

基于可解释机器学习的重症监护室 脓毒症患者死亡风险预测

刘 坤¹, 凌 晨², 史小强¹, 周梦雨¹, 徐乃岳¹

(1.上海理工大学健康科学与工程学院, 上海 200093;

2.上海健康医学院医疗器械学院, 上海 201318)

✉ lkun1111@163.com; lingc@sumhs.edu.cn; 19117200027@163.com; zhou_meng_yu_66@163.com; xunaiyue21@163.com



摘 要: 为了有效预测重症监护室脓毒症患者的死亡风险并分析影响结局的因素, 建立了脓毒症患者死亡风险预测模型, 为脓毒症患者的早期预防和死亡风险控制提供科学的参考依据。本研究以重症监护医学信息市场数据库作为数据来源, 从中挑选符合要求的病患, 使用贝叶斯网络模型训练相关特征预测脓毒症患者的死亡风险。纳入 2 352 例脓毒症患者, 以患者是否死亡作为最终结局建立模型, 模型的风险预测准确率为 78.7%, 优于逻辑回归模型 (72.3%) 和决策树模型 (71.0%)。贝叶斯网络模型相较于其他模型具有更高的信服力, 能够准确预测脓毒症患者的死亡风险, 模型的可解释性能够辅助医护人员进行临床决策, 同时能够更加合理、科学地分配医疗资源。

关键词: 脓毒症; 贝叶斯网络; 重症监护室; 死亡预测

中图分类号: TP391

文献标志码: A

Mortality Risk Prediction for Patients with Sepsis in Intensive Care Unit Based on Interpretable Machine Learning

LIU Kun¹, LING Chen², SHI Xiaoqiang¹, ZHOU Mengyu¹, XU Naiyue¹

(1.School of Health Science and Engineering, University of Shanghai for Science and Technology, Shanghai 200093, China;

2. Medical Instrumentation College, Shanghai University of Medicine and Health Sciences, Shanghai 201318, China)

✉ lkun1111@163.com; lingc@sumhs.edu.cn; 19117200027@163.com; zhou_meng_yu_66@163.com; xunaiyue21@163.com

Abstract: To effectively predict the mortality risk of sepsis patients in the Intensive Care Unit (ICU) and analyze the factors affecting outcomes, this paper proposes a mortality risk prediction model for sepsis patients to provide scientific reference for early prevention and mortality risk control of sepsis patients. In this study, the MIMIC-III (Medical Information Mart for Intensive Care III) database is used as the data source, from which patients who meet the requirements are selected. Bayesian network model is used to train relevant features to predict the mortality risk of sepsis patients. With a sample size of 2 352 sepsis patients, the model, using patient mortality as the ultimate outcome, demonstrates a risk prediction accuracy of 78.7%, surpassing the logistic regression model (72.3%) and the Decision Tree model (71.0%). The Bayesian network model, compared to other models, exhibits higher credibility, accurately predicting the mortality risk of sepsis patients. The interpretability of the model can assist medical staff in clinical decision-making and realize a more rational and scientific allocation of medical resources.

Key words: sepsis; Bayesian network; ICU; mortality prediction

0 引言 (Introduction)

脓毒症 (Sepsis) 是一种宿主对感染的反应失调, 从而导致危及生命的器官功能障碍。全球每年有近 5 000 万例脓毒症患者, 他们感染的部位和致病菌因地理位置和年龄不同而有所差异, 常见的有呼吸系统和胃肠道系统的感染^[1]。2017 年, 因

脓毒症死亡的患者数量约为 1 100 万人, 占全球所有死亡人数的近 20%。当脓毒症患者需要进入重症监护室时, 1/3 的患者的存活时间不超过 30 d, 死亡率与患者的年龄、疾病状态和器官功能障碍类型密切相关^[2]。国内的研究显示, 重症监护室 (Intensive Care Unit, ICU) 中脓毒症患者的死亡率为 28.7%,

早期诊断发现并且积极治疗可以起到降低死亡率的作用^[3]。ICU 脓毒症患者的死亡率由多种因素造成,包括年龄、生理特征、器官状况等^[4]。除死亡风险高之外,治疗脓毒症的费用也非常高,因为脓症患者平均住院时间相较于其他疾病患者要长得多。因此,对脓症患者治疗期间的死亡风险进行预测是必要的预防措施和治疗辅助手段。

1 相关研究(Correlational research)

