### 【图例】

SHY：宋浩宇的内容

TRY：唐瑞阳的内容

ZZZ：张宗卓的内容

## 【正文】

SHY：大家好，我是宋浩宇，旁边是唐瑞阳、张宗卓。今天我们带来的项目是 Ferrv—— 基于时序分类算法的血液样品阳性判别模型，接下来我会先介绍背景与意义，宗卓讲核心工作，瑞阳分享已有积累。

#### 1.1 问题背景

SHY：首先是背景信息部分，我们的核心任务，是给血培养仪做 “智能判阳”。血培养仪（Blood Culture Instrument）是用于检验血液样本中有无细菌存在的一种微生物检测仪器，属于Ⅱ类微生物培养监测仪器。血培养仪对于快速检测患者血液中是否有细菌生长以明确诊断有十分重要的作用，是临床有效治疗的关键环节之一。特别是对于感染初期或抗生素治疗后的患者，血液样品的阴阳性是诊断的重要依据。准确、快速地检测出血液的阴阳性对感染性疾病的诊断和治疗具有极为重要的意义。在实际的血培养仪设备中，从培养基中获取的信息都是以一定时间为分隔的序列化数据，通常来说，值的大小、维度和范围与设备供应商的实现方案有关，但不同的器械对于同一个样本测得的数据在变化趋势上差别不大。有以上信息之后，可以做出初步判断：由测得的序列化数据判定样品的阴阳性可以对应到人工智能领域中的时间序列分类（Time Series Classification）问题。

#### **1.2 研究领域现状**

SHY：经过我们的调研，目前相关研究进展如下：内容已在PPT中给出，时间原因不在赘述。(见附录1)总之这些已有的工作可以证明我们要做的事情是有较高可行性的。

SHY：在临床实践中，报阳准确率与报阳时间已成为衡量血培养仪性能的核心指标。国际顶尖产品虽可达 98.4% 的报阳准确率，却价格高昂；而国内产品为保持准确率，通常结果要在48-72小时后才能得出，效率落后。更关键的是，我们经过调研和与珠海美华医疗科技有限公司血培养仪系列产品研发负责人交谈确认，人工智能技术还没被用于这类仪器研发，这是个空白领域。

#### 2.1 研究内容

ZZZ：接下来由我介绍我们的主要工作内容。我们项目的旨在探索并研究一种创新性的时序分类模型。该模型应具备轻量化架构，确保部署成本低廉，同时兼具高可解释性和高鲁棒性。在理想状态下，模型的判断结果应主要依据单个序列数据随时间变化的趋势。此外，需在通用方法的基础上，针对本项目特定的应用场景进行优化。最终，项目成果需在48小时内的报阳准确率方面超越传统方法，并显著缩短平均报阳时间，从而实现对现有技术的突破和提升。同时，我们提出的方法还要具有一定的普适性，对于实际生产器械这种成本受限、算力受限，传感器数据精度范围难以控制的场景都能表现出较好的性能，我们计划不止改进血培养仪，未来还要得到改进其他器械的方案。为此我们主要要解决以下四个问题：一、适应实际临床环境中数据差异和突变情况的时序分类方法的问题。二、嵌入式低算力环境下模型性能和资源占用的平衡问题。三、血液样品分析的性能优化问题。四、临床血培养仪器数据的规范化处理和数据集制作问题。并且为了适应更多的情况，我们可能还需要设计一个使用联邦学习方法的在线学习算法，来达到让模型可以持续改进的目的——这就是后话了。

#### 3.1 研究基础

TRY：接下来我来介绍一下我们已有的工作积累以及思考和准备。首先，我们已经有了较为完整的数据集。到做这个PPT为止，已经完成了训练数据的收集和部分预处理，包括敏感信息抹除、错误数据剔除等，已有数据为来自15家医院的55669个血液样本共36673910次采样的时序数据，并且我们在阿里云上部署了一个SQL Server服务，还在持续收集新数据。其次，我们已与企业初步完成合作商讨。到目前为止，已与珠海美华医疗科技有限公司血培养仪研发负责人商讨了部分合作事宜，包括数据所有权，成果发布约束、归属，预计工期安排等问题。最后，我们还为我们的工作设计了初步的研究方法、技术路线和实验手段（见附录2）由于时间关系此处也不在赘述了。

#### 4.1 研究意义

SHY：在医疗器械领域，血培养仪作为精准医疗的重要环节，其技术发展具有重要意义。目前，人工智能技术在血培养仪这类产品的应用尚属空白，本项目的开展，有望填补这一领域的空缺，为人工智能在医疗器械领域的深度融入与器械性能的提升提供新的可能性。对于血液感染患者而言，诊断的时效性对预后具有关键影响，及时和准确的报阳至关重要。本项目聚焦于改进判阳方法，致力于缩短报阳时间，提高报阳准确率，这不仅是技术层面的突破，更是对患者生命健康的敬畏。对于我们来说，我们做的工作哪怕只能多救一个人，只能让一个患者少经受一些痛苦，我们也觉得值得。

