

DOI:10.11784/tdxbz202504019

# 基于动态权重网络的自适应集成模型及疾病预测应用

崔玉红, 张寒松

(天津大学机械工程学院, 天津 300350)

**摘要:** 针对传统集成预测模型存在的静态权重局限, 难以实现个性化预测的问题, 构建了基于动态权重网络的自适应集成预测模型。通过元学习策略集成了逻辑回归、支持向量机、随机森林 3 种机器学习算法, 依据关键特征动态调整各种基模型的权重, 实现集成模型的自适应调节。进一步, 为了验证自适应集成模型的有效性, 针对急性呼吸道传染病的重症风险预测任务进行实证验证。基于 1 485 例患者的临床数据对模型进行训练和评估, 结果表明: 自适应集成模型在训练集上的预测准确率为 99.05%,  $F_1$  分数为 0.994, 曲线下面积为 0.998; 在测试集中预测准确率达到 99.55%,  $F_1$  分数为 0.997, 曲线下面积为 0.998, 各项评估指标均优于其他单一基模型及其他集成预测模型。特别是自适应集成模型的特异度为 0.999, 较基模型提高 3%, 表现出更强的非重症患者识别能力。此外, 通过雅可比矩阵揭示关键特征与基模型权重分配之间的动态关联, 分析显示, 该模型能够适应关键特征的变化, 自动调整基模型的权重分布, 凸显更适合当前数据特征的基模型贡献。这种动态调整机制弥补了传统集成模型静态权重的不足, 实现了预测策略的个性化调整。构建的自适应集成模型能够有效整合多个基模型的优势, 并根据特征变化动态调整基模型权重, 提供了更为准确、个性化的疾病风险预测, 具有广泛的应用前景。

**关键词:** 动态权重; 元学习; 自适应集成模型; 机器学习; 疾病预测

中图分类号: TP181

文献标志码: A

文章编号: 0493-2137(2026)07-0689-10

## Adaptive Integrated Model Based on Dynamic Weighting Network and Its Application to Disease Prediction

Cui Yuhong, Zhang Hansong

(School of Mechanical Engineering, Tianjin University, Tianjin 300350, China)

**Abstract:** To address the static weight limitations of traditional integration prediction models, which restrict personalized predictions, an adaptive integrated model was constructed based on a dynamic weighting network. This dynamic-weighting-network-based model integrated three machine learning algorithms: logistic regression, support vector machines, and random forests, using a meta-learning strategy. This facilitated the dynamic adjustment of base model weights using key features, thereby enabling the adaptive regulation of the integration model. The adaptive integrated model was empirically tested to validate its effectiveness in predicting severe risks for infectious acute respiratory diseases. Further, the adaptive integrated model was trained and evaluated using the clinical data of 1 485 patients, and the results revealed that it achieved accuracy,  $F_1$  and area under the receiver operating characteristic curve (AUC) scores of 99.05%, 0.994, and 0.998, respectively, on the training set. On the test set, it realized accuracy,  $F_1$  and AUC scores of 99.55%, 0.997, and 0.998, respectively, outperforming other individual base models and integrated prediction models in all the evaluation metrics. Notably, it realized a specificity of 0.999, representing a 3% increase over other base models, thereby demonstrating its stronger ability to identify noncritical patients. Furthermore, Jacobian matrix-based analysis revealed a dynamic link between key features and base model weight allocation. The model automatically adapts to changes in critical features, adjusting the weight distributions to

收稿日期: 2025-04-15; 修回日期: 2025-05-10.

作者简介: 崔玉红 (1968—), 女, 博士, 教授.

通信作者: 崔玉红, yhcui@tju.edu.cn.

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (72174138, 11972252).

Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 72174138, No. 11972252).

highlight the most relevant base model for specific data patterns. This dynamic mechanism addresses the static weight limitations of traditional integrations, enabling the adjustments of personalized prediction strategies. Further, the adaptive integrated model effectively combines the strengths of multiple base models. By dynamically adjusting weights according to feature changes, it enhances prediction accuracy and flexibility, thereby overcoming the static weight limitations in traditional integration models. Overall, the model effectively provides a highly accurate and personalized tool for disease risk prediction, exhibiting broad application prospects.

**Keywords:** dynamic weighting; meta-learning; adaptive integrated model; machine learning; disease prediction

在各种疾病预测任务中,患者数据的异质性(如年龄、血压、呼吸频率等动态特征)往往对模型的个性化适应性提出较高要求.传统的疾病预测方法主要依赖于统计学模型和临床经验,但其在处理高维、非线性数据时存在局限性<sup>[1]</sup>.最早应用于医学领域的机器学习算法可追溯至 20 世纪 90 年代,主要以逻辑回归<sup>[2]</sup>(logistic regression, LR)、COX 比例风险模型<sup>[3]</sup>和决策树(decision tree, DT)等<sup>[4]</sup>传统统计模型为主,侧重分析糖尿病、心血管、肿瘤等单一疾病的风险因素.对于疾病风险的预测,LR 通过 sigmoid 函数将线性关系映射为概率,模型简单且计算效率高,但无法处理非线性关系和高维特征<sup>[5]</sup>;COX 比例风险模型适用于分析时间到事件的数据,但模型受限于数据集的特定比例假设<sup>[6]</sup>;DT 则采用类似流程图的层级结构,通过特征分割生成规则,可同时处理连续型和分类变量,但单颗决策树计算过程中容易过拟合<sup>[7]</sup>.早期建立的预测模型更多是根据风险因素的权重制定疾病风险评分,利用评分分层来评定高中低风险.传统风险评分工具(如 CURB-65<sup>[8]</sup>、Framingham 风险评分<sup>[9]</sup>)依赖有限变量,难以适应个体化需求.