机器学习(Machine Learning, ML)旨在确定患者身体中哪些因素对病情的发展起到关键作用。采用机器学习算法得出的最终结果会因数据集的数量、类型、结构而产生差异,其中神经网络和 Logistic 回归以及贝叶斯网络的应用最为广泛^[5]。将机器学习算法模型与 APACHE II (Acute Physiology and Chronic Health Evaluation II)^[6]、SAPS(Simplified Acute Physiology Score)^[7]和 SOFA(Sequential Organ Failure Assessment)^[8]评分进行死亡率预测的比较表明,机器学习算法可以提高重症监护决策指标的效率。ADRIE 等^[9]根据患者的临床资料,建立了严重脓症患者第 1 次至第 4 次发作后 14 d 内的死亡预测模型;TAYLOR 等^[10]使用机器学习方法建立模型,用于预测脓症患者住院期间的死亡率。随着对脓毒症定义的更新(脓毒症 3.0),出现了一些新的预测模型。FANG 等^[11]利用生物标志物建立了免疫功能障碍评分系统模型,预测脓症患者 28 d 内的死亡率,该模型的 AUC(Area Under the Curve)为 0.789。YIN 等^[12]研究的模型发现,缺血修饰白蛋白水平可能是预测严重脓症患者短期死亡率的有效预测指标(AUC 为 0.742)。KONG 等^[13]使用 4 种机器学习方法预测 ICU 脓症患者住院期间的死亡率,其中梯度增强机器学习模型的预测效果最好, AUC 为 0.845。

脓毒症的死亡是由多个相互关联的器官衰竭造成的。使用贝叶斯网络(Bayesian Network, BN)方法,结合所需的特征数据和参数优化,预测 ICU 患者脓毒症引发的死亡率,通过受试者工作特性曲线下面积(Area Under the Receiver Operation Characteristic Curve, AUROC)评估预测性能。贝叶斯网络建模技术的特点是捕捉变量之间的条件依赖性,可以用于描述生物标志物之间的关系,以便更好地预测死亡率^[14]。贝叶斯网络在获取医学不确定性知识方面非常受欢迎,在疾病诊断中得到了广泛的应用。贝叶斯网络是一类专门用于分类问题的机器学习算法,在医疗保健领域得到了广泛的应用。当生物标志物相关时,贝叶斯网络比替代分类器表现更好,同时保持了数学的简单性。

2 数据与方法(Data and methods)

2.1 数据

数据从重症监护医学信息市场(Medical Information Mart for Intensive Care III, MIMIC-III)数据库中提取,按照 Sepsis-3 标准筛选符合条件的脓症患者。MIMIC-III 数据库包含 2001—2012 年 ICU 收治的 53 423 名成年患者(年龄 ≥ 16 岁),收录了人口统计学信息、实验室检测信息、患者用药信息、护理人员以及患者护理级别、患者检测成像报告、患者出入院信息、主治医师等大量数据,医疗数据充足且齐全。

脓毒症的诊断符合脓毒症的定义(脓毒症 3.0),即患者有感染且序列表器官衰竭评估(SOFA)评分急性变化 ≥ 2 分^[15]符合以下标准的患者被纳入:(1)脓症患者;(2)年龄 ≥ 18 岁。

本文研究的是 ICU 脓症患者,选取的病人数据要求如下:(1)ICU 患者;(2)入院 24 h 内的检测数据;(3)只选取第一次进入 ICU 患者的数据^[16]。在数据方面排查了异常值、重复值及缺失值。异常值排查方面遵循 Z 分数法^[17],若一个数据点的 Z 分数绝对值大于 3(因为平均值 ± 3 个标准差覆盖了 99.7%的面积),则表明该数据值与其他值有较大差异,视为异常值,公式如下:

$$Zscore = \frac{X - \bar{X}}{\sigma}$$

其中: $\bar{X}$ 为平均值, σ 为标准差。缺失值方面将数据特征缺失率超过 30%的特征删去,以减少填充数据的复杂性,保证数据的真实性。在填充数据方面,本文使用随机森林填补缺失值^[18],随机森林填充思路为对于回归算法而言,特征矩阵和标签之间存在着某种关联,求解标签 Y 就是算法从特征矩阵中学习,从而得到结果。换言之,我们可以将标签和特征相互转化。例如,对于一个有 N 个特征的数据来说,其中特征 T 存在缺失值,这时就可以将特征 T 当作标签,其他剩余的特征加上原标签形成新的特征,训练没有缺失的部分,最终要预测的就是特征 T 缺失的部分。若存在多列特征缺失的情况,则从缺失数最少的特征开始预测,暂时将其他特征缺失值用“0”代替,降低影响,每完成一次预测之后,就将预测值放在需要填充的特征矩阵当中,进行下一个特征填充,直到不再存在缺失值,数据便完整了。

