

# 脓毒性休克早期预测模型的构建策略与精准风险分层：从炎症表型到人工智能整合的研究进展

刘禹含 崔青松<sup>(通讯作者)</sup>

(延边大学附属医院 吉林延边 133000)

**【摘要】**脓毒性休克是脓毒症进展的危重阶段，具有起病急、进展快、病死率高的临床特点，早期精准识别高危人群、实施分层干预是改善患者预后、降低病死率的关键。传统预测手段多依赖单一临床评分、生化标志物，存在特异性不足、动态监测滞后、难以适配患者异质性等缺陷，无法满足临床精准预警需求。近年来，随着对脓毒性休克炎症-免疫紊乱机制的深入解析，基于炎症表型的个体化分型逐步完善，同时人工智能技术与多维度临床数据深度融合，推动早期预测模型从单一指标驱动向多模态整合、从静态评估向动态预警转型。本文系统梳理脓毒性休克早期预测的核心构建策略，剖析炎症表型分型对风险分层的指导价值，综述人工智能模型在数据整合、算法优化、效能验证中的研究进展，总结当前预测模型的应用局限与优化方向，为构建兼具精准性、实用性、可解释性的脓毒性休克早期预警体系提供理论参考，助力临床实现个体化精准救治。

**【关键词】**脓毒性休克；早期预测；炎症表型；人工智能；风险分层；精准医疗

Strategies for Constructing Early Prediction Models of Septic Shock and Precision Risk Stratification: Research Advances from Inflammatory Phenotype to Artificial Intelligence Integration

Liu Yuhan Cui Qingsong<sup>(Corresponding Authors)</sup>

(Yanbian University Affiliated Hospital, Yanbian, Jilin 133000)

[Abstract] Septic shock represents a critical stage in the progression of sepsis, characterized by acute onset, rapid deterioration, and high mortality rates. Early accurate identification of high-risk populations and implementation of stratified interventions are pivotal for improving patient outcomes and reducing mortality. Traditional prediction methods predominantly rely on single clinical scores and biochemical markers, which exhibit limitations such as insufficient specificity, delayed dynamic monitoring, and poor adaptation to patient heterogeneity, failing to meet the demands of clinical precision early warning. In recent years, with deeper insights into the inflammatory-immune dysregulation mechanisms underlying septic shock, individualized classification based on inflammatory phenotypes has been progressively refined. Concurrently, the deep integration of artificial intelligence technologies with multidimensional clinical data has driven the evolution of early prediction models from single-indicator-driven approaches to multimodal integration and from static assessments to dynamic early warnings. This study systematically reviews core strategies for constructing early prediction models of septic shock, analyzes the guiding value of inflammatory phenotype classification in risk stratification, summarizes research advancements in data integration, algorithm optimization, and model validation for artificial intelligence systems, and identifies current limitations and optimization directions in predictive models. The findings provide theoretical references for establishing an early warning system for septic shock that combines precision, practicality, and interpretability, facilitating personalized precision treatment in clinical practice.

[Key words] septic shock; early prediction; inflammatory phenotype; artificial intelligence; risk stratification; precision medicine

## 引言

脓毒性休克是机体对感染产生失控性炎症反应，引发循环衰竭与细胞代谢紊乱的危重病症，全球每年发病人数超千万，院内病死率高达30%~50%，即便给予规范抗感染、液体复苏及器官支持治疗，晚期干预的预后仍极差。脓毒性休克的病理生理进程具有高度异质性，患者炎症反应强度、免疫功能状态、器官损伤程度存在显著个体差异，单一诊疗模式难以适配所有患者，而早期精准识别高危患者、实施分层干预，是打破“延迟救治、预后不良”困境的核心举措。

早期预测模型的构建是实现脓毒性休克精准风险分层的核心载体，其发展历程与临床认知、技术革新深度绑定。早期预测多依托 qSOFA、SOFA、APACHE II 等临床评分，

联合乳酸、降钙素原 (PCT)、C 反应蛋白 (CRP) 等生化标志物，虽具备便捷易行的优势，但仅能反映疾病局部特征，无法捕捉炎症-免疫网络的动态变化，预测灵敏度与特异度有限。随着精准医疗理念的渗透，学界逐渐意识到脓毒性休克并非单一疾病实体，而是由不同炎症表型构成的综合征，基于炎症表型的分型策略为风险分层提供了新的生物学依据。与此同时，大数据、机器学习、深度学习等人工智能技术的崛起，打破了传统模型的变量维度与计算能力瓶颈，可整合临床体征、实验室指标、影像数据、炎症标志物等多模态信息，挖掘隐性关联，实现动态、精准的早期预警。本文聚焦脓毒性休克早期预测模型的构建逻辑与实践进展，从炎症表型解析到人工智能整合，全面阐述风险分层的优化路径，为临床实践与科研探索提供参考。