进入 21 世纪后,随机森林(random forest, RF)<sup>[10]</sup>、人工神经网络(artificial neural network, ANN)<sup>[11]</sup>、支持向量机(support vector machine, SVM)<sup>[12]</sup>等算法被引入医疗领域,能够整合高维数据,分析多维特征并建立疾病预后模型,广泛应用于疾病风险预测和医学影像分类.Weng 等<sup>[13]</sup>采用 RF、ANN 等多种算法开发预测 10 年内心血管疾病的风险模型,利用 ROC 曲线评估模型,结果表明 ANN 算法表现最佳,曲线下面积(area under the receiver operating characteristic curve, AUC)  $a_{UC}$  达到 0.764, 优于美国心脏病学会提出的风险评估方法( $a_{UC} = 0.728$ ). Gulshan 等<sup>[14]</sup>开发了基于 CNN 的糖尿病视网膜病变自动检测系统,在灵敏度和特异性上达到 97.5% 和 93.4%,成为医学影像分析的里程碑.Cui 等<sup>[15]</sup>开发了一种基于 SVM 的糖尿病患者再入院风险预测模型,实现了 81.02% 的准确率,预测性能优于其他流行算法(LR、朴素贝叶斯、DT 等).2020 年前后 RF 算法被广泛用于癌症预

后建模,如肺癌<sup>[16]</sup>、乳腺癌<sup>[17]</sup>患者的生存预测.Pre-meaux 等<sup>[18]</sup>基于 SVM 建立非艾滋病(non-AIDS)结局事件的分类预测模型, $a_{UC}$  达到 0.753,拓宽了机器学习技术在传染病中的应用范围.

机器学习在疾病预测中的应用已取得显著进展,尤其是在糖尿病、心血管疾病、癌症及传染病等预测中展示了巨大潜力.随着算法的不断创新和优化,集成学习方法(如 Bagging、Boosting、Stacking)采用投票、平均值或固定权重分配等策略取得了较好的预测结果,但传统集成方法往往缺乏灵活性和足够的学习能力,对患者进行个性化的预测能力不足<sup>[19]</sup>.

为此,根据 LR、SVM 与 RF 在疾病风险预测中的出色表现<sup>[20]</sup>,本文提出一种融合 3 种基模型(线性分类器、核方法分类器与树集成模型)优势的多算法集成自适应学习框架,旨在构建能够实现个性化预测的急性呼吸道传染病的重症风险预测模型.模型以关键临床特征为重要参考,结合元学习(meta-learning)策略与动态权重网络(dynamic weighting network),突破传统集成模型的静态权重局限性,实现各模型权重的自适应调节,进而提高模型的泛化能力.此外,通过引入雅可比矩阵(Jacobian matrix)分析关键特征对权重分配的影响机制,深化对模型内部决策逻辑的理解,提供更直观透明的决策支持.

## 1 预测模型原理

通过设计基于多层感知机驱动的动态权重分配机制,结合元学习的集成策略,搭建一种面向患者个体化的自适应调节预测策略的临床决策框架,可根据临床关键特征自动调整基模型的贡献权重.

### 1.1 元学习策略原理

元学习<sup>[21]</sup>也称学会学习,是机器学习更广泛的一个领域,核心目标是让模型通过多个任务的学习经验,能够快速解决新的学习任务.元学习策略的本质是通过权重分配融合多个基模型的预测优势,以增强模型对新任务的适应能力.元模型是指在多个基模型训练完成后,将基模型的输出作为输入,进一步训练

的一个新模型. 元模型的最终预测概率  $P(\mathbf{x})$  定义为

$$P(\mathbf{x}) = \sum_{k=1}^K \omega_k(\mathbf{x}) p_k(\mathbf{x}) \quad (1)$$

式中:  $\mathbf{x}$  是样本特征向量;  $p_k(\mathbf{x})$  是基模型  $k$  对样本的预测概率;  $\omega_k(\mathbf{x})$  表示基模型  $k$  的权重, 满足约束条件:  $\sum_{k=1}^K \omega_k(\mathbf{x}) = 1, \omega_k(\mathbf{x}) \geq 0$ . 元特征矩阵向量  $\mathbf{r}(\mathbf{x})$

由基模型的预测概率和关键特征构成, 即

$$\mathbf{r}(\mathbf{x}) = [p_1(\mathbf{x}), p_2(\mathbf{x}), p_3(\mathbf{x}), x_1, x_2, \dots]^T \quad (2)$$

式中  $x_1, x_2, \dots$  表示选择的关键特征信息, 是通过基模型对变量的重要性排序选择得到.

元学习策略流程如图 1 所示, 包含基模型训练、元特征构造、动态权重网络及元模型训练 4 个过程: 基模型训练输出各个基模型的预测概率; 随后, 将基模型预测概率与关键特征融合构造元特征矩阵; 输入到动态权重网络中进行权重分配; 进一步, 在元模型训练中输出基模型加权融合的预测概率, 得到最终预测结果.

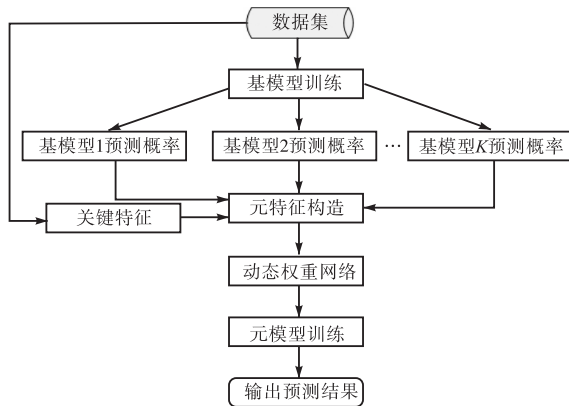


图 1 元学习策略流程

Fig.1 Flow chart of the meta-learning strategy

## 1.2 动态权重网络设计

动态权重是指根据某种规则或者参考因素来调整权重值的方法. 本文设计的动态权重网络由一个多层感知机生成, 旨在根据样本的关键特征动态地调整每个基模型的贡献, 最终加权整合基模型预测概率以提升元模型的性能. 该方法使得模型在每次预测时都能够自动对不同基模型赋予不同的权重, 从而更好地适应数据的变化.

动态权重网络架构包括输入层、隐藏层、正则化层和输出层, 如图 2 所示. 输入层的接收维度由元特征矩阵决定; 隐藏层包含 2 层, 其中隐藏层 1 将输入特征映射到 64 维空间, 隐藏层 2 将映射到 32 维空间, 每个隐藏层后都使用了 ReLU 激活函数, 以增强网络的非线性拟合能力; 正则化层中, 使用 dropout

技术在每一层的输出中随机丢弃一定比例 (dropout rate) 神经元, 从而减少过拟合, 提高模型泛化能力; 输出层负责输出动态权重  $\mathbf{w} = [\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_K]$ , 其维度与基模型数量对齐. 随后, 通过 softmax 函数对输出权重进行归一化处理, 确保权重和为 1, 得到各基模型在最终预测中的贡献比例.

