

基于支持向量机模型评估老年甲型流感合并病毒性肺炎的风险预测模型研究

刘晨¹, 苏南南², 亓琳³

(1.解放军第九六〇医院 护理部, 山东 济南 250031; 2.解放军第九六〇医院 肾脏病科;
3.解放军第九六〇医院 感染科发热门诊)

【摘要】目的 基于支持向量机模型分析老年甲型流感(influenza A, H1N1)合并病毒性肺炎的危险因素并构建风险预测模型,为临床提供早期预警工具。**方法** 2024年2月至2025年2月,以便利抽样法选取某医院收治的老年H1N1患者206例为研究对象,结合入院影像学、临床及病原学结果将其分为H1N1合并病毒性肺炎组(以下简称肺炎组,155例)和非H1N1合并病毒性肺炎组(以下简称非肺炎组,51例),比较基础资料、临床症状、入院首次实验室检查结果以及H1N1病毒载量差异,分析实验室指标与H1N1病毒载量联系。经Modeler软件支持向量机模型筛选影响因素,构建预测模型,并进行内部验证。**结果** 与非肺炎组患者相比,肺炎组患者咳嗽、气喘占比更高;C反应蛋白(C-reactive protein, CRP)、降钙素原(procalcitonin, PCT)、血清淀粉样蛋白A(serum amyloid A, SAA)水平更高,差异均有统计学意义(均 $P<0.05$)。CRP、PCT、SAA水平均与病毒CT值呈负相关($P<0.05$)。特征选择结果显示,SAA、PCT、CT值、CRP和咳嗽具有高预测价值。在不同核函数模型中,径向基函数核模型综合性能最优,其准确度为90.29%。**结论** SAA和PCT是老年H1N1合并病毒性肺炎的影响因素,与病毒载量负相关;基于RBF核的支持向量机模型预测效能最优值得推广。

【关键词】 甲型流感;病毒性肺炎;支持向量机;危险因素;老年人

DOI: 10.3969/j.issn.2097-1826.2026.02.020

【中图分类号】 R473.51;R823 **【文献标识码】** A **【文章编号】** 2097-1826(2026)02-0084-04

Risk Prediction Model of Influenza A Virus Pneumonia in the Elderly Based on Support Vector Machine

LIU Chen¹, SU Nannan², QI Lin³ (1. Department of Nursing, The 960th Hospital of the Joint Logistics Support Force of the Chinese People's Liberation Army, Jinan 250031, Shandong Province, China; 2. Department of Nephrology, The 960th Hospital of the Joint Logistics Support Force of the Chinese People's Liberation Army; 3. Fever Clinic, Department of Infectious Diseases, The 960th Hospital of the Joint Logistics Support Force of the Chinese People's Liberation Army)

Corresponding author: QI Lin, Tel: 0531-51619266

【Abstract】Objective To identify the risk factors of viral pneumonia in elderly patients with influenza A (H1N1) and construct a risk prediction model based on the Support Vector Machine (SVM) algorithm, thereby providing an early warning tool for clinical practice. **Methods** A total of 206 elderly patients with H1N1 admitted to a hospital from February 2024 to February 2025 were selected using convenience sampling. Based on admission imaging, clinical, and etiological results, patients were divided into an influenza A viral pneumonia group (hereafter referred as pneumonia group, $n=155$) and a non-influenza A viral pneumonia group (hereafter referred as non-pneumonia group, $n=51$). Differences in baseline data, clinical symptoms, initial laboratory test results, and H1N1 viral load were compared. The relationship between laboratory indicators and H1N1 viral load was analyzed. Influencing factors were screened using the SVM model in Modeler software to construct a prediction model, which was then internally validated. **Results** Compared with the non-pneumonia group, the pneumonia group had significantly higher proportions of cough and wheezing, as well as significantly higher levels of C-reactive protein (CRP), procalcitonin (PCT), and serum amyloid A (SAA) (all $P<0.05$). CRP, PCT, and SAA levels were negatively correlated with viral CT values ($P<0.05$). Feature selection results indicated that SAA, PCT, CT value, CRP, and cough had high predictive value. Among different kernel function models, the radial basis function (RBF) kernel model exhibited the best comprehensive performance, with an accuracy of 90.29%. **Conclusions** SAA and PCT are influencing factors for H1N1 complicated with viral pneumonia in the elderly and are negatively correlated with viral load. The SVM model based on the RBF kernel demonstrates optimal predictive efficacy and is worthy of clinical promotion.

