

欧洲 ELIXIR 生物医学数据工具服务平台体系实践与启示^{*}

刘盛宇 胡拯涌 段一凡 钱 庆 吴思竹

(中国医学科学院/北京协和医学院医学信息研究所 北京 100020)

〔摘要〕 目的/意义 满足生物医学领域海量数据分析和应用迫切需求,解决数据分析利用工具缺乏规范化管理等问题。方法/过程 全面分析和总结 ELIXIR 生物医学数据工具服务平台体系工具标准化汇集、管理和共享利用方面的建设思路、方法和技术实现等,在生态系统构建、管理规范、运行环境管理、基准测试与验证、技术更新策略及社区驱动创新等方面对我国开展相关研究和实践提出建议。结果/结论 汲取 ELIXIR 数据工具服务平台体系建设有益经验,可为我国生物医学数据分析利用相关工具规范化管理和服务平台建设提供综合性参考。

〔关键词〕 生物医学;生物医学数据工具服务平台;体系建设;标准化建设

〔中图分类号〕 R-058 〔文献标识码〕 A 〔DOI〕 10.3969/j.issn.1673-6036.2023.11.012

Practices and Implications of the Biomedical Data Tool Service Platform System of European ELIXIR

LIU Shengyu, HU Zhengyong, DUAN Yifan, QIAN Qing, WU Sizhu

Institute of Medical Information & Library, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Beijing 100020, China

〔Abstract〕 **Purpose/Significance** To meet the urgent needs of mass data analysis and application in the biomedical field and solve the problems such as the lack of standardized management of data analysis and utilization tools. **Method/Process** The paper comprehensively analyzes and summarizes the construction ideas, methods and technical realization of the tool standardization collection, management and shared utilization of ELIXIR's biomedical data tool service platform system. Some suggestions are put forward from the aspects of ecosystem construction, management norms, operation environment management, benchmark testing and verification, technology renewal strategy and community-driven innovation. **Result/Conclusion** The useful experience in the construction of ELIXIR's data tool service platform system is learned to provide comprehensive references for the standardized management of biomedical data analysis and utilization tools and service platform construction in China.

〔Keywords〕 biomedicine; biomedical data tool service platform; system construction; standardization construction

1 引言

〔修回日期〕 2023-09-19

〔作者简介〕 刘盛宇,硕士,研究实习员;通信作者:吴思竹,博士,研究员,硕士生导师。

〔基金项目〕 中国医学科学院医学与健康科技创新工程项目(项目编号:2021-I2M-1-057)。

由于高通量、大数据、人工智能等技术的广泛应用,电子健康记录、临床数据和数字医学图像等生物医学数据量激增。然而,人工筛选和初级智能算法等传统分析手段无法处理这些复杂且维度高的

数据^[1]。因此,亟须发现、获取和利用能高效处理和分析挖掘相关数据的专业工具及服务。

美国国家生物技术信息中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI)和欧洲生物信息学中心(European Bioinformatics Institute, EBI)在提供丰富的生物医学数据共享服务的同时,也支持数据处理和分析工具及服务,为数据利用提供了重要技术支撑。但在数据处理和分析工具管理方面,欧洲生命科学基础设施中心(European Life – Science Infrastructure for Biological Information, ELIXIR)更为规范和体系化,在工具注册、版本管理和用户支持方面均设定了更高的标准,包括算法透明度、可重复性、计算效率以及细致的版本控制和丰富的培训资源。ELIXIR建立了成熟的平台、标准和管理体系,促进研究人员访问、分析和整合生物医学数据,推动科学发现。深入研究ELIXIR的实践经验,对我国解决生物医学工具管理缺乏有效机制和方法、标准化不足等问题具有参考价值。鉴于此,本文探讨了ELIXIR数据工具服务平台的建设实践。

2 ELIXIR 生物医学数据工具服务平台体系建设概述

2.1 建设概况

ELIXIR于2013年12月正式成立,由欧洲分子生物学实验室(European Molecular Biology Laboratory, EMBL)、21个成员国和2个候选国(塞浦路斯和奥地利)组成^[2],是欧洲跨政府的生物医学资源整合机构。ELIXIR为了满足生物医学数据分析和整合研究需求,构建了生物医学数据工具服务平台体系,以及工具标准化注册、运行环境管理、工作流集成和工具验证等系列工具子平台,形成生物医学数据处理和分析工具(本文统称为工具)收、管、用体系^[3]。

