DOI:10.12138/j.issn.1671－9638.20264343

·综 述·

预测模型在 HIV 感染全周期管理中的研究进展与挑战

朱润宇[1,2],金艳涛[1],孙若寒[1,2],和子琛[1,2],王思语[1,2],郭会军[1],许前磊[1,2]
(1. 河南中医药大学第一附属医院艾滋病临床研究中心,河南 郑州 450000; 2. 河南中医药大学第一临床医学院,河南 郑州 450046)

[摘 要] 尽管抗反转录病毒治疗已将人类免疫缺陷病毒(HIV)感染转变为可管理的慢性疾病,但临床实践在早期诊断、治疗依从性、长期药物毒性及并发症管理等方面仍面临严峻挑战。在此背景下,构建高效的风险预测模型已成为实现 HIV 感染精准防治的关键突破口。随着大数据与机器学习技术的发展,HIV 相关预测模型已在风险筛查、诊断优化、疗效评估和预后管理等方面取得显著进展。本文系统梳理 HIV 感染全周期管理中不同阶段相关预测模型的应用与研究进展,旨在识别当前研究瓶颈,并探讨中西医融合背景下模型优化的未来路径,为完善 HIV 感染精准防治体系提供理论参考与实践思路。

[关 键 词] 人类免疫缺陷病毒;感染;风险预测;预测模型;研究进展
[中图分类号] R181.3+2

Research progress and challenges of prediction models in the full-cycle management of HIV infection

ZHU Runyu[1,2], *JIN Yantao*[1], *SUN Ruohan*[1,2], *HE Zichen*[1,2], *WANG Siyu*[1,2], *GUO Huijun*[1], *XU Qianlei*[1,2](1. *AIDS Clinical Research Center, The First Affiliated Hospital of Henan University of Chinese Medicine, Zhengzhou* 450000, *China*; 2. *No.1 Clinical Medical School, Henan University of Chinese Medicine, Zhengzhou* 450046, *China*)

[**Abstract**] Although antiretroviral therapy has transformed human immunodeficiency virus (HIV) infection into a manageable chronic disease, clinical practice continues to face substantial challenges in early diagnosis, treatment adherence, long-term drug toxicity, and management of complications. In this context, the development of efficient risk prediction models has become a key breakthrough for achieving precision prevention and treatment of HIV infection. With advances in big data and machine learning technologies, HIV-related prediction models have made significant progress in risk screening, diagnostic optimization, treatment efficacy evaluation, and prognostic management. This article systematically reviews the applications and research advances of prediction models at different stages of the full-cycle management of HIV infection, aiming to identify current research bottlenecks, explore future directions for model optimization in the context of integrating traditional Chinese and Western medicine, and provide theoretical guidance and practical insights for improving the precision prevention and treatment system for HIV infection.

[**Key words**] human immunodeficiency virus; infection; risk prediction; prediction models; research progress

[收稿日期] 2026－03－13
[基金项目] 国家自然科学基金青年项目(81803953);河南省科技研发计划联合基金(242301420093);河南中医药大学“双一流”创建工程中医学学科项目(HSRP-DFCTCM-2023-4-01);河南省中医药研究专项(2022JDZX080、2023ZXZX1160)
[作者简介] 朱润宇(2002－),女(汉族),河南省郑州市人,硕士研究生在读,主要从事中医药防治感染性疾病研究。
[通信作者] 金艳涛 E-mail:jentyking@126.com

人类免疫缺陷病毒(human immunodeficiency virus，HIV)感染可引起慢性传染性疾病，若未有效控制可进展为获得性免疫缺陷综合征(acquired immunodeficiency syndrome，AIDS)。HIV 感染/AIDS 的全球流行仍是重大公共卫生挑战[1]。截至 2024 年 12 月，全球现存 HIV 感染者约 4 080 万人，每年新发感染超百万例[2]。尽管抗反转录病毒治疗(antiretroviral therapy，ART)能够有效抑制病毒复制，改善免疫功能[3]，目前防治体系仍存在诊断延迟、患者治疗依从性不足、长期用药的不良反应及并发症风险累积等关键问题[4]。因此，HIV 感染防控策略正逐步从群体化防控向个体化、精准化管理转变[5]。

