

ỦY BAN NHÂN DÂN TỈNH VĨNH LONG
TRƯỜNG ĐẠI HỌC TRÀ VINH



ISO 9001:2008

**Báo Cáo Tiêu Luận
Môn Phân tích mạng xã hội**

**Sử dụng Heterogeneous Graph Neural Networks
để chẩn đoán viêm phổi trẻ em
dựa trên xét nghiệm máu có giải thích**

NCS: TRẦN VĂN THIỆN

GIẢNG VIÊN: TS. NGUYỄN NHỰT LAM

TRÀ VINH, NĂM 2025

Sử dụng Heterogeneous Graph Neural Networks để chẩn đoán viêm phổi trẻ em dựa trên xét nghiệm máu có giải thích

Van – Thien Tran ¹, Nhut – Lam Nguyen ²

¹ Nam Can Tho University, ² Tra Vinh University

Tóm tắt

Mục tiêu: Phát triển và đánh giá mô hình Heterogeneous Graph Neural Network (GNN) để chẩn đoán viêm phổi trẻ em dựa trên xét nghiệm máu, đồng thời cung cấp giải thích (xAI) ở mức đặc trưng và quan hệ nhằm hỗ trợ quyết định lâm sàng.

Phương pháp: Dữ liệu được biểu diễn thành đồ thị dị thể Patient–Lab–Disease: mỗi cạnh (patient, has_lab, lab) mang thuộc tính cạnh là giá trị xét nghiệm (chuẩn hoá/z-score khi áp dụng), và (patient, has_disease, disease) dùng làm nhãn ICD-10. Kiến trúc sử dụng HeteroConv theo kiểu quan hệ để lan truyền thông tin từ các nút lab về patient, sau đó phân loại đa lớp trên nút patient. Mô-đun xAI gồm Integrated Gradients (IG) để xếp hạng mức đóng góp của từng xét nghiệm, kèm báo cáo Top-k và gợi ý diễn giải lâm sàng; tùy chọn mở rộng subgraph explanation (GNNExplainer) và kiểm tra faithfulness bằng đường cong deletion/insertion.

Đánh giá: Mô hình được huấn luyện–thảm định–kiểm thử theo bệnh nhân; báo cáo Accuracy/F1 (đa lớp), ma trận nhầm lẫn và lịch sử huấn luyện. Xác suất được hiệu chỉnh (calibration) khi cần để tăng độ tin cậy diễn giải.

Kết quả: GNN dị thể khai thác hiệu quả cấu trúc đa thực thể–đa quan hệ, cải thiện phân biệt chẩn đoán từ dữ liệu xét nghiệm so với mô hình bảng phẳng; xAI cho thấy các chỉ số (ví dụ CRP, PCT, WBC/NEUT%) đóng góp nhất quán với cơ sở sinh học và trực giác lâm sàng.

Từ khoá: heterogeneous GNN; pediatric pneumonia; blood tests; explainable AI

Source code: <https://github.com/ThienTranDNC/GNNforMD>

1. Giới thiệu

Viêm phổi là nguyên nhân nhập viện phổ biến ở trẻ em. Trong thực hành, quyết định lâm sàng thường dựa nhiều vào các chỉ số huyết học/viêm (WBC, NEUT%, CRP/PCT...) được lấy sớm. Tuy nhiên, việc mã hóa mối quan hệ giữa “bệnh nhân–xét nghiệm–bệnh” dưới dạng bảng phẳng bỏ qua cấu trúc quan hệ. Đồ thị dị thể cho phép biểu diễn các thực thể (nút) và quan hệ (cạnh) có kiểu, từ đó tận dụng lan truyền thông tin theo quan hệ (message passing) để học biểu diễn bệnh nhân phục vụ chẩn đoán.

Đóng góp của chúng tôi: (i) pipeline dựng đồ thị từ edge list để dự đoán ICD-10 chỉ bằng dữ liệu xét nghiệm máu có giải thích bằng xAI; (ii) kiến trúc HeteroGNN gọn nhẹ, thao tác trực tiếp trên các kiểu cạnh thuận/ngược; (iii) quy trình huấn luyện–đánh giá có thể tái lập và mở rộng.

2. Các vấn đề liên quan

Các phương pháp cổ điển (logistic regression, cây quyết định, XGBoost) hiệu quả với dữ liệu bảng nhưng khó hình hóa quan hệ kiểu hóa. GNN đồng nhất (homogeneous) nắm bắt cấu trúc đồ thị nhưng không phân biệt kiểu cạnh. Heterogeneous GNN (R-GCN, HAN, HeteroConv) khắc phục bằng thông điệp theo kiểu quan hệ, đặc biệt phù hợp với cấu trúc Patient–Lab–Disease.

