

双分支概率网络的血肿扩张时序建模及预测

王思良^{1,2}, 罗森瀚^{2,3}, 孙知信^{2,3}

¹(南京邮电大学 物联网学院, 南京 210003)

²(南京邮电大学 国家邮政局邮政行业技术研发中心(物联网技术), 南京 210003)

³(南京邮电大学 宽带无线通信技术教育部工程研究中心, 南京 210003)

E-mail: sunzx@njupt.edu.cn

摘要: 出血性脑卒中发病率高、病情进展快、预后差, 其中, 血肿扩张是影响预后的关键因素, 精确预测血肿扩张事件对优化临床干预时机、改善治疗效果和提高患者生存质量具有重大意义。针对血肿演变过程复杂性和个体差异性导致的预测挑战, 本研究提出了一种基于神经网络参数化高斯过程的血肿扩张建模与预测方法。通过引入非平稳高斯过程对血肿体积的时序演变进行建模, 并设计双分支概率预测网络(Dual-Branch Probabilistic Network, DPPN), 利用多头注意力机制实现多模态特征动态融合, 同时通过独立参数估计分支提高预测可靠性和稳定性。实验结果显示, 与现有方法相比, 该方法在预测准确性和校准性能上均有显著提升, 其中 AUC 值提高 3~5 个百分点, 预期校准误差降低约 40%。该方法为临床实践中的早期预警和干预提供了可靠的技术支撑。

关键词: 血肿扩张; 非平稳高斯过程; 深度学习; 双分支概率预测网络; 极大似然估计

中图分类号: TP391

文献标识码: A

文章编号: 1000-1220(2026)02-0298-11

Temporal Modeling and Prediction of Hematoma Expansion Using Dual-branch Probabilistic Network

WANG Enliang^{1,2}, LUO Senhan^{2,3}, SUN Zhixin^{2,3}

¹(Nanjing University of Posts and Telecommunications, School of Internet of Things, Nanjing 210003, China)

²(Nanjing University of Posts and Telecommunications, National Postal Industry Technology R&D Center (Internet of Things Technology), Nanjing 210003, China)

³(Nanjing University of Posts and Telecommunications, Ministry of Education Engineering Research Center for Broadband Wireless Communication Technology, Nanjing 210003, China)

Abstract: Hemorrhagic stroke is characterized by a high incidence rate, rapid progression, and poor prognosis, with hematoma expansion being a key factor affecting patient outcomes. Accurate prediction of hematoma expansion is critical for optimizing the timing of clinical interventions, improving treatment efficacy, and enhancing patient survival quality. To address the predictive challenges posed by the complexity of hematoma evolution and individual variability, this study proposes a hematoma expansion modeling and prediction method based on neural network-parameterized Gaussian processes. By incorporating a non-stationary Gaussian process to model the temporal evolution of hematoma volume, and designing a Dual-Branch Probabilistic Network (DPPN), the method utilizes a multi-head attention mechanism to achieve dynamic fusion of multimodal features, while enhancing prediction reliability and stability through independent parameter estimation branches. Experimental results demonstrate that, compared to existing methods, this approach significantly improves predictive accuracy and calibration performance, with an AUC increase of 3~5 percentage points and a reduction in expected calibration error by approximately 40%. This method provides reliable technical support for early warning and intervention in clinical practice.

Keywords: hematoma expansion; non-stationary Gaussian process; deep learning; dual branch probabilistic prediction network; maximum likelihood estimation

0 引言

出血性脑卒中是由非外伤性脑实质内血管破裂引起的脑出血, 占全部脑卒中发病率的 10%~15%。中国脑卒中高危人群筛查数据显示, 2021 年出血性卒中患病率为 0.40%。

《2022 中国卫生健康统计年鉴》^[1]显示, 2021 年我国农村、城市居民卒中死亡率分别为 58.40/10 万、44.91/10 万, 出血性卒中死亡率为 5.67/10 万^[2]。出血性卒中具有高发病率、复发率、致残率、死亡率及经济负担等特点, 已成为临床研究热点^[3]。急性期病死率高达 45%~50%, 约 80% 的患者遗留严

收稿日期: 2025-01-10 收修改稿日期: 2025-03-25 基金项目: 国家自然科学基金项目(61972208, 62272239)资助; 江苏省农业科技创新基金项目((JASTIF)CX(22)1007)资助。作者简介: 王思良, 男, 1998 年生, 博士研究生, 研究方向为神经网络可解释性、神经架构、预测算法; 罗森瀚, 男, 2002 年生, 硕士研究生, 研究方向为深度学习; 孙知信(通信作者), 男, 1964 年生, 博士, 教授, 博士生导师, 研究方向为网络通信的理论及技术、计算机网络及安全。

重神经功能障碍,严重影响患者生活质量并加重社会负担.血肿扩大的发生是出血性脑卒中预后不良的重要危险因素.

出血发生后的短时间内,颅内压迅速升高,增加血肿扩展风险,进而引起生命危险.因此,监测和控制血肿扩张是临床关注重点,准确预测血肿扩展概率有助于优化诊治方案、预后管理和医疗资源配置.

随着医学影像技术的进步,动态监测脑卒中后脑组织损伤与演变成为可能,海量影像数据为人工智能技术在医学领域的应用提供了契机.深度挖掘影像数据并整合患者信息、治疗方案及预后等数据,有助于构建智能诊疗模型,实现个性化疗效评估与预后预测.

然而,脑卒中医案数据庞大复杂,数据量大、维度高、噪声多,传统机器学习方法难以有效处理,限制了精准决策的实现^[4].本研究提出神经网络参数化高斯过程模型,利用丰富的脑卒中病例资源,处理高维、高噪声数据.通过训练神经网络实现对高斯过程的参数化,进而精准预测血肿发展态势,为出血性脑卒中的临床决策提供可靠依据,推动脑卒中诊疗的创新与发展.

本研究的贡献在于 1) 提出非平稳高斯过程建模血肿扩张时序问题的数学框架;2) 引入多模态多头注意力机制实现多模态特征动态融合与校准;3) 设计了一种双分支结构的概率预测网络,通过独立参数估计提升预测可靠性.

1 相关工作

1.1 血肿医学

血肿扩张作为出血性脑卒中的一个重要病理过程,是导致患者预后不良的关键因素之一.近年来,随着医学影像技术的发展,特别是 CT 和 MRI 技术的广泛应用,对血肿的监测和评估变得更加精确和及时.

在血肿医学领域,研究者们致力于深入探索血肿扩张的影响因素.早期血肿扩张的预测分析,通常利用 CT, CTA 等影像技术,分析其图像征象特征,通过影像学标志物预测血肿扩张^[5]. 研究人员选择初始血肿体积,血肿的形态特征(如“混合征”、“卫星征”、“岛征”、“黑洞征”、“漩涡征”^[6]、“斑点征”^[7]等)、血肿部位、密度是否均匀,血肿是否破入脑室或蛛网膜下腔、格拉斯哥昏迷评分(Glasgow Coma Scale, GCS)^[8]、基底节出血情况^[9]、炎症情况^[10]等因素作为主要特征,进行影像学分析,并总结出放射组学模型^[11]. 基于临床经验的传统方法已被证明在血肿扩张预测领域的有效性,文献^[12]但其高度依赖于临床经验,是一种临床规律的经验总结,同时基于经验的规律总结提取的特征因素较少,容易忽略致使血肿扩大的其他因素,这类方法在准确性和广泛性上仍有缺失.随着统计学方法的大量引入和应用, Cox 回归模型^[7], Logistic 回归分析^[13]等方法进一步验证了影像学标志物预测早期血肿扩张的合理性与科学性.尽管这些回归分析方法因其简易性、可解释性,受到了广泛的应用,但受限于变量数、大规模数据处理能力、模型复杂度等问题,回归分析存在忽略重要的潜在变量的可能,同时回归分析对数据样本有着较高的数学特征要求,难以高度拟合血肿各因素之间的相互影响与作用.这些局限性对变量的容量及选择、预测效果产

生较大影响^[14].与此同时,人工智能技术的飞速发展使其能对大量特征中有效地识别与结果高度关联的特征,并能对模型参数进行优化精细调整,使得其在处理高维数据和识别变量之间复杂相互作用方面具有更优越的性能.与传统回归模型相比,机器学习在血肿扩张的识别和预测领域,在均方误差、平均绝对误差、平均绝对百分比误差 3 个维度均有 50% 左右的提升^[15],证明机器学习能有效提高出血性脑卒中患者的预测准确率.机器学习中 XGBoost 模型与传统 Logistic 模型预测患者预后,发现 XGBoost 模型也展现更佳的预测性能^[16].同时无监督学习的引入,使得研究者能够从临床和影像学数据中筛选出 166 个特征^[17],极大地拓宽了血肿扩张影响因素的可行边界.随着人工智能技术的广泛应用,更多的模型被用于血肿扩大预测研究领域,随机森林、梯度提升决策树、自适应提升算法、朴素贝叶斯、支持向量机、K 近邻、多层感知机等 9 种算法^[18]构建预测模型在预测早期血肿扩张和预后不良方面各有优劣.相比于传统方法,机器学习在处理影像学问题上具有天然优势,能纳入更多维度的影像特征,并做出更准确、科学的预测.虽然机器学习在预测准确性上取得了阶段性成效,但机器学习在处理血肿影像等非结构化数据时,仍具有较大局限性.由于其模型表现高度依赖于人工设计及特征工程的质量,这导致其泛化能力不足,难以广泛应用.图像特征在很大程度上依赖于分辨率、辐射剂量、噪声、算法等采集细节^[19].对于不同医院的影像标注标准和临床预处理操作流程的差异,以及不同影像设备拍摄的影像数据质量、分辨率、噪声水平、曝光度上的差异,导致图像特征难以保持一致性和可重复性.使得机器学习方法的泛化能力难以满足实际需求,甚至可能因为设备更新、扫描参数变化等因素产生错误的预测,影响患者治疗方案.因此,传统机器学习方法难以应对这些复杂的变化和多样化的影像数据,使其在多中心、跨设备的医疗环境中难以实现广泛的临床应用和大规模推广.

