

基于 Transformer 与可解释人工智能的老年脓毒症预后预测模型：一项多中心研究

田欣¹ 陈红军² 谢健^{3*}

(¹云南中医药大学第一临床医学院 昆明 650500 ²中国移动通信集团云南有限公司昆明分公司 昆明 650041 ³云南省中医院急诊科 昆明 650021)

[摘要] 目的/意义 老年脓毒症预后异质性大，现有预测工具在精准性与可解释性方面存在不足。本研究旨在构建并验证一个面向老年脓毒症患者的可解释的预后预测模型。**方法/过程** 回顾性分析 eICU-CRD（训练集）与 MIMIC-IV（外部验证集）数据库中符合 Sepsis-3.0 标准的老年患者（≥60 岁），提取 13 项核心炎症指标，基于 Transformer 架构构建可解释脓毒症预后预测模型（ESPT），并利用 SHAP 可解释框架进行全局特征重要性排序及个体预测的可视化解析。**结果/结论** ESPT 模型在训练集的 AUC 为 0.8589，在外部验证集中为 0.8147，性能优于随机森林、XGBoost 等传统机器学习模型。SHAP 分析识别出血糖、血红蛋白和血细胞比容为关键的预后驱动因子。该模型可为老年脓毒症的风险分层与临床决策提供有效的辅助工具。

[关键词] 脓毒症；预后模型；可解释人工智能；炎症生物标志物；多中心研究

A Prognostic Prediction Model for Elderly Sepsis Based on Transformer and Explainable Artificial Intelligence: A Multicenter Study

TIAN Xin¹, CHEN Hongjun², XIE Jian^{3*}

¹First Clinical Medical College, Yunnan University of Chinese Medicine, Kunming 650500, China; ²Kunming Branch, China Mobile Communications Group Yunnan Co., Ltd., Kunming 650041, China; ³Emergency Department, Yunnan Provincial Hospital of Traditional Chinese Medicine, Kunming 650021, China

[Abstract] Purpose/Significance The prognosis of elderly sepsis is highly heterogeneous, and existing prediction tools lack both accuracy and interpretability. This study aims to develop and validate an interpretable prognostic prediction model specifically for elderly patients with sepsis. **Methods/Process** Elderly patients (≥60 years) meeting the Sepsis-3.0 criteria were retrospectively enrolled from the eICU-CRD (training set) and MIMIC-IV (external validation set) databases. Thirteen core inflammatory indicators were extracted, and an explainable sepsis prognosis transformer (ESPT) model was constructed based on the Transformer architecture. The SHAP framework was employed for global feature importance ranking and visual interpretation of individual predictions. **Results/Conclusion** The ESPT model achieved an area under the curve (AUC) of 0.8589 in the training set and 0.8147 in the external validation set, outperforming traditional machine learning models such as Random Forest and XGBoost. SHAP analysis identified blood glucose, hemoglobin, and hematocrit as key prognostic drivers. The ESPT model can serve as an effective auxiliary tool for risk stratification and clinical decision-making in elderly patients with sepsis.

[Keywords] Sepsis; Prognostic model; Explainable artificial intelligence; Inflammatory biomarkers; Multicenter study

1 引言

脓毒症（Sepsis）是由感染引起的宿主反应失调所致的危及生命的器官功能障碍，已成为全球性的重大健康负担，尤其在老年人群中尤为严峻^[1]。全球每年约有 4890 万脓毒症感染病例及 1100 万相关死亡。在美国，脓毒症是导致院内死亡的首要原因之一，并带来沉重的医疗经济负担^[2]。作为 ICU 中常见危重症，脓毒症不仅导致较高的医疗资源消耗，更是全球健康领域亟待解决的突出问题^[3]。脓毒症临床表现和预后具有高度异质性，其中年龄是重要的预后影响因素^[4]。老年脓毒症患者因免疫衰老（Immunosenescence）、生理储备下

降及多重共病等因素，病死率更高且异质性更显著^[5]。因此，针对该人群开发精准预后工具对改善临床决策与患者结局具有重要意义。

目前，脓毒症的预后评估多依赖于 SOFA 和 qSOFA 等传统评分系统。但这些工具在异质性显著的老年群体中的判别能力常显不足。尽管基于机器学习（如 XGBoost、随机森林）的模型在利用电子健康记录（EHR）进行预后预测方面展现了巨大潜力，但其临床转化仍面临两大关键瓶颈：一是模型多呈“黑箱”特性，决策逻辑不透明，影响临床信任与采纳；二是多数模型未专门针对老年患者设计，且常依赖高维混杂特征，缺乏对脓毒症核心炎症通路中关键生物标志物的聚焦与机制性解读^[6]。例如，蔺柯等^[7]基于 XGBoost 算法整合 MIMIC-III 中的生命体征参数，构建死亡预测模型（AUC=0.83），虽优于传统评分，但未针对老年人群；Yang 等^[8]利用 Transformer 编码器-解码器架构开发 TransformerEHR 模型，通过自注意力机制捕捉跨时间就诊依赖关系，以提升预测性能，但仍未充分考虑老年患者特有的炎症标志物变化；Choi 等^[9]改进 Transformer 结构，提出跳过连接机制以融合局部与全局特征，其死亡率预测 AUC 达 0.8047，表现出良好泛化能力，但未在老年患者群体中做进一步测试。因此，开发一种面向老年脓毒症、基于关键炎症标志物且具备可解释性的精准预后预测模型，对于改善该高危人群的风险分层与临床管理至关重要。

为应对上述挑战，本研究基于多中心电子健康记录数据（MIMIC-IV v3.1^[10]和 eICU-CRD v2.0^[11]），开展了一项回顾性多中心研究，旨在开发并验证一个面向老年脓毒症、基于炎症标志物且内在可解释的预后预测模型（ESPT），以期改善老年脓毒症患者的预后提供帮助。