风险预测模型通过整合多维数据，对个体在感染风险、疾病进展、治疗反应及长期预后等阶段的风险进行量化评估与分层，为实现精准干预提供科学依据[6]。近年来，大数据分析技术和机器学习算法快速发展，HIV 感染相关预测模型的研究取得了显著进步，其应用已覆盖感染前风险评估、感染后治疗策略优化及远期并发症防控等多个环节。本文系统综述预测模型在 HIV 感染全周期管理中的研究进展，对比分析不同建模方法的优势与局限，以期为构建更具前瞻性和个体化特征并融合中西医特色的 HIV 感染精准防治策略提供学术参考与启示。

1　HIV 感染前期诊断与风险预测模型

早期诊断和及时干预是 HIV 感染防治中控制 HIV 传播和降低其疾病负担的关键环节[7]。该阶段预测模型的核心目标在于整合多源数据，如人口统计学特征、行为风险因素、病毒暴露史及社会网络信息等，精准识别高风险个体。预测模型在此阶段的应用为推广暴露前预防(pre-exposure prophylaxis，PrEP)、目标人群筛查及为干预提供量化工具，有助于提升防控效率并优化资源配置[8-9]。

近年来，多项研究围绕上述目标开展了有益探索，从不同角度表明了多维数据融合与机器学习方法在提升预测效能方面的价值。Alie 等[10]基于 J48 决策树构建的青少年 HIV 检测行为预测模型显示，社会行为因素具有较高的预测价值，也证明了决策树算法在特定人群中的实用性与高判别力。Friedman 等[11]与 Nethi 等[12]的研究则进一步表明，将机器学习模型集成至电子病历系统，可在真实临床环境中实现高效风险分层，显著提高筛查针对性，尤其在资源受限地区具备重要推广潜力。同时，Burns 等[13]与 Liu 等[14]的研究共同指出，除常规人口学与临床指标外，社会决定因素及特定健康行为对女性 HIV 感染风险具有较高预测价值，提示未来模型应纳入更广泛的社会与环境变量。此外，Tesfie 等[15]开发的列线图预测模型与 Li 等[16]针对男男性行为者建立的随机生存森林模型，均显示出良好的个体化风险评估能力，进一步支持了模型在指导精准预防和分层干预中的实用性。特别值得关注的是，张艳燕等[17]尝试将中医“病证结合”理念引入预测体系，探索气虚、湿热等证候要素在 AIDS 发病预测中的潜在作用，为构建中西医融合的预测新范式提供了支持。

HIV 感染早期风险预测模型正经历从传统回归向机器学习主导的方法学转变，XGBoost、随机森林等集成算法在多数研究中展现出优于 Logistic 回归的判别性能，见表 1。整合人口学、行为学及社会决定因素可显著提升模型对隐匿风险的识别能力。

2　HIV 感染中期治疗反应预测模型

HIV 感染一经确诊，及时启动 ART 是控制病情进展、降低传播风险及改善患者预后的关键措施[7]。中期治疗反应预测模型主要聚焦病毒抑制效果、免疫恢复程度和生存预后，旨在通过整合基线病毒载量、$CD4^+$ T 细胞计数、基因型耐药信息及治疗依从性等多方面指标，构建可指导治疗方案个体化调整与长期管理的预测工具。此类模型的应用有助于早期识别治疗失败或免疫重建不良的高风险患者，为临床优化治疗方案、强化随访干预及提高患者生活质量提供科学依据。

表 1 HIV 感染早期风险预测模型的研究进展

国家	预测因子类型	建模方法	目标人群	性能指标	应用场景	参考文献
埃塞俄比亚	年龄、对 HIV 检测地点的了解、首次性行为年龄、近期性活动等	决策树模型	青少年	受试者工作特征（ROC）曲线下面积（AUC）、准确率、F1 评分、特异度、精确度等	青少年 HIV 检测服务	[10]
肯尼亚	年龄、婚姻状况、伴侣 HIV 状态、经历过性暴力等	极限梯度提升模型	有 HIV 感染风险的个体	精确率－召回率曲线下面积（AUC-PR）等	识别 HIV 感染高风险个体	[11]
美国	年龄、性别、种族、婚姻状况等	极限梯度提升模型	有 HIV 感染风险的个体	AUC、特异度、灵敏度等	识别 HIV 感染高风险个体	[12]
美国	性别、是否有男性性伴侣、种族等	极限梯度提升模型	可能从 PrEP 中受益的个体	AUC、AUC-PR 等	识别可能从 PrEP 中受益的个体	[13]
美国	年龄、种族、社区收入、教育程度、犯罪率等	极限梯度提升模型	女性	AUC、灵敏度、特异度等	预测女性未来 HIV 感染风险	[14]
埃塞俄比亚	年龄、教育程度、婚姻状况、首次性行为年龄、居住地等	多变量混合效应 Logistic 回归模型/列线图模型	性活跃女性	AUC、Brier 评分、灵敏度、特异度等	预测性活跃女性 HIV 感染风险	[15]
中国	年龄、月收入、性别角色、性伴侣数量、居住地等	随机生存森林模型	HIV 感染风险较高的男男性行为者	AUC、C-index、Brier 评分等	预测 HIV 阴性男男性行为者新发 HIV 感染风险	[16]
中国	气虚、湿热、婚姻状况、$CD4^+$ T 细胞计数、年龄等	反向传播（BP）神经网络模型	无症状期 HIV 感染者	混淆矩阵、ROC	预测 AIDS 发病风险	[17]