1.2 深度学习

深度学习,通过其端到端的特征学习范式,能够自动提取图像中的高层次抽象特征,有效减少对人工特征工程的依赖,这一特性在医学影像分析领域展现出显著优势.卷积神经网络(CNN)构建层次化抽象机制显著降低模型对影像设备域偏移的敏感性^[20].利用局部感受野与权值共享策略,直接从原始像素中提取特征,避免了传统方法中特征工程带来的主观偏倚^[21],更通过多级非线性变换显著提升了模型对影像设备域偏移的鲁棒性^[20].同时以 nnUNet^[22]为代表的智能分割框架通过系统化的超参数搜索空间构建和自动化配置策略,有效解决了传统深度学习对数据异质性与超参数敏感的问题,进一步突破了医学影像分析的泛化性瓶颈,在跨中心验证中展现出稳定的泛化性能.这一优越特性已经在医学影像学肿瘤检测^[23]、脊柱损伤^[24]、认知障碍^[25]等各个细分领域得到充分实验验证及广泛实践应用^[26].尽管单模态方法取得显著进展,但其仍局限于单一影像模态数据的特征学习,未能与临床数据、时序数据有效结合.然而,临床决策本质上是一个多维度信息整合过程.单纯依赖 CT 影像特征仅能解释 65.3% 的血肿扩大变异^[27].因此,结合影像特征与临床数据的多模态深度学习已成为研究热点.文献^[27]提出跨模态特征拼接方法,将 CT 影像与临床参数在输入层融合,通过

联合特征空间学习实现 AUC 0.949 的脑出血预测性能。类似地, Zhang 等^[28]提出 Dual-Level Fusion 框架, 引入模态特异性批归一化层, 有效解决 CT/MRI 数值分布差异问题。这种性能提升凸显了多源异构数据协同分析的临床应用价值。但早期的多模态融合方法局限于静态融合权重机制仍无法适应临床数据的动态特性。

为克服早期融合产生的系统性缺陷, 学界开始探索动态融合策略。Li 等^[29]开发的 3D 多尺度 FCN 网络采用特征级融合策略, 利用通道注意力机制动态调整多模态特征权重使 Dice 系数 0.91, 进一步提高了预测准确性。文献^[28]则引入跨模态交互网络(CMINet)结合 Transformer 架构与门控双注意力机制, 成功提升了 PET-MRI 融合任务的互信息(MI) 35.2%, 减少了大量信息丢失, 这种层级化特征重组机制为血肿扩大预测中的多模态时序数据分析提供了新的技术路径。可解释图卷积网络在文献^[30]中被创新性地提出, 进而构建了双图推理单元(DGRUnit), 通过空间图卷积网络(GCN)捕获解剖结构关联, 结合通道图注意力网络(GAT)建模特征通道依赖, 其引入的自适应类激活映射(AL-CAM)技术通过多分辨率分类器的注意力加权融合, 显著提升了跨模态特征的可解释性, 在肿瘤边缘区域的定位精度提升达 23.6%。针对动态特征融合的挑战, Sun 团队^[31]开发的 Double U-Net CycleGAN 框架具有重要启示。该模型通过 2.5D 切片输入策略在保持空间一致性的同时, 将 3D 卷积参数降低 72%, 大幅降低了计算开销, 为其技术普及应用奠定了坚实的基础, 同时其创新的 CARAFE 内容感知上采样模块通过动态核预测机制, 在 MR 到 CT 合成任务中将 MAE 降至 74.56 ± 10.02 , 为跨模态数据增强提供了新范式, 为小众的医疗领域的小数据集训练提供了必要技术支撑。

1.3 高斯过程预测

在当今的科学和工程领域, 高斯过程(Gaussian Process, GP)作为一种高效优越的非参数化的贝叶斯方法, 凭借其在不确定性建模方面展现出的独特优势, 而被广泛应用于机器学习中的回归、分类和优化问题。与传统的回归方法不同, GP 不仅提供预测值, 还能给出预测的不确定性, 这使其在考虑模型不确定性的情境下, 尤其在医疗、工程等具有复杂影响因素的领域具有高度契合性与适用性。

高斯过程通过均值函数和核函数(协方差函数)来定义一个随机过程的分布, 利用高斯过程进行预测的准确性已被广泛认可, 并已应用于多个细分领域, 研究人员们通过对特征基于时序的提取, 完成了预测锂离子电池健康状态预测^[32]、在役钢筋混凝土桥梁构件可靠度预测^[33]、炼钢过程中缺陷预测等^[34]。但高斯过程无法避免计算协方差矩阵及其逆矩阵, 阵反转核矩阵(kernel matrix)等, 使其复杂度达到 $O(n^3)$, 这意味着随着数据量的增加, 计算量呈立方增长, 对于具有大规模数据积累的领域而言, 数据积累的优势难以转化体现, 反而会导致计算成本急剧上升, 计算资源与时间的大量消耗^[35]。

为解决上述问题, 研究者们通过神经网络来参数化高斯过程, 并将其应用的心率预测^[36]、航空动力学设计^[37]等领域。这种创新的结合方式使得模型能够有效地处理高维数据, 在拟合过程中能够敏锐地捕捉到数据中复杂的非线性关系, 使模型提供更准确的预测和不确定性估计。可以预见这种方

法将在处理临床数据时显示出了其独特的优势, 尤其在血肿扩张这类基于数据量大、维度高且包含噪声的影像学领域。本研究将神经网络与高斯过程结合应用在血肿扩张的预测领域中, 利用高斯过程基于各个时间点高斯分布的期望和标准差, 深入挖掘时间与血肿体积大小之间的关系, 将传统研究中难以涉及的患者实际脑出血时间到第一次影像检出血肿的时间之间的时间差纳入研究范围, 得到更准确全面的特征, 开辟血肿扩张研究新的视角, 进而更准确地预测血肿大小随时间地变化, 为临床治疗提供了更为有力的数据支撑。

2 问题建模

2.1 问题描述

出血性脑卒中是一种由非外伤性脑实质内血管破裂引起的脑出血疾病, 其发病机制复杂, 预后较差。在临床实践中, 血肿体积的动态变化对患者预后具有重要影响, 特别是在发病后急性期, 血肿范围可能因脑组织损伤和炎症反应等因素而扩大, 导致颅内压快速升高, 引发神经功能进一步恶化。

血肿体积的演变过程具有显著的随机性和不确定性。设血肿体积为随机变量, 记为 $V(t)$, 其中 t 为发病后的时间。对于任意时刻 t , $V(t)$ 的取值受多个因素影响:

- 1) 患者基线特征包括年龄、性别、既往病史等, 记为向量 x_b ;
- 2) 临床指标包括血压、凝血功能等, 记为向量 $x_c(t)$;
- 3) 影像学特征包括出血位置、形态等, 记为向量 $x_i(t)$;

因此多模态数据特征可以统一表示为特征向量 $x(t) = [x_b, x_c(t), x_i(t)]$, 目前临床上对于发生血肿扩张可根据血肿体积前后变化, 具体定义为: 后续检查比首次检查绝对体积增加 ≥ 6 mL 或相对体积增加 $\geq 33\%$ 。因此, 血肿扩张的判定标准可以表述为: 在观察时间窗口 $[t_0, t_0+T]$ 内, 若存在时刻 t , 使得: $V(t) \geq \min\{1.33V(t_0), V(t_0) + 6\}$, 其中 $V(t_0)$ 为基线血肿体积(单位: mL)。

2.2 模型构建

在出血性脑卒中急性期, 血肿体积的演变受到多种因素的影响。为了准确刻画这一复杂过程, 本节从数学角度对问题进行形式化描述和建模。考虑到血肿体积演变的连续性和随机性, 本研究设上述血肿发展过程为一个非平稳高斯过程。均值函数为 $\mu(t)$, 核函数为 $\kappa(t_1, t_2)$, 其中当 $t_1 \neq t_2$ 时, $\kappa(t_1, t_2) = 0$, 因此将核函数记为 $\sigma(t)$ 。即任意时刻的随机变量 $X(t)$, 分布如式(1)所示:

$$V(t) | X(t) \sim N(\mu(t), \sigma^2(t)) \quad (1)$$

其中 $\mu(t) = f_\mu(x(t))$, $\sigma(t) = f_\sigma(x(t))$ 分别为一个已知的条件均值函数和条件方差函数, 对于任意有限时间点集 $\{t_1, \dots, t_n\}$, 条件联合分布满足:

$$[V(t_1), \dots, V(t_n)]^T | \{x(t_k)\}_{k=1}^n \sim N(\mu, \Sigma_{ij})$$

其中, $\mu = [f_\mu(x(t_1)), \dots, f_\mu(x(t_n))]^T$, $\Sigma_{ij} = k(t_i, t_j)$ 。