#### 4.2 必要说明

SHY：最后叠个甲，我们使用的数据都是抹去了身份信息和来源信息的匿名数据，不会对任何医院或患者的隐私信息造成非法侵害，且我们已于合作企业洽谈，也不会侵犯其任何知识产权。（见附录3）

#### 【参考文献（放进PPT）】

1. 丛玉隆,黄柏兴,霍子凌.临床检验装备大全:仪器与设备[J].科学出版社, 2015.
2. Gonzalez MD, Chao T, Pettengill MA. Modern Blood Culture: Management Decisions and Method Options. Clin Lab Med. 2020 Dec;40(4):379-392. doi: 10.1016/j.cll.2020.07.001. Epub 2020 Sep 19. PMID: 33121610; PMCID: PMC7501519.
3. bioMérieux，BLOOD CULTURE A key investigation for the diagnosis of bloodstream infections [EB/OL] https:// www.biomerieux.com/content/dam/biomerieux-com/medical-affairs/educational-booklets/2022%20BLOOD%20CULTURE%20BOOKLET%20PROVIDED%20BY%20BIOMERIEUX.pdf
4. De Baets L, Ruyssinck J, Peiffer T, Decruyenaere J, De Turck F, Ongenae F, Dhaene T. Positive blood culture detection in time series data using a BiLSTM network[J]. arXiv preprint arXiv:1612.00962, 2016. [https://arxiv.org/abs/16 12.00962.](https://arxiv.org/abs/1612.00962.)
5. Jin Zhang, Wanjun Liu, Wenyan Xiao, Yu Liu, Tianfeng Hua, Min Yang. Machine learning-derived blood culture classification with both predictive and prognostic values in the intensive care unit: A retrospective cohort study[J]. Intensive and Critical Care Nursing, 2024, 80(1): 103549. DOI:10.1016/j.iccn.2023.103549.
6. Faouzi J. Time Series Classification: A Review of Algorithms and Implementations [In] Time Series Analysis[M]. Rijeka: IntechOpen, 2024. DOI:10.5772/intechopen.1004810.
7. Lines J, Davis L M, Hills J, Bagnall A. A shapelet transform for time series classification[C]//Proceedings of the 18th ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining. New York, NY, USA: Association for Computing Machinery, 2012: 289–297. DOI:10.1145/2339530.2339579.
8. Deng H, Runger G, Tuv E, Vladimir M. A time series forest for classification and feature extraction[J]. Information Sciences, 2013, 239: 142-153. DOI:10.1016/j.ins.2013.02.030.
9. Schäfer P. The BOSS is concerned with time series classification in the presence of noise[J]. Data Mining and Knowledge Discovery, 2015, 29(6): 1505-1530. DOI:10.1007/s10618-014-0377-7.
10. Ismail Fawaz H, Lucas B, Forestier G, Pelletier C, Schmidt D F, Weber J, Webb G I, Idoumghar L, Muller P A, Petitjean F. InceptionTime: Finding AlexNet for time series classification[J]. Data Mining and Knowledge Discovery, 2020, 34(6): 1936-1962. DOI:10.1007/s10618-020-00710-y.
11. Dempster A, Petitjean F, Webb G I. ROCKET: exceptionally fast and accurate time series classification using random convolutional kernels[J]. Data Mining and Knowledge Discovery, 2020, 34(5): 1454-1495. DOI:10.1007/s10618-020-00701-z.
12. Xuan-May Le, Ling Luo, Uwe Aickelin, Minh-Tuan Tran. ShapeFormer: Shapelet Transformer for Multivariate Time Series Classification. In: Proceedings of the 30th ACM SIGKDD Conference on Knowledge Discovery and Data Mining (KDD 2024), Barcelona, Spain, August 25 - 29, 2024. arXiv:2405.14608.

## 【附录1】

2012年，Lines等人发表了Shapelet方法，通过提取时间序列中的关键子序列来进行分类。2013年，Deng等人提出了Time Series Forest方法，利用随机生成的子序列区间提取特征构建随机森林进行分类，开启了基于树模型处理时间序列分类的新方向。2015年，Schäfer提出了BOSS（Bag-of-SFA-Symbols）方法，结合符号傅里叶近似（SFA）和词袋模型进行时间序列分类，在噪声环境下表现出较好的分类性能。2020年，Ismail Fawaz等人提出InceptionTime方法，基于Inception模块的集成网络，在时间序列分类任务中取得了优异性能，成为深度学习在该领域的代表性模型之一。同年，Dempster等人提出了ROCKET算法，通过随机卷积核提取特征结合线性分类器，实现快速且准确的时间序列分类，在计算效率上具有显著优势。此后，上述方法也得到了进一步改进。2024年，Xuan-May Le等人改进了Shapelet方法，提出了ShapeFormer方法，通过双Transformer模块整合两类关键特征，提升了分类性能。

