

Консенсусно-взвешенная многоагентная ансамблевая модель отбора признаков для предсказания чувствительности к антибиотикам при респираторных заболеваниях у детей

Источник: Frontiers in AI — Medicine

Оригинал: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/frai.2026.1922227>

SNAP

ансамблевое обучение

антимикробная резистентность

диагностика

интерпретируемость ИИ

клиническая поддержка решений

отбор признаков

педиатрия

Введение

Прогнозирование чувствительности к антибиотикам имеет важное значение из-за рисков неэффективности антибиотикотерапии и развития антимикробной резистентности при лечении респираторных заболеваний у детей. Модели машинного обучения способны выявлять сложные взаимосвязи между клиническими и микробиологическими данными; однако их эффективность сильно зависит от интерпретируемости, стабильности и методологической надежности. Рамки отбора признаков на основе консенсуса с учетом избыточности предоставляют надежный способ повышения предсказательной производительности и клинической применимости.

Методы

Были проведены предварительная обработка, балансировка данных, разделение выборки с контролем утечки данных интегрированных педиатрических клинических данных и данных назософарингеального

антибиотикограммы, а также бинарное прогнозирование чувствительности к антибиотикам. Для создания модели использовался консенсусный скоринг, сила голоса и штраф за избыточность при объединении шести агентов отбора признаков: важность признаков в случайном лесу (Random Forest importance), важность признаков в градиентном бустинге (Gradient Boosting importance), F-критерий ANOVA, взаимная информация (Mutual Information), обратное исключение признаков с использованием случайного леса (RFE-Random Forest) и обратное исключение признаков с использованием градиентного бустинга (RFE-Gradient Boosting). Были протестированы двенадцать классификаторов, и три лучших классификатора были отобраны с использованием генетического алгоритма для построения ансамбля с мягким голосованием (soft-voting). Для валидации производительности модели применялись стандартные метрики, кросс-валидация, статистические тесты и объяснимость на основе SHAP.

Результаты

При прогнозировании чувствительности к антибиотикам алгоритм LightGBM показал наивысшую точность (accuracy) 0,8718, наивысший F1-меру 0,8726 и наивысшую площадь под ROC-кривой (ROC-AUC) 0,9498. Оптимальные модели для построения ансамбля с мягким голосованием были определены с помощью генетического алгоритма: решающее дерево (Decision Tree), XGBoost и LightGBM. Ансамблевая модель достигла точности 0,8799, чувствительности (recall) 0,8907, специфичности (specificity) 0,8692, F1-меры 0,8811 и ROC-AUC 0,9490.

Обсуждение

Предложенный метод отбора признаков на основе консенсуса с использованием нескольких агентов успешно выбрал компактное, не избыточное и клинически интерпретируемое подмножество предикторов для прогнозирования чувствительности к антибиотикам у педиатрических пациентов. В анализе SHAP основными факторами оказались идентификатор антибиотика и вид бактериального организма, при этом значительную роль также играли клинические, воспалительные, средовые и факторы, связанные с пребыванием в стационаре. Предложенная рамка представляет собой значимый и статистически обоснованный инструмент машинного обучения для исследований в области поддержки принятия решений при назначении антимикробных препаратов в педиатрии.

Перевод выполнен: 29.09.2026 | ai4med.ru

Машинный перевод. Рекомендуем сверять с оригиналом при клиническом использовании.