设判定血肿扩张的体积阈值为 $c = \min\{(1 + \alpha)V(t_0), V(t_0) + \beta\}$, 和一个时间区间 $[t_0, t_0 + T]$, 求从 t_0 开始后 T 时间内随机变量 $X(t)$ 均小于 c 的概率。即求解(2)式中目标概率:

$$\text{Target: } P(\exists s \in [t_0 + T], X(s) \geq c | x(t)) \quad (2)$$

式(2)中概率与其相反事件概率之和为1,如式(3)所示:

$$P(\exists s \in [t_0, t_0 + T], X(s) \geq c) + P(\forall s \in [t_0, t_0 + T], X(s) < c) = 1 \quad (3)$$

考虑到高斯过程的时间连续性,采用微元法.将时间区间 $[t_0, t_0 + T]$ 等分为 N 个子区间,每个子区间长度为 Δt .在足够小的时间片上,可认为 $\mu(t), \sigma(t)$ 均为常数,即一个平稳高斯过程.若基于该平稳高斯过程可以得出平均单位时间 $X(t) \geq c$, 出现 λ_i 次,则可以基于泊松分布计算时间区间 T 的目标概率.

非平稳高斯过程中,由于分布律是时变的,因此 λ_i 随时间的变化可以被认为是一个关于时间的函数,任意时刻 t 平均单位时间出现 $X(t) \geq c$ 的次数记为 $\lambda(t)$.根据泊松分布在任意一个长度为 Δt 的时间时隙内,事件发生的个数服从均值为 $\lambda(t)$ 的泊松分布.即第 i 个时间片中 $X(t) \geq c$ 发生 0 次的概率记为 $\bar{q}(t)$,如式(4)所示:

$$\bar{q}(t) = \frac{[\lambda(t)\Delta t]^0}{0!} e^{-\lambda(t)\Delta t} = e^{-\lambda(t)\Delta t} \quad (4)$$

在 T 时间内相反事件发生的概率如式(5)所示:

$$P(\forall s \in [t_0, t_0 + T], X(s) < c) = \lim_{N \rightarrow +\infty} \prod_{i=0}^N e^{-\lambda(\frac{T}{N})\frac{T}{N}} = e^{-\lim_{N \rightarrow +\infty} \sum_i^N \lambda(\frac{T}{N})\frac{T}{N}} = e^{-\int_{t_0}^{t_0+T} \lambda(t) dt} \quad (5)$$

带入式(3)即可得到 $P(\exists s \in [t_0, t_0 + T], X(s) \geq c)$, 如式(6)所示:

$$P(\exists s \in [t_0, t_0 + T], X(s) \geq c) = 1 - e^{-\int_{t_0}^{t_0+T} \lambda(t) dt} \quad (6)$$

综上所述问题的核心在于基于 $\mu(t), \sigma(t)$ 计算 $\lambda(t)$, 设在单位时间内执行以相同时间间隔进行 K 次采样, 单次采样发生 $X(t) \geq c$ 的概率 $p(t)$ 如式(7)所示:

$$P(X(t) \geq c) = \int_c^{+\infty} \frac{1}{\sigma(t)\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(x-\mu(t))^2}{2\sigma(t)^2}} dx \quad (7)$$

若采样次数趋于无穷大,则单位时间内发生 $X(t) \geq c$ 次数的期望 $\lambda(t)$ 如式(8)所示:

$$\lambda(t) = \lim_{K \rightarrow +\infty} \sum_{k=0}^K C_k^K [p(t)]^k [1-p(t)]^{K-k} \frac{k}{K} = p(t) \quad (8)$$

将式(7)带入式(8)即可得到基于 $\mu(t), \sigma(t)$ 表达的 $\lambda(t)$, 进一步可以得到目标概率 $P(\exists s \in [t_0, t_0 + T], X(s) \geq c)$ 的两种等价表达式, 即如式(9)、式(10)所示:

$$P(\exists s \in [t_0, t_0 + T], X(s) \geq c) = 1 - e^{-\int_{t_0}^{t_0+T} \int_c^{+\infty} \frac{1}{\sigma(t)\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(x-\mu(t))^2}{2\sigma(t)^2}} dx dt} \quad (9)$$

$$P(\exists s \in [t_0, t_0 + T], X(s) \geq c) = 1 - e^{-\int_{t_0}^{t_0+T} p(t) dt} \quad (10)$$

3 求解方法

3.1 算法架构

非平稳高斯过程的参数化求解面临以下挑战:多模态数

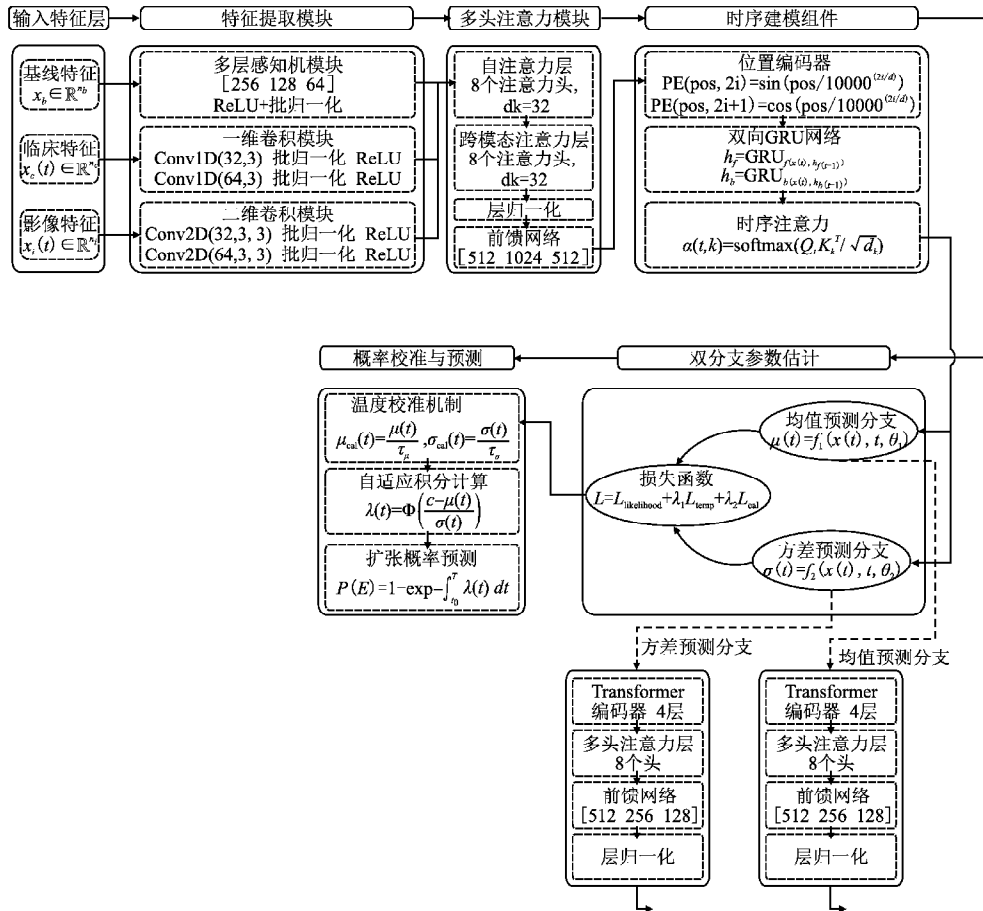


图1 双分支概率预测网络架构

Fig. 1 Dual branch probability prediction network architecture

据的异构性导致特征空间复杂,需要有效的特征提取和融合机制;血肿体积演变的时序特性要求模型能够捕捉长期依

赖关系;概率预测的可靠性需要精确的均值和方差估计.为了解决这些问题,本研究提出了一种基于双分支结构的概率预测网络(Dual-branch Probabilistic Prediction Network, DPPN),该网络通过分离均值和方差的学习路径,同时结合多头注意力机制和时序建模,实现了对非平稳高斯过程的端到端参数估计. DPPN 的整体架构如图 1 所示.

该网络包含特征提取模块、多头注意力模块、均值预测分支、方差预测分支和时序上下文模块等关键组件,实现了从多模态输入到概率预测的端到端映射.

3.2 特征提取与融合

本研究设计了一个多层次的特征提取和融合机制,针对不同类型的输入数据采用相应的特征提取策略.在出血性脑卒中的临床场景中,患者数据通常包含 3 种主要模态:静态基线特征、动态临床指标和影像学特征,这些异构数据需要采用不同的处理方法.

对于静态的基线特征(如年龄、性别、既往病史等),本研究采用多层感知机(MLP)进行特征变换和降维.具体实现为 3 层全连接网络,输入维度为 32(对应 32 个基线特征),隐藏层维度分别为 64 和 128,使用 ReLU 激活函数,并应用 Dropout(比率 0.2)以防止过拟合.

