 张切片以 40 倍放大倍率扫描为 WSI 图像。将每张 WSI 图像无损裁剪成大小为 640x640 像素的 patch，从中筛选出 11353 张 patch 使用 ASAP 标注软件对其进行标注，标签可分为 MF 和 AMF。标注完成后，将得到 1050 张含检测目标的 patch 按 8: 1: 1 的比例划分为训练集、验证集和测试集。(3) 数据预处理与标准化：① WSI 图像预处理：使用矩形框标注 WSI 图像中的 ROIs，对 ROIs 提取并切割成 patch；② 格式标准化：所有 WSI 图像均使用同一台扫描仪扫描成 TIF 格式，每个切片图像对应的标签都采用 XML 的格式命名；③ 标注数据的归一化：标注数据的边界框相对于图像的尺寸的坐标归一化到 [0, 1] 的范围。(4) AI 算法设计与训练：本研究采用 YOLOv5 目标检测算法作为深度学习模型。初步使用全人工标注数据集训练 YOLOv5 模型时，模型性能表现不佳；通过分析确定为数据集质量问题后，改进标注方式，采用预训练模型辅助标注，模型性能得到提升。随后以此标注方式循环应用于后续的数据集标注。在训练过程中，对学习率、批量大小、训练周期等参数进行适当地调整并选择合适的损失函数和优化器。同时，不断地更新数据集进行迭代训练。注：预训练模型通过少量甲状腺癌标注数据集训练获得，具备初步的预测能力。(5) 实验结果分析：在 patch 级别，采用交并比、召回率、精确率和平均精度均值等指标对模型性能进行分析和评估；在 WSI 级别，通过计算平均绝对误差、均方误差等指标评估模型在核分裂象预测和计数任务中的表现。

**结果** (1) 在全人工标注的数据集上训练 YOLOv5 模型，该模型召回率和精确率的值都在 0.5 以下，mAP@0.5 为 0.31；在采用预训练模型辅助标注获得的数据集上，该模型的召回率为 0.72，精确率为 0.61，mAP@0.5 为 0.66；结果表明，使用预训练模型辅助标注使得模型性能显著提升。在预训练模型辅助标注的基础上，进一步扩大数据集进行迭代训练，模型在 patch 级别测试集上的平均召回率和精确率分别为 0.88 和 0.84，平均 mAP@0.5 为 0.90。(2) 选取模型在 patch 级别最好的权重对 WSI 热点区进行预测和计数，其核分裂象密度平均绝对误差、均方误差的均值分别为 1.45、2.35。

**结论** YOLOv5 模型

通过高质量数据集的训练在 patch 级别取得了较高的召回率和精确率且该模型在甲状腺癌 WSI 级别核分裂象的自动化检测与计数任务中表现出色，为甲状腺癌核分裂象计数提供了一种高效的解决方案。

### 基于转化理论构建临床病理学规培翻转课堂模式构建与实践探讨

罗丹 宋旭东 唐慧 吴晨阳 李红娜 熊艳杰

华北理工大学附属医院病理科, 唐山 063000

**【摘要】** 翻转课堂作为一种以学生为中心的教学模式，通过课前自主学习和课堂互动，能够有效提升学员的学习能力和实践技能。其在临床病理学教学中的应用缺乏系统的理论指导。本文基于转化学习理论，探讨翻转课堂在临床病理学规范化培训中的应用，构建“课前-课中-课后”三位一体的教学模式。阐述了转化学习理论与翻转课堂的结合机制，提出了以工具性学习、内省式学习、实践性学习和变革式学习为核心的教学设计路径，并分析了该模式在提升学员专业技能、批判性思维和职业素养方面的潜在优势与挑战。

### 基于病理大模型的多类别辅助诊断模型研究与应用

#### 多类别辅助诊断模型研究与应用

潘威君<sup>1,2</sup> 刘增国<sup>1</sup> 王杰<sup>1</sup> 丁明<sup>1</sup> 张泽伟<sup>1</sup> 李胜男<sup>1</sup> 叶楠<sup>1</sup> 余力<sup>1</sup> 丁彦青<sup>2</sup> 蒋光愉<sup>1</sup>

<sup>1</sup>广州华银康医疗集团股份有限公司, 广东 广州, 510000;