2.2 平台构成

ELIXIR生物医学数据工具服务平台体系提供了

生物医学数据注册、标准化、深度分析及高效评估的一体化解决方案,由bio. tools、WorkflowHub、BioContainers、UseGalaxy和OpenEBench 5大子平台组成。每个平台各具特色功能。bio. tools平台致力于数据处理、分析和建模工具的标准化信息注册,并提供工具相关信息检索查询,已收录7 247个工具,涉及遗传学、病毒学和疫苗设计等9个领域。WorkflowHub平台专注于数据工作流的注册和共享,工作流主要执行生物医学数据处理或分析任务,如实现序列组装、序列质控等,已整合300余个工作流,覆盖基因组学、单核苷酸多态性、核糖核酸测序等355个领域。BioContainers平台是为工具提供标准化运行环境的容器解决方案,已支持8 982个工具的运行管理。UseGalaxy是专为生物医学研究人员设计的工具与工作流执行平台,已集成7 851个工具和工作流,其嵌入式设计使研究人员可以无缝执行相关工具和工作流。而OpenEBench平台侧重于多维度工具性能评估,已评估23 748个工具,并根据编程文件,如脚本和App等,对工具进行14种类别划分。

2.3 平台研发技术应用

在平台研发技术应用方面,5个子平台主要使用HTML、Shell和Python开发语言。然而,为了实现特定功能,各子平台还采用了其他开发语言。BioContainers平台利用Perl和Makefile语言自动化构建工具运行环境容器。UseGalaxy平台采用Jinja和TeX语言生成和格式化工作流代码模块。bio. tools平台使用XSLT语言处理XML格式的工具文件注册。而OpenEBench平台为满足多线程编程需求,使用Facebook开发的Hack语言。在平台服务方面,bio. tools、UseGalaxy和OpenEBench平台开发了自定义的应用程序接口(application programming interface, API),以提供更精细化的功能支持。而WorkflowHub和BioContainers平台注重接口可用性,采用了标准的API,如JSON API、RestfulAPI和TRS API,以加强平台之间的相互连接性,见表1。

表 1 ELIXIR 生物医学数据工具服务平台体系下各子平台属性

子平台名称	诞生时间（年）	已收录的工具数量（个）	开发语言	API 接口
bio. tools	2014	7 247	XSLT	bio. tools Web API
WorkflowHub	2020	>300	无	JSON API、TRS API
BioContainers	2015	8 982	Dockerfil、Perl 和 Makefile	GA4GH Tool Discovery API、Restful API
UseGalaxy	2019	7 851	Jinja 和 TeX	Galaxy API
OpenEBench	2017	23 748	Hack	OpenEBench 工具 监控 API、OpenEBench ScientificAPI

3 子平台架构和主要功能特点

3.1 生物医学数据工具注册平台 bio. tools

bio. tools 是生物医学数据工具的注册和检索平台，致力于实现工具信息的规范化管理。该平台存储了丰富的工具元数据描述，包括工具的唯一标识、基本信息、特征信息、功能信息、使用信息和相关学术资料。研究人员可以使用工具唯一标识符（biotools ID）、工具名称等主要元数据项来检索和发现工具^[4-5]。

bio. tools 平台为研究人员提供工具元数据注册功能，支持提交 biotoolsID、输入/输出格式及数据类型等信息。为确保统一标准，bio. tools 采用独特的 biotoolsSchema 数据模型，涵盖 18 个结构化生物医学词表，并基于生物医学数据分析和 管理（EM-BRACE data and methods，EDAM）本体框架实现细粒度描述。EDAM 本体提供分层分类，包括工具类别、功能定义、输入/输出格式及数据类型、biotoolsID、支持的数据格式及访问链接等^[6]。通过这些元数据标准，确保工具信息的高效整合，见图 1。