2 资料与方法

2.1 数据来源与伦理

本研究是一项回顾性队列研究，所使用的数据来源源于两个公开的重症监护数据库：eICU 协作研究数据库(eICU Collaborative Research Database, eICU-CRD)^[10]与医疗信息市场重症监护-IV 数据库(Medical Information Mart for Intensive Care IV, MIMIC-IV)^[11]。其中 eICU-CRD 作为训练集（按照 7:3 随机分为训练集和测试集），MIMIC-IV 作为外部验证集。eICU-CRD 为多中心数据库，收录 2014 年至 2015 年间美国 208 家医院超过 20 万例 ICU 住院患者数据；MIMIC-IV 为单中心数据库，涵盖 2008 年至 2022 年间美国波士顿贝斯以色列女执事医疗中心约 36 万例住院记录。研究已通过 PhysioNet 平台的 CITI 项目认证（认证号：13775200），并完成了必要的数据使用协议。

2.2 研究对象与筛选流程

研究对象的筛选流程如图 1 所示。本研究首先从 MIMIC-IV 和 eICU-CRD 数据库中筛选出所有符合 Sepsis-3.0 标准^[12]（即疑似感染且序贯器官衰竭评分 SOFA $\geq$ 2 分）的成年患者。随后，本研究应用以下纳入与排除标准构建最终分析队列。其中，纳入标准为：（1）年龄 $\geq$ 60 周岁，定义为老年患者；（2）首次入住 ICU（对于有多次入院记录的患者，仅保留其第一次 ICU 入院数据）；（3）ICU 住院时间 $\geq$ 24 小时。排除标准为：（1）入住 ICU 后 24 小时内死亡或自动出院；（2）关键炎症生物标志物数据缺失的患者；（3）基础资料缺失，28 天住院结局未知的患者。为确保所选炎症指标能全面、有效地反映老年脓毒症患者的初始病理生理状态，本研究参考了临床常规检验体系、脓毒症相关研究共识以及既往文献证据，提取其入住 ICU 后 24 小时内的 13 项炎症相关实验室检查指标的首次测量值，以捕捉患者的刚入院时的病理生理状态。最终，构建了一个包含 10682 名老年脓毒症患者、13 项炎症指标的纵向数据集用于模型开发与验证。

2.3 数据预处理

为保证数据质量与模型可靠性，本研究对原始数据进行了系统化预处理，主要包括数据清洗与特征归一化两个关键步骤。

首先，在数据清洗阶段，针对数据采集过程中可能存在的干扰与误差，我们执行了以下操作：（1）识别并剔除明显超出合理生理范围的异常值；（2）删除完全重复的记录，确保

每个观测样本的唯一性；（3）对于部分缺失的数值型特征，采用中位数填充或线性插值法

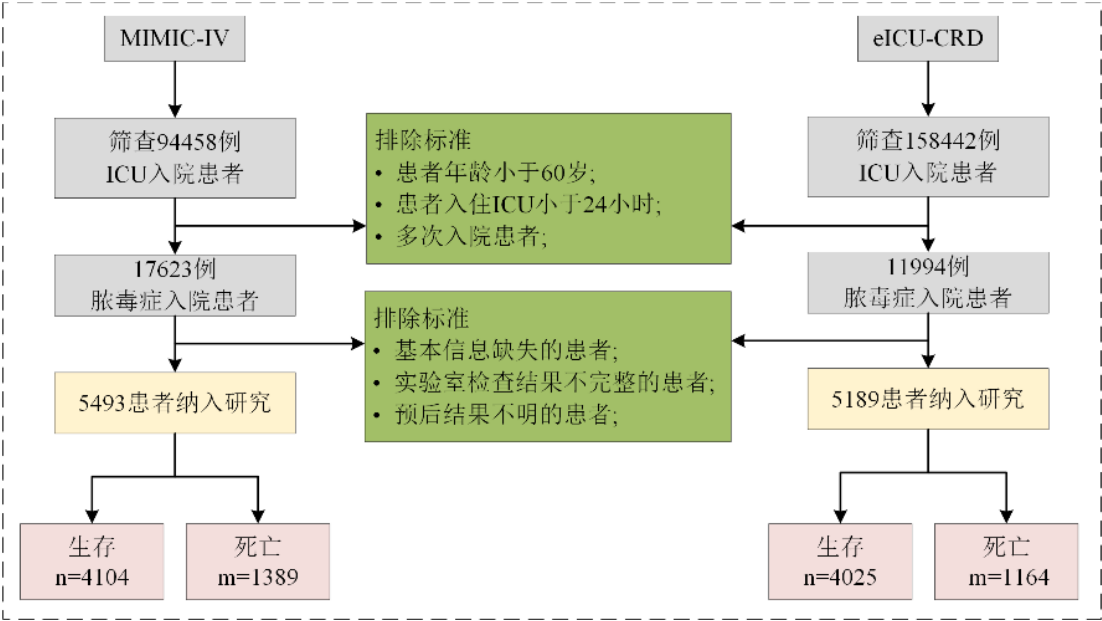


图 1 患者数据筛选流程图

进行填补，以保持数据集的完整性与一致性。

其次，由于各炎症标志物的测量单位与量纲不同，为消除其对模型训练的负面影响，本研究对所有连续型特征进行了标准化处理。具体采用 **Z-score** 归一化方法，将各特征转换为均值为 0、标准差为 1 的分布，转换公式如下：