【Key words】 influenza A; viral pneumonia; Support Vector Machine; risk factor; aged

[Mil Nurs, 2026, 43(02): 84-87]

【收稿日期】 2025-05-16 **【修回日期】** 2026-01-20

【作者简介】 刘晨, 本科, 主管护师, 电话: 0531-51666200

【通信作者】 亓琳, 电话: 0531-51619266

甲型流感(Influenza A, H1N1)是由甲型流感病毒引起的急性呼吸道传染病^[1]。老年群体由于免疫功能相对低下,是 H1N1 的高危易感人群,且病情进展迅速,预后较差^[2-3]。目前,风险预测模型多基于传统 Logistic 回归分析构建,但其在处理变量间复杂非线性关系时存在局限^[4]。因此,还需提供更精准、高效的风险评估工具,以辅助临床判断和优化护理方案。支持向量机作为机器学习经典算法,擅长处理小样本、高维及非线性数据,在疾病预测中具有潜力,但国内应用于老年 H1N1 合并病毒性肺炎风险预测的研究尚少^[5]。本研究旨在构建基于支持向量机的风险预测模型,筛选关键危险因素,为临床提供客观、量化的早期预警工具,助力实现护理干预的精准化与前置化。

1 对象与方法

1.1 研究对象 本研究采用单中心回顾性病例对照设计,以便利抽样法选取 2024 年 2 月至 2025 年 2 月某院老年 H1N1 患者为研究对象。纳入标准:(1)经核酸检测确诊 H1N1 感染;(2)年龄 ≥ 60 岁;(3)有流感样症状;(4)入院完成病原学及影像学检查。排除标准:(1)合并其他病原体感染或严重慢性呼吸道疾病;(2)有严重心、脑、肾等基础疾病或免疫系统疾病;(3)入院前接受系统性抗病毒治疗 > 48 h。样本量估算遵循机器学习领域常用的“10 倍特征量”经验法则^[6],即最小样本量应为纳入模型变量数的 10 倍以上。本研究初步纳入变量约 20 个,故所需最小样本量为 200 例。最终共纳入 206 例患者,满足样本量要求。结合患者入院胸部 CT 影像学、临床表现及病原学结果将其分为 H1N1 合并病毒性肺炎组(以下简称肺炎组,155 例)、非 H1N1 合并病毒性肺炎组(以下简称非肺炎组,51 例)。本研究已获医院伦理委员会批准(2025233)。

1.2 方法

1.2.1 临床资料的收集 所有数据由经统一培训的呼吸科医生与护士采集,采用标准化病例报告表。对缺失超过 20% 的个案予以排除,关键变量缺失采用多重插补法处理。(1)基础资料:性别、年龄、体质指数(body mass index, BMI)和合并疾病(高血压、糖尿病)等,基于其对疾病易感性、免疫功能及预后的影响而纳入。(2)临床症状:发热、咳嗽、咽痛、鼻塞、气喘、腹泻和四肢疼痛等。(3)实验室指标:实验室指标包括 C 反应蛋白(C-reactive protein, CRP)、降钙素原(procalcitonin, PCT)和血清淀粉样蛋白 A(serum amyloid A, SAA)以及白细胞计数(white blood cell count, WBC)、血小板计数(platelet, PLT)、尿素氮(blood urea nitrogen, BUN)、肌酸

激酶(creatine kinase, CK)水平。所有指标均在患者入院后首日清晨空腹采集肘静脉血(7 mL)完成检测,其中 CRP、PCT、WBC、PLT、BUN、CK 检测使用全自动生化分析仪,SAA 检测使用全自动特定蛋白分析仪。H1N1 病毒载量以实时荧光定量聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)检测的循环阈值(cycle threshold, CT)表示,CT 越低提示病毒载量越高。咽拭子样本于入院当日采集,由经统一培训的医护人员规范操作,并于采样后 2 h 内使用 ABI 7500 型 PCR 仪配合配套试剂检测。