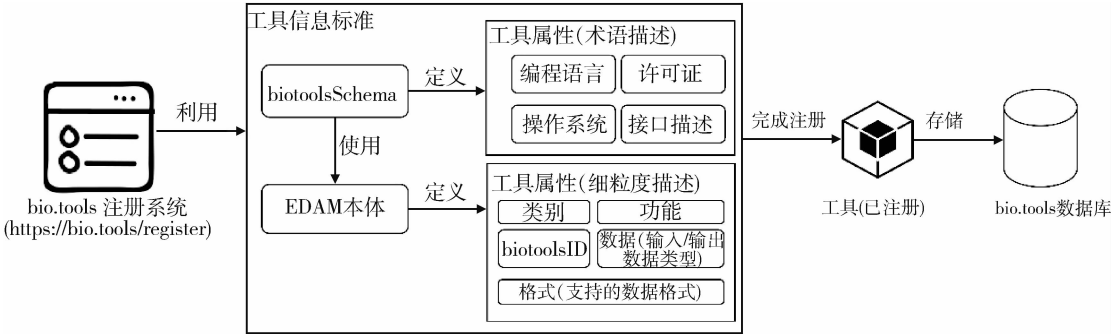


图 1 bio. tools 平台工具注册服务模式

3.2 生物医学工作流资源集成平台 WorkflowHub

WorkflowHub 是生物医学数据工作流的注册和发现平台，提供丰富的工作流资源。支持多维检索，如按创建时间、名称、工作流类型（UseGalaxy、KNIME 和 Nextflow 等）和发布团队进行搜索。研究人员可获取资金来源、工作流源文件和详细描述等信息。为注册集成工作流，WorkflowHub 提供完善的注册机制，包括填写元数据信息、上传文件（支持本地和远程链接），并提供多次审核质控。每

个工作流都有唯一的数字对象标识符（digital object unique identifier，DOI），确保唯一标识和定位，促进传播和引用。除鼓励研究人员上传工作流外，WorkflowHub 管理团队还从 GitHub、nf-core 和 my-Experiment 等权威渠道筛选和整合工作流，确保库中的工作流经过严格验证^[7]。

WorkflowHub 为研究人员提供了高效、规范的工作流注册平台，通过核心工作流标准化框架，支持同时注册多个工作流。该框架遵循 RO-Crate、通用工作流语言（common workflow language，CWL）和 Bio-

schemas 3 个数据标准模型，确保工作流数据的规范化、结构化，提高 Web 服务器检索效率。Bioschemas 标记 28 个关键属性，增强工作流的在线可查找性；CWL 限定输入输出数据格式，规划任务执行顺序；RO - Crate 将工作流的文件、目录结构、数据类型等描述整合到 JSON - LD 的元数据文件^[8]。WorkflowHub 平台服务模式，见图 2，其中“工作流查看”板块（2A）展示基于 Bioschemas 的工作流检索服务，而“多个工作流注册”板块（2B）揭示依赖 RO - Crate 和 CWL 的多工作流并行注册机制。

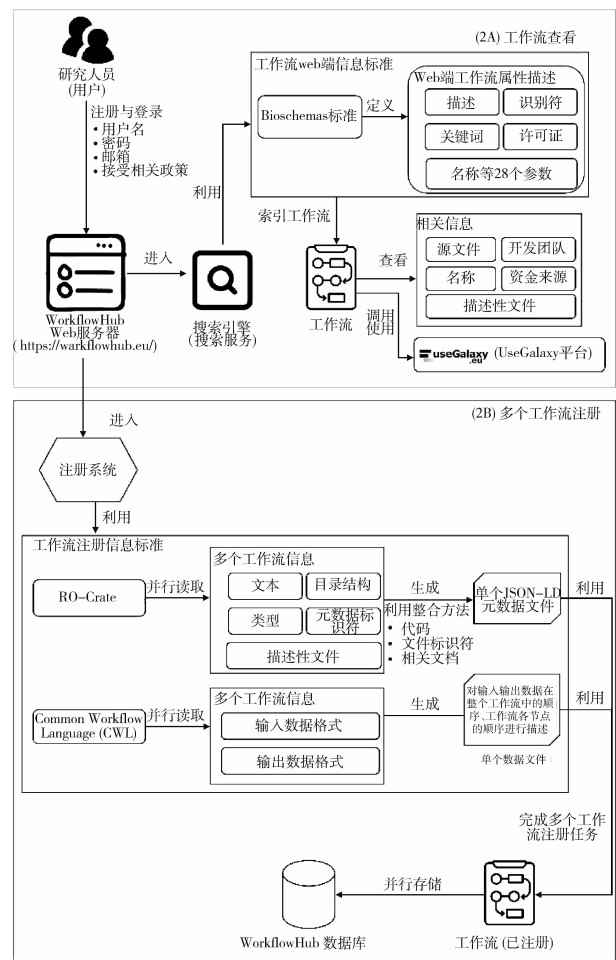


图 2 WorkflowHub 平台服务模式

3.3 生物医学数据工具可执行环境容器化平台 BioContainers

BioContainers 平台利用容器化技术为工具提供了标准化运行环境，确保工具在不同操作系统中的稳定性。该平台主要包括 Docker Containers、Conda