11* MERGEFORMAT ()

$$x' = \frac{x - \mu}{\sigma}$$

其中， x 为原始特征值， μ 为该特征在所有样本中的均值， σ 为标准差。

2.4 老年脓毒症患者的预后预测模型

本研究提出了一种基于 Transformer 架构^[13]的可解释脓毒症预后预测模型（Explainable Sepsis Prognosis Transformer, ESPT），模型输入为 13 项炎症指标的标准化数值，输出为 28 天预后结局，工作流程如图 2 所示。模型构建主要包括四个阶段，首先从 eICU-CRD 和 MIMIC-IV 数据库中提取 13 项核心炎症生物标志物。对于每项指标，提取患者入住 ICU 后 24 小时内的首次测量值，以捕捉其最初始的病理生理状态。所有连续型变量均进行 Z-score 标准化以消除量纲影响。其次，由于数据集（eICU-CRD）中生存与非生存患者的比例约为 4:1，存在明显的类别不平衡。本研究应用合成少数类过采样技术（SMOTE, k=5）仅在训练集内生成合成少数类样本，验证集与测试集未经过任何过采样处理，构建均衡的数据集^[14]。然后，所构建的机器学习模型 ESPT 的核心是一个级联的 Transformer 编码器（层数 L=8）。每层编码器包含一个多头自注意力机制（头数 h=8）和一个前馈神经网络（隐藏层维度 512），

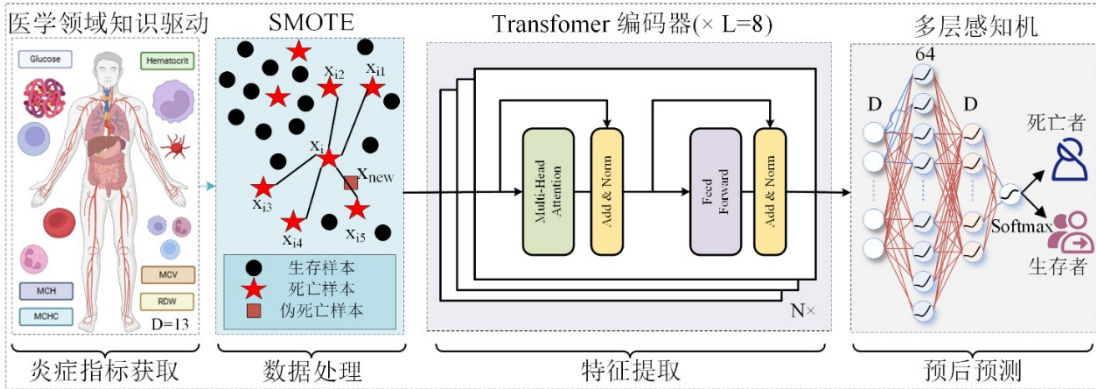


图2 ESPT 预后模型网络结构图

前馈网络使用 GeLU 激活函数并设置了 0.1 的 Dropout 率用于正则化。该架构能够通过自注意力机制动态捕捉高维炎症指标间复杂的非线性交互与长程依赖关系。模型最终输出一个 128 维的时序感知特征向量，并通过一个三层感知机（MLP）实现 28 天死亡风险的二分类预测。模型使用 Adam 优化器（学习率=1e-4，批次大小=32）进行训练，训练轮数为 1200 轮，并采用早停策略以防止过拟合。

2.5 可解释人工智能

为解决机器学习模型在临床预后预测中的“黑箱”问题，本研究采用基于博弈论的 SHAP(SHapley Additive exPlanations)框架^[15]。鉴于 ESPT 模型本质上是表格数据训练的深度学习神经网络，本研究选择适用于此类模型的 KernelExplainer 来计算所有验证集样本预测结果的 SHAP 值，以系统性解析模型的预测决策机制。通过计算各炎症特征对模型输出的边际贡献（SHAP 值），本研究实现了全局与局部两个维度的可解释性：在全局层面，通过特征重要性排序及 SHAP 摘要图揭示关键预后因子及其与死亡风险的整体关联模式；在个体层面，随机选取高风险预测病例，绘制个体 SHAP 力图，直观展示驱动其预测结果的关键特征，为临床医生提供个案级别的决策依据，从而增强模型在实践中的可信度与适用性^[16]。

2.6 机器学习模型性能评估

为全面评估模型的预测效能与临床适用性，本研究采用多维度指标进行综合评价。模型性能主要通过以下指标进行量化：受试者工作特征曲线下面积（AUC）、准确率（Accuracy）、召回率（Recall）、精确率（Precision）及 F1 分数。其中，AUC 作为核心判别指标，用于衡量模型区分生存与死亡患者的整体能力，其值越高表明模型的区分性能越优。准确率反映模型整体预测正确的比例，适用于类别均衡数据，但在本研究的不平衡数据中可能高估模型性能。召回率表示模型识别出真实阳性（死亡患者）的能力，高召回率意味着漏诊风险低，对临床筛查高危患者尤为重要。精确率体现模型预测为阳性的样本中实际为阳性的比例，高精确率有助于减少假阳性，避免不必要的临床干预。F1 分数则综合了精确率与灵敏度，尤其适用于评估在类别不平衡数据上的模型表现。

2.7 统计分析

本研究采用 Python（3.9）进行数据分析与建模。患者基线特征的组间比较根据数据分布情况，分别使用 Mann-Whitney U 检验（非正态分布连续变量）或卡方检验（分类变量）。针对训练集中的类别不平衡问题，应用合成少数类过采样技术进行处理。模型性能主要通过受试者工作特征曲线下面积（AUC）进行评价；所有统计检验均为双侧检验，显著性水平设定为 $\alpha=0.05$ 。

3 结果

3.1 患者基线特征

回顾性分析 eICU-CRD 数据库的 5,189 例老年脓毒症患者的临床资料，其中存活组 4,025 例（77.58%），死亡组 1,164 例（22.42%）。如表 1 所示，两组患者在 6 项炎症标志物存在统计学差异（ $p<0.05$ ）。与存活组相比，死亡组患者的淋巴细胞和单核细胞计数显著更低，提示其可能存在更严重的免疫抑制状态；而中性粒细胞百分比、葡萄糖水平及红