## 1 脓毒性休克传统早期预测手段的应用与局限

### 1.1 临床评分系统的预测价值

临床评分系统是脓毒性休克早期筛查与风险评估的基础工具,通过整合多项生理、生化指标实现病情量化评估,具备操作简便、可及性高的特点,是基层医疗机构与急诊快速筛查的核心手段。其中,qSOFA评分仅包含意识改变、呼吸频率 $\geq 22$ 次/分、收缩压 $\leq 100$ mmHg三项指标,无需复杂设备,可快速识别疑似脓毒性休克患者,但其预测效能偏低,曲线下面积(AUC)多低于0.7,仅适用于初步筛查,无法精准区分高危与低危人群<sup>[1]</sup>。SOFA评分聚焦器官功能损伤,涵盖呼吸、循环、神经等六大系统,能动态反映器官衰竭进程,在脓毒症3.0诊断标准中占据核心地位,对脓毒性休克的预后预测价值优于qSOFA,AUC可达0.75~0.85,但评分涉及指标较多,急诊场景下时效性不足。APACHE II评分整合急性生理指标与慢性健康状况,对重症患者死亡风险的预测精度较高,但其计算繁琐、依赖完整ICU数据,难以实现床旁快速预警。

此类评分系统的核心局限在于\*\*静态评估、特异性不足\*\*,仅能反映疾病某一时间节点的生理状态,无法捕捉炎症反应的动态演变,且未纳入患者个体差异、感染类型等关键因素,对隐匿性进展的脓毒性休克预测极易出现漏诊。

### 1.2 生化标志物的预测效能

生化标志物是反映脓毒性休克病理生理状态的客观指标,可弥补临床评分的主观性缺陷,核心标志物包括乳酸、PCT、CRP及新型炎症因子等。乳酸是组织灌注不足的核心标志物,血乳酸水平 $\geq 2$ mmol/L、乳酸清除率降低,均提示脓毒性休克发生风险升高,动态监测乳酸变化可评估病情进展与救治效果,但其特异性较低,休克、缺氧、肝功能损伤等多种因素均可导致乳酸升高。PCT对细菌感染的特异性优于CRP,感染后6~12h快速升高,水平与炎症反应强度正相关,可辅助鉴别感染性与非感染性休克,但其在病毒感染、自身免疫性疾病中也可轻度升高,单独应用预测价值有限。

近年来,sCD73、肝结合蛋白(HBP)、中性粒细胞膜脂酶相关脂质运载蛋白(NGAL)等新型标志物逐步进入临床研究,部分标志物联合检测的AUC可达0.85以上,但多数仍处于科研阶段,检测成本高、缺乏统一参考阈值,难以大规模普及<sup>[2]</sup>。整体而言,单一生化标志物无法全面刻画脓毒性休克的复杂病理进程,多指标联合虽能提升预测效能,但缺乏标准化整合方案,临床应用受限。

## 2 基于炎症表型的脓毒性休克精准风险分层

### 2.1 脓毒性休克炎症表型分型核心依据

脓毒性休克的本质是感染触发的炎症-免疫网络失衡,不同患者的炎症反应模式、免疫功能状态存在显著差异,这也是传统预测模型精准度不足的核心原因。基于炎症表型的分型策略,以患者炎症因子谱、免疫细胞功能、凝血功能等生物学特征为依据,将脓毒性休克划分为不同亚型,实现“同病异治”的精准分层,为早期预测模型提供了生物学内核。

目前学界公认的分型方式主要分为两类:一是基于炎症反应强度的分型,分为高炎症反应型(暴发型)与低炎症反应型(迟缓型),高炎症反应型患者IL-6、TNF- $\alpha$ 等促炎因子爆发性升高,病情进展迅猛,数小时内即可发展为休克,病死率极高;低炎症反应型患者炎症因子水平轻度升高,病情进展缓慢,预后相对较好。二是基于免疫状态的分型,分为免疫亢进型、免疫麻痹型与免疫平衡型,免疫麻痹型患者淋巴细胞计数降低、抗原呈递功能受损,继发感染风险高,休克持续时间长,是高危亚型。此外,结合凝血功能、代谢状态的多维度分型也逐步兴起,进一步细化风险分层标准,为预测模型的变量筛选提供精准靶向。