Containers 和 Specifications 3 大组件。Docker Containers 依赖 Dockerfile 脚本自动设定工具运行环境。而 Conda Containers 则先利用 Conda 脚本创建 Conda 包，并基于此包制定 Docker Containers，以确保容器的一致性与可追溯性。Specifications 组件则定义了容器的相关规范，如许可证等。

BioContainers 提供 Web 端服务器 BioContainers Registry。该服务器对各种工具及其容器镜像进行索引，允许研究人员根据工具名称、类别或开发团队等关键信息进行筛选和查找^[9]。每个工具都附带一份详细的描述文件（类似于 README.md 文件），内容包括工具名称、版本、功能概述及操作方法。借助这些明确指导，研究人员可以在本地轻松运行工具，避免复杂的环境配置步骤。

BioContainers 允许研究人员选择合适的容器化技术并撰写配置脚本，以满足其自定义搭建工具时对运行环境的需求。社区管理人员负责对自定义容器进行审核和验证，经过验证的容器将存储在 BioContainers 核心数据库中，并且可以在 BioContainers Registry 中查找和使用。当工具运行环境容器需要更新时，研究人员可以通过“容器请求界面”提交更新需求。社区成员将评估和审核该需求，然后该更新将存入核心数据库，以供查找和应用。BioContainers 运行环境容器架构，见图 3，展示了 BioContainers 的完整组件，以及从研究人员的初步请求到容器的部署阶段。

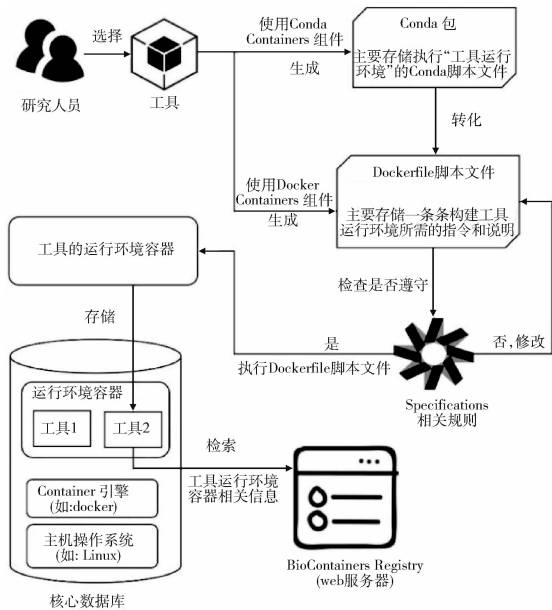


图 3 BioContainers 运行环境容器架构

3.4 生物医学数据工具/ workflow 分析平台 UseGalaxy

3.4.1 平台功用 UseGalaxy 是开源工具和工作流的集成分析平台，为非编程背景研究人员提供一系列准确且可复现的数据分析工具，支持团队协作和数据结果共享。使用 UseGalaxy 集成工具，研究人员可以完成多种生物医学分析任务，例如 DNA/RNA 序列比对、变异检测、基因组注释、蛋白质交互网络分析和代谢途径模拟。此外，UseGalaxy 还允许研究人员创建、保存和根据项目需求调整自定义分析 workflow。

3.4.2 平台技术架构和应用流程 UseGalaxy 平台包含 5 大组件：公共 UseGalaxy 服务器、GalaxyToolShed 存储库、UseGalaxy 云服务模块、培训服务模块和 UseGalaxy 社区。公共服务器采用并行计算和高效 workflow 调度算法，适应高通量数据处理需求。GalaxyToolShed 存储库持续更新，集合了材料科学、机器学习和系统生物学等领域的分析工具，设立严格的审核标准，确保工具和工作流的高质量，并与公共服务器无缝对接。UseGalaxy 云服务模块提供弹性计算框架，满足学术用户和商业用户的个性化需求。培训服务模块为研究人员提供专门教学内容，确保平台的有效利用。UseGalaxy 社区为研究人员、开发人员和教育工作者提供交流平台，通过论坛、交流会和年会等活动，分享和推广最新研究和技术成果^[10]。UseGalaxy “用户工具或 workflow 分析流程”的技术架构和应用流程，见图 4。