通过阅读相关文献、医学资料及进行数据清洗^[19-21],本次实验最终选取患者进入 ICU 24 h 内的人口统计学特征、生命体征、实验室测量值等数据,结果为 ICU 患者离院时的存活情况,特征数据如下。

(1)人口统计学特征:年龄(Age)、性别(Gender)。

(2)生命体征:心率(Heart Rate, HR)、呼吸频率(Respiratory Rate, RR)、体温(Temperature, Temp)、血压(Blood Pressure, BP)、疼痛(Pain)、血氧饱和度(SpO₂)。

(3)实验室测量值:白细胞计数(White Blood Cell Count, WBC)、血红蛋白(Hemoglobin, HB)、肌酸酐(Creatinine, Cre)、血细胞比容(Hematocrit, HCT)、国际标准化比值(International Normalized Ratio, INR)、部分凝血活酶时间(Partial Thromboplastin Time, PTT)、葡萄糖(Glucose, GLU)、钾(K)、钙(Ca)、钠(Na)、镁(Mg)、血尿素氮(Blood Urea Nitrogen, BUN)、氯化物(Chloride, CL)、PH、碳酸氢根(HCO₃)、凝血酶原时间(Prothrombin Time, PT)。

2.2 方法

本文建立了一个离散的 BN 用于估计数据的联合分布,作为对感兴趣的情况进行推断和预测的基础。使用决策树模型、Logistic 回归模型进行对比。BN 节点中的变量便是上文介绍的特征数据。使用 Python 当中的 Pgmpy 库学习数据,并且搭建 BN 的结构图。

对于贝叶斯网络来说,算法模型都是基于离散型的数据展开的,有效的离散方法可以减少算法的时间,提高对数据样本的分类聚类能力以及抗噪声水平。本文使用的医学数据离散化方法的依据来源于医生的建议以及医学手册^[22-23]。分组标准是 BUN:7~20 mg/dL 为正常组;CL:98~106 mmol/L 为正常组;Ca:8.8~10.4 mg/dL 为正常组;GLU:70~110 mg/dL

为正常组;HCO₃:22~28 mmol/L 为正常组;HR:60~100 次/分钟为正常组;INR<2 为正常组;Mg:1.6~2.6 mg/dL 为正常组;Na:135~145 mmol/L 为正常组;PT:11~13.5 s 为正常组;PTT:25~35 s 为正常组;RR:12~20 次/分钟为正常组;Temp:36.5~37.5℃ 为正常组;WBC:4 500~11 000 cells/mcL 为正常组;BP:90~119 mmHg 为正常组(一般指收缩压);K:2.86~4.09 mEq/L 为正常组;PH:7.35~7.45 为正常组;SpO₂>95% 为正常组;Age:“少年期”为 18 岁至 30 岁,“青年期”为 31P 岁至 50 岁,“中年期”为 51 岁至 70 岁,“老年期”为 71 岁以上;Pain:“无痛”对应的评分是 0 分,“轻度疼痛”对应的评分为 1~3 分,“中度疼痛”对应的评分为 4~6 分,“严重疼痛”对应的评分为 7~10 分;Cre:“男”是 0.6~1.1 mg/dL 为正常组,“女”是 0.5~0.9 mg/dL 为正常组;HB:“男”是 13~18 g/dL 为正常组,“女”是 12~16 g/dL 为正常组;HCT:“男”是 40%~54% 为正常组,“女”是 36%~48% 为正常组。

数据分析以及变量筛选选用 Python、SPSS 等软件。采用 SPSS 26.0 进行分析,以脓毒症患者最终是否死亡为因变量,采用多元 Logistic 回归对模型纳入的变量进行筛选(表 1),然后以筛选的变量为基础通过 Python 中贝叶斯网络算法搭建结构图。

