

# 集成学习模型架构图

## 特征类型:

- ☐ 微生物组 (424维)
- ☐ 代谢组 (212维)
- ☐ 联合特征 (636维)

## Level 0 特点:

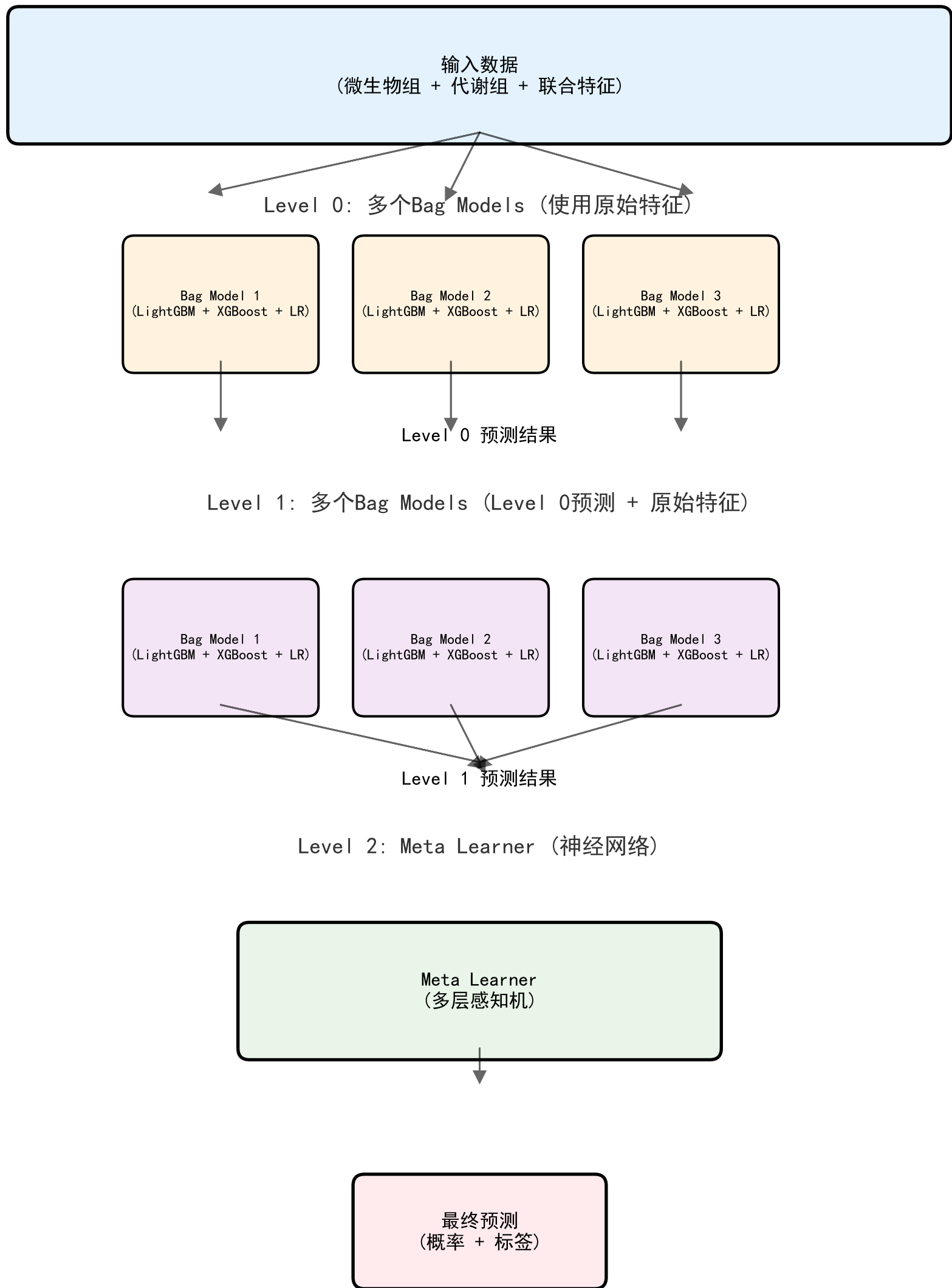
- ☐ 使用原始特征训练
- ☐ 5折交叉验证
- ☐ 生成out-of-fold预测

## Level 1 特点:

- ☐ 使用Level 0预测+原始特征
- ☐ 5折交叉验证
- ☐ 生成out-of-fold预测

## Level 2 特点:

- ☐ 使用Level 1预测训练
- ☐ 神经网络架构
- ☐ 超参数优化



## 外部预测集:

- ☐ 19个样本
- ☐ 健康对照: 10个
- ☐ 口腔鳞癌: 9个
- ☐ 完全独立于训练集

## 评估指标:

- ☐ F1分数 (主要指标)
- ☐ AUC
- ☐ 准确率
- ☐ 精确率/召回率
- ☐ 特异性

## 技术细节:

- ☐ 分层交叉验证
- ☐ 超参数优化 (Optuna)
- ☐ 早停机制
- ☐ 模型持久化

## 模型性能:

- ☐ 训练集F1: 0.95
- ☐ 训练集AUC: 0.99
- ☐ 外部预测F1: 0.89
- ☐ 外部预测AUC: 0.94

## 数据统计:

- ☐ 训练样本: 231个
- ☐ 特征总数: 636维
- ☐ 交叉验证: 5折
- ☐ 模型数量: 9个