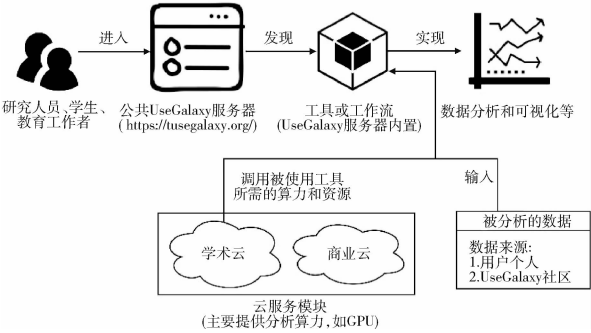


图 4 UseGalaxy 技术架构和应用流程

3.4.3 以用户需求为导向 UseGalaxy 遵循用户需求导向的技术更新策略，及时将最新生物医学数据

分析技术集成到平台服务中。平台支持数据类型批处理，并集成许多关于数据流开发建议，包括调整输入、处理不连续数据等，以提高数据处理的灵活性。平台引入的 Galaxy - ML 支持包括数据标准化、特征选择、模型定义、超参数优化和交叉验证在内的全套监督机器学习工具。结合最新生成式技术，UseGalaxy 引入 OpenAI GPT 辅助工具为研究人员遇到的编程问题提供实时问答解决方案。

3.5 生物医学数据工具性能评估平台 OpenEBench

3.5.1 平台功用 OpenEBench 由 ELIXIR 及其合作伙伴和西班牙巴塞罗那超级计算中心（Barcelona Supercomputing Center, BSC）推出，是工具和工作流的标准化评估平台。在生物医学领域，基准评估为工具性能提供了客观标准。OpenEBench 主要通过使用欧洲核苷酸序列数据库（European Nucleotide Archive, ENA）和欧洲基因组 - 表型组数据库（European Genome - phenome Archive, EGA）的基准测试数据集进行工具的测试和评估^[11]。

3.5.2 工具评估步骤 OpenEBench 的工具评估流程可概括为“预测结果生成”和“基准测试”两大阶段。在“预测结果生成”阶段，研究人员（用户）首先将选定的基准测试数据集以及待测工具导入数据分析平台（如 UseGalaxy 或 Nextflow）。然后，该工具在数据分析平台上处理基准测试数据集并进行预测性比较，生成用于后续评估的“预测结果数据”。“基准测试”阶段由验证、指标计算和工具评估 3 个步骤组成。第 1 步，验证“预测结果数据”的准确性和完整性，并生成“验证结果数据”。第 2 步，根据确定的基准对“预测结果数据”进行深入对比，发现并生成关键性能指标，如匹配精度。第 3 步，将数据汇集到工具评估专题数据库中，生成可视化分析图表，显示最终结果。整个整合过程在虚拟研究环境中进行，以确保所有数据都符合统一且严格的评估标准。

3.5.3 工具评估具体流程 OpenEBench 的工具评估由用户社区驱动，涉及初、中、高 3 个层级的社区成员，不同层级拥有不同权限。初级参与者负责基准测试结果的存储，确保实验的可重复性和数据

来源的明确性。中级参与者除存储功能外，还能使用基准测试 workflow 评估其他成员的工具性能，包括使用参考数据集计算评估指标。高级参与者拥有平台全部权限，能直接启动 OpenEBench 中的整个工具评估流程。每个层级的评估操作都在前一层级评估设定的基础上进行扩展。高级参与者生成的数据将根据中级参与者设定的评估指标进行处理，并依照初级参与者制定的数据结构进行保存^[12]，见图 5。