多项研究围绕预测患者 ART 反应展开了深入探索，共同验证了机器学习模型在处理复杂临床数据、识别非线性关系及提升预测精度方面的显著优势。在治疗失败预测方面，Mamo 等[18]开发的随机森林模型展现出接近完美的判别能力，其识别出的性别、ART 方案、ART 持续时间、$CD4^+$ T 细胞计数等关键预测因子为高风险患者的早期干预提供了明确依据；Zhang 等[19]则构建了适用于资源受限环境的列线图评分系统，基于延迟 ART 启动、依从性差等六项常规指标获得中高等预测效能，体现了其在基层医疗场景中的实用价值。在生存预后与免疫重建预测领域，Li 等[20]研究开发了一种列线图预测模型，该模型整合了 HIV 感染诊断到 ART 启动的间隔时间、感染途径及基线 $CD4^+$ T 细胞计数等 9 项指标。结果证实，该模型能够预测患者在接受 ART 治疗后第 4、5、6 年的完全免疫重建（complete immune reconstruction，CIR）概率，在训练集和验证集中均表现出良好性能。该模型能够为接受 ART 治疗的 HIV 感染者（包括 AIDS 患者）提供个性化的生存预测，帮助医生和患者更好地评估预后。同时，机器学习模型表现出超越传统统计方法的潜力。Cai 等[21]与 Li 等[22]的研究一致显示，随机森林及其衍生生存模型在预测患者长期生存率方面显著优于传统 Cox 回归，具备更高的准确率与稳健性。Chen 等[23]进一步揭示了 $CD4^+$ T 细胞计数与血红蛋白水平在免疫学无应答（immunological non-response，INR）预测中的关键作用及二者与 INR 风险之间的非线性关联，凸显了机器学习捕捉复杂临床模式的能力。此外，黄娜等[24]与马龙等[25]的研究分别构建了针对免疫功能重建不全及长期生存的预测模型，共同强调了基线 $CD4^+$ T 细胞计数、治疗时机、人口学及临床分期等因素对预后的显著影响，为个体化风险评估提供了可量化工具。

中期预测模型主要聚焦于病毒学失败、免疫重建及生存预后三大临床终点，见表 2。随机森林及生存模型在预测长期生存方面展现出较 Cox 回归更高的 C-index，提示机器学习在捕捉 $CD4^+$ T 细胞计数、血红蛋白等指标的动态非线性关系方面具有优势。

3 HIV 感染后期并发症风险预测模型

随着 ART 的广泛应用，HIV 感染者的预期寿命已显著延长，其疾病管理重点已由单纯的病毒控制逐步转向对长期并发症的综合防治。在此背景下，后期并发症风险预测模型应运而生，其可通过整合临床指标、免疫状态、合并症及社会行为等多维指标实现对个体发生机会性感染、非 AIDS 相关疾病、重症监护需求及生活质量下降等风险的精准评估。这类模型不仅有助于早期识别高危人群并实施针对性干预策略，还在优化长期随访策略、合理配置医疗资源及改善整体生活质量方面显示出重要价值。