10.12201/bmr.202605.00087V1

细胞分布宽度则显著更高，反映了更强烈的应激反应、代谢紊乱及红细胞生成障碍。

表 1 eICU-CRD 上患者的临床特征比较

临床特征(单位)	存活(4025)	死亡(1164)	全部(5189)	P 值
Glucose(mg/dL)	140.0(107.0-191.0)	139.0(112.0-161.0)	139.0(108.0-185.0)	0.0043
Hematocrit(%)	31.6(27.5-36.0)	31.1(27.0-36.0)	31.5(27.4-36.0)	0.0609
Hemoglobin(g/dL)	10.3(8.9-11.7)	10.2(8.7-11.7)	10.2(8.9-11.7)	0.1155
Lymphocyte($\times 10^9/L$)	7.0(4.0-11.5)	6.9(4.0-8.0)	6.9(4.0-11.0)	<0.001
MCH(pg)	29.8(28.1-31.3)	29.8(28.5-31.2)	29.8(28.2-31.3)	0.0737
MCHC(%)	32.6(31.7-33.4)	32.6(31.7-33.6)	32.6(31.7-33.5)	0.1365
MCV(fL)	91.0(86.9-95.4)	91.0(87.0-96.0)	91.0(87.0-95.5)	0.2938
Monocyte($\times 10^9/L$)	6.0(3.8-8.4)	6.0(4.0-7.0)	6.0(3.9-8.0)	0.0003
PLT($\times 10^9/L$)	185.0(133.0-253.0)	183.0(122.0-259.3)	184.0(131.0-254.0)	0.0730
Neutrophil($\times 10^9/L$)	83.0(75.0-89.0)	83.4(80.0-88.6)	83.4(76.0-89.0)	<0.001
RBC($m/\mu L$)	3.47(3.02-4.00)	3.44(2.94-3.98)	3.46(3.01-3.99)	0.2660
RDW(%)	15.4(14.3-17.1)	15.7(14.8-17.5)	15.5(14.4-17.2)	<0.001
WBC($\times 10^9/L$)	13.10(8.90-18.96)	13.50(9.00-19.96)	13.21(8.90-19.19)	0.1817

注： MCH, Mean Corpuscular Hemoglobin; MCHC, Mean Corpuscular Hemoglobin Concentration; MCV, Mean Corpuscular Volume; PLT, Platelet Count; RBC, Red Blood Cell; RDW, Red Cell Distribution Width; WBC, White Blood Cell Count;

3.2 炎症标志物相关性分析

相关性分析显示（图 3），红细胞系统指标间存在强正相关，其中红细胞比容与血红蛋白相关系数为 0.97，血红蛋白与红细胞计数为 0.88；红细胞平均参数间相关系数均在 0.87 以上。淋巴细胞与中性粒细胞呈显著负相关（ $r=-0.68$ ）。葡萄糖与多数血液学指标相关性较弱。鉴于这种高度共线性，本研究保留所有病理生理学重要指标，依赖 Transformer 的自注意力机制与 SHAP 框架解析其联合贡献，避免手动剔除造成信息损失。