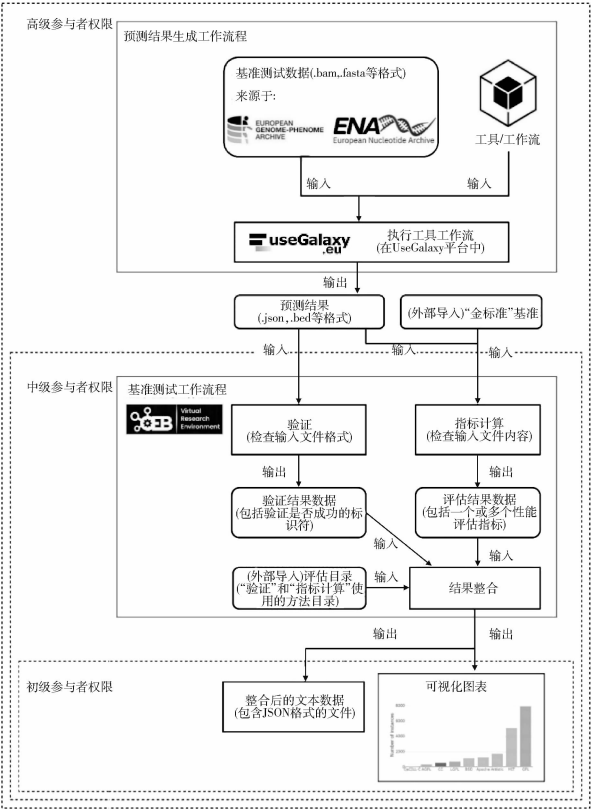


图 5 OpenEBench 工具评估流程

4 子平台之间和外部平台的交互模式

ELIXIR 生物医学数据工具服务平台精心设计策略，以确保与其他平台间的高效交互，进而构建协同的研究环境，见图 6。在资源方面，生物医学数据工具服务平台各子平台都采用统一的协同共享策略。特定工具和工作流被注册到 bio. tools 或 WorkflowHub 数据库后，BioContainers 为这些工具和工作流提供稳定且适用于多个操作系统的容

器化运行环境。配置完成后，这些工具和工作流在 UseGalaxy 上直接调用和执行。OpenEBench 支持对工具和工作流使用前后的性能评估，以确保工具和工作流在生物医学数据分析任务中的完整性和互操作性，以及任务实现后的工具有效优化和改进。

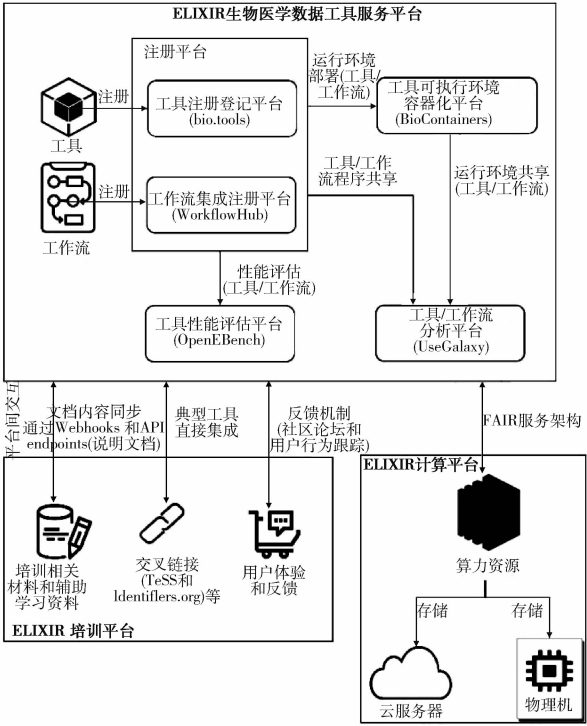


图 6 ELIXIR 数据工具服务平台体系内部及外部交互

除了 5 个子平台之间构成有序的生物医学数据工具服务网络外，ELIXIR 还建立了高性能计算平台和培训平台。高性能计算平台支持大规模基因组分析、蛋白质结构模拟等复杂任务，而培训平台则致力于指导研究人员高效应用分析工具和数据处理技术。数据工具服务平台遵循 FAIR 原则（即可发现、可访问、可互操作、可重用），与计算平台交互，构建标准化数据接口，确保数据符合 FAIR 特征，并采用高速数据通道技术保障平台间高效数据传输。培训平台定时更新相关培训和辅助学习资源，通过 Webhooks 和 API endpoints 为数据工具服务平台提供反馈机制，促进资源和服务的有效优化。此外，培训平台还集成典型工具与工作流应用，支持研究人员进行实践操作。