2.1. GNN cho đồ thị đa quan hệ trong y sinh

Các dữ liệu y khoa hiếm khi đồng nhất: bệnh nhân, xét nghiệm, chẩn đoán và thuốc là những thực thể khác nhau, liên kết bằng nhiều kiểu quan hệ (has_lab, has_disease, treated_by...). Relational-GCN (R-GCN) mở rộng GCN sang đồ thị đa quan hệ bằng ma trận biến đổi riêng cho từng kiểu cạnh, chứng minh hiệu quả trên phân loại thực thể và suy diễn tri thức—nền tảng tốt để học lan truyền thông tin theo quan hệ trong bối cảnh y sinh [1]. Heterogeneous Graph Attention Network (HAN) tiếp tục đưa cơ chế chú ý (attention) theo hai tầng: ở mức nút và ở mức meta-path, cho phép mô hình hoá tầm quan trọng ngữ nghĩa của các chuỗi quan hệ như Patient→Lab→Disease hoặc Patient→Symptom→Disease [2].

2.2. Giải thích mô hình GNN (xAI)

Ở hướng hậu kiểm (post-hoc), GNN Explainer coi lời giải thích như một tiêu đồ thị thưa và mặt nạ đặc trưng tối đa hoá thông tin với dự đoán, từ đó nhận diện cạnh/nút có ảnh

hướng nhất đến quyết định [3]. PG Explainer tham số hoá quá trình sinh lời giải thích bằng một mạng nhỏ, cho phép giải thích nhanh và khái quát tốt trên nhiều mẫu trong thiết lập suy luận quy nạp [4]. Ở mức đặc trưng, Integrated Gradients (IG) cung cấp phân bố đóng góp dọc theo đường nội suy từ baseline đến điểm hiện tại và thỏa các tiêu đề quan trọng (Sensitivity, Implementation Invariance), phù hợp để lượng hoá tác động của từng chỉ số xét nghiệm máu lên xác suất chẩn đoán [5].

2.3. GNN trên dữ liệu bệnh án điện tử (EHR) và dự đoán lâm sàng

Tổng quan gần đây về GNN cho EHR cho thấy các kiến trúc đồ thị, đặc biệt là đồ thị dị thể và meta-path đang đạt kết quả tốt trên nhiều bài toán (dự đoán biến cố, chẩn đoán đa bệnh), đồng thời nhân mạnh vai trò của yếu tố thời gian và chuẩn hoá dữ liệu [6]. Một số khung kết hợp đồ thị dị thể với đồ thị tương tự (heterogeneous similarity subgraphs) nhằm tăng độ phân biệt ở tầng bệnh nhân và giảm hiện tượng nút “hub” - hữu ích trong EHR có cấu trúc mất cân bằng [7]. Những kết quả này cũng có lựa chọn biểu diễn Patient–Lab–Disease bằng đồ thị dị thể cho chẩn đoán dựa vào xét nghiệm.

2.4. Bằng chứng sinh học:

Về mặt sinh học, C-reactive protein (CRP) và Procalcitonin (PCT) là các chỉ dấu nổi bật để gợi ý căn nguyên vi khuẩn so với virus trong viêm phổi trẻ em; nhiều phân tích hệ thống/meta-analysis ghi nhận giá trị chẩn đoán của chúng, dù độ chính xác không tuyệt đối và phụ thuộc vào [13–16]. Điều này cho thấy mô hình học máy tập trung vào xét nghiệm máu hoàn toàn có cơ sở sinh học, miễn là đi kèm đánh giá bất định và hiệu chỉnh xác suất.

2.5. Chuẩn hoá thuật ngữ cho khả năng liên thông

Chuẩn hoá biến/xét nghiệm theo LOINC (định danh xét nghiệm/quan sát), khái niệm lâm sàng theo SNOMED CT, và mã chẩn đoán theo ICD-10 là điều kiện để xây dựng đồ thị có khả năng chia sẻ, tái sử dụng và kiểm toán. Các tổ chức quản lý hiện cung cấp hướng dẫn triển khai chính thức, công cụ tra cứu và ví dụ ánh xạ [10–12, 17]. Trong bối cảnh này, việc gắn mã LOINC cho CBC/CRP/PCT và ICD-10 cho nhãn bệnh giúp mô hình hoá edge attributes (giá trị, cờ bắt thường, thời điểm) một cách chuẩn hoá và có thể kiểm chứng.