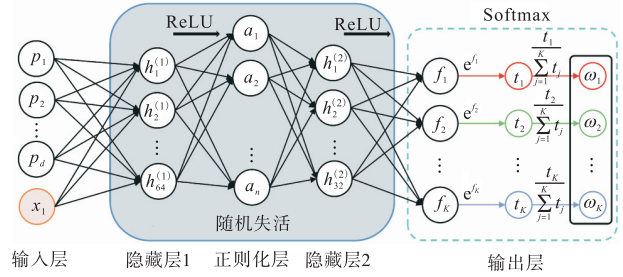


图 2 动态权重网络结构

Fig.2 Architecture of the dynamic weighting network

元模型的权重分配是通过动态权重网络将元特征向量  $\mathbf{r}(\mathbf{x})$  作为输入变量, 通过调整参数  $\theta$ , 最终输出各个基模型的权重向量  $\omega_k(\mathbf{x})$ , 并依靠归一化指数函数 softmax 实现约束条件, 即

$$\omega_k(\mathbf{x}) = \frac{t_k}{\sum_{j=1}^K t_j} \quad (3)$$

式中:  $t_k = e^{f_k} = e^{(\theta_k^T \mathbf{r}(\mathbf{x}) + b_k)}$ ;  $f_k$  为隐藏层的输出;  $\theta_k$  是第  $k$  个基模型在元模型中的参数向量, 用于制定元特征影响权重分配的规则;  $b_k$  表示第  $k$  个基模型的偏置项, 用于调节权重分配的基线值.  $\theta_k$  和  $b_k$  通过交叉熵损失函数优化获得, 即

$$\mathcal{L} = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [y_i \ln P(\mathbf{x}_i) + (1 - y_i) \ln (1 - P(\mathbf{x}_i))] + \lambda \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \sum_{k=1}^K w_{ik} \ln w_{ik} \quad (4)$$

式中:  $N$  为训练集样本数;  $(\mathbf{x}_i, y_i)$  为训练集数据;  $\lambda$  决定控制熵正则化的强度. 损失函数通过损失  $\rightarrow$  预测概率  $\rightarrow$  元模型参数的反向传播路径计算梯度, 采用梯度下降法迭代更新参数, 逐渐缩小预测概率  $P(\mathbf{x}_i)$  与真实标签  $y_i$  之间的差距. 为优化动态权重分配, 损失函数结合了交叉熵损失和熵正则化项. 交叉熵损失通过基模型预测概率和动态权重计算出加权平均预测值, 用于衡量预测值与真实标签之间的差异. 熵正则化项通过计算熵权 (entropy weight), 即惩罚力度  $\lambda$ , 防止模型过度依赖某个基模型的输出, 用于惩罚权重分布过于集中的情况, 确保元模型在多个基模型之间的权重多样性. 损失函数的具体表达式如式 (4) 所示.

动态权重网络采用 Adam<sup>[22]</sup> 优化器更新网络参数, 基于元训练集最小化损失准则, 通过网格搜索确定最优初始学习率 (learning rate)  $\eta$ , 其迭代过程可表述为

$$\theta_{n+1} = \theta_n - \eta \nabla_{\theta} \mathcal{L} \quad (5)$$

通过梯度反向传播<sup>[23]</sup>, 网络动态调整各基模型的权重贡献  $\omega_k$ , 并在损失函数中计算基模型的加权预测结果。

## 2 模型训练与评估

本文收集了 1 485 例急性呼吸道传染病住院患者的临床数据, 包含年龄、呼吸频率、氧合指数、意识障碍、舒张压、起病至就诊时间、合并症数量、胸膜增厚、C 反应蛋白、白蛋白、D-二聚体、肌酸激酶同工酶、 $\gamma$ -谷氨酰转肽酶和肌酐共 14 个特征变量。按照相应的诊疗方案指南将患者划分为重症组和非重症组, 其中重症患者约占 80%, 非重症患者约 20%。

为避免基模型与元模型的超参数优化在相同数据上引发耦合过拟合, 采用分层策略, 将 z-score 标准化后的数据集划分为基训练集 (60%)、元训练集 (25%) 和测试集 (15%)。其中, 基训练集用于基模型的独立训练, 并通过 5 折交叉验证结合网格搜索法调整超参数, 寻找最优特征子集; 元训练集数据在基模型中的预测概率用于构建元特征向量, 以优化元模型的超参数; 在选择最优超参数组合后, 将基训练集和元训练集合并, 用于动态权重网络训练元模型。测试集则严格独立于元模型和基模型的建立过程, 仅用于评估该模型的泛化能力。整个模型的训练和评估过程在 PyCharm 开发环境中基于 Python 语言实现, 依赖 Scikit-learn 和 PyTorch 框架。

### 2.1 基模型训练

基模型的训练包括 3 个阶段: 模型定义与参数范围设定、基于网格搜索的超参数优化、基于特征重要性的特征筛选。首先, 在基训练集中定义 3 类基模型: LR、SVM 和 RF。这 3 类模型在相同的疾病预测应用中表现出优越的预测效果<sup>[20]</sup>。其中, LR 作为经典的线性分类模型, 具有简单高效、可解释性强的特点, 能够通过概率输出清晰反映特征与疾病风险的线性关联; SVM 基于核方法, 擅长处理高维空间中的非线性分类问题, 尤其在小样本、高维度数据场景中表现突出; RF 作为树集成模型, 通过构建多棵决策树并采用投票机制, 有效降低了过拟合风险, 对复杂数据分布具有较强的鲁棒性。其次, 为了平衡模型性能

与泛化能力, 每个基模型的超参数通过采用 5 折交叉验证结合网格搜索在训练集内部优化, 并输出基模型的特征选择。同时, 为了尽可能增强风险预测模型的分类效果, 目标函数设为  $a_{UC}$ 。

LR 模型采用 L1 或 L2 正则化, 惩罚参数  $C$  的搜索范围为  $\{0.01, 0.10, 1.00, 10.00\}$ 。如图 3 所示, 网格搜索得到, 最佳参数组合为 L1 正则化,  $C = 0.01$ 。

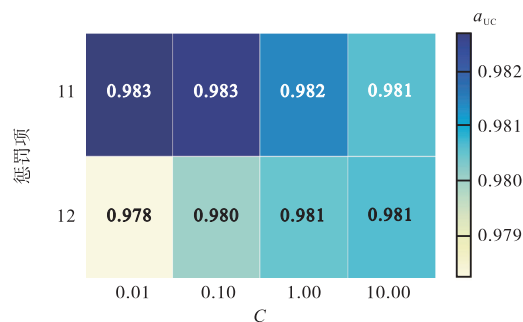


图 3 LR 基模型的超参数调优

Fig.3 Hyperparameter tuning of the LR-based model

SVM 模型的核函数采用 RBF 核<sup>[20]</sup>, 惩罚参数  $C$  的搜索范围为  $\{0.10, 1.00, 10.00, 15.00, 100.00\}$ ,  $\gamma$  搜索范围为  $\{0.001, 0.010, 0.100\}$ 。如图 4 所示, SVM 的最优超参数组合为  $C = 100.00$ ,  $\gamma = 0.001$ 。