10.12201/bmr.202605.00087V1

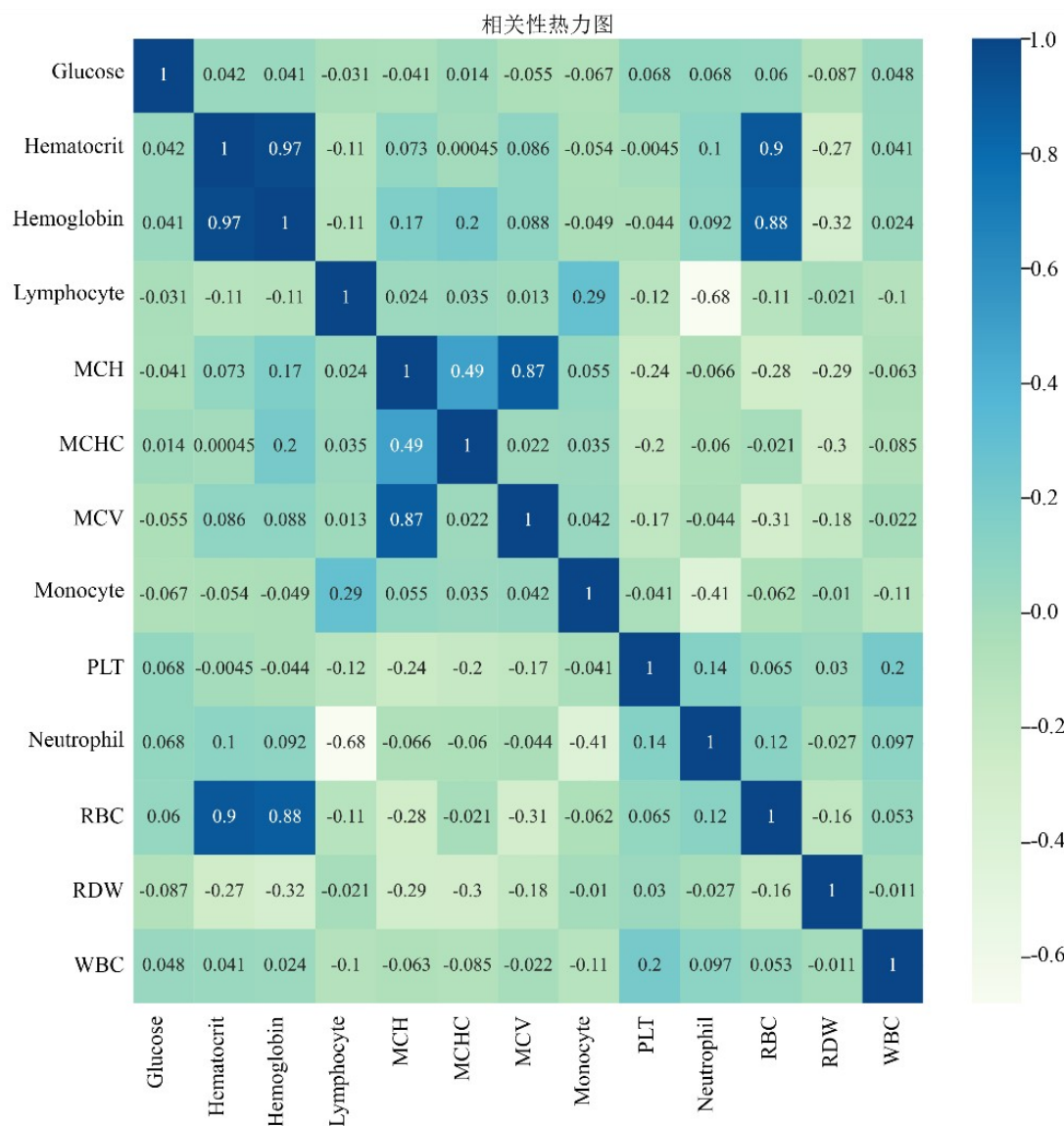


图 3 炎症标志物相关性热力图

3.3 消融实验结果

为验证本文提出的 ESPT 模型中各核心组件的有效性，我们在训练集（eICU-CRD）与外部验证集（MIMIC-IV）上分别进行了系统的消融实验。实验设置了三个对比模型：（1）仅包含多层感知机（MLP）的基线模型；（2）仅包含 Transformer 编码器模块（Transformer Block）的模型；（3）完整融合了 Transformer 编码器与 MLP 的 ESPT 模型。各模型的性能评估结果如表 2 所示。

实验结果表明，在 eICU-CRD 训练集上，仅使用 MLP 的基线模型 AUC 为 0.7553；而引入 Transformer 编码器模块后，模型性能（AUC=0.7723）得到了一定提升，自注意力机制在捕捉炎症标志物间复杂非线性关系方面具有优势。最终，完整的 ESPT 模型在所有指标上均取得了最佳性能，其 AUC 达到 0.8589，显著优于前两个简化模型，证实了模型整体架构设计的有效性。更重要的是，在独立的 MIMIC-IV 验证集上，ESPT 模型依然保持了最高的预测性能（AUC=0.8147），且其表现稳定地优于消融对照模型，这表明本研究所提出的架构不仅具有良好的判别能力，还具备稳健的跨中心泛化能力。

表 2 消融实验结果

eICU-CRD

10.12201/bmr.202605.00087V1

模型	AUC	Accuracy	Recall	Precision	F1
MLP	0.7553	0.7159	0.7836	0.7129	0.7466
Transformer Block	0.7723	0.7547	0.8426	0.7362	0.7858
ESPT	0.8589	0.8077	0.8577	0.7975	0.8265
MIMIC-IV					
MLP	0.7509	0.7212	0.8376	0.7168	0.7725
Transformer Block	0.7172	0.7440	0.8697	0.7256	0.7953
ESPT	0.8147	0.7757	0.8761	0.7625	0.8153

3.4 模型对比实验结果

为系统评估本研究所提出的 ESPT 模型的预测效能，我们在训练集（eICU-CRD）与外部验证集（MIMIC-IV）上，将其与八种常用的基线机器学习模型进行了全面的性能对比。各模型的具体性能指标如表 3 所示。

表 3 模型性能评价

eICU-CRD					
模型	AUC	Accuracy	Recall	Precision	F1
朴素贝叶斯	0.5821	0.5896	0.6833	0.6043	0.6414
逻辑回归	0.5871	0.6027	0.7289	0.6211	0.6707
决策树	0.7637	0.7667	0.8011	0.7736	0.7871
KNN	0.7719	0.7839	0.9197	0.7421	0.8214
SVM	0.8383	0.8384	0.8390	0.8591	0.8489
XGBoost	0.8470	0.8472	0.8506	0.8593	0.8550
LightGBM	0.8516	0.8503	0.8213	0.8837	0.8514
随机森林	0.8533	0.8541	0.8625	0.8674	0.8650
ESPT	0.8589	0.8577	0.8877	0.8975	0.8265
MIMIC-IV					
朴素贝叶斯	0.6256	0.6487	0.7718	0.6710	0.7178
逻辑回归	0.6528	0.6739	0.7976	0.6849	0.7370
决策树	0.7107	0.7181	0.7567	0.7571	0.7569
KNN	0.7534	0.7767	0.9189	0.7475	0.8244
SVM	0.7980	0.8088	0.8765	0.8051	0.8392
XGBoost	0.8051	0.8216	0.9271	0.7934	0.8551
LightGBM	0.8132	0.8192	0.8551	0.8329	0.8439
随机森林	0.7924	0.8137	0.9301	0.7863	0.8521
ESPT	0.8147	0.8257	0.8761	0.7925	0.8453

如图 4 所示，在训练集（eICU-CRD）上，ESPT 模型取得了最优异的判别性能，其 AUC 达到 0.8589，显著高于所有对比模型。在传统机器学习模型中，随机森林表现最佳（AUC=0.8533），XGBoost 与 LightGBM 紧随其后，但 ESPT 模型仍保持了微弱的领先优势。此外，ESPT 在准确率（0.8577）、召回率（0.8877）、精确率（0.8975）等综合指标上也表现均衡且突出，尽管 ESPT 的 F1 分数略低于部分树模型，但其 AUC 和召回率均更优，表明模型在区分能力上更具优势，也具备良好的临床实用性。

在独立的外部验证集（MIMIC-IV）上，ESPT 模型展现出稳健的泛化能力，其 AUC 为 0.8147，再次显著优于所有基线模型（AUC 范围：0.6256-0.8132）。值得注意的是，即使与性能接近的 LightGBM（AUC=0.8132）相比，ESPT 仍保持了最高的 AUC 值。同时 ESPT 在其他关键指标上也保持了竞争力，其召回率（0.8761）与 F1 分数（0.8453）均处于较高水平，表明该模型在准确识别死亡高危患者方面具有可靠且综合的效能。