### 2.2 炎症表型对早期预测模型的指导价值

炎症表型分型打破了传统预测模型“一刀切”的局限,实现了预测变量的个体化筛选,大幅提升模型的精准性与针对性。一方面,基于表型分型可明确核心预测标志物,高炎症反应型以IL-6、PCT、乳酸为核心预测指标,免疫麻痹型以淋巴细胞计数、sCD73为核心指标,避免无关变量干扰,简化模型结构;另一方面,表型分型可优化风险分层阈值,针对不同亚型制定差异化预警cutoff值,减少漏诊与误诊。

多项临床研究证实,结合炎症表型的预测模型,其AUC较传统模型提升0.05~0.12,对高危患者的识别灵敏度可达85%以上。例如,针对高炎症反应型脓毒性休克患者,以IL-6 $> 100$ pg/mL、乳酸 $> 3$ mmol/L、qSOFA $\geq 2$ 分为联合预警阈值,可提前6~12h识别休克发生风险,为临床干预预留充足时间。同时,炎症表型可指导预测模型的动态更新,根据患者炎症-免疫状态的演变,实时调整风险等级,实现从静态评估到动态预警的升级。

## 3 人工智能整合的脓毒性休克早期预测模型构建策略

### 3.1 模型构建的核心流程与数据基础

人工智能预测模型的构建依托多维度、高质量的临床数据,核心流程包括数据采集与预处理、特征筛选、模型训练、效能验证与临床转化,每一步均直接决定模型的预测精度。数据来源以电子病历(EMR)、重症监护数据库(MIMIC-IV、eICU-CRD)、临床队列研究数据为主,涵盖人口学特征、生命体征、实验室指标、炎症标志物、治疗方案、预后结局等全维度信息,数据量越大、维度越丰富,模型的泛化能力越强。

数据预处理是模型构建的关键环节,需剔除缺失率 $> 30\%$ 的无效指标,采用多重插补、均值填补等方法处理缺失值,通过标准化、归一化消除量纲差异,同时运用SMOTE算法解决数据不平衡问题(脓毒性休克阳性样本占比偏低)<sup>[3]</sup>。特征筛选多采用LASSO回归、随机森林特征重要性排序、相关性分析等方法,从海量数据中筛选出与脓毒性休克高度相关的核心变量,降低模型复杂度,提升运算效率。研究表明,经LASSO回归筛选后的预测模型,变量数量可减少40%~60%,预测AUC无明显下降,实用性大幅提升。

### 3.2 主流人工智能算法的应用与对比

目前应用于脓毒性休克早期预测的人工智能算法,主要包括传统机器学习算法与深度学习算法,两类算法各有优

劣, 适配不同的数据场景与临床需求。传统机器学习算法以逻辑回归、随机森林 (RF)、极端梯度提升 (XGBoost)、支持向量机 (SVM)、LightGBM 为代表, 具有模型可解释性强、运算速度快、小样本数据适配性好的特点, 是临床科研的主流选择。多项多中心研究证实, 随机森林、XGBoost 算法的预测效能最优, 外部验证 AUC 可达 0.78~0.82, SHAP 可解释性分析可明确各变量的贡献度, 打破 AI 模型“黑箱”困境, 便于临床理解与接受。

深度学习算法以卷积神经网络 (CNN)、长短期记忆网络 (LSTM)、Transformer 为代表, 擅长处理时序数据、影像数据等复杂信息, 可捕捉生命体征、炎症标志物的动态变化规律, 预测精度更高, AUC 可达 0.85 以上, 但其模型复杂度高、可解释性差、依赖海量数据训练, 基层医疗机构难以落地应用。临床实践中, 多采用“传统机器学习+深度学习”的融合策略, 兼顾预测精度与可解释性, 适配不同层级医院的应用需求。

### 3.3 多模态融合模型的优化进展

单一模态数据的预测模型存在信息缺失缺陷, 多模态融合模型整合临床结构化数据、炎症因子谱、生命体征时序数据、床旁超声影像等多维度信息, 实现“炎症表型+临床数据+AI 算法”的深度耦合, 是脓毒性休克早期预测的核心发展方向。此类模型通过注意力机制、特征融合算法, 挖掘不同模态数据间的隐性关联, 进一步提升预警精准度<sup>[4]</sup>。

例如, 华中科技大学团队构建的 TOPSIS 分类融合 (TCF) 模型, 整合 7 种基础机器学习模型的优势, 结合多中心临床数据与炎症标志物, 对脓毒性休克死亡风险的预测 AUC 可达 0.84 以上, 且具备良好的跨专科、跨中心泛化能力。还有研究将 LSTM 时序模型与炎症表型分型结合, 实时追踪患者生命体征与炎症因子动态变化, 提前 8~12h 发出休克预警, 较传统模型预警时间提前 3~5h, 为临床精准干预提供了有力支撑。