图 4 SVM 基模型的超参数调优

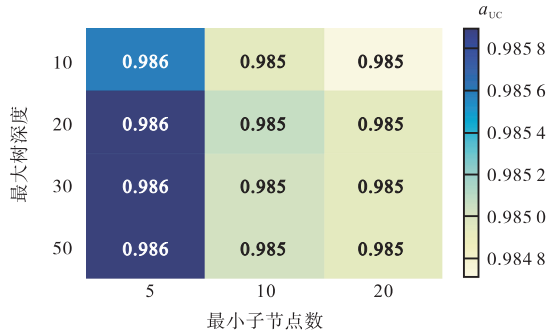
Fig.4 Hyperparameter tuning of the SVM-based model

RF 模型的超参数范围<sup>[20]</sup>如下: 构建树的数量为 200, 最大节点数  $\{50, 100, 200, 1\ 000\}$ , 最大树深度  $\{10, 20, 30, 50\}$ , 最小子节点数  $\{5, 10, 20\}$ 。如图 5 所示, 经网格搜索得到, 最优超参数组合为最大节点数为 100, 最大树深度为 30, 最小子节点数为 5。

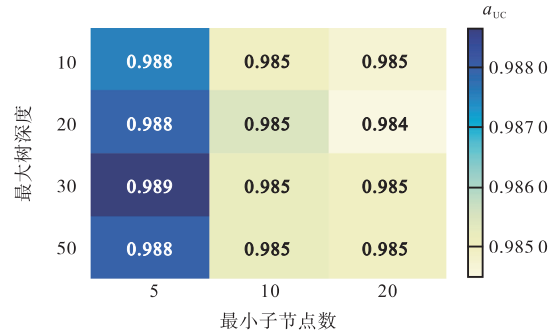
基模型的特征选择过程如图 6 所示, 以  $a_{UC}$  为目标函数。在基模型的特征选择中, LR 根据 L1 正则化的稀疏性特性自动消除冗余特征, 模型筛选得到的特征包含氧合指数一个特征; SVM 基于递归特征消除法计算特征贡献度, 选择氧合指数和肌酸激酶同工酶两个特征; RF 根据自身的特征重要性排序, 逐步剔

除特征, 最终的基模型保留氧合指数和意识障碍两个

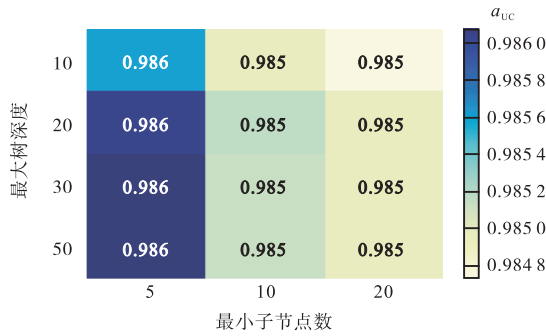
特征.



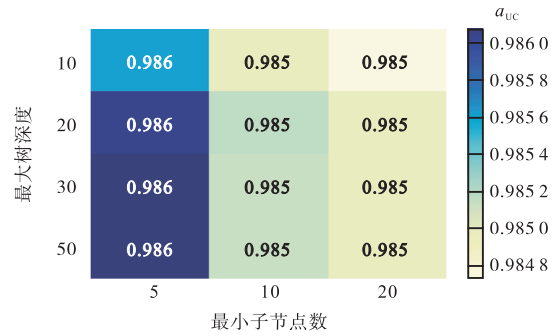
(a) 最大节点数为 50



(b) 最大节点数为 100



(c) 最大节点数为 200



(d) 最大节点数为 1000

图 5 RF 基模型的超参数调优

Fig.5 Hyperparameter tuning of the RF-based model

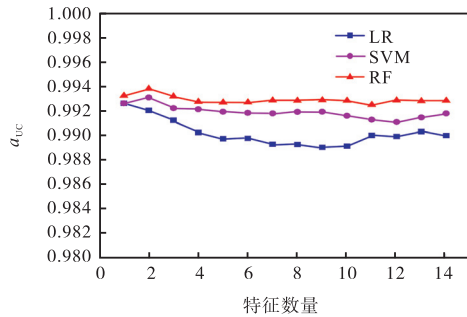


图 6 基模型的特征选择过程

Fig.6 Feature selection process for the base models

根据交叉验证调优后得到的最佳超参数组合和最优特征子集, 在基训练集中进行基模型重构, 再将基模型分别应用于基训练集和元训练集, 保存输出的预测概率, 用于后续元特征构造及元模型训练.

## 2.2 元模型训练

元模型训练过程主要包括元特征矩阵构造、损失函数循环训练、超参数调优及最终模型训练 4 个阶段. 元特征矩阵包含 3 个基模型的预测概率以及样本的关键特征. 通过分析基模型的变量选择和临床专家经验共识, 将氧合指数小于 300 (第十版诊疗方案按此标准分类为重症患者) 作为关键特征加入元特征矩阵, 即

$$r(x) = \{p_1(x), p_2(x), p_3(x), [\text{氧合指数} < 300]\}^T \quad (6)$$

其中氧合指数通过提高与其所指示的样本结局信息最接近的基模型的权重 (即当氧合指数小于 300 时, 该特征会返回 1, 反之则为 0, 提高预测概率最接近的基模型的权重), 实现对不同样本中基模型权重的动态调配.

在元模型中, 基于元训练集, 采用 5 折交叉验证结合网格搜索确定最优超参数组合, 涉及 3 个超参数: 动态权重网络中损失神经元的比例随机失活率范围  $\{0.10, 0.15, 0.20\}$ ; 损失函数中  $\lambda$  范围  $\{0.10, 0.15, 0.20\}$ ; 优化器的初始学习率  $\eta$  范围  $\{0.001, 0.010, 0.100\}$ . 超参数组合结果如图 7 所示, 当随机失活率为 0.15,  $\lambda = 0.20$ ,  $\eta = 0.010$  时, 损失函数值最小.

