

Количественная оценка парадокса импутации и несогласованности XAI в многоисточниковом прогнозировании диабета: ансамбль стекинга без утечки на 353 680 записях с архитектурой динамической маршрутизации

Источник: Frontiers in AI — Medicine

Оригинал: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/frai.2026.1898153>

XAI

ансамбли

диабет

диагностика

интерпретируемость

машинное обучение

прогностическое моделирование

скрининг

Диабет поражает 537 миллионов взрослых во всём мире, и по прогнозам, к 2045 году эта цифра достигнет 783 миллионов. Несмотря на наличие более 4200 исследований по прогнозированию с использованием машинного обучения (МО), клиническое внедрение остаётся затруднённым из-за чрезмерной зависимости от эталонных наборов данных, неизмеренных информационных затрат на слияние данных из множества источников и непроверенных предположений о конвергенции объяснимого искусственного интеллекта (XAI).

Мы решаем эти проблемы, оценивая 353 680 записей (из 455 446 кандидатов) в рамках набора клинических биомаркеров (Clinical-Biomarker Set, CBS) и набора данных опроса об образе жизни (Lifestyle-Survey Set, LSS) с использованием строгого протокола без утечки данных. Согласно этому протоколу, нормализация, импутация и синтетическая генерация SMOTE (Synthetic Minority Over-sampling Technique) выполнялись исключительно на обучающих данных.

Мы формально определяем парадокс импутации как потерю AUC (площадь под кривой), возникающую при медианной импутации критических диагностических биомаркеров в условиях структурной пропущенности типа MNAR (Missing Not At Random).

Ансамбль стекинга, настроенный с помощью Optuna (Random Forest, XGBoost, LightGBM), достигает AUC-ROC 0,8481 на отложенном тестовом наборе из 70 736 образцов. Хотя простой базовый уровень усреднения незначительно превзошёл стекинг по чистой дискриминации (AUC 0,8521), стекинг был сохранён благодаря его превосходной точности (0,3439) и интерпретируемым весам доверия мета-обучателя, что дало AUC при кросс-валидации $0,8491 \pm 0,0014$ и статистически значимое улучшение по критерию Вилкоксона по сравнению с базовыми уровнями ($p < 0,001$, $n = 1000$ репликаций).

Подмодель CBS, обученная на полных данных HbA1c (гликированный гемоглобин) и глюкозы, достигает AUC 0,9781. Полученный разрыв в 0,130 единицы количественно определяет эти информационные затраты, вызванные слиянием данных.

Для восстановления этих потерь наш сквозной конвейер динамической маршрутизации направляет 28,1% пациентов в подмодель CBS и 71,9% — в ансамбль стекинга, достигая смешанного AUC 0,8496. При пороговом значении 0,30 для массового скрининга модель выявляет примерно 16 600 дополнительных пациентов с диабетом на каждый миллион обследованных, при этом анализ кривой решений подтверждает чистую выгоду в диапазоне пороговых значений 5–30%.

Анализ конфликтов XAI даёт корреляции Спирмена $r = -0,4561$ (SHAP/перестановка, $p = 0,141$), $r = +0,2417$ (SHAP/LIME, $p = 0,737$) и $r = +0,1494$ (перестановка/LIME, $p = 0,350$). Хотя результаты не являются статистически значимыми при $n = 12$ признаках (критическое $r = \pm 0,576$, $\alpha = 0,05$), это предоставляет предварительные направленные доказательства того, что данные методы фиксируют структурно различные аспекты релевантности признаков.

Перевод выполнен: 07.08.2026 | ai4med.ru

Машинный перевод. Рекомендуем сверять с оригиналом при клиническом использовании.