<sup>2</sup>南方医科大学南方医院病理科, 广东 广州, 510000

**【摘要】目的** 乳腺穿刺活检在乳腺疾病的组织学病理诊断中具有关键作用，但每个病例出现的病理改变如良恶性病变和癌前病变同时存在，类型繁多、尤其是少见罕见亚型的诊断与鉴别诊断对病理医生工作负担尤其大，且明显依赖诊断经验。本研究旨在使用构建融合弱监督学习与分割模型的人工智能（AI）系统，实现乳腺穿刺病理多类别病变的精准诊断与有效鉴别，并提供病灶可视化提示，在常见病变中达到高准确率的同时，对罕见病变保持稳定检测能力，从而提升复杂病例下的诊断效率与一致性。  
**方法** 本研究纳入 8696 例经双盲复核的乳腺穿刺病理样本，涵盖 5 大类、13 个细分类别，包括浸润性癌（浸润性导管癌、浸润性小叶癌、其他特殊类型的癌）、导管原位

癌（高/中/低级别）、导管增生性病变（ADH、UDH、柱状上皮病变）、乳头状病变、纤维上皮性肿瘤（纤维腺瘤、叶状肿瘤）及其他非肿瘤性病变（乳腺腺病、纤维囊性乳腺病、硬化性腺病等）。所有样本均完成全片标注与病灶分割标注，总计 42330 个标注单元。核心技术采用基于 GigaPath 病理大模型的弱监督全图特征提取与 Convnext-Upernet 分割模块的病灶级精细定位相融合。GigaPath 实现全局多类别初筛与特征整合，分割模块在感兴趣区域内完成精准病灶轮廓描绘及分类识别。两者通过概率热力图引导与分割结果反向优化的双向融合机制协同工作，既保证全图诊断的鲁棒性，又提升形态相近病变（如 ADH 与低级别 DCIS）的鉴别诊断能力，同时在少样本罕见亚型中保持较高敏感性。**结果** 在整体性能方面，模型在五大类病变的检测中均表现出较高敏感性，全部超过 92%，其中浸润性癌最高（98.09%），导管增生性病变（93.18%）、乳头状病变（92.05%）、纤维上皮性肿瘤（92.25%）及非肿瘤性病变（92.12%）均保持稳定水平。在临床常见小类中，浸润性导管癌的敏感性达 99.40%，接近临床理想状态；乳腺腺病 97.80%，在非肿瘤性病变中表现突出；纤维腺瘤 88.12%，为良性肿瘤中检测性能最佳类别。模型在导管上皮普通型增生（UDH）等非肿瘤性增生性病变中也达到 83.21% 的敏感性，体现了对不同性质病变的兼容与适应性。在鉴别诊断或分级诊断方面，针对形态相似的病变（如 ADH 与低级别 DCIS），模型的区分能力明显优于单一模型策略，有助于减少误诊与漏诊风险。在少样本类别中，如叶状肿瘤、浸润性小叶癌等，模型在样本量有限的情况下仍能保持 50%~71% 的敏感性，显示出一定的稳定性和扩展潜力。总体来看，该模型在常见类别中实现了接近理想水平的高敏感性，同时兼顾了罕见类别的可检测性和病变形态相近的鉴别力，满足临床对多类别乳腺病理诊断的高准确性与高可靠性需求。**结论** 本研究提出的 AI 辅助诊断模型将弱监督病理大模型与分割模块深度融合，实现全图级诊断与病灶级精细识别的统一，在乳腺穿刺病理多类别病变的诊断与鉴别诊断中表现出高敏感性与高准确性。该系统在常见病变中可稳定达到接近临床理想水平的检测性能，并在罕见病变中展现出良好的泛化与稳定性，能够显著提升病理医生的诊断效率和一致性，具备在临床乳腺病理诊断中推广应用的潜力。