为了充分利用数据集, 将基训练集和元训练集合并为一个训练集, 用于训练元模型. 模型训练以初始化的动态权重网络为基础, 基于 Adam 优化器和最优初始学习率 0.010 进行训练, 采用 stepLR 策略动态调整学习率 (步长为 10, 衰减系数为 0.1). 训练循环共持续 300 个完整周期 (epoch), 每个周期包含以下 3 个阶段: 首先执行前向传播计算, 依据输入的元特征生成基模型动态权重, 利用线性加权机制融合基模

型的预测分布,得到集成预测概率输出;再通过反向传播算法对损失函数进行梯度计算,更新动态权重网

络的可训练参数;最后按步长规则衰减学习率.

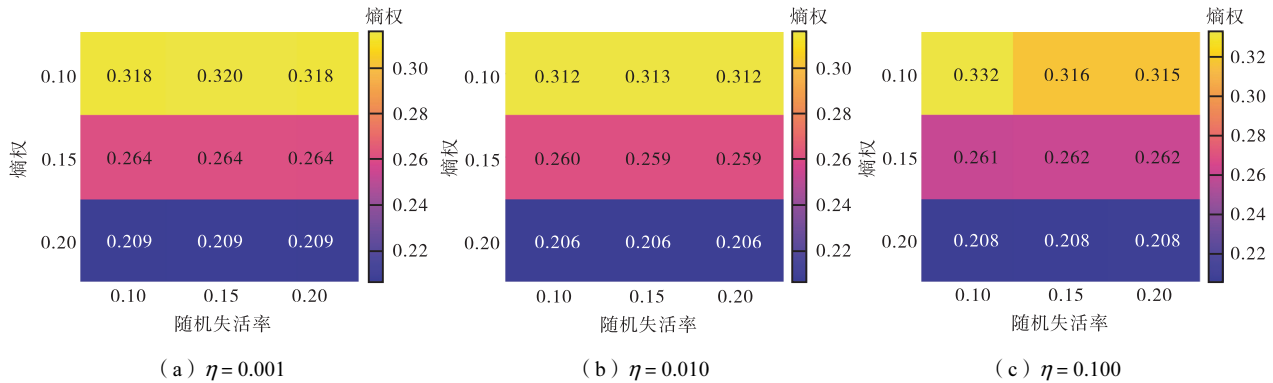


图 7 元模型超参数调优

Fig.7 Hyperparameter tuning of the meta-model

在训练集中,采用分层 5 折交叉验证评估模型训练过程,计算每个 epoch 的训练子集和验证子集的 Loss 中位数及四分位数,绘制 Loss 曲线.如图 8 所示,验证子集的损失中位值始终低于训练子集损失,且逐步进入稳定收敛阶段.训练损失在 30 个 epoch 后进入平稳区间 ( $0.2047 \pm 0.0001$ ),验证损失中位线稳定收敛至 0.2044.训练过程中验证损失的分位带全程位于训练损失分位带下方,且各折之间的 Loss 值波动较小(分位带极差小于 0.0005),证明模型在各数据划分下均未出现过拟合倾向,对数据分布变化具有鲁棒性.

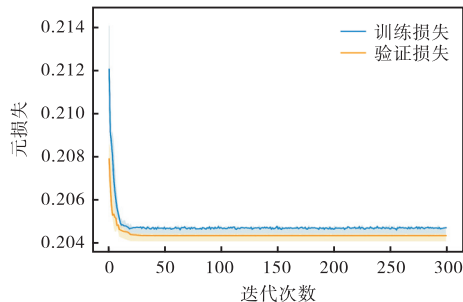


图 8 训练集与测试集的 Loss 曲线

Fig.8 Loss curves for the training and test sets

为了进一步理解动态权重的内部变化机制,分别取训练集中的某一重症和非重症单样本进行可视化分析.图 9 显示重症组中某一单样本的权重变化,与 loss 曲线波动基本一致,在 30 个 epoch 后进入平稳区间.其中,RF 的权重最高,权重稳定在  $0.39 \pm 0.02$ ,SVM 的权重稳定在  $0.35 \pm 0.01$ ,LR 的权重稳定在  $0.26 \pm 0.01$ .图 10 显示非重症组中某一单样本的权重变化,3 种算法的权重分布较为平均,SVM 的权重稳定在  $0.35 \pm 0.01$ ,RF 权重占  $0.34 \pm 0.01$ ,LR 的权重在  $0.31 \pm 0.01$ .

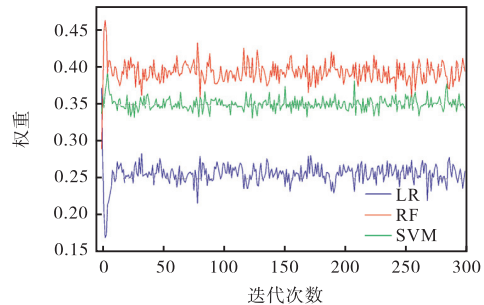


图 9 训练集中重症组某样本权重变化

Fig.9 Weight changes for a sample in the severe group of the training set

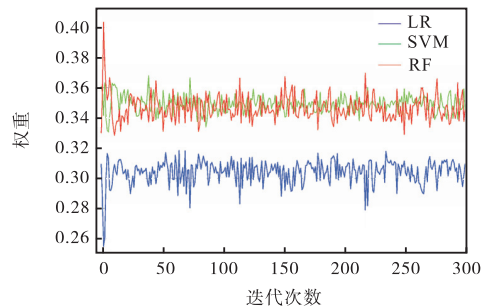


图 10 训练集中非重症组某样本权重变化

Fig.10 Weight changes for a sample in the nonsevere group of the training set

### 2.3 元模型评估

采用  $a_{UC}$ 、敏感度、特异度、 $F_1$  分数等指标结合混淆矩阵来评估元模型的性能.如表 1 所示,元模型在训练集和测试集上的评估结果均表现出色.训练集的准确率为 99.05%, $F_1$  分数为 0.994, $a_{UC}$  值为 0.998;测试集的准确率为 99.55%, $F_1$  分数为 0.997, $a_{UC}$  值为 0.998,结果表明模型在两种数据集上表现稳定.训练集和测试集的混淆矩阵如图 11 所示,模型能够准确识别正负样本,敏感度在 0.990 左右,特

异度接近 1. 本文采用训练集分层训练的策略, 通过分离基模型与元模型的训练数据空间, 避免了在训练集上引发的过拟合现象. 进一步, 在元模型训练过程中, 本文引入的随机失活正则化通过随机关闭 15% (随机失活率为 0.15) 的神经元连接, 有效抑制了模型对训练集的过拟合. 同时, 在损失函数中加入熵正则化项 ( $\lambda = 0.2$ ), 使得基模型权重分布更均衡, 避免了单一模型的过拟合, 提升了模型在未知样本上的泛化能力, 预测结果表现为测试集略优于训练集, 表明了模型的良好泛化能力. 模型的高准确率和  $F_1$  分数也说明, 在预测大部分样本时, 模型的精确性和召回率之间表现出优秀的平衡状态, 尤其适用于对错误分类高度敏感的任务. 总体而言, 模型具有较高的预测准确性和区分性能, 且避免了过拟合, 能够在实际应用中稳定有效地进行预测.