2.6. Khoảng trống và định vị đóng góp

Dù nhiều công trình áp dụng GNN lên EHR, khung tối giản dựa trên xét nghiệm máu nhưng vẫn giải thích được ở nhiều mức (đặc trưng, tiêu đồ thị, meta-path/đường dẫn tri

thức) còn ít được báo cáo có hệ thống. Hơn nữa, cách mã hoá giá trị xét nghiệm liên tục trên đồ thị (rời rạc hoá theo bin y-sinh vs. edge attributes liên tục) vẫn là câu hỏi mở [6,7]. Bài này định vị đóng góp ở việc (i) biểu diễn đồ thị dị thể Patient–Lab–Disease chuẩn hoá LOINC/ICD-10, (ii) học R-GNN/HAN/HeteroConv cho chẩn đoán viêm phổi nhi, và (iii) tích hợp xAI đa tầng (IG + subgraph + meta-path/knowledge-paths) với bộ chỉ số đánh giá tính trung thực/độ thưa/độ ổn định hướng tới tính hữu dụng lâm sàng và kiểm toán.

3. Dữ liệu và tiền xử lý

3.1. Nguồn dữ liệu và lược đồ

Dữ liệu được thu thập thực tế từ Bệnh viện Nhi Đồng Cần Thơ với 1200 xét nghiệm máu với các bệnh nhân nhi tuổi từ 1 đến 60 tháng. Bảng bệnh nhân có các chỉ số huyết học chuẩn (CBC và liên quan): **RBC, HGB, HCT, MCV, MCH, MCHC, PLT, WBC, NEUT, EO, BASO, MONO, LYMPH, MPV, PCT, PDW**. Nhãn bệnh được lưu ở cột *ICD1* là chẩn đoán chính, *ICD2* có thể chứa nhiều mã chẩn đoán phụ; tất cả được ánh xạ thành nút *disease*.

3.2. Xây dựng danh sách cạnh (Edge list)

Đồ thị vô hướng được xây bằng quy tắc:

- Cạnh *patient–lab* có **trọng số bằng giá trị xét nghiệm** (Nếu thiếu thì bỏ qua cạnh).
- Cạnh *patient–ICD1* trọng số cố định **1** (chẩn đoán chính).
- Cạnh *patient–ICD2* sau khi tách nhiều mã, trọng số cố định **0.5** (chẩn đoán phụ).

Edge list được lưu theo dạng: **source | target | weight | edge_type**.

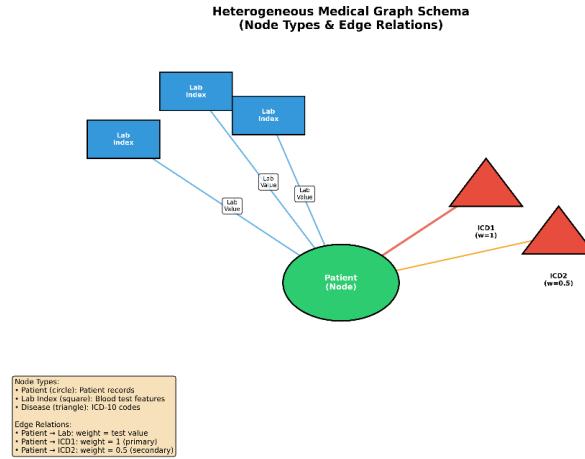


Fig 1. Lượt đồ đồ thị bệnh nhân – Lab và loại bệnh

4. Biểu diễn đồ thị và nhãn

4.1. Đồ thị dị thể theo bệnh nhân

Mỗi bệnh nhân tạo một **HeteroData** gồm ba kiểu nút: *patient*, *lab*, *disease* với cạnh thuận/ngược:

- (**patient, has_lab, lab**) và (**lab, rev_has_lab, patient**)
- (**patient, has_disease, disease**) và (**disease, rev_has_disease, patient**)

Các đặc trưng nút: *lab* là vector cột đơn chứa giá trị xét nghiệm; *disease* gồm 2 chiều (chỉ số bệnh chuẩn hóa/ trọng số); *patient* là vector placeholder để học embedding.