表 1 脓毒症患者的特征变量

Tab.1 Characteristic variables of patients with sepsis

变量	分类	例数 (N=2 352)	P 值	变量	分类	例数 (N=2 352)	P 值
Gender	男性	1 281(54.5)	0.650	HCT	正常	189(8.0)	0.129
	女性	1 071(45.5)			异常	2 163(92.0)	
CL	正常	973(41.4)	<0.01	BP	正常	1 666(70.8)	0.057
	异常	1 379(58.6)			异常	686(29.2)	
Temp	正常	1 259(53.5)	<0.01	WBC	正常	873(37.1)	<0.01
	异常	1 093(46.5)			异常	1 479(62.9)	
Ca	正常	178(7.6)	<0.01	BUN	正常	773(32.9)	<0.05
	异常	2 174(92.4)			异常	1 579(67.1)	
RR	正常	1 253(53.3)	0.305	HB	正常	211(9.0)	<0.05
	异常	1 099(46.7)			异常	2 141(91.0)	
Na	正常	1 724(73.3)	<0.01	INR	正常	1 966(83.6)	0.256
	异常	628(26.7)			异常	386(16.4)	
K	正常	1 267(53.9)	<0.01	PTT	正常	1 010(42.9)	<0.01
	异常	1 085(46.1)			异常	1 342(57.1)	
HR	正常	1 591(67.6)	<0.01	Mg	正常	2 103(89.4)	0.577
	异常	761(32.4)			异常	249(10.6)	
SpO ₂	正常	1 968(83.7)	<0.01	PH	正常	321(13.6)	0.061
	异常	384(16.3)			异常	2 031(86.4)	
GLU	正常	724(30.8)	0.182	HCO ₃	正常	946(40.2)	<0.01
	异常	1 628(69.2)			异常	1 406(59.8)	
Cre	正常	806(34.3)	0.080	PT	正常	723(30.7)	0.181
	异常	1 546(65.7)			异常	1 629(69.3)	
Pain	无痛	975(41.4)	<0.01	Age	18~30	58(2.5)	<0.01
	轻度	914(38.9)			31~50	316(13.4)	
	中度	413(17.6)			51~70	1 021(43.4)	
	严重	50(2.1)			71~90	957(40.7)	

贝叶斯网络广泛应用于处理和建模不确定性事件,并对其进行建模。模型搭建的主要工作是进行结构学习和参数学习,通常结构学习方法主要分为两种:(1)算法学习自动建立网络结构图并生成条件概率表;(2)专家经验加上算法搭建结构图并确定条件概率表。本文应用 Python 3.7 软件中的 Pgmpy 包进行贝叶斯网络结构学习及参数学习。由于最终目标是使用搭建的模型结构图分析和预测对脓毒症患者影响较大的影响因素,因此使用 Netica 软件进行贝叶斯网络推理,首先在搭建结构图方面尝试了 3 种算法,分别是爬山搜索算法、树搜索之 Chow-Liu 算法、TAN 朴素贝叶斯算法,最终通过结构图、准确率等因素选择在爬山搜索算法基础上,结合专家知识搭建贝叶斯网络结构图。通过受试者曲线下面积(AUC)评价模型的预测效果。

3 结果(Results)

3.1 患者数据

MIMIC-III 数据库共纳入 2 352 例脓毒症患者,年龄分布在(65.24±14.89)岁到(65.24±14.89)岁。其中,男性为 1 281 例(54.5%),死亡患者为 690 例(29.3%)。脓毒症患者数据流程图如图 1 所示,脓毒症患者的特征如表 1 所示。

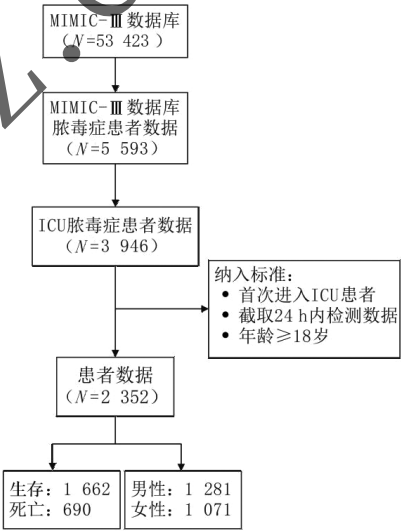


图 1 脓毒症患者数据流程图

Fig. 1 Data flow chart of sepsis patients

3.2 影响脓毒症患者住院期间死亡预测的因素

以脓毒症患者是否死亡为因变量,筛选具有统计学意义的相关因素为自变量。通过 Logistic 回归结果显示,初步选取的变量有 Temp、CL、Ca、K、Na、HR、SpO₂、Pain、WBC、BUN、HB、PTT、HCO₃、Age,均有统计学意义(P<0.05)。

3.3 模型的搭建

将 Logistic 回归筛选的变量因素作为贝叶斯网络的节点,依据爬山算法构建的脓毒症贝叶斯网络结构图如图 2 所示。结构学习方面结合爬山算法以及专家知识,其中 BUN、HCO₃、Na、SpO₂、PTT、K、Temp 与脓毒症患者死亡有直接联系。本次实验使用十折交叉验证确保实验结果的准确性,参数学习采用最大似然估计法,生成各个节点的条件概率。