对于动态的临床指标(如血压、血糖、凝血功能等时序数据),本研究使用一维卷积神经网络(1D-CNN)捕捉时间维度上的局部模式和趋势.临床时序数据的原始维度为 $[T, D]$,其中 $T = 12$ 表示观测时间点数, $D = 24$ 表示每个时间点的特征数量.一维 CNN 包含 3 个卷积层,卷积核大小分别为 3、5、7,以捕捉不同时间尺度的特征变化,每层使用 64 个卷积核,步长为 1,采用 same 填充策略.卷积层后接批归一化层和 ReLU 激活函数,最后通过全局平均池化得到固定维度(64)的特征表示.

对于具有空间结构的影像特征,本研究通过二维卷积神经网络(2D-CNN)提取空间特征表示. CT 影像的原始输入维度为 $[128, 128, 1]$ (单通道灰度图像). CNN 架构包含 4 个卷积块,每个块包含两个 3×3 卷积层,通道数分别为 $[32, 64, 128, 256]$,每个卷积块后接最大池化层(大小 2×2).考虑到医学影像的特殊性,本研究不采用预训练模型,而是专门针对血肿特征从头训练所有参数,以更好地捕捉血肿的形态学特征.

针对多模态特征融合问题,本研究设计了基于跨模态注意力机制的特征整合框架.该方法通过学习模态间显式关联权重,实现了对信息贡献度的动态评估与优先级调整.具体实现上,将不同模态的异构特征向量经过模态特定的线性投影层映射至共享语义空间,随后利用多头注意力机制捕捉跨模态关联模式,详细计算流程见算法 1.

算法 1. Multi-head Attention Module

Require:

1. Input feature matrix $F \in \mathbb{R}^{n \times d}$
2. Clinical temporal features $h_c(t) \in \mathbb{R}^{n \times d_c}$
3. Imaging temporal features $h_i(t) \in \mathbb{R}^{n \times d_i}$
4. Number of attention heads $h = 8$, Attention dimension $d_k = 32$

Ensure: Enhanced feature matrix F_{out}

5. //Self-attention computation for each head

6. for $i = 1$ to h do
7. $Q_i \leftarrow FW_i^Q, W_i^Q \in \mathbb{R}^{d \times d_k}$
8. $K_i \leftarrow FW_i^K, W_i^K \in \mathbb{R}^{d \times d_k}$
9. $V_i \leftarrow FW_i^V, W_i^V \in \mathbb{R}^{d \times d_k}$
10. $head_i \leftarrow \text{softmax}(Q_i K_i^T / \sqrt{d_k}) V_i$
11. end for
12. //Concatenate all attention heads
13. $A_{self} \leftarrow [head_1; head_2; \dots; head_h] W^O$
14. //Cross-modal attention computation
15. $Q_c \leftarrow h_c(t) W_c^Q$ { Clinical features as query }
16. $K_i \leftarrow h_i(t) W_i^K$ { Imaging features as key }
17. $V_i \leftarrow h_i(t) W_i^V$ { Imaging features as value }
18. $A_{cross} \leftarrow \text{softmax}(Q_c K_i^T / \sqrt{d_k}) V_i$
19. //Feature fusion with residual connection
20. $A \leftarrow \text{LayerNorm}(F + A_{self} + A_{cross})$
21. //Feed-forward network and final output
22. $F_{intermediate} \leftarrow \text{ReLU}(AW1 + b1), W1 \in \mathbb{R}^{1024 \times 512}$
23. $F_{ffn} \leftarrow F_{intermediate} W2 + b2, W2 \in \mathbb{R}^{1024 \times 512}$
24. $F_{out} \leftarrow \text{LayerNorm}(A + F_{ffn})$

Ensure: F_{out}

在实际操作中,为解决模态间的时序不一致性问题,本研究对所有临床数据与影像数据进行了时间戳标注,并采用分段线性插值技术将各模态数据重采样至统一时间轴上.针对样本分布偏斜问题,实施了两阶段优化策略:首先通过逆频率加权法调整类别权重(非扩张:扩张=1:1.7),有效抑制了多数类主导的学习偏向;其次引入 mixup 数据增强方法,通过生成类边界附近的合成样本增强决策边界的鲁棒性.

在网络实现层面,融合后特征首先经过自注意力处理,每个注意力头独立计算其分配的子空间投影,计算中 $d_k = 32$ 表示缩放因子, $W^{Q_i}, W^{K_i}, W^{V_i}$ 分别为查询、键、值的变换矩阵.通过并行部署 8 头注意力单元,实现了对不同特征交互模式的全方位捕捉.对于存在时序关联的临床特征与影像特征,专门设计了时序感知的跨模态注意力模块 A_{cross} ,并在每个注意力层后配置了残差连接与层归一化 A,最后经非线性前馈网络进行特征重构与增强.

3.3 时序依赖建模

血肿体积演化过程呈现明显的时间依赖特性,包括系统性趋势变化与随机性短周期波动.针对此类含多尺度动力学特征的时序数据,本研究构建了融合位置敏感编码与双向序列处理的时序表征模块.为使网络能够感知时间信息,引入正弦位置编码机制,将时间信息嵌入到特征表示中.位置编码通过不同频率的正弦和余弦函数,为每个时间点赋予唯一的位置表示:

$$PE(t)_{2i} = \sin(t/10000^{2i/d})$$

$$PE(t)_{2i+1} = \cos(t/10000^{2i/d})$$

其中, d 为特征维度, i 为维度索引,借此保持时间点之间的相对位置关系,有助于模型理解时序模式.

在此基础上,本研究采用双向 GRU 网络处理时序特征序列.双向结构能够同时考虑过去和未来的上下文信息,提供更全面的时序特征表示.前向 GRU 捕捉从过去到当前的信息流:

$$\vec{h}_t = GRU_f(P(t), \vec{h}_{t-1})$$

后向 GRU 捕捉从未来到当前的信息流:

$$\tilde{h}_t = GRU_b(P(t), \tilde{h}_{t+1})$$

最终的时序特征表示通过连接前向和后向隐状态获得:

$$h_t = [\tilde{h}_t; \tilde{h}_t]$$

为了进一步使得算法自适应地关注重要的时间点,为后续的概率预测提供可靠的时序特征表示,在时序特征之后增加注意力模块:

$$\alpha_{t,k} = \text{softmax}\left(\frac{W_Q h_t (W_K h_k)^T}{\sqrt{d_k}}\right)$$

$$c_t = \sum_k \alpha_{t,k} W_V h_k$$

3.4 双分支参数估计

双分支结构是 DPPN 的核心组件,用于分别估计非平稳高斯过程的 $\mu(t)$ 和 $\sigma(t)$. 通过分离均值和方差的学习路径,可以更精确地捕捉两个统计量的动态特征. 对于第 i 个患者,给定时刻 t 的特征向量 $x_i(t)$, $\mu(t)$ 分支和 $\sigma(t)$ 分支的映射关系可表示为:

$$\mu_{\theta_1}^i(t) = f_1(x_i(t), t, \theta_1) \quad (11)$$

$$\sigma_{\theta_2}^i(t) = f_2(x_i(t), t, \theta_2) \quad (12)$$

其中, θ_1, θ_2 分别为两个神经网络的参数. 基于这两个映射,时刻 t 的条件概率密度函数为:

$$l_t^i = \frac{1}{\sigma_{\theta_2}^i(t) \sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{(y_t^i - \mu_{\theta_1}^i(t))^2}{2\sigma_{\theta_2}^i(t)^2}\right)$$

其中, y_t^i 为第 i 个患者在时刻 t 的实际血肿体积. 为了提高数值计算的稳定性,引入对数似然作为损失函数:

$$\mathcal{L}_{\text{likelihood}} = -\sum_t \log(l_t^i + \varepsilon)$$

在算法工程实现过程中,浮点数下溢现象可能导致概率值趋近于零,进而引发对数运算中的数值病态问题. 为确保计算稳定性,本研究引入微小常数修正项 $\varepsilon = 10^{-8}$,该修正不影响概率分布的理论性质,但有效防止了后续优化过程中的梯度消失现象. 考虑到血肿体积演变的时序平滑性,保证概率的可靠性,引入时序一致性约束和概率校准项:

$$\mathcal{L}_{\text{temp}} = \sum_{t,i} \|\nabla \mu_{\theta_1}^i(t)\|_2^2 + \gamma \|\nabla \sigma_{\theta_2}^i(t)\|_2^2$$

$$\mathcal{L}_{\text{cal}} = \text{KL}(N(\mu_{\theta_1}^i(t), \sigma_{\theta_2}^i(t)^2) \| N(\hat{\mu}_t^i, \hat{\sigma}_t^i{}^2))$$

其中 γ 为权衡参数, $\hat{\mu}_t^i$ 和 $\hat{\sigma}_t^i$ 为经验估计值. 最终的优化目标为:

$$\min_{\theta_1, \theta_2} \mathcal{L}_{\text{total}} = \mathcal{L}_{\text{likelihood}} + \lambda_1 \mathcal{L}_{\text{temp}} + \lambda_2 \mathcal{L}_{\text{cal}}$$

通过 Adam 优化器迭代更新参数,其中 η 为学习率:

$$\theta_1^{(k+1)} = \theta_1^{(k)} - \eta \nabla_{\theta_1} \mathcal{L}_{\text{total}}$$

$$\theta_2^{(k+1)} = \theta_2^{(k)} - \eta \nabla_{\theta_2} \mathcal{L}_{\text{total}}$$

本节详细过程如算法 2 所示.