表 1 元模型评估结果

Tab.1 Evaluation results of the meta-model

| 评估指标 | 准确率/% | 敏感度   | 特异度   | $F_1$ | $a_{UC}$ |
|------|-------|-------|-------|-------|----------|
| 训练集  | 99.05 | 0.988 | 0.999 | 0.994 | 0.998    |
| 测试集  | 99.55 | 0.994 | 0.999 | 0.997 | 0.998    |

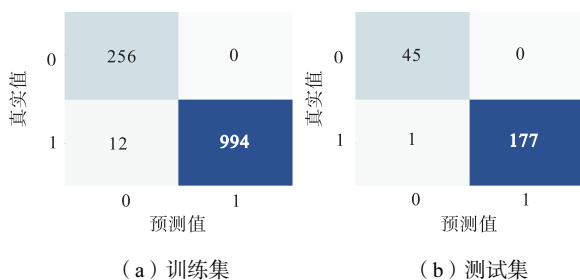


图 11 元模型的混淆矩阵

Fig.11 Confusion matrix of the meta-model

基于独立于模型之外的测试集, 对比元模型的预测性能和独立训练的基模型的预测性能, 如图 12 和表 2 所示, 元模型的预测准确率、 $a_{UC}$ 、 $F_1$  分数等关键指标均优于单一基模型, 尤其特异度指标高于基模型, 增强了模型识别非重症患者的能力. 表 2 也展示了基于 Bagging、Boosting、Stacking 3 种传统集成方法的预测结果, 相较于单一基模型, 传统集成预测模型通过固定权重投票或层级学习等集成策略提高了准确率、敏感度、特异度等指标, 进而提升了预测性能. 可以发现, 本文构建的元模型在关键指标上仍然高于 Bagging、Boosting、Stacking 传统集成预测模型. 综上所述, 元模型的集成策略通过动态权重机制自适应调节各基模型的贡献度, 有效整合了多个基模型的优势, 实现了比其他集成预测模型更优的预测性能.

为了进一步理解元模型在测试集上的动态权重调节机制, 图 13 展示了独立测试集中各样本的权重

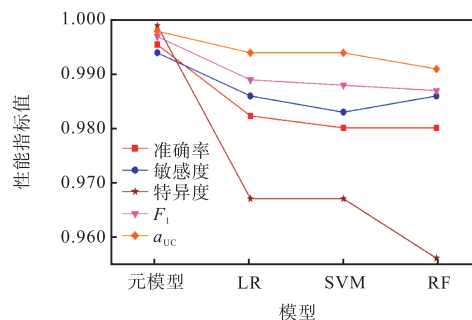


图 12 元模型与基模型预测性能对比

Fig.12 Comparison of the prediction performances between the meta-model and base models

表 2 元模型与基模型及其他集成预测模型结果比较

Tab.2 Comparison of the meta-model results with those of the base models and other integrated prediction models

| 模型       | 准确率/% | 敏感度   | 特异度   | $F_1$ | $a_{UC}$ |
|----------|-------|-------|-------|-------|----------|
| 元模型      | 99.55 | 0.994 | 0.999 | 0.997 | 0.998    |
| LR       | 98.23 | 0.986 | 0.967 | 0.989 | 0.994    |
| SVM      | 98.01 | 0.983 | 0.967 | 0.988 | 0.994    |
| RF       | 98.01 | 0.986 | 0.956 | 0.987 | 0.991    |
| Bagging  | 99.33 | 0.991 | 0.999 | 0.996 | 0.996    |
| Boosting | 99.10 | 0.988 | 0.999 | 0.994 | 0.993    |
| Stacking | 98.21 | 0.994 | 0.933 | 0.989 | 0.998    |

分配情况. 图 13 显示, 不同样本中各基模型的权重比例存在显著差异, RF 与 LR 模型的波动幅度较大. 具体而言, RF 模型在大多数样本中的占比相对较高 (0.34 ~ 0.55), SVM 模型的权重在测试样本中表现出较弱波动 (0.31 ~ 0.38), 而 LR 模型的占比则普遍较低 (0.13 ~ 0.31). 权重的动态变化表明, 元模型能够根据样本特性灵活调整各基模型的贡献, 从而在处理多样化数据或复杂的预测任务中自动优化决策, 实现更为精细和高效的预测, 增强个性化预测能力.

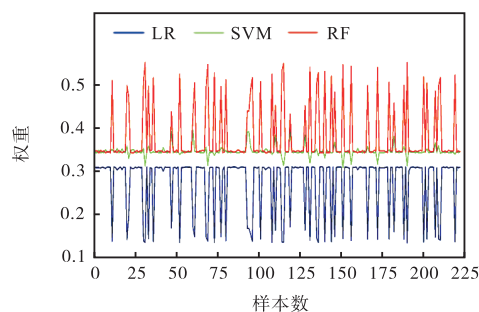


图 13 测试集样本的权重分布

Fig.13 Weight distribution of the test set samples

图 9、图 10 和图 13 从不同视角展示了模型如何通过输入个性化特征, 动态分配基模型权重, 以凸显最适合的预测模型. 在训练阶段, 模型捕捉关键特征与基模型优势的内在关联; 在测试阶段, 模型根据关

键特征自适应地调整权重,确保从特定数据中学习并有效泛化到未知数据上,实现预测效果的个性化自适应。

### 3 关键特征的影响分析

利用雅可比矩阵来分析关键特征即氧合指数对动态权重分配的影响,通过计算样本基模型权重相对于关键特征的导数,分析特征变化对基模型权重变化的敏感程度。雅可比矩阵<sup>[24]</sup>是用来描述向量值函数在某一点的局部线性化的工具,由函数对各个输入变量的偏导数组成。对于一个具有多个输入和输出的向量值函数,它的每个元素表示该函数某一输出分量对某一输入分量的偏导数。雅可比矩阵  $J$  的表达式为