表 2　HIV 感染中期风险预测模型的研究进展

国家	预测因子类型	建模方法	目标人群	性能指标	应用场景	参考文献
埃塞俄比亚	性别、年龄、ART 方案、ART 持续时间、教育程度、$CD4^+$T 细胞计数等	随机生存森林模型	HIV 感染者	AUC、灵敏度、特异度、精确度、F1 评分等	识别 HIV 感染者病毒学失败的预测因素	[18]
中国	ART 启动延迟、依从性、ART 停药、不良反应、$CD4^+$T 细胞计数等	Logistic 回归模型/列线图模型	HIV 感染者	AUC、决策曲线分析(DCA)、校准曲线等	预测 HIV 感染者病毒学失败的发生率和决定因素	[19]
中国	感染途径、基线 $CD4^+$T 细胞计数、基线 $CD4^+/CD8^+$T 细胞比值、从 HIV 感染诊断到 ART 开始的间隔时间等	Cox 回归模型/列线图模型	HIV 感染者	C-index、ROC、校准曲线、DCA 等	预测接受 ART 的 HIV 感染者发生 CIR 的概率	[20]
中国	确诊年龄、$CD4^+$T 细胞计数、是否接受 ART、婚姻状况等	随机生存森林模型	HIV 感染者	准确率、精确度、召回率、F1 评分、AUC 等	预测 HIV 感染者生存结局，分析生存影响因素	[21]
中国	年龄、血红蛋白、感染途径、$CD4^+$T 细胞计数、血糖等	随机生存森林模型	HIV 感染者/AIDS 患者	AUC、C-index、校准曲线、Brier 评分等	预测 ART 启动后中国 HIV 感染者/AIDS 患者的生存状况	[22]
中国	基线时、6 个月时和 12 个月时 $CD4^+$T 细胞计数与基线时血红蛋白、6 个月时血红蛋白水平等	随机森林模型	HIV 感染者	ROC、校准曲线、DCA 等	早期预测 HIV 感染者发生 INR 的风险并指导干预	[23]
中国	年龄、基线 $CD4^+$T 细胞计数、ART 治疗前世界卫生组织(WHO)临床分期等	Logistic 回归模型	HIV 感染者/AIDS 患者	ROC	预测 HIV 感染者/AIDS 患者经 ART 治疗后免疫功能重建效果	[24]
中国	文化程度、有无临床症状、$CD4^+$T 细胞计数等	Cox 回归模型/列线图模型	HIV 感染者/AIDS 患者	C-index、校准曲线	预测 HIV 感染者/AIDS 患者接受 ART 的预后	[25]

多项研究围绕并发症风险的精准预测展开深入探索，共同证明了基于多维临床数据与机器学习算法构建的预测模型在识别复杂风险模式、提升预后判断准确性方面具有显著优势。在重症与死亡风险预测方面，Chen 等[26]开发的 XGBoost 模型成功识别出 8 项关键预测因子，在内部与外部验证中均表现出良好区分度；Li 等[27]进一步利用人工神经网络构建重症监护病房(ICU)入住风险模型，凸显了机器学习在捕捉重症预警信号方面的卓越能力。这些模型为临床早期识别危重患者、及时调整治疗策略提供了有力工具。在非 AIDS 定义性疾病与长期健康结局预测方面，Premeaux 等[28]利用血浆免疫标志物构建的支持向量机模型，展现出对中青年患者发生非 AIDS 相关不良事件的精准预测潜力；Huang 等[29]综合了肺结核及其他合并感染等临床变量、性别等人口统计指标和 $CD8^+$ T 细胞计数等实验室指标构建的人工神经网络模型，在预测患者血细胞减少风险方面展示出良好性能；Xie 等[30]则聚焦生活质量这一重要终点，通过高斯过程分类器识别出症状负担为最关键的预测因子，并揭示 ART 持续时间与生活质量之间的非线性关系，为改善患者长期生活质量提供了实际依据。此外，Li 等[31]在预测住院时长与长期住院风险方面的研究，进一步拓展了模型在医疗资源管理中的应用场景。在模型构建方法的比较与优化方面，陈祎炜等[32]与林永年等[33]采用的传统列线图与多因素 Cox 模型显示此类方法仍具有一定可解释性与实用价值，而随机森林、XGBoost、神经网络等机器学习算法在提高预测精度与捕捉非线性关系上普遍优于传统方法，反映了预测方法学的发展趋势。

上述研究表明，后期并发症预测模型的研究视野已从 AIDS 定义性疾病扩展至非 AIDS 相关不良事件、生活质量及重症监护需求，见表 3。XGBoost 和人工神经网络在识别复杂并发症模式方面表现突出，且部分研究已开始纳入免疫标志物等新型生物指标。