## 4 脓毒性休克早期预测模型的应用局限与优化方向

### 4.1 现存核心局限

尽管人工智能与炎症表型融合的预测模型取得了显著进展, 但临床落地仍面临多重困境。一是\*\*数据质量参差不齐\*\*, 多数模型基于回顾性单中心数据构建, 数据缺失、选

择偏向问题突出, 外部验证效能大幅下降, 缺乏多中心、前瞻性、大样本的临床验证; 二是\*\*可解释性不足\*\*, 深度学习模型的“黑箱”特性, 导致临床医生难以信任与应用, 基层医疗机构接受度低; 三是\*\*实用性欠缺\*\*, 部分模型涉及指标过多、运算复杂, 无法适配急诊、基层等快节奏临床场景, 床旁实时预警难以实现; 四是\*\*炎症表型分型未标准化\*\*, 不同研究的分型标准、标志物阈值存在差异, 难以统一融入预测模型, 限制了模型的普适性。

### 4.2 未来优化路径

针对现存局限, 未来脓毒性休克早期预测模型的优化需聚焦精准性、实用性、可解释性三大核心, 推进多维度协同升级<sup>[5]</sup>。其一, 构建全国多中心前瞻性队列, 统一数据采集标准与炎症表型分型规范, 提升模型的泛化能力与可靠性; 其二, 强化模型可解释性研究, 推广 SHAP、LIME 等可解释性工具, 明确模型预测依据, 贴合临床诊疗思维; 其三, 简化模型结构, 筛选核心预测变量, 开发床旁快速预警小程序、便携式设备, 适配急诊、基层等场景; 其四, 推动预测模型与临床诊疗流程深度融合, 实现风险分层与个体化干预的无缝衔接, 针对不同表型、不同风险等级的患者, 制定差异化抗感染、液体复苏、器官支持方案, 真正实现精准医疗。

## 5 总结与展望

脓毒性休克早期预测模型的发展, 实现了从“单一指标、静态评估”到“炎症表型、多模态整合、动态预警”的跨越式升级, 精准风险分层的理念逐步落地临床。传统临床评分与生化标志物奠定了早期筛查的基础, 炎症表型分型为预测模型注入了生物学内核, 人工智能技术则突破了数据处理与精准计算的瓶颈, 三者融合构建的预测体系, 大幅提升了脓毒性休克高危患者的早期识别率。

当前, 模型的临床转化仍面临数据、可解释性、实用性等多重挑战, 未来需以临床需求为导向, 兼顾科研创新与实践落地, 推进多中心验证、标准化分型、轻量化模型、可解释算法的协同发展。随着精准医疗与人工智能技术的持续革新, 兼具高精度、强实用性、广普适性的脓毒性休克早期预警体系终将构建完成, 助力临床实现“早预警、早分层、早干预”, 切实降低患者病死率, 改善重症患者的长期预后。

### 参考文献:

- [1]陈偲, 刘颖, 王晶晶, 等. 跨膜蛋白 176B、白细胞介素-1 $\beta$ 、白细胞介素-6 及序贯器官衰竭评估评分对脓毒症及脓毒性休克患者早期预后的预测价值[J].实用临床医药杂志, 2026, 30 (03): 69-73+80.
- [2]李青霞, 杨妍, 倪震博, 等. 参附注射液联合标准操作程序对脓毒性休克大鼠早期微循环及血气分析的影响[J].临床合理用药, 2026, 19 (03): 13-16.DOI: 10.15887/j.cnki.13-1389/r.2026.03.004.
- [3]毛草儿, 邱灿虎, 胡俊萍. 血清胱抑素 C、 $\beta$ 2 微球蛋白在脓毒性休克患者并发急性肾功能不全早期诊断中的应用[J].全科医学临床与教育, 2025, 23 (12): 1086-1089.DOI: 10.13558/j.cnki.issn1672-3686.2025.012.008.
- [4]郝鹏辉.基于支持向量机算法构建儿童脓毒性休克早期死亡风险预测模型[D].中国医科大学, 2024.DOI: 10.27652/d.cnki.gzyku.2024.000850.
- [5]马雨.脓毒症及脓毒性休克早期输注白蛋白列线图预测模型的构建与验证[D].昆明医科大学, 2023.DOI: 10.27202/d.cnki.gkmyc.2023.002018.