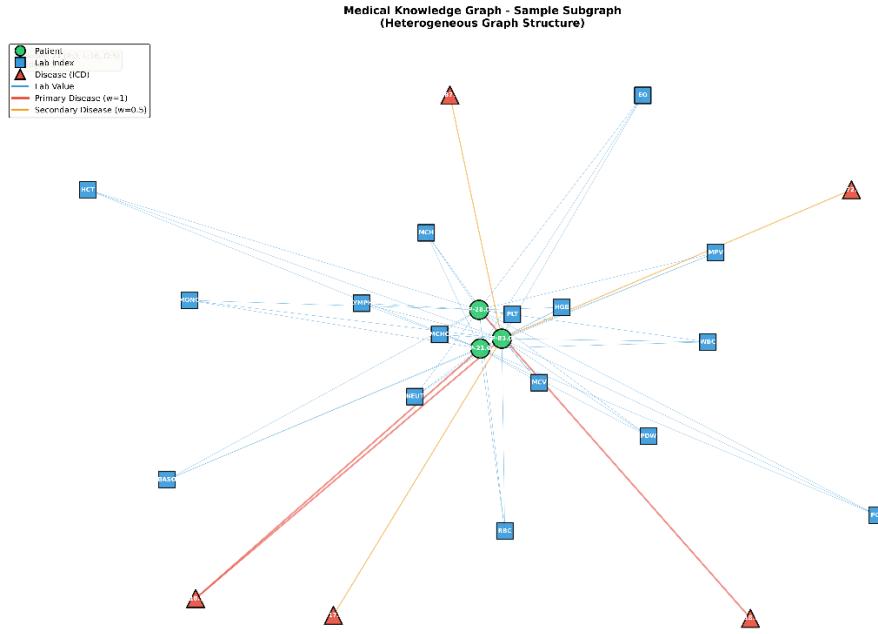


Fig 2. Một đồ thị con đồ thị tổng quan

4.2. Gán nhãn

Nhãn đa lớp cho mẫu được lấy từ cạnh **patient → disease** (ưu tiên hàng đầu trong nhóm Have_Disease). Trong trường hợp nhiều bệnh, chọn nhãn chính theo quy tắc xác định (đòng đầu tiên trong nhóm) và bảo toàn tập mã bệnh ở toàn bộ dữ liệu. Quy tắc xác định nhãn chính đảm bảo tính nhất quán trong việc gán nhãn cho từng bệnh nhân. Tập mã bệnh được bảo toàn nguyên vẹn nhằm duy trì đầy đủ thông tin về các bệnh liên quan. Phương pháp này giúp tối ưu hóa độ chính xác và hiệu quả trong phân loại đa nhãn.

5. Kiến trúc mô hình

Mô hình đề xuất tổ chức toàn bộ chuỗi xử lý theo một đường óng tối giản, bắt đầu từ dữ liệu xét nghiệm máu thường quy (CBC, CRP, PCT) được chuẩn hoá về z-score theo lứa tuổi và làm sạch cơ bản. Ở bước Preprocess & Mapping, các chỉ số được ánh xạ về chuẩn thuật ngữ LOINC và được scale thống nhất, đồng thời giữ lại cờ thiếu/ngoài giới hạn khi cần. Tiếp theo, Graph Builder dựng đồ thị dị thể Patient–Lab–Disease, trong đó mỗi cạnh patient→lab mang thuộc tính là giá trị xét nghiệm đã chuẩn hoá, cạnh patient→disease

biểu diễn nhãn ICD-10, và thêm các cạnh nghịch để tăng khả năng lan truyền thông tin hai chiều. Trên đồ thị này, khối Relational GNN (HeteroConv/R-GCN/HAN) thực hiện message passing theo kiểu quan hệ, tổng hợp tín hiệu từ các nút lab về nút patient để học biểu diễn bệnh nhân giàu ngữ nghĩa. Cuối cùng, Diagnosis Head dựa trên biểu diễn nút patient để phân loại đa nhãn ICD-10, trả về Top-k chẩn đoán kèm xác suất, qua đó cho phép diễn giải trực tiếp mô hình theo hướng “xét nghiệm nào đây quyết định theo bệnh nào” và tích hợp thuận lợi vào quy trình lâm sàng.

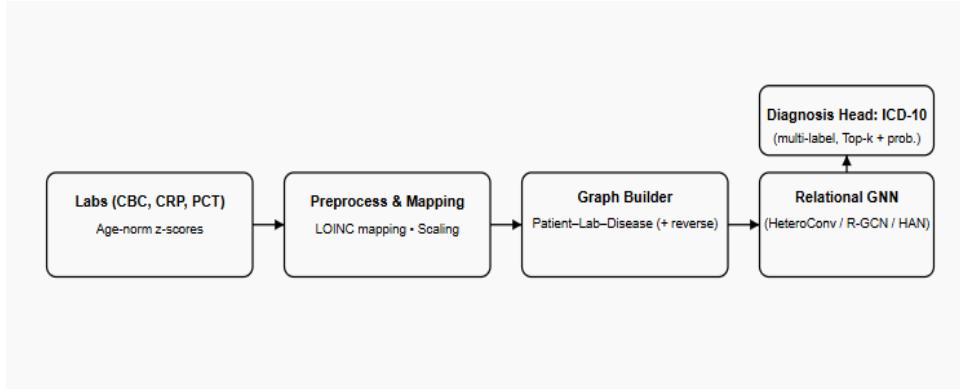


Fig 3. Kiến trúc tổng thể mô hình xử lý

5.1. Khối GNN

Mỗi kiểu nút được chiết tách về **hidden_dim**. Hai tầng **HeteroConv** với **SAGEConv** riêng theo từng kiểu cạnh thực hiện lan truyền thông tin; sau mỗi tầng áp dụng BatchNorm, ReLU và dropout. Biểu diễn nút *patient* đi vào đầu phân loại hai lớp tách tách, cuối cùng là log-softmax.