表 3 HIV 感染后期风险预测模型的研究进展

国家	预测因子类型	建模方法	目标人群	性能指标	应用场景	参考文献
中国	血红蛋白、感染途径、咳痰、头痛、持续性腹泻、细菌性肺炎等	极限梯度提升模型	HIV 感染者/AIDS 患者	ROC、校准曲线、混淆矩阵等	预测合并常见 AIDS 相关疾病或症状的 HIV 感染者/AIDS 患者的死亡风险	[26]
中国	基线病毒载量、基线 $CD4^+$ T 细胞计数、不明原因感染等	人工神经网络模型	HIV 感染者	Brier 评分、AUC、AUC-PR 等	预测 HIV 感染者入住 ICU 的风险	[27]
美国	年龄、CD27、β-D-葡聚糖、可溶性白细胞分化抗原 14(sCD14)等	支持向量机模型	HIV 感染者	AUC、ROC	预测 HIV 感染者中非致死性非 AIDS 不良事件(NAE)	[28]
中国	低蛋白血症、癌症、低密度脂蛋白胆固醇、$CD4^+$T 细胞计数等	人工神经网络模型	HIV 感染者/AIDS 患者	AUC、特异度、准确率、灵敏度、F1 评分等	预测 HIV 感染者/AIDS 患者住院期间血细胞减少的风险	[29]
中国	症状评分、就业情况、ART 持续时间、HIV 感染持续时间等	高斯过程分类器模型	HIV 感染者	AUC、召回率、精确度、F1 评分等	预测 HIV 感染者生活质量的变化趋势	[30]
中国	不明原因感染、系统性多发性机会性感染、基线 $CD4^+$ T 细胞计数、基线病毒载量等	极限梯度提升模型/神经网络模型	HIV 感染者	AUC-PR、准确率、校准曲线、DCA 等	预测 HIV 感染者长期住院的时间和风险	[31]
中国	使用复方磺胺甲[illegible]恶唑情况、咳痰、婚姻状况、感染途径等	Cox 回归模型/列线图模型	AIDS 患者	AUC、ROC 等	预测 AIDS 患者的生存状况	[32]
中国	年龄、感染种类数、治疗时间、$CD4^+$T 细胞计数等	Cox 回归模型/列线图模型	AIDS 患者	DCA、C-index 等	早期预测 AIDS 合并机会性感染患者的预后不良风险	[33]

4 预测模型的方法学进展与比较

传统统计模型以 Cox 比例风险模型和 Logistic 回归模型为代表。凭借其模型结构透明、参数可解释性高的优势，这类模型在早期研究中被广泛采用，尤其适用于影响因素的初步探索及小样本数据分析。然而，在处理高维、非线性且存在复杂交互作用的真实世界医疗数据时，其预测效能往往受限。相比之下，机器学习模型凭借其良好的数据驱动特征学习能力，在处理复杂数据模式方面展现出优势。其中，集成学习算法能够自动捕获变量间的复杂关系与交互效应，获得较好的判别性能，适用于从大规模电子健康记录中挖掘潜在预测因子。而神经网络模型，包括 BP 神经网络与深度学习模型在处理非结构化数据或极高维特征交互方面潜力相对较好，在预测复杂临床终点事件中表现良好。此外，列线图作为一种将复杂预测模型可视化为临床实用工具的方法，在促进模型成果向临床决策转化方面较为重要，是连接统计模型与临床实践的桥梁。然而，机器学习模型常因决策过程不透明而被视为“黑箱”，导致可解释性降低，其性能还可能受到数据缺失及错误分类的影响[34]。所幸，沙普利加性解释算法(SHAP)、局部可解释的模型无关解释方法(LIME)等可解释人工智能技术兴起，正通过量化特征贡献度等方式，使模型的决策逻辑趋于透明，为破解这一困境提供了关键技术路径[35]。特别需要指出的是，在当前模型中，有效整合中医证候等特色变量仍是一个关键挑战与重要机遇。现有研究大多将中医证候等要素作为静态变量进行处理，未能体现其随疾病进程演变的动态规律。未来研究亟需探索适用于时序证候数据的深度学习模型，如长短期记忆网络(LSTM)，同时应构建中西医结合的标准化特征体系，这是实现从“病”的预测迈向“病证结合”的个体化精准预测的关键。