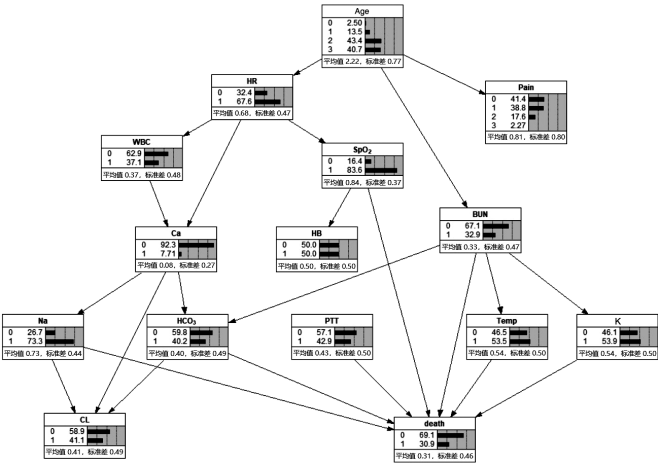


图 2 依据爬山算法构建的脓毒症贝叶斯网络结构图

Fig. 2 Bayesian network structure of sepsis based on Hill-Climbing algorithm

3.4 模型可解释性

贝叶斯网络的可解释性主要体现在 3 个方面^[24-25]:(1)直观的图形化表示;(2)变量之间的概率关系;(3)可以进行概率推断。

直观的图形化表示:贝叶斯网络的图形化可以使用有向无环图(DAG)表示,网络结构图当中的节点表示随机变量,有向边表示变量之间的相互依赖关系,即父节点指向子节点,一般情况下,父节点表示能够影响子节点的因素,子节点表示受影响的结果。通过图 2 可以发现,BUN、HCO₃、Na、SpO₂、PTT、K、Temp 与脓毒症患者的死亡有直接关联,BUN、HCO₃、Na、SpO₂、PTT、K、Temp 是脓症患者死亡的父节点,对患者的死亡有直接影响。脓毒症是一种全身性感染炎症反应综合征,在脓毒症发作时,机体的免疫系统会产生强烈的炎症反应,其中包括体温升高。脓毒症导致患者体温升高的主要机制是炎症反应中的热原性物质的释放。炎症反应会导致白细胞和其他免疫细胞释放细胞因子,这些细胞因子可以直接或间接地作用于患者的体温调节中枢,引起体温升高。血尿素氮(BUN)是评估肾功能血液检测的重要指标之一,BUN 水平升高通常表明肾功能异常或者肾脏受损,而脓症患者常常伴有多器官功能衰竭,也包括肾功能受损,有一些早期的研究发现,BUN 水平高与脓毒症患者的预后不良有关。例如,一项发表在《临床肾脏病学》杂志上的研究发现,入院时 BUN 水平高的脓毒症患者的死亡率较高。另一项发表在《感染》杂志上的研究则表明,即使在治疗后 BUN 水平仍然高的患者,其死亡率也相对较高,因此 BUN 水平的升高可能与脓毒症患者的病情严重程度和预后不良有关,这也正好符合结构图指向关系。因果关系的建模使得贝叶斯网络能够提供对观察到的数据背后的因果机制的解释,图形化将复杂的因果关系和概率关系以直观的方式展示出来,使得模型的结构和变量之间的关系非常直观,便于人们理解和解释。

变量之间的概率关系:贝叶斯网络使用概率分布表示变量之间的关系。网络结构中的边表示条件概率,即给定父节点的取值情况下子节点的概率分布。这样,贝叶斯网络能够提供对变量之间概率关系的解释。从图 2 可以看出,BUN、HCO₃、Na、SpO₂、PTT、K、Temp 是与脓症患者死亡风险直接相关的影响因素,是 death 的父节点。通过离散化数据,将 BUN、HCO₃、Na、SpO₂、PTT、K、Temp 分别分为正常和异常两种情况,不同的排列组合形成脓症患者死亡风险的概率(表 2),因为数据过多,所以只列出部分概率表。通过表 2 可以看出,当相关影响因素都为异常时,死亡率相较于其他情况高出一些,当全部是正常的情况下,存活概率则大大提高了;当 BUN、HCO₃、Na 全部正常时,脓毒症患者的死亡率大大降低,未来可以将研究重点放在这些指标上。通过表 2 还发现,只有在 PTT、K 正常的情况下,患者的生存率很高,这应该属于出现误差的情况。

表 2 影响脓毒症预后的相关因素条件概率表

Tab.2 Conditional probability table of related factors affecting the prognosis of sepsis