## 胰腺癌 KRAS 基因突变伴扩增的数字化 FISH 图像空间分布特征分析

曾玲丽 武莎斐 刘媛媛 张鸿曦 李凯咪 刘梦琳 曾瑄

中国医学科学院 北京协和医学院 北京协和医院病理科, 北京 100730

**【摘要】目的** 随着数字病理与人工智能技术的不断发展, 基于结构化分析的数字化 FISH 图像处理为基因扩增的精准识别提供了新的技术途径。既往研究表明, KRAS 基因扩增是导致靶向 KRAS 突变抑制剂耐药的重要机制之一, 并与不良预后密切相关。针对 KRAS 突变型胰腺癌开展 KRAS 扩增的数字化表征, 不仅有助于深入理解其生物学特性, 还可为智慧病理与 AI 识别模型的构建提供训练数据支撑。本研究利用数字化 FISH 图像, 对 KRAS 扩增的组织原位特征及空间分布进行定量分析。**方法** 收集 2019 年 10 月至 2024 年 4 月期间北京协和医院存档的 355 例胰腺癌标本, 采用二代测序检测基因突变与拷贝数变异, 并通过荧光原位杂交 (FISH) 对 KRAS 基因扩增进行原位验证与表征。在 OLYMPUS BX51 荧光显微镜 (日本奥林巴斯公司) 及成像系统下采集数字化 FISH 图像, 进行信号计数、空间分布标注及结构化记录。**结果** 共检出 6 例 (1.69%, 6/355) KRAS 突变伴扩增的胰腺癌患者 (男性 4 例, 女性 2 例; 中位年龄 62.0 岁, 范围 52~73 岁), 突变亚型包括 G12D (3 例)、G12V (1 例)、Q61R (1 例) 及 A146T (1 例)。NGS 检测的中位 KRAS 拷贝数为 4.45 (3.30~6.30)。FISH 原位检测显示, 中位 KRAS 基因拷贝数/细胞为 8.85 (6.75~12.65), 中位 CEP12 拷贝数/细胞为 3.58 (2.20~4.05), KRAS/CEP12 中位比值为 2.98 (2.13~3.13)。其中 5 例标本呈均质化扩增分布, 1 例胰尾细针穿刺细胞学标本显示明显基因异质性, 表现为阳性与阴性肿瘤细胞镶嵌分布。**结论** 本研究基于数字化 FISH 图像, 对胰腺癌 KRAS 扩增的空间分布特征进行了结构化、量化分析, 为后续 FISH 图像 AI 识别算法的开发与模型训练提供了可验证的实践数据支撑。通过精确的空间分布标注, 可进一步构建可共享的扩增型胰腺癌 FISH 图像特征数据库, 为算法的泛化能力与识别精度优化提供基础。该方法有望促进病理人工智能在分子病理量化分析中的应用, 推动智慧病理科建设, 并为胰腺癌的精准诊断与个体化治疗提供参考。

## 《基层病理科低成本数智化建设实践分享》摘要

张越

科右前旗人民医院病理科

**【摘要】目的** 针对基层县域级病理科普遍存在资源有限、效率低下、质控薄弱等痛点，探索低成本、高适配性的智慧化建设模式，实现诊断流程标准化与资源共享化。

**方法** (1) 基础数字化：手工表单电子化（WPS）：重构200余张质控表格，建立13项指标季度分析机制。混合云存储：采用“本地+云端”双备份保障数据安全。(2) 系统智能化：硬件创新：严选高精度扫描仪（测试小通量与大通量数字扫描仪，从清晰度及解决人工成本及存贮成本），建成1.2万例WSI库。工具替代：“WPS多人协作”办公软件与“简道云流程”办公软件双结合，重构全流程质控追踪系统，实现扫码管理、自动TAT预警。AI轻量化：校企共建数字人教学平台引擎、穿刺活检标本结构化诊断报告纠错模型、接收/制片/质控数据AI预警模型（错乱数据池训练），提升质控数据及监控指标与人员实际操作风险评估合格率。(3) 区域协同化：建立多中心协作体联盟，引入三级资源互助、整合、下沉机制，共享切片库、开展双周数字化学术会。

**结果** 效率提升：制片合格率从65%→92%，TAT自动监控率100%，管理负担减少60%。质量优化：诊断符合率 $\geq 98.5\%$ ，AI辅助癌细胞识别准确率提升15%。能力突破：建成5000例教学库，年轻医生培养周期缩短40%；联盟覆盖17家医院。**结论** 县域智慧病理建设需坚持“轻量投入、分步迭代、场景创新”：简道云等实用性办公软件工具可低成本替代手工管理；AI开发需聚焦基层应用痛点；区域联盟+互联网协作+资源整合+数智赋能是破解资源孤岛的核心路径。本实践为二级医院提供“电子化→智能化→联盟化”三阶范式。