算法 2. Dual-branch Parameter Estimation

Require:

1. Time series features $\mathbf{x}(t) \in \mathbb{R}^{n \times d}$ for $t \in [t_0, t_0 + T]$
2. Observed blood volume y_t for each time point
3. Learning rate η , Parameters λ_1, λ_2 , Stability constant $\varepsilon = 10^{-8}$

Ensure: Network parameters θ_1, θ_2 for mean and variance branches

4. //Initialize network parameters
5. Initialize θ_1 for mean branch and θ_2 for variance branch
6. //Forward propagation through dual branches
7. **for** each time point t **do**

8. //Mean branch computation
 9. $\mathbf{M}_t \leftarrow \text{TransformerEncoder}(\mathbf{x}(t))$
 10. $\mu_t \leftarrow \text{MLP}_\mu(\mathbf{M}_t) \{f_1(\mathbf{x}(t), t, \theta_1)\}$
 11. //Variance branch computation
 12. $\mathbf{V}_t \leftarrow \text{TransformerEncoder}(\mathbf{x}(t))$
 13. $\sigma_t^2 \leftarrow \text{SoftPlus}(\text{MLP}_\sigma(\mathbf{V}_t)) \{f_2(\mathbf{x}(t), t, \theta_2)\}$
 14. //Compute likelihood loss
 15. $l_t \leftarrow 1/(\sigma_t \sqrt{2\pi}) \exp(- (y_t - \mu_t)^2 / 2\sigma_t^2)$
 16. $\mathcal{L}_{\text{likelihood}} \leftarrow \sum_t \log(l_t + \varepsilon)$
 17. **end for**
 18. //Compute temporal consistency loss
 19. $\mathcal{L}_{\text{temp}} \leftarrow \sum_t \|\nabla \mu_t\|_2^2 + \gamma \|\nabla \sigma_t\|_2^2$
 20. //Compute calibration loss
 21. $\mathcal{L}_{\text{cal}} \leftarrow \text{KL}(N(\mu_t, \sigma_t^2) \| N(\hat{\mu}_t, \hat{\sigma}_t^2))$
 22. //Total loss
 23. $\mathcal{L}_{\text{total}} \leftarrow \mathcal{L}_{\text{likelihood}} + \lambda_1 \mathcal{L}_{\text{temp}} + \lambda_2 \mathcal{L}_{\text{cal}}$
 24. //Parameter update
 25. $\theta_1 \leftarrow \theta_1 - \eta \nabla_{\theta_1} \mathcal{L}_{\text{total}}$
 26. $\theta_2 \leftarrow \theta_2 - \eta \nabla_{\theta_2} \mathcal{L}_{\text{total}}$
- Ensure:** Optimized parameters θ_1, θ_2

3.5 概率校准与预测

本节讨论如何基于训练好的双分支网络进行概率预测,并通过校准机制提高预测的可靠性. 概率校准的理论基础源于非平稳高斯过程中的不确定性量化,需要同时考虑模型的认知不确定性和数据的内在随机性.

考虑到神经网络输出可能存在过度自信的问题,本研究首先引入温度缩放机制对预测分布进行校准. 对于任意时刻 t ,校准后的参数估计可表示为:

$$\hat{\mu}(t) = \frac{\mu_{\theta_1}(t)}{\tau_\mu}, \hat{\sigma}^2(t) = \frac{\sigma_{\theta_2}^2(t)}{\tau_\sigma}$$

其中, τ_μ 和 τ_σ 是可学习的温度参数,通过以下优化目标进行估计:

$$\min_{\tau_\mu, \tau_\sigma} \mathbb{E}_t [\text{KL}(N(\hat{\mu}(t), \hat{\sigma}^2(t)) \| N(\mu_{gr}(t), \sigma_{gr}^2(t)))]$$

基于校准后的参数估计,在给定时间窗口 $[t_0, T]$ 内的血肿扩张概率计算分为以下步骤. 首先,根据第 2 节的理论推导,该概率可表示为:

$$P(E| \{x(t)\}) = 1 - \exp\left(-\int_{t_0}^{t_0+T} \lambda(t) dt\right)$$

其中, $\lambda(t)$ 为越限率函数:

$$\lambda(t) = \Phi\left(\frac{c - \hat{\mu}(t)}{\hat{\sigma}(t)}\right)$$

这里 Φ 为标准正态分布的累积分布函数, c 为血肿扩张的阈值. 为了准确计算上述积分,本研究提出了一种自适应积分算法,其具体实现过程如算法 3 所示.

算法 3. Adaptive Integration for Expansion Probability

Require:

1. Initial time t_0 , Time window T
 2. Calibrated model parameters $\hat{\mu}(t), \hat{\sigma}(t)$
 3. Expansion threshold c
 4. Initial step size Δt_{mit} , Error threshold ε
- Ensure:** Expansion probability $P(E| \{\mathbf{x}(t)\})$
5. //Initialize variables
 6. $S \leftarrow 0$ {Accumulator for integral}

```

7.  $t \leftarrow t_0$  { Current time point }
8.  $\Delta t \leftarrow \Delta t_{\min}$  { Current step size }
9. while  $t < t_0 + T$  do
10. //Compute local rate function
11.  $\lambda_t \leftarrow \Phi[(c - \hat{\mu}(t))/\hat{\sigma}(t)]$ 
12. //Estimate local error
13.  $\text{err} \leftarrow |\hat{\sigma}'(t)| + |\hat{\mu}'(t)|$  { Rate of change }
14. if  $\text{err} > \epsilon$  then
15.    $\Delta t \leftarrow \Delta t/2$  { Refine step size }
16. end if
17. //Update integral
18.  $S \leftarrow S + \lambda_t \Delta t$ 
19.  $t \leftarrow t + \Delta t$ 
20. end while
21. //Compute final probability
22.  $P(E|\mathbf{x}(t)) \leftarrow 1 - e^{-S}$ 
Ensure: Probability value  $P(E|\mathbf{x}(t))$ 

```

本算法采用变步长数值积分技术,根据参数曲线的局部梯度动态确定积分精度.具体地,对于血肿演变出现快速变化的临界时段,自动细化积分网格;而在参数变化相对平缓的区间,则采用较大步长以降低计算负载.此种自适应积分机制既确保了在关键临界点附近的计算精度,又通过在稳定区间的计算资源优化实现了整体效率提升.该概率校准与预测框架使 DPPN 不仅能够给出血肿扩张风险的点估计,更能提供置信区间,为临床干预决策提供定量依据,实现风险分层管理.

4 实验仿真

4.1 实验设置

4.1.1 环境设置

实验平台采用配备 Intel i9-14900ks CPU 和 NVIDIA RTX4090 GPU,64G 内存.软件环境方面,选择 PyTorch 1.9.0 作为深度学习框架,配合 CUDA 11.3 实现 GPU 加速计算.系统运行于 Ubuntu 20.04 LTS 平台,采用 Python 3.8.12 作为开发语言,集成了 NumPy、Pandas 等科学计算库.

数据来源综合了多个数据集,包括公开数据集 ISLES22 中 426 例患者数据、CQ500 中选择的 217 例患者数据,以及 160 例保密临床数据,共计 803 例出血性脑卒中患者.其中血肿扩张患者 298 例(占比 37.1%),非扩张患者 505 例(占比 62.9%).患者平均年龄为 64.7 ± 13.2 岁,其中男性 437 例(54.4%),女性 366 例(45.6%).高血压患者比例为 67.9%,糖尿病患者比例为 31.5%,既往脑卒中史比例为 19.3%.

表 1 数据结构表

Table 1 Data structure table

类别	信息详情
个人信息	年龄、性别、吸烟史、饮酒史
疾病史	高血压病史、冠心病史、糖尿病史、房颤史
发病相关特征	血压、发病到首次影响检查时间间隔的时序信息
治疗相关特征	脑室引流、止血治疗、降颅压治疗、降压治疗、镇静和镇痛治疗、止吐护胃、营养神经
影像相关特征	血肿与水肿的体积和位置信息,血肿与水肿的形状及灰度分布

数据集采用分层随机抽样方法,按 8:1:1 的比例划分为

训练集、验证集和测试集,确保各子集中血肿扩张与非扩张患者的比例保持一致.训练集包含 642 例患者(血肿扩张 238 例,非扩张 404 例),验证集包含 80 例患者(血肿扩张 30 例,非扩张 50 例),测试集包含 81 例患者(血肿扩张 30 例,非扩张 51 例).各数据集结构如表 1 所示.

4.1.2 参数设置

高斯过程建模方面,基于临床实践经验设定血肿扩张的判定阈值,相对体积增长阈值 α 取 0.33,绝对体积增长阈值 β 设为 6mL.考虑到数值计算的稳定性,引入 $\epsilon = 10^{-8}$ 作为数值稳定常数.