BUN	HCO ₃	Na	PTT	SpO ₂	Temp	K	脓毒症	
							生存	死亡
异常	异常	异常	异常	异常	异常	异常	0.006	0.994
异常	异常	异常	异常	异常	异常	正常	0.155	0.845
异常	异常	异常	异常	异常	正常	异常	0.364	0.636
异常	异常	异常	异常	异常	正常	正常	0.665	0.335
异常	异常	异常	异常	正常	异常	异常	0.431	0.569
异常	异常	异常	异常	正常	异常	正常	0.552	0.448
异常	异常	异常	异常	正常	正常	异常	0.479	0.521
异常	异常	异常	异常	正常	正常	正常	0.687	0.313
异常	异常	异常	正常	异常	异常	异常	0.376	0.624
异常	异常	异常	正常	异常	异常	正常	0.990	0.010
异常	异常	异常	正常	异常	正常	异常	0.500	0.500
异常	异常	异常	正常	异常	正常	正常	0.500	0.500
异常	异常	异常	正常	正常	异常	异常	0.529	0.471
异常	异常	异常	正常	正常	异常	正常	0.650	0.350
异常	异常	异常	正常	正常	正常	异常	0.722	0.278
异常	异常	异常	正常	正常	正常	正常	0.761	0.239
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
正常	正常	正常	异常	异常	异常	异常	0.994	0.006
正常	正常	正常	异常	异常	异常	正常	0.996	0.004
正常	正常	正常	异常	异常	正常	异常	0.713	0.287
正常	正常	正常	异常	异常	正常	正常	0.699	0.301
正常	正常	正常	异常	正常	异常	异常	0.898	0.102
正常	正常	正常	异常	正常	异常	正常	0.861	0.139
正常	正常	正常	异常	正常	正常	异常	0.866	0.134
正常	正常	正常	异常	正常	正常	正常	0.891	0.109
正常	正常	正常	正常	异常	异常	异常	0.994	0.006

							续表	
BUN	HCO ₃	Na	PTT	SpO ₂	Temp	K	脓毒症	
							生存	死亡
正常	正常	正常	正常	异常	异常	正常	0.997	0.003
正常	正常	正常	正常	异常	正常	异常	0.996	0.004
正常	正常	正常	正常	异常	正常	正常	0.998	0.002
正常	正常	正常	正常	正常	异常	异常	0.823	0.177
正常	正常	正常	正常	正常	异常	正常	0.892	0.108
正常	正常	正常	正常	正常	正常	异常	0.888	0.112
正常	正常	正常	正常	正常	正常	正常	0.977	0.023

注:异常赋值“0”,正常赋值“1”,生存赋值“0”,死亡赋值“1”。

可以进行概率推断:贝叶斯网络可以使用贝叶斯推断方法进行概率推断,通过给定一些观测值,可以计算出其他未知变量的概率分布。这种推理能力可以用于解释观测数据中的现象,揭示变量之间的关系,并预测未来的事件。同时,通过对推理过程的解释,可以了解模型对观测数据的解释和预测是如何得出的,这使得贝叶斯网络在决策支持和预测方面具有很强的可解释性。使用贝叶斯网络进行风险预测,运用 Netica 软件搭建模型结构图,点击节点修改单个影响因素的信息,从而对脓毒症患者的死亡风险进行预测。如图 3 所示,已知某研究对象 Age 在 71~90 岁,WBC 指标异常,BUN 指标异常,Temp 指标异常,Na 指标异常,此患者发生死亡风险的概率为 46.7%,即 $P=0.467$ (脓毒症死亡风险 $Age=3,WBC=0,BUN=0,Temp=0,Na=0$)。