综上所述，传统统计模型在可解释性上具有天然优势，适合作为临床初步探索的基线工具；而机器学习模型在处理高维、非线性数据时性能更优，尤其适合电子健康记录的海量数据挖掘。当前技术瓶颈已非单纯算法选择，而在于模型可解释性与预测精度的平衡。SHAP、LIME 等工具的引入为破解“黑箱”困境提供了可行方案。未来研究的核心方向在于构建既能动态捕捉证候演变规律、又能保持临床可理解性的中西医融合预测体系。

5 总结与展望

HIV 相关预测模型的研究呈现出从传统统计模型向机器学习模型发展、从单一时间点预测向动态预测演进、从单一指标预测向多源数据融合转变的明显趋势。在感染前期诊断层面，机器学习模型展现出优异的预测性能，为高危人群筛查与针对性干预提供了有力工具，尤其在资源有限地区具有重要应用价值。在中期治疗反应预测方面，研究聚焦

于病毒抑制、免疫重建与生存预后等多个维度，所构建的预测模型可为个体化治疗决策提供量化依据，有助于进一步优化临床治疗策略。在后期并发症预测领域，多种模型被用于早期识别高风险患者，有助于及时采取干预措施，对改善患者生活质量和降低病死率具有重要意义。

然而，该领域仍面临若干挑战：(1)多数研究基于单中心、回顾性数据构建模型，普遍缺乏在独立、多样化人群中进行的外部验证，导致模型的泛化能力和临床普适性存疑；(2)现有模型多为静态预测，尚缺乏能够整合时序数据、动态更新风险并触发实时干预的闭环系统，限制了其在慢性病长期管理中的价值；(3)将中医药证候等特色指标纳入预测模型是未来的重要方向，但目前面临核心概念模糊、缺乏客观量化标准及动态演变规律难以捕捉等方法论瓶颈。因此，未来研究应致力于：(1)制定统一的数据采集标准，并探索联邦学习等隐私计算技术，在保障数据安全的前提下实现多中心协作建模；(2)引入时间序列分析与循环神经网络等动态建模方法，推动预测模型与临床工作流的深度整合；(3)重点攻关证候的客观表征方法，建立具有广泛共识的中西医结合特征体系，并发展能够捕捉证候动态演变规律的专用模型。

作者贡献声明：朱润宇负责论文的撰写和修改；金艳涛负责论文的批评性审阅，并提供研究资源及经费支持；孙若寒、和子琛、王思语负责论文的校对和文献补充；郭会军、许前磊负责论文的批评性审阅。

利益冲突：所有作者均声明不存在利益冲突。

[参 考 文 献]

[1] 中华医学会感染病学分会艾滋病学组，中国疾病预防控制中心. 中国艾滋病诊疗指南(2024 版)[J]. 协和医学杂志，2024，15(6)：1261－1288.
Acquired Immunodeficiency Syndrome Professional Group of Society of Infectious Diseases, Chinese Medical Association, Chinese Center for Disease Control and Prevention. Chinese guideline for diagnosis and treatment of human immunodeficiency virus infection/acquired immunodeficiency syndrome (2024 edition)[J]. Medical Journal of Peking Union Medical College Hospital, 2024, 15(6): 1261－1288.

[2] Tang Q, Lu HZ. HIV/AIDS responses in China should focus on the impact of global integration[J]. Biosci Trends, 2018, 12(5): 507－509.

[3] Landovitz RJ, Scott H, Deeks SG. Prevention, treatment and cure of HIV infection[J]. Nat Rev Microbiol, 2023, 21(10): 657－670.

[4] de la Mora L, Mallolas J, Ambrosioni J. Epidemiology, treatment and prognosis of HIV infection in 2024: a practical review[J]. Med Clin (Barc), 2024, 162(11): 535－541.

[5] Sah AK, Elshaikh RH, Shalabi MG, et al. Role of artificial intelligence and personalized medicine in enhancing HIV management and treatment outcomes[J]. Life (Basel), 2025, 15(5): 745.

[6] Rabaan AA, Bakhrebah MA, Alotaibi J, et al. Unleashing the power of artificial intelligence for diagnosing and treating infectious diseases: a comprehensive review[J]. J Infect Public Health, 2023, 16(11): 1837－1847.