通过实验发现,4 层 Transformer 编码器配合 8 个注意力头能够有效捕捉特征间的复杂关系.注意力维度设为 32,在保持表达能力的同时控制了计算复杂度.其中,由于网络结构中存在一个超参数 HidDim,该参数决定了网络的宽度,输入层包含所有的患者历史情况和检查结果,和检查的时间,总计有 104 维输入.输出为 $\mu_{\theta_1}^i(t)$ 和 $\sigma_{\theta_2}^i(t)$.网络使用 HidDim 参数控制网络规模,第 1 个隐藏层神经元数量为 HidDim,第 2 个隐藏层神经元数量为 2HidDim,第 3 层隐藏层神经元数量为 HidDim/2.为了找到较好的超参数,进行了 5 折交叉验证.结果如表 2 所示.

表 2 交叉验证结果

Table 2 Ross validation results

隐藏层 维度	五折交叉验证的测试集 Loss					五次 Loss 均值
32	2.158	-9.217	6.192	1.567	-2.553	-0.370
64	2.479	-8.547	-1.030	9.800	-9.155	-1.290
128	11.100	-1.537	-1.366	-3.806	1.821	1.242
256	6.591	2.428	-0.537	0.199	0.008	1.737
384	3.229	0.099	-4.775	-0.469	-4.938	-1.370
512	5.440	-0.794	-2.357	-0.610	-9.083	-1.481
758	8.709	5.521	9.667	4.542	-5.874	4.513
1024	8.338	3.280	7.975	17.414	-3.425	6.716

可以看到当超参数选择 512 时,测试集上 loss 较小,因此本研究将隐层维度采用 [512, 1024, 512] 的渐进式设计.

训练策略方面采用自适应学习率优化.初始学习率设为 0.001,并每 10 轮衰减至原来的 0.1 倍,以实现收敛性的同时提高了模型的泛化能力.Adam 优化器的动量参数和分别设为 0.9 和 0.999,权重衰减参数为 0.005 以求抑制了过拟合现象.

4.1.3 评价准则设置

鉴于血肿扩张预测任务的特殊性,本研究构建了多维度的评估体系.在分类性能方面,不仅关注传统的准确率、精确率和召回率指标,更着重考察 AUC 值,这反映了模型在不同决策阈值下的区分能力.考虑到医学预测对可靠性的高要求,引入预期校准误差 (ECE) 和可靠性图评估概率预测的可信度.同时,通过均方根误差 (RMSE) 和平均绝对误差 (MAE) 量化时序预测的精确性, R^2 分数则用于评估模型对血肿体积变化趋势的拟合程度.

4.1.4 实验内容及基准设置

在第 1 个实验中,通过消融实验深入分析多头注意力机制和双分支结构的必要性.本研究构建了一系列简化版本的模型,包括移除多模态融合的 DPPN-Single、取消注意力机制

的 DPPN-NoAtt 等变体,通过对比分析验证各个组件的贡献;第 2 个实验评估了模型在不同患者亚组中的泛化性能,验证 DPPN 在各类临床情境中的适用性;在第 3 个实验中,本研究选取了具有代表性的基准方法进行性能对比.采用贝叶斯优化方法对所有模型进行系统化调优,确保公平比较.传统机器学习方法包括经过优化的 Random Forest、XGBoost、LightGBM 等集成学习算法.深度学习基线包括结构一致性配置的 MultiModal-CNN、LSTM-Attention 等模型,代表了不同的特征提取和时序建模范式.

4.2 消融实验

4.2.1 多模态注意力机制的有效性分析

为了验证多头注意力机制在多模态特征融合中的作用,本研究设计了一组对比实验,通过逐步简化模型结构来评估注意力机制的贡献.具体而言,构建了以下对比模型:

- 1) DPPN 完整模型;
- 2) DPPN-NoAtt 变体移除多头注意力机制,仅通过简单的特征拼接实现多模态融合.这一变体用于验证注意力机制在特征交互中的重要性;
- 3) DPPN-Single 变体仅保留单一模态特征(临床或影像),用于评估多模态融合的重要性;
- 4) TransformerClinical 模型专门处理临床时序数据的 Transformer 模型,验证单一临床特征的预测能力;
- 5) TransformerImaging 模型专注于影像特征的 Transformer 模型,评估单一影像特征的表达能力.

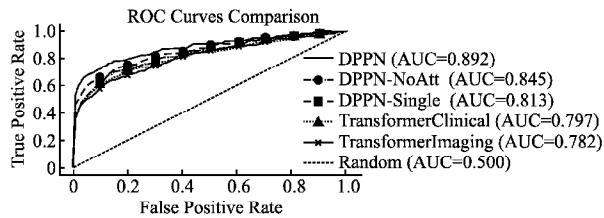


图 2 不同模型变体在血肿扩张预测任务上的性能对比
Fig. 2 Performance comparison of different model variants in hematoma expansion prediction task

表 3 多头注意力机制消融实验结果

Table 3 Experimental results of multi head attention mechanism ablation

模型	ACC	Recall	F1	AUC	ECE (%)
DPPN	85.6	84.9	0.853	0.892	4.2
DPPN-NoAtt	81.4	82.2	0.818	0.845	6.8
DPPN-Single	78.9	79.6	0.792	0.813	8.3
TransformerClinical	76.8	77.4	0.771	0.797	9.1
TransformerImaging	75.3	76.1	0.757	0.782	9.7

实验结果表明,完整的 DPPN 模型在精确率、召回率、F1 分数、AUC 和 ECE 等指标上显著优于简化变体和其他对比模型.其中,DPPN 模型在 AUC 指标上达到 0.892,显著高于 DPPN-NoAtt(0.845)和 DPPN-Single(0.813),表明多头注意力机制有效捕捉了不同模态特征间的动态依赖关系.同时,DPPN 模型的 ECE 值为 4.2%,相较于其他模型显著降低,验证了其预测概率校准的优越性.

通过对预测错误案例的分析发现,移除多头注意力机制(DPPN-NoAtt 变体)显著削弱了模型对关键时序特征的识别能力,尤其是在血肿快速扩张的病例中表现突出.这进一步说明,多头注意力在捕捉急性变化特征方面发挥了重要作用.

4.2.2 双分支结构的必要性分析

双分支结构是本研究的另一个关键创新,其设计初衷是分离均值和方差的学习过程,提高概率预测的可靠性.为验证这一设计的有效性,本研究构建了如下对比实验:

- 1) DPPN 完整模型;
- 2) DPPN-Single Branch 变体将均值和方差预测合并为单一分支,共享特征提取层.
- 3) DPPN-Direct 变体直接预测血肿扩张概率,不经过高斯过程建模.

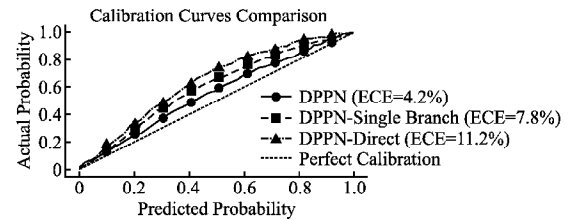


图 3 双分支结构消融实验的性能对比
Fig. 3 Performance comparison of dual branch structure ablation experiment

表 4 双分支结构消融实验结果

Table 4 Experimental results of dual branch structure ablation

模型	ACC	RMSE	MAE	R2	ECE (%)	计算时间 (ms)
DPPN	85.6	0.142	0.118	0.856	4.2	45.3
DPPN-Single Branch	82.6	0.183	0.156	0.793	7.8	38.1
DPPN-Direct	79.4	0.215	0.189	0.721	11.2	35.6

实验结果显示,双分支结构在概率预测中具有显著优势,验证了其设计的有效性.DPPN 完整模型在所有评估指标上均优于 DPPN-Single Branch 和 DPPN-Direct 变体.

通过对比分析可知,双分支结构的独立参数估计显著提升了预测的校准性和可靠性.双分支结构有效分离了均值和方差的学习过程,使模型能够更准确地量化预测的不确定性.此外,分离的参数估计还保证了时序预测的平滑性和连续性,有助于提高模型在动态场景下的适用性.相比之下,单分支和直接预测变体共享特征提取层或缺乏高斯过程建模,导致预测精度和稳定性不足.

4.3 泛化性实验

为评估 DPPN 模型的临床可推广性,本研究对不同患者亚组进行了分层性能分析,结果如表 5 所示.

DPPN 在各亚组中均维持接近整体测试集性能(AUC = 0.892)的预测水平,表明其具有良好的跨人群适用性.模型在大血肿体积($\geq 30\text{mL}$)患者中表现最佳(AUC = 0.905),这可归因于双分支结构对高方差数据的适应性优势.具体而言,针对血肿体积较大的患者,特征分布往往更加离散,传统单一预测路径容易导致预测偏差.而 DPPN 的双分支结构通过独立建模均值和方差,更有效地捕捉了这类高风险患者血肿演

变的不确定性特征.

表5 DPPN在不同患者亚组的AUC表现

分组	子类别	样本数	AUC 值
年龄	<60岁	293	0.878
	≥60岁	510	0.895
性别	男性	437	0.889
	女性	366	0.886
高血压	有	545	0.890
	无	258	0.883
血浆体积	<30ml	483	0.871
	≥30ml	320	0.905

值得注意的是,在基础疾病分组中,即使对无高血压患者这一非典型亚组,模型性能仅轻微下降(AUC = 0.883).这表明DPPN的非平稳高斯过程框架具有较强的适应能力,能够应对临床中常见的病理机制异质性.当不同致病因素主导血肿发展时,模型通过时序建模和多模态注意力机制动态调整特征权重,保持了预测的稳定性.