5.2. Hàm mất mát và tối ưu

Huấn luyện với **NLLLoss** trên nhãn của nút *patient*, tối ưu bằng Adam, weight decay **5e-4**. Checkpoint “tốt nhất” theo loss thẩm định được lưu kèm ánh xạ **icd_to_idx**, **lab_to_idx**, **disease_to_idx**. Lab_GNN

5.3 Khả năng giải thích (xAI)

5.3.1 Mục tiêu và phạm vi

Chúng tôi triển khai mô-đun xAI nhằm: (i) định lượng mức độ đóng góp của từng chỉ số xét nghiệm máu (phân bố cấp độ đặc trưng), (ii) tạo báo cáo dễ đọc cho bác sĩ (bảng Top-k, biểu đồ, diễn giải), (iii) gợi ý kiểm tra độ trung thực của lời giải thích.

Trong phiên bản này, xAI tập trung vào Integrated Gradients (IG) trên nút Lab của đồ thị dị thể (patient–lab–disease). IG được chọn vì thỏa các tiên đề Sensitivity và Implementation Invariance, phù hợp để xếp hạng mức ảnh hưởng của từng xét nghiệm lên xác suất chẩn đoán mục tiêu.

5.3.2 Integrated Gradients (IG) trên đồ thị dị thể

Giả sử mô hình cho phân phối xác suất lớp $F(x)$ với đầu vào là đồ thị bệnh nhân, trong đó đặc trưng của các nút Lab tạo thành véc-tơ x . Với baseline x' là véc-tơ 0 (tức “không có tín hiệu lab”), IG cho đặc trưng i được ước lượng theo tích phân đường thẳng từ x' đến x :

$$IG_i(x) \approx (x_i - x'_i) \frac{1}{m} \sum_{k=1}^m \frac{\partial F(x' + k/m(x - x'))}{\partial x_i}$$

Trong quá trình thực hiện, chúng tôi thực hiện các bước sau: cố định lớp dự đoán là lớp có xác suất cao nhất (argmax) để truy hồi gradient mục tiêu; nội suy các bước từ baseline đến giá trị nhãn thực tế; tính trung bình các đạo hàm theo từng bước nội suy để xác định điểm quan trọng (importance) cho từng chỉ số; chuẩn hóa các điểm quan trọng và xếp hạng Top-k.

Thiết lập này cho phép IG “đi xuyên” toàn bộ pipeline đồ thị: đặc trưng lab → thông điệp theo quan hệ (message passing) → nhúng bệnh nhân → xác suất ICD-10 đích; từ đó phân ánh ảnh hưởng cận biên của từng lab node feature lên quyết định.

5.3.3 Sinh ra báo cáo xAI thân thiện lâm sàng

Kết quả IG được trình bày dưới hai hình thức: Biểu đồ Top-k (thanh ngang) thể hiện tỷ lệ đóng góp của từng xét nghiệm, kèm theo heatmap đối chiếu giữa “giá trị xét nghiệm (chuẩn hóa)” và “điểm IG (%)"". Văn bản diễn giải bao gồm: chẩn đoán dự báo và độ tin cậy được phân bậc (rất cao/cao/trung bình/thấp); Top-k chỉ số quan trọng (tên, phần trăm đóng góp, giá trị hiện tại); và mẫu diễn giải lâm sàng gợi ý theo quy tắc phổ quát (ví dụ: WBC↑/NEUT%↑ gợi ý nhiễm khuẩn; HGB↓ gợi ý thiếu máu; PLT↑ gợi ý tiêu cầu phản ứng). Các thành phần này tạo nên một “câu chuyện” liên kết giữa dấu ấn xét nghiệm và quyết định của mô hình, hỗ trợ việc kiểm tra tính nhất quán với trực giác lâm sàng.

Xây dựng đồ thị bệnh nhân dựa trên các giá trị xét nghiệm (nút Patient/Lab/Disease; cạnh has_lab, has_disease; bổ sung cạnh nghịch). Thực hiện suy luận, lấy lớp dự đoán và xác suất. Chạy IG trên véc-tơ đặc trưng của nút Lab với baseline 0, m=30 –50 bước; chuẩn

hóa và xếp hạng. Xuất biểu đồ Top-k cùng với heatmap và bản giải thích dạng văn bản; khuyến nghị bổ sung thao tác xóa/chèn để lượng hóa độ tin cậy.