[7] 邵玥明，荀静娜，陈军，等. 人类免疫缺陷病毒感染早期启动抗逆转录病毒治疗的意义[J]. 浙江大学学报(医学版)，2022，51(3)：373－379.
Shao YM, Xun JN, Chen J, et al. Significance of initiating antiretroviral therapy in the early stage of HIV infection[J]. Journal of Zhejiang University (Medical Sciences), 2022, 51(3): 373－379.

[8] Oo MM, Shukalek C, Kishibe T, et al. HIV risk assessment tools for identifying individuals who could benefit from pre-exposure prophylaxis: a systematic review protocol[J]. BMJ Open, 2024, 14(11): e090565.

[9] Afzal M, Agarwal S, Elshaikh RH, et al. Innovative diagnostic approaches and challenges in the management of HIV: bridging basic science and clinical practice[J]. Life (Basel), 2025, 15(2): 209.

[10] Alie MS, Negesse Y. Machine learning prediction of adolescent HIV testing services in Ethiopia[J]. Front Public Health, 2024, 12: 1341279.

[11] Friedman JD, Mwangi JM, Muthoka KJ, et al. Machine learning to improve HIV screening using routine data in Kenya[J]. J Int AIDS Soc, 2025, 28(4): e26436.

[12] Nethi AK, Karam AG, Alvarez KS, et al. Using machine learning to identify patients at risk of acquiring HIV in an urban health system[J]. J Acquir Immune Defic Syndr, 2024, 97(1): 40－47.

[13] Burns CM, Pung L, Witt D, et al. Development of a human immunodeficiency virus risk prediction model using electronic health record data from an academic health system in the southern United States[J]. Clin Infect Dis, 2023, 76(2): 299－306.

[14] Liu YY, Chen AK, Cho H, et al. Development of an electronic health record-based human immunodeficiency virus (HIV) risk prediction model for women, incorporating social determinants of health[J]. BMC Public Health, 2025, 25(1): 2257.

[15] Tesfie TK, Yehuala TZ, Agimas MC, et al. Predicting the individualized risk of human immunodeficiency virus infection among sexually active women in Ethiopia using a nomogram: prediction model development and validation[J]. Front Public Health, 2024, 12: 1375270.

[16] Li KJ, Shi GQ, Zhang C, et al. Prediction of new HIV infec-

tion in men who have sex with men based on machine learning: secondary analysis of a prospective cohort study from Western China[J]. Ann Med, 2025, 57(1): 2476040.

[17] 张艳燕，马笑凡，王梦琳，等. 基于病证结合及 BP 神经网络的艾滋病发病预测模型构建[J]. 中国现代医药杂志，2025，27(1)：1－6.
Zhang YY, Ma XF, Wang ML, et al. Construction of AIDS onset prediction model based on combination of disease and syndrome and BP neural network [J]. Modern Medicine Journal of China, 2025, 27(1): 1－6.

[18] Mamo DN, Yilma TM, Tewelgne MF, et al. Machine learning to predict virological failure among HIV patients on antiretroviral therapy in the University of Gondar Comprehensive and Specialized Hospital, in Amhara Region, Ethiopia, 2022[J]. BMC Med Inform Decis Mak, 2023, 23(1): 75.

[19] Zhang WY, Ren LH, Yang K, et al. Effect of machine learning on risk stratification for antiretroviral treatment failure in people living with HIV[J]. Infect Drug Resist, 2025, 18: 1761－1772.

[20] Li N, Li R, Zheng HY, et al. Establishment and evaluation of a predictive model for immune reconstitution in people living with HIV after antiretroviral therapy[J]. BMC Infect Dis, 2025, 25(1): 264.

[21] Cai Q, Yang LT, Ling YL, et al. Survival prediction models for people living with HIV based on four machine learning models[J]. Sci Rep, 2025, 15(1): 31256.

[22] Li XS, Li YH, Zhu ZP, et al. Development and spatial external validation of a predictive model of survival based on random survival forest analysis for people living with HIV and AIDS after highly active antiretroviral therapy in China: retrospective cohort study[J]. J Med Internet Res, 2025, 27: e71257.

[23] Chen SL, Zhang LX, Mao JC, et al. Predicting the immunological nonresponse to antiretroviral therapy in people living with HIV: a machine learning-based multicenter large-scale study[J]. Front Cell Infect Microbiol, 2025, 15: 1466655.