5 对我国生物医学领域数据工具服务平台建设的启示

5.1 注重工具服务平台生态体系建设

ELIXIR 生物医学数据工具服务平台及其 5 个子平台构成了一个全面且互补的生物医学数据工具服务生态体系。这些平台实现了工具和工作流的规范化收录、存储、管理和应用,标准化组织和描述多种高效工具,提供迅速便捷的工具获取和发现功能。先进的容器化技术按需配置工具,改善工具间的兼容性问题,确保工具的可用性、有效性和可靠性。子平台的建设形成了从工具创建注册到使用反馈的全链条服务体系,规范了工具管理和服务流程,对我国生物医学领域的工具碎片化、开发冗余等问题有重要借鉴意义。

5.2 建立健全工具管理标准规范

ELIXIR 的 5 个子平台在建设中均遵循统一标准,采用 BioSchema 提出的核心数据模型和工具格式,结合领域本体进行表达规范控制,确保数据一致性和工具间的互操作性。这种规范化策略简化了数据管理流程,提高了工具的适应性和跨平台、跨实验室的数据共享能力。当前,我国生物医学数据工具及平台建设缺乏统一标准,因此应借鉴 ELIXIR 的经验,加强国内生物医学数据和工具标准规范的研制和应用。这包括引进国际标准并建立健全具有本国特色的生物医学数据工具管理标准规范,以确保工具的高效和规范化管理与应用,进而提升生物医学科研效率并促进科研成果的产出。

5.3 统筹工具运行环境管理

整合存储和计算资源并实施统一管理策略能提高资源利用率。BioContainers 使用标准化描述文件如 Dockerfile,结合 Docker 和 Singularity 等容器技术,确保工具在各种环境中都能保持可移植性和一致性。这简化了部署和配置,减少了运行错误。按需调用和扩展配置能充分利用硬件资源,提高效率。我国生物医学数据增长迅速,科研需求迫切,但硬件和算力分布不平衡,导致分析困难,工具无

法使用。ELIXIR 提供底层运行环境支持和管理,为研究提供良好思路。

5.4 强化工具基准测试和验证

生物医学领域的数据处理和分析工具繁多,但质量和性能参差不齐,影响数据处理和分析结果的准确性。OpenEBench 的基准测试框架科学、准确地评估工具性能,涵盖多种指标,并整合基准测试数据集,确保评估全面深入。这种综合评估方法提升了工具的信任度,为研发人员指明了优化方向。随着人工智能和机器学习在生物医学数据分析领域应用的增多,工具和模型的评测至关重要。我国可借鉴 OpenEBench 策略,结合实际情况构建基准数据集,建立评估体系,提升工具可用性。

5.5 重视技术跟进和融合

ELIXIR 工具服务平台实现了对工具及工作流的版本管理,追踪新技术并整合。已集成 OpenAI 的 GPT 等最新技术到 UseGalaxy 平台,并对引进技术进行科学评估和实验验证。WorkflowHub 工作流平台集成 GitHub 等开源工具的优质资源,不断更新和扩展,以满足科研人员需求。国内生物医学数据工具和平台建设应关注最新技术,优化性能,融入智能化技术和资源,助力创新性研究。

5.6 用户社区驱动创新发展

ELIXIR 工具平台的特点是用户社区驱动发展策略,强调用户需求与工具开发的同步性。平台建立各子平台的用户社区,深入挖掘用户需求,确保工具与科研场景紧密结合。平台鼓励用户参与信息审核、工具检测和使用测评,积极获取用户反馈,不断迭代和优化工具产品,提高产品的可用性和易用性。此外,平台组织学术研讨、会议和培训,搭建技术与知识交流桥梁。国内生物医学数据工具和平台建设应重视用户社区参与度,建立交流机制和反馈通道,并根据科研用户需求优化工具产品。

6 结语

本文全面探讨了欧洲 ELIXIR 生物医学数据工

具服务平台体系，并对其在工具注册标准化、运行环境容器化、分析架构及性能评估等领域的成果进行系统性论述。参照其经验，为我国生物医学数据工具规范化管理和相关平台建设提出建议。