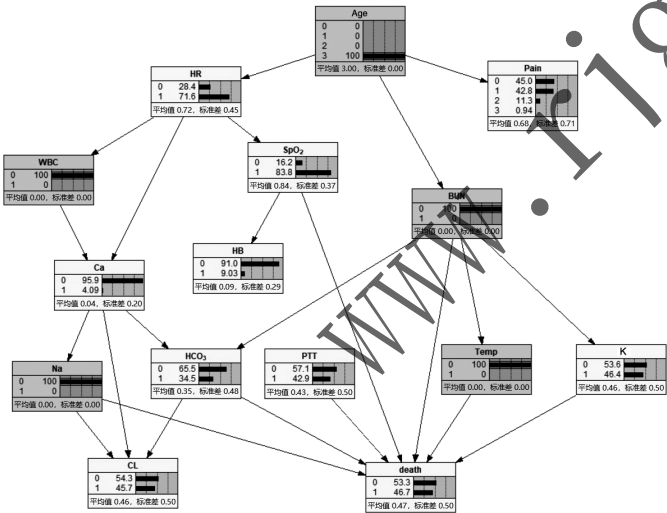


图 3 研究对象脓毒症风险推理

Fig. 3 Risk inference of sepsis for research subjects

3.5 预测模型的评估

使用 AUC 值衡量模型的检验效能,结果显示:贝叶斯网络模型的 AUC 为 0.726,准确率为 0.787。BN 模型的准确率以及 AUC 与决策树、Logistic 回归模型相比的结果如图 4 所示,其中决策树模型准确率为 0.710,Logistic 回归模型准确率为 0.723。通过图 4 可以发现,构建的贝叶斯网络模型效果良好,优于其他模型。

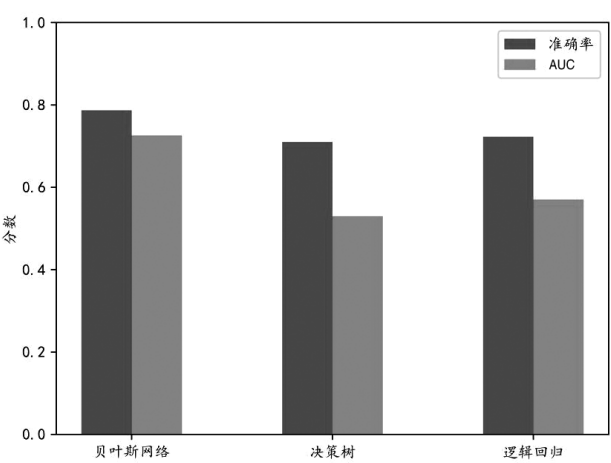


图 4 贝叶斯网络与其他模型的比较

Fig. 4 Comparison of Bayesian networks with other models

4 结论 (Conclusion)

为了将人工智能应用于医学领域,本文提出使用贝叶斯网络方法建立可解释性预测模型,对重症脓症患者进行院内死亡预测。使用公共数据集 MIMIC-III 中的数据对模型进行验证。根据网络模型结果表明,BUN、HCO₃、Na、K、Ca、SpO₂、PTT、Temp 等是影响脓症患者死亡的重要变量。Age 是脓症患者死亡风险的常见因素,很少有研究探讨 K 或 Ca 与脓症患者之间的关系。本文的研究结果显示,K 和 Ca 是脓症患者院内死亡的重要变量。预测模型的 AUC 为 0.726,与其他模型相比效果并不理想。原因可能是建立模型的想法不同,本文侧重于可解释性方面,在准确性方面可能不如其他模型。与其他研究相比,本文的研究将人口统计学特征、生命体征、实验室测量值添加到人群的纳入标准中。

本研究也有一定的局限性。首先,模型在公共数据集中的拟合不是很好,这可能是提取 MIMIC-III 数据库时提取的数据及方法不够准确。其次,未来的研究中应该考虑一些可能对脓症患者死亡有影响但 MIMIC-III 数据库中缺乏的生物标志物。

参考文献 (References)

[1] RHEE C,DANTES R,EPSTEIN L,et al. Incidence and trends of sepsis in US hospitals using clinical vs claims data,2009—2014[J]. JAMA,2017,318(13):1241-1249.

[2] XIE J F,WANG H L,KANG Y,et al. The epidemiology of sepsis in Chinese ICUs: a national cross-sectional survey [J]. Critical care medicine,2020,48(3):209-218.

[3] VINCENT J L,MARSHALL J C,NAMENDYS-SILVA S A,et al. Assessment of the worldwide burden of critical illness: the intensive care over nations (ICON) audit[J]. The lancet respiratory medicine,2014,2(5):380-386.

[4] SINGER M,DEUTSCHMAN C S,SEYMOUR C W,et al. The third international consensus definitions for sepsis and