## 《县域级病理科智慧化建设实践与经验分享》摘要

张越

科右前旗人民医院病理科

**【摘要】目的** 针对县域病理科长期存在的数据管理低效、质控手段匮乏、资源孤岛化及诊断效率瓶颈等核心挑战，本项目通过三十年渐进式转型（手工统计→质控管理

→全流程智能化),探索低成本、高适配性的智慧病理科建设路径,旨在实现诊断流程标准化、管理精细化与资源共享化,全面提升基层病理服务质量、效率及管理水平。

**方法** 采用系统性分阶段策略:(1)基础建设阶段(1995-2005):建立手工闭环管理体系:联通 HIS/EMR 及实验室仪器,实现标本接收至报告发放的流程追踪。引入质控工具:通过 MAXS 质控体系实现分工专科化,依托单机版系统初步实现数据分析。(2)流程优化阶段(2005-2015):半无纸化质控管理:基于 200 余张手工表单,利用 WPS 软件实现实时记录与季度质控分析(13 项指标)。建立“问题溯源-改进”机制:应用 PDCA 等工具优化流程,构建互联网病例交流平台。采用本地+云端混合存储保障数据安全。(3)智能赋能阶段(2015-2025):硬件升级:筛选高精度扫描仪建成 1.2 万例 WSI 库,支持快速调阅与远程诊断。系统整合:部署 PIS 系统,重构简道云在线质控体系,实现扫码追踪与自动 TAT 预警。AI 融合:校企共建开发 AI 工具(如穿刺制片合格性预警、癌细胞辅助标记),覆盖诊断/教学/科研全场景,坚持医生终审原则。区域协同:建立多中心联盟平台,共享数字切片库、开展学术会议及联合科研。**结果** 质效双升:制片合格率从 65% 升至 92%,诊断符合率稳定  $\geq 98.5\%$ ; AI 辅助使癌细胞识别准确率提升 15%,科研病例筛选效率提高 10 倍。管理优化:简道云系统减少 60% 手工报表负担,试剂浪费降低 30%; TAT 实现自动监控,设备利用率显著提升。能力突破:建成 5000 例教学库,年轻医生培养周期缩短 40%; 区域联盟覆盖 10 余家医院,实现跨机构资源互补。安全强化:电子化质控体系覆盖全流程,自动监控关键指标并实施数据加密/异地备份。**结论** 县域病理科智慧化建设需立足“低成本、渐进式、重实效”原则:分阶段夯实基础(流程标准化)→优化管理(数据驱动)→智能赋能(AI 协同);轻量化工具(如简道云)可高效替代手工管理,严格验证的硬件适配保障基层可行性; AI 应用聚焦人机协同,以临床场景驱动创新; 区域联盟破解资源孤岛,实现“精准诊断、高效运营、资源可及”的核心价值。实践证明,该路径成功推动基层病理从“经验驱动”向“体系支撑”跃迁,为二级医院提供可复制的智慧化转型范式。

## 基层病理科人机协同的数字人引擎在教学、科研及管理中的应用经验

张越

科右前旗人民医院病理科

**【摘要】目的** 针对基层病理科教培资源不均及匮乏、科研效率低下、管理流程粗放等痛点，探索以数字人引擎为核心的人机协同模式，实现教学个性化、科研高效化与管理精细化。**方法** (1) 教学场景：利用区域医共体病理诊断中心的优势条件，构建 AI Tutor 数字导师：基于年检量收集病例库 20000 例标注教学库（含疑难切片），生成个性化学习路径；(2) 部署虚拟诊断沙盘：模拟真实病例诊断流程，训练 AI 实时对比学员操作与标准答案（如规范化国家 10 大恶性肿瘤案例），形成统一结构化报告诊断思维及规范诊断报告术语。(3) 科研场景：开发智能科研引擎，整合多中心病理切片与临床数据，大模型快速筛选目标病例（效率提 10 倍）；提供查新科研路径与创新思维参考数据指导。(4) 建立多模态分析平台：融合病理图像-分子数据，发现恶性肿瘤新标志物数据链条提示可能性及参考建议路径，引导基层普适化多中心地方性科研数据收集。(5) 管理场景：搭建 AI 质控中枢，实时监测制片质量（染色不均预警）、诊断报告合规性；规避因人员能力训练不足导致的诊断失误可能性，降低精准诊疗过程中病理诊断不精准的壁垒。(6) 推行数据驱动决策：全流程质控 PIS 跟踪平台，自动生成 TAT 预警、试剂耗材需求预测，提示自动或人工提问式 AI 辅助数字人质控监测体系。**结果** 教学适配性使基层从业人员诊断准确率提升 40%，培养周期缩短 35%；基层科研可行性 AI 模型提升课题合格率，具备支撑省级课题训练能力；质控管理层面，解决基本报告签发时间压缩 67%（3.2 天→1.1 天），质控人工耗时降 60%。**结论** 数字人引擎通过“教学-科研-管理”三链融合，重塑基层病理工作模式：数字导师破解师资短缺，实现“因材施教”；能科研引擎加速数据转化，降低研究门槛；AI 质控中枢建立闭环管理，保障服务质效。本实践为基层医院提供“以人为核心、AI 为赋能底座”的协同范式。