10.12201/bmr.202605.00087V1

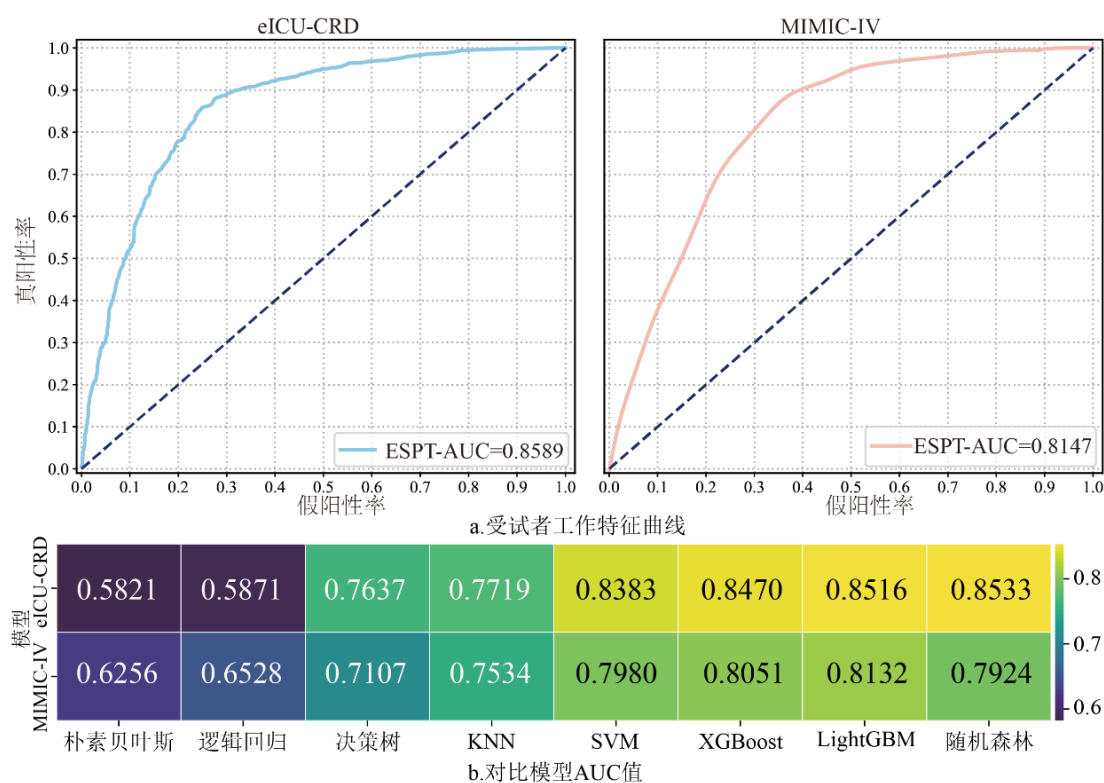


图 4 ESPT 模型与基线模型的 ROC 曲线及 AUC 对比

3.5 模型可解释分析

为深入解析 ESPT 模型的决策机制，本研究采用 SHAP 可解释框架对预测结果进行系统性解构。本研究通过计算各特征的 SHAP 值，获得临床指标的特征重要性排序（图 5a,b）。分析结果显示，葡萄糖（Glucose）、血红蛋白（Hemoglobin）和血细胞比容（Hematocrit）是模型中最具影响力的三大预测因子，其 SHAP 值显著高于其他特征。

SHAP 摘要图（图 5a）进一步揭示了特征值的具体影响方向，葡萄糖水平与死亡风险呈正相关，而血红蛋白和血细胞比容则显示出保护效应。为进一步展示模型在临床决策支持中的潜力，本研究随机选取了几名被 ESPT 模型预测为高死亡风险且最终结局为死亡的患者，以及预测为低死亡风险且最终结局为存活的典型患者，并绘制了其 SHAP 力图（图 5c-f）。这种个案层面的解释，使得临床医生能够直观地理解模型的“思考过程”，并针对这些关键风险指标进行重点干预。这种全局与个体相结合的可解释性分析，不仅验证了 ESPT 模型决策的科学性，也为临床医生识别高风险患者和制定个体化干预策略提供了理论依据。