- septic shock (sepsis-3)[J]. JAMA, 2016, 315(8):801-810.
- [5] 虎磐, 刘晓莉, 毛智, 等. 基于集成机器学习的 ICU 老年多器官功能不全早期死亡风险预测模型[J]. 解放军医学院学报, 2019, 40(6):513-518.
- [6] KNAUS W A, DRAPER E A, WAGNER D P, et al. APACHE II: a severity of disease classification system[J]. Critical care medicine, 1985, 13(10):818-829.
- [7] LE GALL J R, LEMESHOW S, SAULNIER F. A new Simplified Acute Physiology Score (SAPS II) based on a European/North American multicenter study[J]. JAMA, 1993, 270(24):2957-2963.
- [8] AWAD A, BADER-EL-DEN M, MCNICHOLAS J, et al. Predicting hospital mortality for intensive care unit patients: time-series analysis[J]. Health informatics journal, 2020, 26(2):1043-1059.
- [9] ADRIE C, FRANCAIS A, ALVAREZ-GONZALEZ A, et al. Model for predicting short-term mortality of severe sepsis[J]. Critical care, 2009, 13:1-14.
- [10] TAYLOR R A, PARE J R, VENKATESH A K, et al. Prediction of in-hospital mortality in emergency department patients with sepsis: a local big data-driven, machine learning approach[J]. Academic emergency medicine, 2016, 23(3):269-278.
- [11] FANG W F, DOUGLAS I S, CHEN Y M, et al. Development and validation of immune dysfunction score to predict 28-day mortality of sepsis patients[J]. PLOS ONE, 2017, 12(10):e0187088.
- [12] YIN M, LIU X Z, CHEN X M, et al. Ischemia-modified albumin is a predictor of short-term mortality in patients with severe sepsis[J]. Journal of critical care, 2017, 37:7-12.
- [13] KONG G L, LIN K, HU Y H. Using machine learning methods to predict in-hospital mortality of sepsis patients in the ICU[J]. BMC medical informatics and decision making, 2020, 20:1-10.
- [14] 魏珍, 张雪雷, 饶华祥, 等. 禁忌搜索算法的贝叶斯网络模型在冠心病影响因素分析中的应用[J]. 中华流行病学杂志, 2016, 37(6):895-899.
- [15] JOHNSON A E W, ABOAB J, RAFFA J D, et al. A comparative analysis of sepsis identification methods in an electronic database[J]. Critical care medicine, 2018, 46(4):494-499.
- [16] SEYMOUR C W, LIU V X, IWASHYNA T J, et al. Assessment of clinical criteria for sepsis: for the third international consensus definitions for sepsis and septic shock (sepsis-3)[J]. JAMA, 2016, 315(8):762-774.
- [17] FILZMOSER P, HRON K. Outlier detection for compositional data using robust methods[J]. Mathematical geosciences, 2008, 40:233-248.
- [18] SHAH A D, BARTLETT J W, CARPENTER J, et al. Comparison of random forest and parametric imputation models for imputing missing data using MICE: a CALIBER study[J]. American journal of epidemiology, 2014, 179(6):764-774.
- [19] ZHI D Y, ZHANG M, LIN J, et al. Establishment and validation of the predictive model for the in-hospital death in patients with sepsis[J]. American journal of infection control, 2021, 49(12):1515-1521.
- [20] JIANG Z Y, BO L L, XU Z H, et al. An explainable machine learning algorithm for risk factor analysis of in-hospital mortality in sepsis survivors with ICU readmission[J]. Computer methods and programs in biomedicine, 2021, 204:106040.
- [21] HERNANDEZ-SUAREZ D F, KIM Y, VILLABLANCA P, et al. Machine learning prediction models for in-hospital mortality after transcatheter aortic valve replacement[J]. JACC: Cardiovascular interventions, 2019, 12(14):1328-1338.
- [22] KAVEY R E W, DANIELS S R, LAUER R M, et al. American Heart Association guidelines for primary prevention of atherosclerotic cardiovascular disease beginning in childhood[J]. Circulation, 2003, 107(11):1562-1566.
- [23] CARLSON R W, LARSEN J K, MCCLURE J, et al. International adaptations of NCCN Clinical Practice Guidelines in Oncology[J]. JNCCN, 2014, 12(5):643-648.
- [24] MIHALJEVIĆ B, BIELZA C, LARRAÑAGA P. Bayesian networks for interpretable machine learning and optimization[J]. Neurocomputing, 2021, 456:648-665.
- [25] MOREIRA C, CHOU Y L, VELMURUGAN M, et al. LINDA-BN: an interpretable probabilistic approach for demystifying black-box predictive models[J]. Decision support systems, 2021, 150:113561.

作者简介:

- 刘 坤(1998-), 男, 硕士生。研究领域: 医疗数据分析。
- 凌晨(1980-), 男, 博士, 讲师。研究领域: 新媒体大数据, 电子商务, 智慧医疗。本文通信作者。
- 史小强(1999-), 男, 硕士生。研究领域: 医学图像处理。
- 周梦雨(1999-), 女, 硕士生。研究领域: 医学图像分割。
- 徐乃岳(1999-), 男, 硕士生。研究领域: 医学数据处理。