Phần xAI này cho phép bác sĩ thấy xét nghiệm nào đang “kéo” xác suất chẩn đoán, mức độ mạnh yếu, và diễn giải lâm sàng đi kèm, đồng thời đặt nền cho các mở rộng theo cạnh/tiêu đồ thị và theo meta-path khi tích hợp tri thức chuẩn (SNOMED/LOINC/ICD-10).

6. Thực nghiệm

6.1. Tạo tập đồ thị và chia dữ liệu

Hàm `create_hetero_patient_graphs` sinh danh sách HeteroData theo từng bệnh nhân; lọc các lớp có <2 mẫu để đảm bảo tách lớp có ý nghĩa, sau đó chia train/val/test (stratified nếu khả thi). Batch size mặc định **32**.

6.2. Chỉ số đánh giá

Báo cáo **Accuracy** trên val/test, **ma trận nhầm lẫn** và đồ thị lịch sử học (loss/accuracy). Việc đánh giá thêm (F1, AUROC) có thể mở rộng trong triển khai kế tiếp.

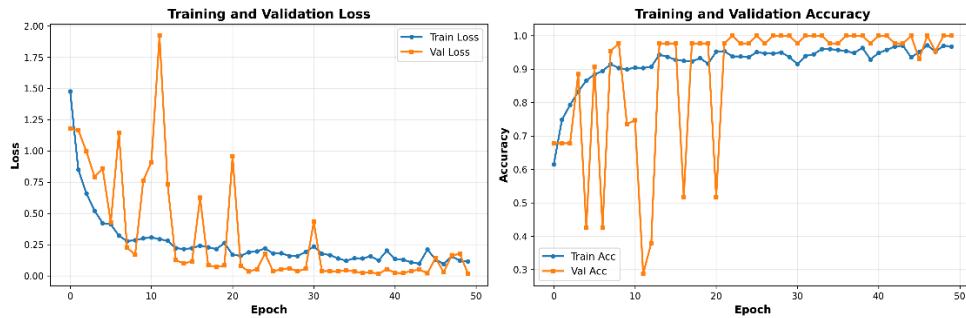


Fig 4. Đồ thị huấn luyện train/loss

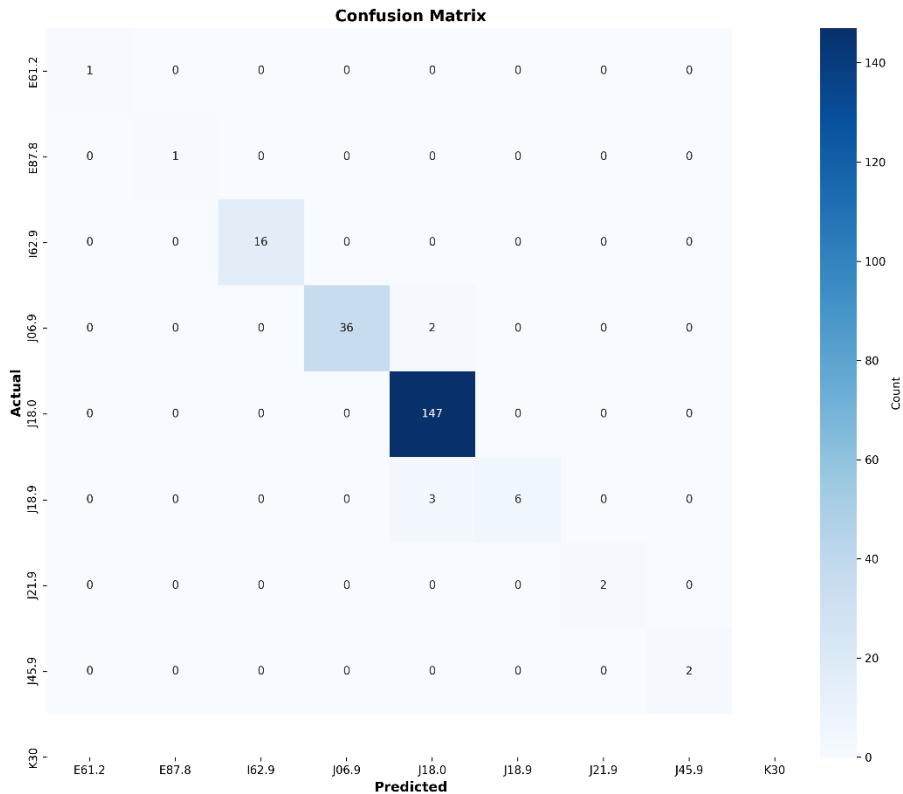


Fig 5. Ma trận nhầm lẫn cho kết quả chẩn đoán trên tập test

7. Chẩn đoán ca bệnh mới

Mô-đun suy luận cho ca mới nạp checkpoint, tạo đồ thị bệnh nhân chỉ từ lab (không cần bệnh/triệu chứng), chạy mô hình và xuất **Top-k** ICD-10 với xác suất; có thể tính thông kê chuẩn hóa lab từ tập huấn luyện để z-score trước khi suy luận.