## 【附录2】

3.1 研究方法

首先，在研究初期，本项目将联系医疗器械企业，商讨合作计划以获取临床实际的数据库数据，并以此构建匿名数据集。并运用数据清洗、标准化和趋势提取等技术，对收集到的数据集进行全面的预处理，确保数据的质量和一致性。通过去除噪声、填补缺失值和统一数据格式，为后续的实验和分析奠定坚实的基础。在此基础上，本项目将选取已有的时序分类方法，包括形状子序列（Shapelet），时间序列森林（Time Series Forest），开端时刻（InceptionTime），SFA符号袋（Bag-of-SFA-Symbols）对预处理后的数据集进行性能测试，并将其实验结果作为基准。这一步骤不仅能够帮助本项目评估传统方法在血培养仪数据集上的表现，还能为后续改进方向提供参考依据。

然后，针对传统方法存在的局限性，如对数据尺度的敏感性和较高的计算成本，本项目计划开发一种创新的轻量化时序分类方法。该方法将重点关注数据的变化趋势特征，并结合领域知识和技术手段，对模型架构进行优化，以确保其能够适应嵌入式环境的硬件约束。具体而言，本项目拟采用Transformer与传统时序分析相结合的方式，在降低模型复杂度的同时，保留其对关键时序特征的捕捉能力。

接着，在模型验证方面，本项目将在预处理后的原始数据集上对新方法进行全面的性能测试。评估指标将包括报阳准确率、平均报阳时间、模型的鲁棒性以及资源占用等关键指标。通过这些指标的综合评估，本项目将验证新方法的可行性和有效性，确保其在实际应用场景中的性能优势。

最后，针对血培养仪的实际应用场景和特点，本项目将对模型进行进一步的调整和优化。这将包括结合临床医学的专家知识，对模型的决策过程进行解释性增强，以及根据实际操作中的需求，对模型的输出结果进行针对性的优化。通过这些步骤，本项目期望能够开发出一种既满足临床需求又具备高效性能的时序分类方法，为血培养仪的智能化升级提供技术支持。

3.2 技术路线

（1）数据收集与预处理。联合医疗机构和相关企业，收集血培养仪运行数据，涵盖不同样本类型及操作场景（该部分已完成）。运用数据清洗、标准化和趋势提取技术，去除噪声、填补缺失值、统一数据格式，突出数据趋势特征，为后续实验提供高质量数据集。

1. 基准模型评估。选用经典时序分类方法包括形状子序列（Shapelet），时间序列森林（Time Series Forest），开端时刻（InceptionTime），SFA符号袋（Bag-of-SFA-Symbols），对预处理后的数据集进行性能测试，记录报阳准确率、平均报阳时间、鲁棒性和资源占用等指标，评估传统方法在血培养仪数据集上的表现，为后续改进提供参考。

（3）创新模型开发。针对传统方法局限性，开发轻量化时序分类方法。聚焦数据趋势特征，结合领域知识优化模型架构，采用Transformer与传统时序分析相结合的方式，降低模型复杂度，提高对关键时序特征的捕捉能力，确保模型适应嵌入式环境硬件约束。

（4）模型验证与优化。在预处理后的原始数据集上，对创新方法进行全面性能测试，对比基准模型结果，验证新方法的可行性与有效性。结合临床医学专家知识，增强模型决策过程的可解释性，根据实际操作需求优化模型输出结果，使其满足临床应用场景的要求。

（5）模型部署与应用。将优化后的模型集成到血培养仪配套软件或额外计算设备中，开展临床试验和实际应用测试，收集用户反馈，持续改进模型性能和功能，推动血培养仪智能化升级，提升其在感染性疾病诊断和治疗中的作用。

3.3 实验手段

（1）数据实验。构建多个实验数据集，用于模型训练、验证和测试。分析数据集特征，如样本数量、维度、类别分布等，评估数据预处理和增强技术对模型性能的影响。

（2）模型对比实验。将本项目开发的创新方法与传统时序分类方法进行对比实验，比较不同模型在报阳准确率、平均报阳时间、鲁棒性和资源占用等方面的性能差异，验证创新方法的优越性和创新性。

（3）参数调优实验。对开发的模型进行广泛的参数调优实验，调整学习率、正则化参数等超参数，观察模型性能变化，寻找最优参数组合，提高模型的分类性能和泛化能力。

（4）环境适配性实验。模拟医院实际硬件环境和网络条件，测试模型在嵌入式低算力环境下的运行速度、内存占用和功耗等指标，评估模型的轻量化程度和实际应用可行性。

（5）鲁棒性测试实验。设计专门的鲁棒性测试实验，人为引入数据缺失、噪声干扰、样品取放异常等情况，观察模型在非理想情况下的表现，评估模型的鲁棒性和稳定性。

## 【附录3】

我们使用的数据均抹去了医院信息、试剂瓶序列号、机器序列号、病人编号等所有与身份相关的敏感信息，为完全匿名的信息，仅保留序列中时间的信息和机器在运行过程中收集到的传感器数据，且源数据库在构建时其中的信息仅包括医院允许合作企业回收的运行信息，因此本项目不会对任何医院或患者的隐私信息造成非法侵害。且经过与合作企业血培养仪研发负责人的洽谈，本项目已获取到对于抹去身份信息后的所有数据的二次处理、发布许可，仅有发布成果时对于部分技术细节隐藏的保密约束，后续会签署协议以证明，因此本项目也不会侵犯合作企业的任何知识产权。