4.4 对比实验

本节选取了代表性的机器学习和深度学习方法作为基准,通过系统的对比实验验证所提出方法的有效性.这些基准方法包括传统的机器学习方法和近年来在时序预测领域表现优异的深度学习模型,如表6所示.为确保实验对比的客观公平性,对所有基准方法采用统一的超参数优化框架.具体地,本研究采用贝叶斯优化方法,通过高斯过程对超参数空间进行有效采样,每个模型进行组合评估,并选择验证集性能最优的配置.对于离散型超参数(如树的数量、网络层数),本研究设定了合理的搜索范围;对于连续型超参数(如学习率、正则化系数),则采用对数均匀采样策略.超参数优化以验证集上的AUC值为目标函数,使用Expected Improvement(EI)作为采集函数.

表6 基准方法的网络结构与参数配置

Table 6 Network structure and parameter configuration of benchmark methods

模型	主要特征	关键参数设置
Random Forest	集成决策树	树数量:100;最大深度:15;特征采样率:0.8
XGBoost	梯度提升	学习率:0.01;最大深度:8;子采样率:0.85
LightGBM	直方图算法	叶子数:31;学习率:0.05;特征分桶:255
MultiModal-CNN	多模态卷积	卷积层数:4;通道数:[32, 64, 128, 256];池化大小:2
LSTM-Attention	循环注意力	隐层维度:256;注意力头数:4;层数:2
Temporal-Transformer	自注意力编码	编码器层数:4;注意力头数:8;前馈维度:512

在传统机器学习方法中,本研究选取了3种在医学预测任务中应用广泛的集成学习算法.Random Forest采用决策树集成策略,通过特征随机采样提升模型的泛化能力.每棵决策树独立训练,最终通过多数投票形成预测结果.XGBoost基于梯度提升框架,通过顺序集成的方式不断优化模型性能,其二

阶梯度优化和正则化设计使其特别适合处理医学数据中的噪声和缺失值问题.LightGBM则采用了基于直方图的决策树算法,通过高效的特征离散化和分裂策略提升了计算效率.

在深度学习方法方面,MultiModal-CNN通过设计独立的卷积分支处理不同模态的特征,并在高层特征空间实现多模态信息的融合.其网络结构包含特征提取、注意力融合和时序建模3个主要模块.LSTM-Attention结合了长短时记忆网络的时序建模能力和注意力机制的动态特征选择优势,特别适合捕捉血肿体积演变过程中的长期依赖关系.Temporal-Transformer则完全基于自注意力机制构建,通过多层编码器结构实现对时序特征的深度建模.所有模型采用相同规模的网络结构,以确保公平比较.LSTM-Attention和Temporal-Transformer的编码器层数均为4,隐层维度为512,注意力头数为8,与DPPN的配置相同.

表7 不同方法的指标对比

Table 7 Comparison of evaluation criteria for different methods

模型	AUC	ACC	Rec	FI	ECE	RMSE	MAE
DPPN	0.892	0.856	0.849	0.853	0.042	0.142	0.118
Random Forest	0.823	0.795	0.783	0.789	0.113	0.198	0.165
XGBoost	0.857	0.812	0.804	0.808	0.095	0.175	0.146
LightGBM	0.845	0.803	0.798	0.801	0.102	0.183	0.152
MultiModal-CNN	0.835	0.806	0.795	0.8	0.089	0.188	0.157
LSTM-Attention	0.851	0.815	0.808	0.811	0.075	0.168	0.139
Temporal-Transformer	0.848	0.812	0.805	0.808	0.078	0.171	0.142

在概率预测的可靠性方面,如表7所示,DPPN的预期校准误差(ECE)为0.042,显著低于其他方法,如Random Forest(0.113)、XGBoost(0.095)、LightGBM(0.102)、MultiModal-CNN(0.089)、LSTM-Attention(0.075)和Temporal-Transformer(0.078).这一低ECE值表明DPPN在概率校准上表现卓越,提供更可靠的预测.相比之下,传统方法如Random Forest等的较高ECE显示出过度自信,降低了预测结果的可信度.DPPN通过高斯过程建模和概率校准机制,有效减少了预测不确定性.

表8 不同算法性能对比

Table 8 Comparison of performance of different algorithms

模型	训练时间 (h)	推理延时 (ms)	参数量 (M)	GPU显存 (GB)
DPPN(Ours)	4.5	42	2.8	3.2
Random Forest	0.8	85	N/A	CPU only
XGBoost	1.2	68	N/A	CPU only
LightGBM	0.5	35	N/A	CPU only
MultiModal-CNN	3.8	38	3.5	4.1
LSTM-Attention	5.2	45	2.3	2.8
Temporal-Transformer	6.1	52	3.1	3.5

在时序建模能力方面,DPPN的均方根误差(RMSE)为0.142和平均绝对误差(MAE)为0.118,显著低于LSTM-Attention(RMSE = 0.168, MAE = 0.139)和Temporal-Transformer(RMSE = 0.171, MAE = 0.142).这表明DPPN在捕捉血肿体积演变的关键模式上具有更强的特征表达能力.多头注意力机制使DPPN更有效地识别时序数据中的重要信息,从而提升了预测准确性.尽管LSTM-Attention和Temporal-Transformer

former 在时序依赖关系方面表现良好,但在误差指标上仍不及 DPPN,凸显了其模型架构的优势。

不同算法的性能对比见表 8。实验结果显示,DPPN 在血肿扩张预测任务中展现出显著优势。依托高斯过程建模和双分支结构,DPPN 在预测血肿扩张风险方面表现出更高的准确性,AUC 平均提升了 3~5 个百分点。同时,与其他概率预测方法相比,DPPN 提供的概率估计更加可靠,预期校准误差(ECE)降低了约 40%,显著提高了预测的可信度。此外,多头注意力机制和时序依赖建模进一步增强了 DPPN 对血肿演变规律的捕捉能力,使其在复杂动态场景中的时序建模表现尤为优异。这些结果表明,DPPN 在准确性、可靠性和时序建模能力上的综合优势,为血肿扩张风险预测提供了重要的技术支持。

5 结 论

血肿扩张是导致患者神经功能障碍的主要原因之一,准确预测其发生对于优化临床干预时机和改善预后具有重要意义。但由于血肿演变的复杂性和个体差异性,现有方法在预测准确性和可靠性上仍存在不足。针对上述问题,本研究提出了基于神经网络参数化高斯过程的血肿扩张预测方法。通过非平稳高斯过程建模血肿体积的时序变化,构建理论框架;设计双分支概率网络结合多头注意力机制实现多模态特征融合,并通过独立参数估计提高预测可靠性;引入概率校准机制,提升预测结果的临床可用性。

实验结果显示,该方法在预测准确性、可靠性和时序建模能力上均优于基准方法,尤其在复杂病例和不确定性量化方面表现突出,为临床早期预警和干预决策提供了技术支撑,提高了出血性脑卒中的治疗效果。

未来工作将重点拓展模型特征输入类型,增强预测性能;研究模型可解释性,为临床决策提供直观依据;同时探索在其他疾病预测中的应用,进一步推动智能医疗技术发展,助力精准医疗实践。

References:

- [1] China stroke center report 2022 summary[J]. Chinese Journal of Cerebrovascular Diseases,2024,21(8):565-576.
- [2] National Health Commission. China health statistical yearbook 2022[M]. Beijing:Peking Union Medical College Press,2022.
- [3] Farzadfar F,Naghavi M,Sepanlou S G, et al. Health system performance in Iran;a systematic analysis for the global burden of disease study 2019[J]. The Lancet,2022,399(10335):1625-1645.
- [4] Rajpurkar P,Chen E,Banerjee O, et al. AI in health and medicine[J]. Nature Medicine,2022,28(1):31-38.
- [5] WANG Z,HUANG C H,LI X J, et al. The impact of hematoma heterogeneity on hematoma expansion and the establishment of a predictive scoring system[J]. Chinese Journal of Cerebrovascular Diseases,2019,16(1):29-35.
- [6] Yu F,Yang Y,He Y, et al. Establishment and evaluation of a nomogram model for predicting hematoma expansion in hypertensive intracerebral hemorrhage based on clinical factors and plain CT scan signs[J]. Annals of Palliative Medicine,2021,10(12):12789-12800.
- [7] LI J B,GENG W,ZHOU T, et al. Prediction model for the risk of hematoma expansion in cerebral hemorrhage patients based on computed tomography angiography features[J]. Practical Clinical Medicine Journal,2022,26(8):17-21+26.
- [8] Tenhovee S A,Findlay M C,Cole K L, et al. The clinical potential of radiomics to predict hematoma expansion in spontaneous intracerebral hemorrhage;a narrative review[J]. Frontiers in Neurology,2024,15:1427555,doi:10.3389/fneur.2024.1427555.
- [9] WANG X,ZHONG Y,YAN W, et al. The predictive value of CT plain scan island sign and black hole sign for early hematoma expansion in primary cerebral hemorrhage[C]//16th Annual Meeting of Chinese Congress of Neurosurgery Surgeons,2022,doi:10.3760/cma.j.cn112050-20201230-00652.
- [10] Chu H,Huang C,Zhou Z, et al. Inflammatory score predicts early hematoma expansion and poor outcomes in patients with intracerebral hemorrhage[J]. International Journal of Surgery,2023,109(3):266-276.
- [11] Xie H, Ma S, Wang X, et al. Noncontrast computer tomography based radiomics model for predicting intracerebral hemorrhage expansion: preliminary findings and comparison with conventional radiological model[J]. European Radiology,2020,30:87-98,doi:10.1007/s00330-019-06378-3.
- [12] Chen Z F,Zhang L,Carrington A M, et al. Clinical features, non-contrast CT radiomic and radiological signs in models for the prediction of hematoma expansion in intracerebral hemorrhage[J]. Canadian Association of Radiologists Journal,2023,74(4):713-722.
- [13] ZHANG H W,WANG J J,PEI R M, et al. Predictive value of CT plain scan signs for early hematoma expansion in spontaneous intracerebral hemorrhage[J]. Journal of Molecular Imaging,2024,47(8):820-825.
- [14] LONG C Y,CAO Y T,BAO H H. Research progress on different imaging parameters of perifocal edema after intracerebral hemorrhage and clinical prognosis[J]. Radiologic Practice,2024,39(7):971-976.
- [15] WANG H, GUO J L. Establishment of a clinical intelligent diagnosis and treatment prediction model for hemorrhagic stroke based on machine learning[J]. Heilongjiang Science,2024,15(10):129-132.
- [16] Tong L,Sun Y,Zhu Y, et al. Prognostic estimation for acute ischemic stroke patients undergoing mechanical thrombectomy within an extended therapeutic window using an interpretable machine learning model[J]. Frontiers in Neuroinformatics,2023,17:273827,doi:10.3389/fninf.2023.1273827.
- [17] YANG K,BAI Y H,WANG Z, et al. Brain hemorrhage expansion evaluation based on machine learning classification[J]. Journal of Clinical Neurosurgery,2023,20(2):141-145+152.
- [18] CHEN K,SHE H L,WU T, et al. Comparison of 9 machine learning models for predicting early hematoma expansion and poor prognosis in supra-tentorial deep spontaneous intracerebral hemorrhage[J]. Chinese Journal of Anatomy and Clinical Medicine,2022,27(9):601-607.
- [19] Flouris K,Jimenez del Toro O,Aberle C, et al. Assessing radiomics feature stability with simulated CT acquisitions[J]. Scientific Reports,2022,12(1):4732,doi:10.1038/s41598-022-08301-1.

- [20] Litjens G, Kooi T, Bejnordi B E, et al. A survey on deep learning in medical image analysis[J]. *Medical Image Analysis*, 2017, 42: 60-88, doi:10.1016/j.media.2017.07.005.
- [21] Patel A, Schreuder F, Klijn C, et al. Intracerebral haemorrhage segmentation in non-contrast CT[J]. *Scientific Reports*, 2019, 9(1): 17858, doi:10.1038/s41598-019-54491-6.
- [22] Isensee F, Jaeger P F, Kohl S, et al. nnU-net: a self-configuring method for deep learning-based biomedical image segmentation[J]. *Nature Methods*, 2021, 18(2): 203-211.
- [23] Ozkara B B, Chen M M, Federau C, et al. Deep learning for detecting brain metastases on MRI: a systematic review and meta-analysis[J]. *Cancers*, 2023, 15(2): 334, doi:10.3390/cancers/5020334.
- [24] Sekuboyina A, Husseini M E, Bayat A, et al. VerSe: a vertebrae labelling and segmentation benchmark for multi-detector CT images[J]. *Medical Image Analysis*, 2021, 73: 102166, doi:10.1016/j.media.2021.102166.
- [25] Gong W, Beckmann C F, Vedaldi A, et al. Optimising a simple fully convolutional network for accurate brain age prediction in the PAC 2019 challenge[J]. *Frontiers in Psychiatry*, 2021, 12: 627996, doi:10.3389/fpsy.2021.627996.
- [26] Wagner D T, Tilmans L, Peng K, et al. Artificial intelligence in neuroradiology: a review of current topics and competition challenges[J]. *Diagnostics*, 2023, 13(16): 2670, doi:10.3390/diagnostics13162670.
- [27] Bo R, Xiong Z, Huang T, et al. Using radiomics and convolutional neural networks for the prediction of hematoma expansion after intracerebral hemorrhage[J]. *International Journal of General Medicine*, 2023, 3393-3402, doi:10.2147/ijgm.s408725.
- [28] Song W, Zeng X, Abdelmoniem A M, et al. Cross-modality interaction network for medical image fusion[J]. *IEEE Transactions on Consumer Electronics*, 2025, 71(1): 1385-1392.
- [29] Li X, Dou Q, Chen H, et al. 3D multi-scale FCN with random modality voxel dropout learning for intervertebral disc localization and segmentation from multi-modality MR images[J]. *Medical Image Analysis*, 2018, 45: 41-54, doi:10.1016/j.media.2018.01.004.
- [30] Arshad Choudhry I, Iqbal S, Alhussein M, et al. A novel interpretable graph convolutional neural network for multimodal brain tumor segmentation[J]. *Cognitive Computation*, 2025, 17(1): 1-25.
- [31] Sun B, Jia S, Jiang X, et al. Double U-net cycleGAN for 3D mr to ct image synthesis[J]. *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, 2023, 18(1): 149-156.
- [32] Zhu M, Ouyang Q, Wan Y, et al. Remaining useful life prediction of lithium-ion batteries: a hybrid approach of Grey-Markov chain model and improved Gaussian process[J]. *IEEE Journal of Emerging and Selected Topics in Power Electronics*, 2021, 11(1): 143-153.
- [33] CHEN L, HUANG T L. Dynamic reliability prediction method of reinforced concrete bridge components based on Bayesian updating and inverse Gaussian process[J]. *Engineering Mechanics*, 2020, 37(4): 186-195.
- [34] Zhang X, Li L, Zhang X, et al. Gaussian-poisson mixture regression model for defects prediction in steelmaking[J]. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 2024, 246: 105088, doi:10.1016/j.chemolab.2024.105088.
- [35] Pfeifferkorn M, Maiworm M, Findeisen R. Exact multiple-step predictions in gaussian process-based model predictive control: observations, possibilities, and challenges[C]//*American Control Conference (ACC)*, 2022: 2829-2836, doi:10.23919/ACC53348.2022.9867259.
- [36] Hong J, Chun H. A prediction model for healthcare time-series data with a mixture of deep mixed effect models using Gaussian processes[J]. *Biomedical Signal Processing and Control*, 2023, 84: 104753, doi:10.1016/j.bspc.2023.104753.
- [37] Renganathan S A, Maulik R, Ahuja J. Enhanced data efficiency using deep neural networks and Gaussian processes for aerodynamic design optimization[J]. *Aerospace Science and Technology*, 2021, 111: 106522, doi:10.1016/j.ast.2021.106522.

附中文参考文献:

- [1] 中国卒中中心报告 2022 概要[J]. *中国脑血管病杂志*, 2024, 21(8): 565-576.
- [2] 国家卫生健康委员会编. *中国卫生健康统计年鉴 2022*[M]. 北京: 中国协和医科大学出版社, 2022.
- [5] 王 钊, 黄纯海, 李学军, 等. 血肿异质性对血肿扩大的影响及预测评分系统的建立[J]. *中国脑血管病杂志*, 2019, 16(1): 29-35.
- [7] 李建波, 耿 炜, 周 涛, 等. 基于计算机断层血管造影特征的脑出血患者血肿扩大风险的预测模型分析[J]. *实用临床医药杂志*, 2022, 26(8): 17-21 + 26.
- [9] 王 希, 仲 艳, 颜 伟, 等. CT 平扫岛征和黑洞征对原发性脑出血早期血肿扩大的预测价值[C]//第 16 届中国医师协会神经外科医师年会, 2022, doi:10.3760/cma.j.cn112050-20201230-00652.
- [13] 张宏伟, 王娟娟, 裴仁明, 等. CT 平扫征象在自发性脑出血早期血肿扩大的预测价值[J]. *分子影像学杂志*, 2024, 47(8): 820-825.
- [14] 龙昌友, 曹云太, 鲍海华. 脑出血后血肿周围水肿不同影像参数与临床预后的研究进展[J]. *放射学实践*, 2024, 39(7): 971-976.
- [15] 王 恒, 郭俊亮. 基于机器学习的出血性脑卒中临床智能诊疗预测模型的建立[J]. *黑龙江科学*, 2024, 15(10): 129-132.
- [17] 杨 凯, 白映红, 王 智, 等. 基于机器学习的脑出血分型评估血肿扩大[J]. *临床神经外科杂志*, 2023, 20(2): 141-145 + 152.
- [18] 陈 凯, 余华龙, 吴 涛, 等. 9 种机器学习模型预测幕上深部自发性脑出血早期血肿扩张及预后不良的比较[J]. *中华解剖与临床杂志*, 2022, 27(9): 601-607.
- [33] 陈 龙, 黄天立. 基于贝叶斯更新和逆高斯过程的在役钢筋混凝土桥梁构件可靠度动态预测方法[J]. *工程力学*, 2020, 37(4): 186-195.