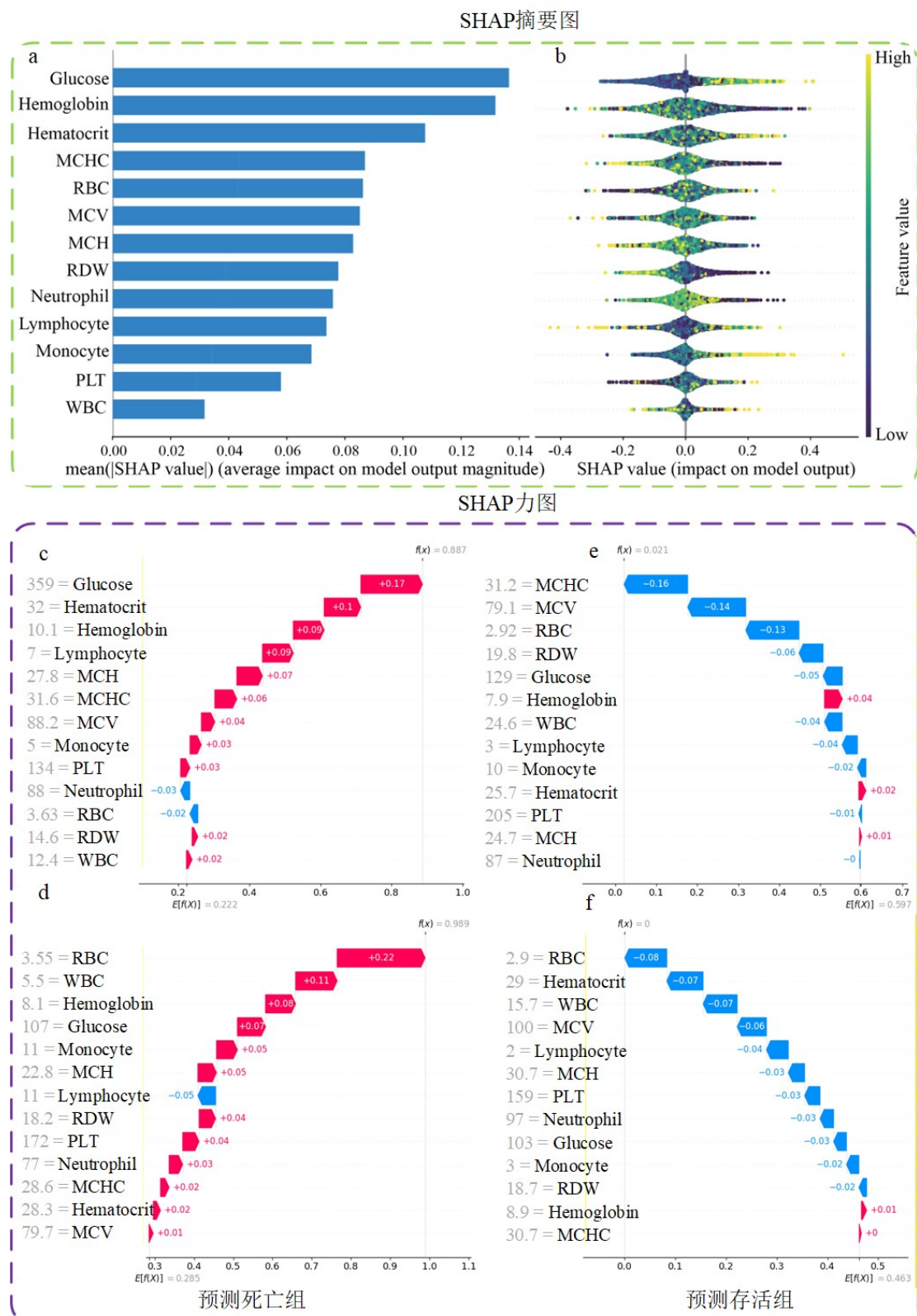


图5 可解释分析

注：a. 全局特征重要性排序；b. SHAP摘要图；c-f. 个体SHAP力图示例。

4 讨论

4.1 模型性能的优越性

本研究构建的ESPT模型在内部（AUC=0.8589）与外部（AUC=0.8147）验证中均展现出优异的判别性能，显著优于传统机器学习模型。这一优势的核心在于Transformer架构的自注意力机制，它能够有效捕捉13项核心炎症指标间的复杂非线性交互，实现对患者全

身炎症负荷与生理紊乱程度的综合评估。相比之下，传统线性模型难以处理特征间的高阶交互关系，而树模型虽能捕捉部分非线性，但受限于其分裂规则，难以像自注意力机制那样实现全局特征间的动态权重分配。这解释了为何 ESPT 模型在判别性能上超越了随机森林、XGBoost 等强基线模型^[17]。

4.2 关键预后因子的病理生理学诠释

通过 SHAP 可解释性分析，本研究识别出血糖、血红蛋白和血细胞比容为三大核心预后驱动因子。高血糖反映了脓毒症状态下应激反应与胰岛素抵抗的叠加，在老年患者中更揭示了潜在的代谢调节能力不足与更差的生理代偿能力；血红蛋白与血细胞比容的降低则直接提示血液携氧能力下降，老年患者因生理储备不足，在面对脓毒症所致的氧供需失衡时更为脆弱^[18]。

基线特征的单变量分析显示，死亡组患者的淋巴细胞与单核细胞计数显著降低，而中性粒细胞百分比与红细胞分布宽度（RDW）显著升高。这些差异与脓毒症的病理生理过程高度吻合：淋巴细胞和单核细胞的减少反映了脓毒症诱导的免疫抑制状态，这是老年患者因免疫衰老而更为突出的表现^[19]；中性粒细胞增多则是机体对感染的急性炎症反应；RDW 升高则与炎症应激下的红细胞生成障碍及氧化应激有关^[20]。这些指标在单变量分析中虽已显现出与预后的关联，但在多变量模型中，其影响可能部分被血糖、血红蛋白等更强势的因子所涵盖，或通过复杂的非线性交互作用间接贡献于预后预测。这恰恰印证了 Transformer 模型在挖掘特征间深层交互方面的必要性^{[21][24]}。

此外，SHAP 可解释性分析的结果与脓毒症的病理生理机制高度吻合^[25]。高血糖是机体在严重感染下应激反应和胰岛素抵抗的典型表现；而血红蛋白与血细胞比容则是反映血液携氧能力和组织灌注状态的核心指标^[26]。三者共同构成了影响老年脓症患者预后的关键枢纽^[27]。这种剂量-反应关系的发现，不仅从生物学角度验证了模型决策的合理性，也为临床

医生提供了明确的干预靶点。全局与个体相结合的可解释性分析，成功地将一个复杂的深度学习模型转化为透明、可信的临床决策辅助工具，为人工智能在医疗领域的负责任应用提供了良好范例。

4.3 局限性与未来方向

然而，本研究存在一定局限性。首先，作为回顾性分析，模型输入仅限于入院后 24 小时的静态指标，未能捕捉治疗干预等动态信息对预后的影响。其次，特征集主要聚焦于炎症标志物，未纳入营养状况、心功能等其他潜在重要预后因素。此外，模型的普适性需在更广泛的地域和医疗体系中验证。未来研究应致力于整合时序动态数据与多模态临床信息，并开展前瞻性多中心研究以评估其在真实临床场景中的应用价值。

5 结语

本研究基于多中心电子健康记录数据，构建并验证了一个面向老年脓毒症患者的预后预测模型（ESPT）。该模型融合 Transformer 架构与 SHAP 可解释性框架，在内部（AUC=0.8589）与外部（AUC=0.8147）验证中均表现出良好的判别性能。可解释性分析识别出血糖、血红蛋白和血细胞比容为关键预后驱动因子。研究结果表明，融合深度学习与可解释性技术的预测框架有助于提升老年脓毒症风险分层的准确性与决策透明度，为临床辅助工具的开发提供了新的思路。

作者贡献：田欣负责研究设计与论文撰写；陈红军负责数据预处理、模型构建与模型性能分析；谢健负责论文指导与修订。

利益声明：所有作者均声明不存在利益冲突。

参考文献

- [1] 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.
- [2] Meyer N J, Prescott H C. Sepsis and septic shock[J]. New England Journal of Medicine, 2024, 391(22): 2133-2146.