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial \omega_1}{\partial x_1} & \dots & \frac{\partial \omega_1}{\partial x_d} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial \omega_N}{\partial x_1} & \dots & \frac{\partial \omega_N}{\partial x_d} \end{bmatrix} \quad (7)$$

式中  $\frac{\partial \omega_k}{\partial x_i}$  表示当输入特征  $x_i$  发生单位变化时,基模型  $k$  的分配权重  $\omega_k$  的瞬时变化率。当变化率为正时,特征增强有利于该基模型参与决策;当变化率为负时,特征增强将减弱基模型的权重。根据此变化率的绝对值大小,可以分析关键特征对基模型权重的影响程度。

为了更直接地理解元模型的学习机制,在训练的每一折中,输出训练样本的雅可比矩阵,并计算所有折的均值以解释关键特征对基模型权重分配的整体影响。模型输出的平均雅可比矩阵为

$$\text{avg} \left[ \frac{\partial \omega_1}{\partial x_1}, \frac{\partial \omega_2}{\partial x_1}, \frac{\partial \omega_3}{\partial x_1} \right] = [0.038, 0.017, -0.055] \quad (8)$$

式中:  $\omega_1$ 、 $\omega_2$ 、 $\omega_3$  分别表示 LR、SVM、RF 的权重;  $x_1$  表示关键特征氧合指数小于 300 返回的值(“0”或“1”)。雅可比矩阵中,0.038 和 0.017 均为正值,−0.055 为负值,表示氧合指数降低,返回的值增加时,LR 和 SVM 基模型的权重会升高,而 RF 基模型的权重会下降。根据绝对值大小 ( $|−0.055| > |0.038| > |0.017|$ ) 分析权重的调节幅度,氧合指数特征对于 RF 模型权重的影响最为显著,其次是 LR,而对于 SVM 的权重调配影响最小,反映出该特征在不同基模型中的权重调节作用。

为了验证模型响应的一致性,进一步在测试集上

重复该敏感度分析。测试集输出的雅可比矩阵为  $[0.041, 0.016, -0.044]$ ,无论是从正负值还是绝对值大小分析,都与训练集的权重调配机制一致。为了更直观地理解各基模型的预测优势,图 14 分析了不同氧合指数范围内的基模型权重分布。该图显示,氧合指数在 100~300 之间时,3 个基模型的权重分布稳定且平均,各模型的优势处于平衡状态;在超过 300 后,LR 模型的权重有大幅下降,而 RF 模型的权重大幅提升,说明在该范围内,RF 模型正确预测样本风险的能力较强。整个范围内,SVM 模型的权重表现稳定,该基模型权重受氧合指数调整的影响不大,此结果也与图 13 反映的微弱波动表现一致。

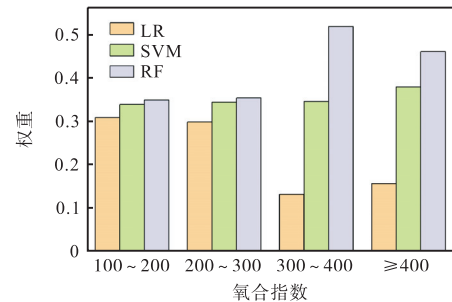


图 14 不同氧合指数范围的基模型权重分布

Fig.14 Weight distribution of the base models in different oxygenation index ranges

为了进一步提升模型动态权重分配的可解释性,图 15 清晰地展示了模型如何根据氧合指数来动态调整基模型权重分布的过程。从该散点图中可以观察到 LR、SVM、RF 3 个基模型在不同氧合指数下的权重变化。对于 LR 基模型,在氧合指数小于 300 时,权重稳定在 0.300 左右;氧合指数大于 300 时,LR 的权重降低,分散在 0.150 左右。SVM 模型在氧合指数小于 300 时,权重相对稳定在 0.343 左右,高于 300 时,其权重随氧合指数增加而增加,增长幅度较小且逐渐趋于稳定。RF 模型在氧合指数小于 300 时,权重稳定在 0.350 左右,当氧合指数大于 300 时,RF 权重先增长至较高值,幅度较大且集中于 0.510 左右,再随氧合指数的增加而减少。

综上所述,关键特征氧合指数对 RF 模型的权重调节作用最显著,其次是 LR,对于 SVM 的影响最小。在氧合指数小于 300 的范围内,3 个基模型的权重分布稳定且处于平衡状态。在氧合指数大于 300 的患者风险预测中,模型会自动增强 RF 和 SVM 的决策权重,降低 LR 的影响,实现风险预测的自适应调整。

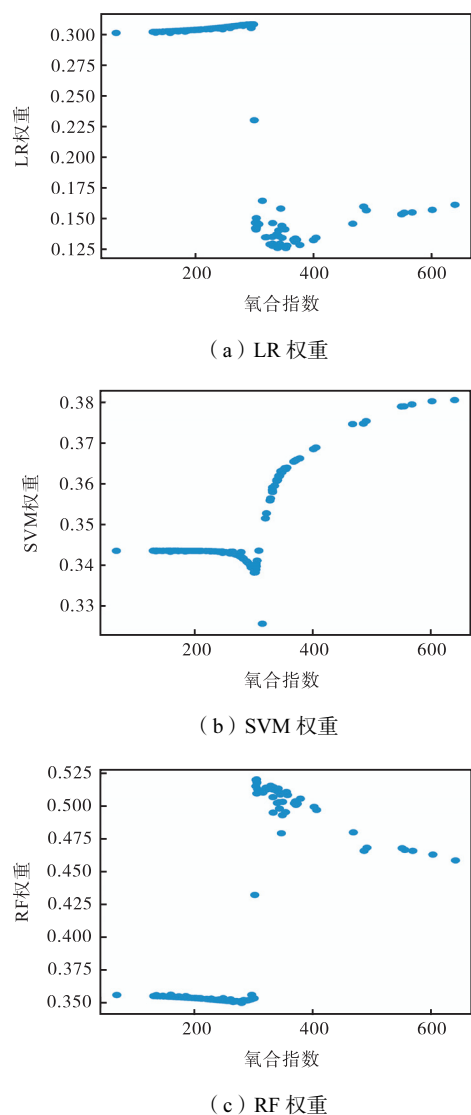


图 15 各基模型权重分布随关键特征的变化过程

Fig.15 Variation process of the weight distribution of each base model with critical features