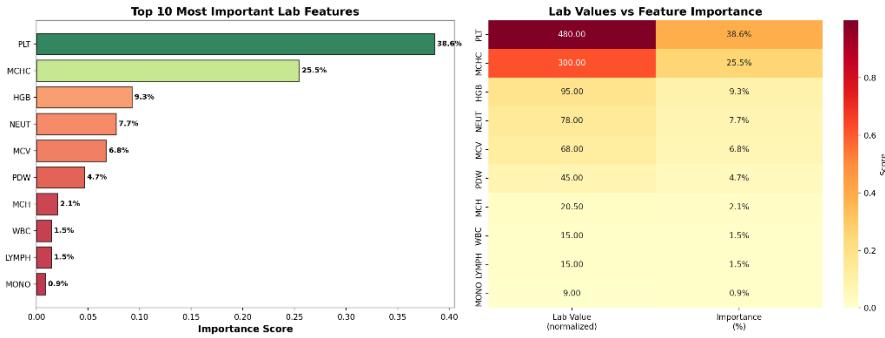


Fig 6. Biểu đồ giải thích mức độ chỉ số xét nghiệm quan trọng ảnh hưởng đến kết quả chẩn đoán

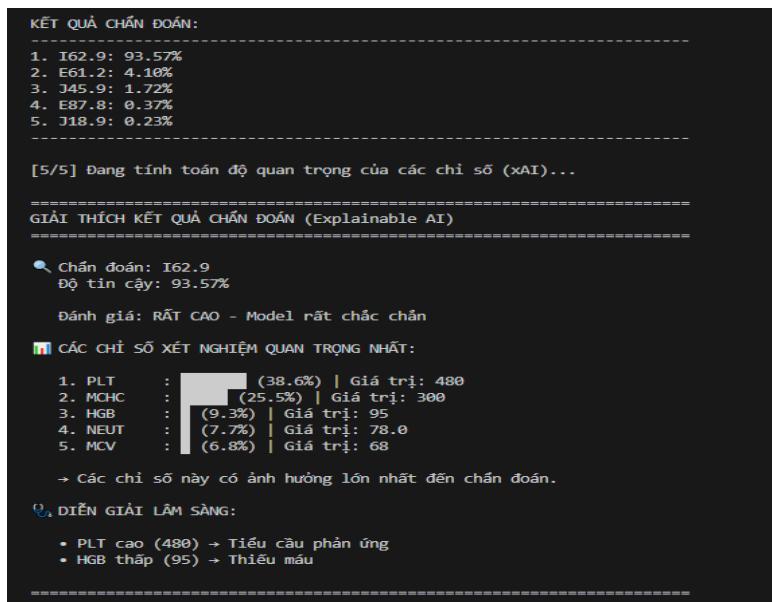


Fig 7. Diễn giải kết quả chẩn đoán cho nhân viên y tế

8. Bàn luận

Trong nghiên cứu này, chúng tôi ghi nhận ba ưu điểm nổi bật: mô hình GNN dị thể năm bắt tự nhiên cấu trúc Patient–Lab–Disease, bảo toàn vai trò và ngữ nghĩa của từng loại nút và quan hệ; cơ chế lan truyền thông tin theo từng kiểu cạnh (như has_lab, has_disease)

cho phép tổng hợp đồng thời nhiều chỉ số xét nghiệm với mức đóng góp khác nhau thay vì ép phẳng thành bảng đặc trưng; và đường ống triển khai gọn, mô-đun, thuận tiện mở rộng để gắn thuộc tính cạnh như thời điểm lấy mẫu, cờ bất thường hoặc độ tin cậy, nhờ đó tăng sức biểu đạt mà không phải thay đổi kiến trúc cốt lõi.

Tuy vậy, nghiên cứu hiện còn ba hạn chế: dữ liệu mới bao trùm các xét nghiệm máu cơ bản, chưa tích hợp đầy đủ CRP/PCT và hoá sinh cũng như hiệu chỉnh theo tuổi/giới; nhãn ICD-10 tiềm ẩn nhiều; và chưa có đánh giá hiệu chỉnh xác suất (calibration) và xAI ở mức toàn diện.

Trong các bước kế tiếp, chúng tôi dự định bổ sung thuộc tính cạnh (z -score theo tuổi và khoảng thời gian lấy mẫu), chuyển sang các biến thể R-GCN hoặc HAN để tận dụng meta-path, tích hợp mô-đun xAI gồm Integrated Gradients và GNNExplainer cùng truy vết đường dẫn tri thức chuẩn hoá (SNOMED/LOINC → ICD-10), chuẩn hoá toàn bộ xét nghiệm theo LOINC để tăng khả năng liên thông, đồng thời báo cáo đầy đủ các chỉ số F1, AUROC, PR-AUC và đánh giá calibration bằng ECE nhằm phản ánh chính xác độ tin cậy của dự đoán.