- [3] Weng L, Zeng X, Yin P, et al. Sepsis-related mortality in China: a descriptive analysis [J]. *Intensive Care Medicine*, 2018 , 44: 1071~1080.
- [4] Michels E H A, Butler J M, Reijnders T D Y, et al. Association between age and the host response in critically ill patients with sepsis[J]. *Critical Care*, 2022, 26(1): 385.
- [5] Ibarz M, Haas L E M, Ceccato A, et al. The critically ill older patient with sepsis: a narrative review[J]. *Annals of Intensive Care*, 2024, 14(1): 6.
- [6] Kappelmayer J, Debreceeni I B, Fejes Z, et al. Inflammation, sepsis, and the coagulation system[J]. *Hämostaseologie*, 2024, 44(04): 268-276.
- [7] 蔺轲, 林瑜, 孔桂兰. 基于 XGBoost 算法的 ICU 脓毒症患者住院死亡风险预测研究 [J]. *中国卫生信息管理杂志*, 2018, 15(5): 536~540.
- [8] Yang Z, Mitra A, Liu W, et al. TransformEHR: transformer-based encoder-decoder generative model to enhance prediction of disease outcomes using electronic health records [J]. *Nature Communications*, 2023, 14(1): 7857.
- [9] Choi J W, Yang M, Kim J W, et al. Prognostic prediction of sepsis patient using transformer with skip connected token for tabular data [J]. *Artificial Intelligence in Medicine*, 2024, 149: 102804.
- [10] Pollard T J, Johnson A E W, Raffa J D, et al. The eICU Collaborative Research Database, a freely available multi-center database for critical care research[J]. *Scientific Data*, 2018, 5(1): 1-13.
- [11] Johnson A E W, Bulgarelli L, Shen L, et al. MIMIC-IV, a freely accessible electronic health record dataset[J]. *Scientific Data*, 2023, 10(1): 1.
- [12] Rhodes A, Evans L E, Alhazzani W, et al. Surviving Sepsis Campaign: International Guidelines for Management of Sepsis and Septic Shock: 2016 [J]. *Intensive Care Medicine*, 2017, 43(3): 304~77.
- [13] Vaswani A, Shazeer N, Parmar N, et al. Attention is all you need[J]. *Advances in Neural Information Processing Systems*, 2017, 30.
- [14] Chawla N V, Bowyer K W, Hall L O, et al. SMOTE: synthetic minority over-sampling technique [J]. *Journal of Artificial Intelligence Research*, 2002, 16: 321~357.
- [15] Lundberg S. A unified approach to interpreting model predictions [J]. *Statistics*, 2017.
- [16] Gunning D, Stefik M, Choi J, et al. XAI—Explainable rtificial intelligence[J]. *Science Robotics*, 2019, 4(37): eaay7120.
- [17] JW Choi, M Yang, JW Kim, et al. Prognostic prediction of sepsis patient using transformer with skip connected token for tabular data. *Artificial Intelligence in Medicine*, 149 (2024): 102804.
- [18] U Aygun, [FH Yagin](#), [B Yagin](#), et al. Assessment of sepsis risk at admission to the emergency department: Clinical interpretable prediction model. *Diagnostics*, 14.5 (2024): 457.
- [19] A Kriplani, S Pandit, [A Chawla](#), et al. Neutrophil–lymphocyte ratio (NLR), platelet–lymphocyte ratio (PLR) and lymphocyte–monocyte ratio (LMR) in predicting systemic inflammatory response syndrome (SIRS) and sepsis after percutaneous nephrolithotomy (PNL) [J]. *Urolithiasis* , (2022): 341-348.
- [20] H Wu, B Liao, T Cao, et al. Diagnostic value of RDW for the prediction of mortality in adult sepsis patients: A systematic review and meta-analysis[J]. *Frontiers in immunology* , (2022): 997853.
- [21] Yong L, Zhenzhou L. Deep learning-based prediction of in-hospital mortality for sepsis[J]. *Scientific Reports*, 2024, 14(1): 372.

- [22] Hu C, Li L, Huang W, et al. Interpretable machine learning for early prediction of prognosis in sepsis: a discovery and validation study [J]. *Infectious Diseases and Therapy*, 2022, 11(3): 1117-1132.
- [23] Yu Z, Ashrafi N, Li H, et al. Prediction of 30-day mortality for ICU patients with Sepsis-3 [J]. *BMC Medical Informatics and Decision Making*, 2024, 24(1): 223.
- [24] Gao J, Lu Y, Ashrafi N, et al. Prediction of Sepsis Mortality in ICU patients using machine learning methods [J]. *BMC Medical Informatics and Decision Making*, 2024, 24(1): 228.
- [25] [XY Zhu, ZM Jiang, X Li, et al. Interpretive machine learning predicts short-term mortality risk in elderly sepsis patients. *Frontiers in Physiology*, 16 \(2025\): 1549138.](#)
- [26] Wang W, Chen W, Liu Y, et al. Blood glucose levels and mortality in patients with sepsis: dose-response analysis of observational studies[J]. *Journal of Intensive Care Medicine*, 2021, 36(2): 182-190.
- [27] Luo M, Chen Y, Cheng Y, et al. Association between hematocrit and the 30-day mortality of patients with sepsis: a retrospective analysis based on the large-scale clinical database MIMIC-IV[J]. *PLoS one*, 2022, 17(3): e0265758.