## 《病理大模型驱动的基层教学、科研与管理融合实践》摘要

张越

科右前旗人民医院病理科

**【摘要】目的** 病理科室的管理涵盖病例登记、取材、包埋、制片、染色、核对、诊断、报告管理等多个环节，流程复杂繁琐。通过验证病理大模型在整合基层医疗资源、破解数据孤岛中的技术价值，构建教学-科研-管理一体化解决方案。**方法** 一、跨模

态知识融合：(1) 教学端：大模型关联病理图像-临床文本-CT 影像（如肺癌案例），生成三维知识图谱；有效培育多学科 MDT 基层适配性团队人员诊疗综合评估能力。(2) 科研端：整合 TCGA-FFPE 切片（癌症组织的显微镜照片）与 RNA-seq（基因活动）数据，训练多模态标志物挖掘模型，结合“看”和“测”两种手段，从而找出更全面、更强大反映疾病特征的线索及新型生物标志物（基层少见或地方性疾病数据被严重忽视）。

二、轻量化工具链部署 (1) 教学：低带宽环境的虚拟切片共享平台（“千县千镜”项目）；提供基层适配性条件。(2) 管理：区块链+国密算法双认证，保障数据安全（符合等保三级）。解决基层医疗信息安全薄弱，保护重要医疗数据（如病人的病理报告、切片信息等）不被泄露、不被篡改。(3) 闭环质控体系：AI 质控实时监测 13 项指标（染色均质性、诊断符合率）；解决基层基本常态化技术缺陷问题。(4) 联邦学习：构建区域病理科研云（多中心区域联合体医院共享可开放资源数据）。

**结果** 基于基层师资缺口现状，缓解教学持续性培训输出 30%，强化实操通过率+18%；引导建立基层可整理性数据科研机制与思维，锁定适应症，研发周期缩短 75%；解决基层技术质控流程管理缺陷，使切片合格率达 99.2%（92%→99.2%），漏诊率降至 0.3%（行业平均 1.2%）。

**结论** 病理大模型通过“技术-数据-流程”三重整合，实现基层能力跃升：多模态对齐突破知识传授壁垒；联邦学习破解数据孤岛，驱动科研创新；轻量化工具链保障低资源环境落地。未来需进一步优化算法可解释性（如 Patho-Explainer 工具），完善 DRG 付费等政策配套。



# 感谢以下单位对本次会议的大力支持



罗氏诊断产品（上海）有限公司



武田（中国）国际贸易有限公司



上海罗氏制药有限公司



北京中杉金桥生物技术有限公司



福州迈新生物技术开发有限公司



徕卡显微系统（上海）贸易有限公司



默克雪兰诺有限公司



阿斯泰来制药(中国)有限公司



安捷伦科技（中国）有限公司



上海商汤善萃医疗科技有限公司



再鼎医药（上海）有限公司



北京透彻未来科技有限公司



厦门艾德生物医药科技股份有限公司



上海朗珈软件有限公司



 迪英加科技 杭州迪英加科技有限公司

 河南赛诺特生物技术有限公司

大鸟 南京大鸟科技有限公司

Gene<sup>+</sup> 吉因加 北京吉因加科技有限公司

 永嘉信息科技 江苏永嘉信息科技有限公司

 达科为 深圳市达科为医疗科技有限公司

 艾普迪 艾普迪实验器材制造（上海）有限公司

 迈杰转化医学 迈杰转化医学研究（苏州）有限公司

 WINMEDIC<sup>®</sup> 志盈医学 山东志盈医学科技有限公司

 KFBIO 江丰生物 宁波江丰生物信息技术有限公司

 PATH AI 医策科技 杭州医策科技有限公司

 INNOCARE 诺诚健华 诺诚健华医药科技有限公司

**主办单位：**《中华医学杂志》社有限责任公司  
中华医学会病理学分会  
苏州大学附属第一医院

**协办单位：**江苏省医学会病理学分会  
江苏省抗癌协会肿瘤病理专业委员会  
江苏省医师协会病理科医师分会  
北京精鉴病理学发展基金会  
北京协和医学基金会瞳行病理公益项目

**学术支持：**《中华病理学杂志》编辑委员会