## 4 结 语

本文基于元学习和动态权重网络,集成逻辑回归、支持向量机、随机森林 3 种机器学习算法,针对关键特征动态调整各种基模型的权重,构建了可自适应调整基模型权重的集成预测模型. 进一步,针对急性呼吸道传染病的重症风险预测,采用构建的自适应集成模型给予验证,基于 1 485 例患者的临床数据验证结果表明,该模型的  $a_{UC}$  值 (0.998)、准确率 (99.55%)、敏感度 (0.994) 和特异度 (0.999)、 $F_1$  分数 (0.997) 等关键指标均优于单一基模型,表现出优秀的预测性能. 特别是,在非重症患者的识别判断 (特异度 0.999) 中表现突出,较基模型提高 3%. 此外,雅可比矩阵对关键特征的影响分析结果表明,当关键特征的范围发生变化时,模型能够自动调整基模型权重

分布,凸显更适合当前特征值的基模型贡献,弥补了传统集成模型静态权重的不足,实现了预测策略的个性化调整和集成模型的自适应调节.

鉴于本文构建模型的疾病预测应用基于单一的临床数据集,后续将采用多个类似的数据集进行内部验证和外部验证,以系统评估模型的稳健性与泛化能力. 同时,也计划量化分析本文集成框架与现有 SOTA 方法的性能,进一步验证所提方法的有效性. 本文提出的模型框架不仅适用于疾病风险预测领域,未来可应用于能源、制造、环境等多领域构建通用化的动态预测平台,不仅能有效整合多源异构数据的潜在价值,更能通过系统参数变化来智能校准模型的决策权重,为复杂系统的个性化决策提供了更智能化的新路径.

## 致谢:

感谢天津大学医学院提供的病例数据,以及在数据选取与分析过程中的专业指导与支持.

## 参考文献:

- [1] Nwanosike E M, Conway B R, Merchant H A, et al. Potential applications and performance of machine learning techniques and algorithms in clinical practice: A systematic review[J]. International Journal of Medical Informatics, 2022 (3): 159.
- [2] Bautista D, Arana E, Martí-Bonmati L, et al. Validation of logistic regression models in small samples: Application to calvarial lesions diagnosis[J]. Journal of Clinical Epidemiology, 1999, 52 (3): 237-241.
- [3] Hadzikadic M, Hakenwerth A, Bohren B, et al. Concept formation vs logistic regression: Predicting death in trauma patients[J]. Artificial Intelligence in Medicine, 1996, 8 (5): 493-504.
- [4] Campos-Filho N, Franco E L F. Microcomputer-assisted multivariate survival data analysis using Cox's proportional hazards regression model[J]. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 1990, 31 (2): 81-87.
- [5] Schelling M, Braun M, Kuhn W, et al. Combined transvaginal B-mode and color doppler sonography for differential diagnosis of ovarian tumors: Results of a multivariate logistic regression analysis[J]. Gynecologic Oncology, 2000, 77 (1): 78-86.
- [6] Ohno-Machado L. A comparison of Cox proportional hazards and artificial neural network models for medical prognosis[J]. Computers in Biology and Medicine, 1997, 27 (1): 55-65.

- [7] Bramer M. Avoiding Overfitting of Decision Trees[M]. London: Springer London, 2013.
- [8] Lim W S, van der Eerden M M, Laing R, et al. Defining community acquired pneumonia severity on presentation to hospital: An international derivation and validation study[J]. Thorax, 2003, 58(5): 377-382.
- [9] Kannel W B, McGee D, Gordon T. A general cardiovascular risk profile: The Framingham study[J]. American Journal of Cardiology, 1976, 38(1): 46-51.
- [10] Lebedev A V, Westman E, van Westen G J P, et al. Random forest integrations for detection and prediction of Alzheimer's disease with a good between-cohort robustness[J]. NeuroImage: Clinical, 2014, 6: 115-125.
- [11] Nilsson J, Ohlsson M, Thulin L, et al. Risk factor identification and mortality prediction in cardiac surgery using artificial neural networks[J]. The Journal of Thoracic and Cardiovascular Surgery, 2006, 132(1): 12-19.
- [12] Majid A, Ali S, Iqbal M, et al. Prediction of human breast and colon cancers from imbalanced data using nearest neighbor and support vector machines[J]. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2014, 113(3): 792-808.
- [13] Weng S F, Jenna R, Joe K, et al. Can machine-learning improve cardiovascular risk prediction using routine clinical data?[J]. PLOS One, 2017, 12(4): e0174944.
- [14] Gulshan V, Peng L, Coram M, et al. Development and validation of a deep learning algorithm for detection of diabetic retinopathy in retinal fundus photographs[J]. JAMA, 2016, 316(22): 2402-2410.
- [15] Cui S Z, Wang D J, Wang Y Z, et al. An improved support vector machine-based diabetic readmission prediction [J]. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2018, 166: 123-135.
- [16] Pu C, Yu H, Roche C, et al. Random forests: A novel approach in lung cancer risk prediction modeling through machine learning[J]. Chest, 2019, 156(4): A1728.
- [17] Macaulay B O, Aribisala B S, Akande S A, et al. Breast cancer risk prediction in African women using random forest classifier[J]. Cancer Treatment and Research Communications, 2021, 28: 100396.
- [18] Premeaux T A, Bowler S, Friday C M, 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.
- [19] Guo C H, Liu M C, Lu M L. A dynamic ensemble learning algorithm based on *K*-means for ICU mortality prediction[J]. Applied Soft Computing, 2021, 103: 107166.
- [20] Zhang H S, Wang Y, Xie Y, et al. Prediction models based on machine learning algorithms for COVID-19 severity risk[J]. BMC Public Health, 2025, 25(1): 1748.
- [21] Finn C, Abbeel P, Levine S. Model-agnostic meta-learning for fast adaptation of deep networks[EB/OL]. <https://arxiv.org/abs/1703.03400>, 2017-07-18.
- [22] Kingma D P, Ba J L. Adam: A method for stochastic optimization[C]//International Conference on Learning Representations(ICLR). San Diego, USA, 2015: 6628106.
- [23] Rumelhart D E, Hinton G E, Williams R J. Learning representations by back propagating errors[J]. Nature, 1986, 323(6088): 533-536.
- [24] Resendis-Antonio O. Jacobian matrix[J]. Encyclopedia of Systems Biology, 2013, 46(10): 1061-1062.

(责任编辑: 王晓燕)