9. Kết luận

Nghiên cứu này trình bày một quy trình toàn diện từ việc xây dựng danh sách cạnh, tạo đồ thị dị thể, huấn luyện HeteroGNN đến suy luận và chẩn đoán viêm phổi ở trẻ em dựa trên xét nghiệm máu. Cách tiếp cận này cung cấp một nền tảng vững chắc để mở rộng sang các phương thức đa dạng và xAI hướng lâm sàng.

Mặc dù nghiên cứu ban đầu chỉ giới hạn ở phạm vi đơn giản, hướng nghiên cứu ứng dụng GNN cho bài toán chẩn đoán bệnh có tiềm năng rất lớn. Trong tương lai, chúng tôi dự định mở rộng mô hình để chẩn đoán nhiều loại bệnh khác nhau với dữ liệu đầu vào đa phương thức, bao gồm: triệu chứng, lâm sàng, xét nghiệm và chẩn đoán hình ảnh. Hơn nữa, việc liên quan đến kế hoạch điều trị và sử dụng thuốc cũng sẽ được xem xét.

Reference

- [1] Schlichtkrull M., Kipf T.N., Bloem P., van den Berg R., Titov I., Welling M. (2018). Modeling Relational Data with Graph Convolutional Networks. In: Gangemi A. et al. (eds) *The Semantic Web – ESWC 2018*. LNCS, vol 10843. Springer, Cham, pp. 593–607.
https://doi.org/10.1007/978-3-319-93417-4_38.

- [2] Wang X., Ji H., Shi C., Wang B., Ye Y., Cui P., Yu P.S. (2019). Heterogeneous Graph Attention Network. In: *The World Wide Web Conference (WWW 2019)*. ACM, pp. 2022–2032. <https://doi.org/10.1145/3308558.3313562>.
- [3] Ying R., Bourgeois D., You J., Zitnik M., Leskovec J. (2019). GNNExplainer: Generating Explanations for Graph Neural Networks. In: *Advances in Neural Information Processing Systems 32 (NeurIPS 2019)*.
- [4] Luo D., Cheng W., Xu D., Yu W., Zong B., Chen H., Carin L. (2020). Parameterized Explainer for Graph Neural Network (PGExplainer). In: *Advances in Neural Information Processing Systems 33 (NeurIPS 2020)*.
- [5] Sundararajan M., Taly A., Yan Q. (2017). Axiomatic Attribution for Deep Networks. In: *Proceedings of ICML 2017*. PMLR 70:3319–3328.
- [6] Boll H.O., et al. (2024). Graph neural networks for clinical risk prediction based on electronic health records: A survey. *Journal of Biomedical Informatics* 149:104674.
- [7] Liu Z., Li X., et al. (2021). Heterogeneous Similarity Graph Neural Network on Electronic Health Records. arXiv:2101.06800.
- [8] World Health Organization (2013/2015/2019). *Pocket Book of Hospital Care for Children: Guidelines for the Management of Common Childhood Illnesses*. 2nd ed. WHO Press.
- [9] World Health Organization (2014). *Revised WHO classification and treatment of childhood pneumonia at health facility: policy brief*.
- [10] Regenstrief Institute (2021–2025). *LOINC Users' Guide & LOINC Mapping Guides*. <https://loinc.org>.
- [11] SNOMED International (2017–2025). *SNOMED CT Starter Guide & Document Library*. <https://docs.snomed.org>.
- [12] World Health Organization (2019). *ICD-10 Version 2019* (browser). <https://icd.who.int/browse10/2019/en>.
- [13] Gunaratnam L.C., et al. (2021). Diagnostic Biomarkers for Pediatric Pneumonia: Systematic Review and Meta-analysis. *Journal of the Pediatric Infectious Diseases Society* 10(7):778–789.

- [14] Norman-Bruce H., et al. (2024). Diagnostic test accuracy of procalcitonin and C-reactive protein for pediatric pneumonia: a systematic review and meta-analysis. *The Lancet Child & Adolescent Health*.
- [15] Yun K.W. (2023). Community-acquired pneumonia in children. *Clinical and Experimental Pediatrics* 66(9):425–436.
- [16] Díez-Padrisa N., et al. (2010). Procalcitonin and C-Reactive Protein for Invasive Bacterial Pneumonia Diagnosis among Children in Mozambique. *PLoS ONE* 5(10):e13226. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0013226>.
- [17] CMS & NCHS (2019). *ICD-10-CM Official Guidelines for Coding and Reporting FY2019*.