参考文献

- 1 JUAN H F, HUANG H C. Quantitative analysis of high – throughput biological data [EB/OL]. [2023 – 02 – 01]. <https://doi.org/10.1002/wems.1658>.
- 2 王流芳, 贾晓峰, 胡志民. “中心 + 节点” 分布式生命科学数据平台构建模式研究——基于欧洲 ELIXIR 的案例分析 [J]. 医学信息学杂志, 2023, 44 (5): 27 – 33.
- 3 HARROW J, DRYSDALE R, SMITH A, et al. ELIXIR: providing a sustainable infrastructure for life science data at European scale [J]. Bioinformatics, 2021, 37 (16): 2506 – 2511.
- 4 ISON J, RAPACKI K, M€NAGER H, et al. Tools and data services registry: a community effort to document bioinformatics resources [J]. Nucleic acids research, 2016, 44 (D1): D38 – D47.
- 5 ISON J, M€NAGER H, BRANCOTTE B, et al. Community curation of bioinformatics software and data resources [J]. Briefings in bioinformatics, 2020, 21 (5): 1697 – 1705.
- 6 LAMOTHE L, GAIGNARD A, KIERKEGAARD M, et al.

EDAM, the life – science ontology for data analysis and management 2022 [EB/OL]. [2022 – 06 – 23]. <https://hal.science/hal-03702557/document>.

- 7 ARVANITIDIS C, DEKKER R, PETZOLD A, et al. EOSC future: design and implementation of community engagement through science projects [J]. ARPHA preprints, 2023, 4: e106369.
- 8 SERRANO – SOLANO B, FOUILLOUX A, EGUINO A I, et al. Galaxy: a decade of realising CWFR concepts [J]. Data intelligence, 2022, 4 (2): 358 – 371.
- 9 BAI J, BANDLA C, GUO J, et al. BioContainers registry: searching for bioinformatics tools, packages and containers [EB/OL]. [2020 – 07 – 22]. <https://doi.org/10.1101/2020.07.21.187609>.
- 10 AFGAN E, NEKRUTENKO A, GR€UNING B A, et al. The Galaxy platform for accessible, reproducible and collaborative biomedical analyses: 2022 update [J]. Nucleic acids research, 2022, 50 (W1): W345 – W351.
- 11 CAPELLA – GUTIERREZ S, IGLESIA D, HAAS J, et al. Lessons learned: recommendations for establishing critical periodic scientific benchmarking [EB/OL]. [2017 – 08 – 31]. <https://doi.org/10.1101/181677>.
- 12 NEVERS Y, JONES T E M, JYOTHI D, et al. The quest for orthologs orthology benchmark service in 2022 [J]. Nucleic acids research, 2022, 50 (W1): W623 – W632.

(上接第 18 页)

参考文献

- 1 国家卫生健康委员会, 国家中医药管理局. 关于印发互联网诊疗管理办法 (试行) 等 3 个文件的通知 [EB/OL]. [2023 – 02 – 03]. <http://www.nhc.gov.cn/zyygj/s3594q/201809/c6c9dab0b00c4902a5e0561bbf0581f1.shtml>.
- 2 国家卫生健康委员会, 国家中医药管理局. 关于印发互联网诊疗监管细则 (试行) 的通知 [EB/OL]. [2023 – 06 – 03]. <http://www.nhc.gov.cn/zyygj/s3594q/202203/fa87807fa6e1411e9afeb82a4211f287.shtml>.
- 3 据文胜, 陈校云, 殷伟东, 等. 我国互联网医疗政策的演进与发展 [J]. 中国数字医学, 2021, 16 (4): 1 – 8.

- 4 张世红, 据文胜, 沈韬. 疫情形势下互联网医疗的发展展望 [J]. 中国数字医学, 2020, 15 (9): 15 – 17, 48.
- 5 张世红, 谭鹏, 杨小冉, 等. 北京地区医疗机构互联网诊疗建设现状调研及分析 [J]. 中国卫生信息管理杂志, 2023, 20 (2): 218 – 224.
- 6 张鸿文, 刘立飞, 曹艳林, 等. 北京市属医院互联网诊疗开展情况调查 [J]. 中国医院, 2021, 25 (12): 35 – 37.
- 7 张世红. 互联网诊疗发展中的问题及对策研究 [J]. 中国卫生信息管理杂志, 2021, 18 (4): 481 – 485.
- 8 喻惠敏, 俞双燕, 石瑛, 等. 上海市医务人员开展互联网诊疗服务的意愿调查与分析 [J]. 中国卫生资源, 2020, 23 (3): 282 – 288.