[24] 黄娜，周竹云. HIV/AIDS 患者 ART 治疗后免疫功能重建不全影响因素分析及风险预测[J]. 中国现代医药杂志，2025，27(8)：71－76.
Huang N, Zhou ZY. Analysis of factors affecting poor immune reconstitution and risk prediction in HIV/AIDS patients after ART treatment[J]. Modern Medicine Journal of China, 2025, 27(8): 71－76.

[25] 马龙，邓文升，时洁，等. 陕西省铜川市 HIV 感染者/AIDS 患者接受抗病毒治疗后生存分析及预测模型构建[J]. 中国热带医学，2024，24(5)：598－602.
Ma L, Deng WS, Shi J, et al. Survival analysis and construction of predictive model for HIV/AIDS patients receiving antiviral treatment in Tongchuan City, Shaanxi [J]. China Tropical Medicine, 2024, 24(5): 598－602.

[26] Chen YW, Pan KJ, Lu XB, et al. Machine learning-based prediction of mortality risk in AIDS patients with comorbid common AIDS-related diseases or symptoms[J]. Front Public Health, 2025, 13: 1544351.

[27] Li JL, Ding Y, Hao YW, et al. Machine learning algorithms to predict the risk of admission to intensive care units in HIV-infected individuals: a single-centre study[J]. Virol J, 2025, 22(1): 267.

[28] Premeaux TA, Bowler S, Friday CM, et al. Machine learning models based on fluid immunoproteins that predict non-AIDS adverse events in people with HIV[J]. iScience, 2024, 27(6): 109945.

[29] Huang LL, Xie B, Zhang K, et al. Prediction of the risk of cytopenia in hospitalized HIV/AIDS patients using machine learning methods based on electronic medical records [J]. Front Public Health, 2023, 11: 1184831.

[30] Xie ML, Zhang ZY, Yu YP, et al. Predicting quality of life in people living with HIV: a machine learning model integrating multidimensional determinants[J]. Health Qual Life Outcomes, 2025, 23(1): 68.

[31] Li JL, Hao YW, Liu Y, et al. Supervised machine learning algorithms to predict the duration and risk of long-term hospitalization in HIV-infected individuals: a retrospective study [J]. Front Public Health, 2024, 11: 1282324.

[32] 陈祎炜，潘珂君，买买提艾力·吾布力，等. 合并 AIDS 相关疾病或症状的 AIDS 患者生存分析及相关影响因素与列线图预测模型构建[J]. 热带医学杂志，2025，25(3)：301－307，330.
Chen YW, Pan KJ, Maimaitiaili·WBL, et al. Survival analysis of patients with comorbid AIDS-related diseases or symptoms of AIDS and the construction of related influencing factors and nomogram prediction model[J]. Journal of Tropical Medicine, 2025, 25(3): 301－307, 330.

[33] 林永年，黄亚兰，邓金兰，等. 泉州地区艾滋病患者机会性感染现状及预后 Nomogram 预测模型的构建[J]. 中国感染与化疗杂志，2024，24(1)：25－31.
Lin YN, Huang YL, Deng JL, et al. Construction of a Nomogram prediction model for the status and prognosis of opportunistic infections in HIV/AIDS patients in Quanzhou area [J]. Chinese Journal of Infection and Chemotherapy, 2024, 24(1): 25－31.

[34] 王嘉孺，杨永，张瑛，等. 人工智能在 HIV 感染风险预测中的应用进展[J]. 中国艾滋病性病，2024，30(5)：526－530.
Wang JR, Yang Y, Zhang Y, et al. Application of artificial intelligence for HIV infection risk prediction [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2024, 30(5): 526－530.

[35] Fernández-Blázquez MA, Ruiz-Sánchez de León JM, Sanz-Blasco R, et al. XGBoost models based on non-imaging features for the prediction of mild cognitive impairment in older adults[J]. Sci Rep, 2025, 15(1): 29732.

（本文编辑：翟若南）

本文引用格式：朱润宇，金艳涛，孙若寒，等. 预测模型在 HIV 感染全周期管理中的研究进展与挑战[J]. 中国感染控制杂志，2026，25(9)：1420－1426. DOI：10.12138/j.issn.1671－9638.20264343.

Cite this article as: ZHU Runyu, JIN Yantao, SUN Ruohan, et al. Research progress and challenges of prediction models in the full-cycle management of HIV infection[J]. Chin J Infect Control, 2026, 25(9): 1420－1426. DOI: 10.12138/j.issn.1671－9638.20264343.