1.2.2 统计学处理 采用 SPSS 22.0 软件,正态分布的计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,采用独立样本 t 检验;非正态分布的计量资料以 $M(P_{25}, P_{75})$ 表示,采用 Mann-Whitney U 检验。计数资料以例数和百分比表示,采用 χ^2 检验。以 Pearson 或 Spearman 相关分析评估实验室指标与病毒 CT 值的相关性。基于 Modeler 支持向量机模型评估患者危险因素并构建预测模型,采用 5 折交叉验证对模型进行内部验证,以 $P < 0.05$ 或 $P < 0.01$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 老年 H1N1 患者的临床资料 206 例老年 H1N1 患者中,H1N1 合并病毒性肺炎者 155 例。与非肺炎组患者相比,肺炎组患者咳嗽、气喘占比更高,差异均有统计学意义(均 $P < 0.05$)。见表 1。

表 1 老年 H1N1 患者的临床资料

项 目	肺炎组 ($n=155$)	非肺炎组 ($n=51$)	χ^2/t	P
年龄(岁, $\bar{x} \pm s$)	69.65 \pm 6.00	70.24 \pm 6.10	-0.607	0.545
BMI(kg/m ² , $\bar{x} \pm s$)	22.06 \pm 1.57	22.12 \pm 1.65	-0.234	0.815
性别[$n(\%)$]			0.027	0.869
男	80(51.61)	27(52.94)		
女	75(48.39)	24(47.06)		
合并疾病[$n(\%)$]				
高血压	40(25.81)	12(23.53)	0.105	0.745
糖尿病	21(13.55)	8(15.69)	0.145	0.703
典型症状[$n(\%)$]				
发热	155(100.00)	49(96.08)	2.737	0.098
咳嗽	143(92.26)	37(72.55)	13.516	< 0.001
咽痛	126(81.29)	45(88.24)	1.312	0.252
鼻塞	101(65.16)	35(68.63)	0.206	0.650
气喘	52(33.55)	6(11.76)	9.002	0.003
腹泻	72(46.45)	28(54.90)	1.097	0.295
四肢疼痛	101(65.16)	35(68.63)	0.206	0.650

2.2 老年 H1N1 患者实验室检查结果的比较 与非肺炎组相比,肺炎组患者 CT 值为(16.07 \pm 2.45),低于非肺炎组的(19.12 \pm 4.07),差异有统计学意义($t = -6.445, P < 0.001$);此外,肺炎组患者 CRP、PCT、SAA 水平更高,差异均有统计学意义(均 $P < 0.05$),见表 2。

表2 老年H1N1患者实验室检查结果的比较[M(P₂₅,P₇₅)]

项目	肺炎组(n=155)	非肺炎组(n=51)	Z	P
CRP(ρB/mg·L ⁻¹)	52.38(37.78,64.85)	36.77(21.66,46.61)	-5.155	<0.001
PCT(ρB/μg·L ⁻¹)	13.19(4.71,21.65)	2.71(0.98,4.13)	-7.675	<0.001
SAA(ρB/mg·L ⁻¹)	105.78(59.99,150.27)	47.96(30.39,54.78)	-7.864	<0.001
WBC(×10 ⁹ /L)	5.58(3.80,6.89)	4.65(2.68,7.25)	-0.783	0.434
PLT(×10 ⁹ /L)	184.86(127.69,224.45)	200.58(128.97,237.47)	-1.879	0.060
BUN(ρB/mmol·L ⁻¹)	5.19(3.00,7.22)	4.18(1.95,7.76)	-0.830	0.407
CK(δ/U·L ⁻¹)	72.27(29.21,188.05)	56.07(12.81,167.68)	-1.829	0.067

2.3 老年H1N1患者实验室感染指标与病毒CT值相关性分析 老年H1N1患者的CRP($r = -0.564, P < 0.001$)、PCT($r = -0.709, P < 0.001$)、SAA水平($r = -0.712, P < 0.001$)与病毒CT值呈负相关,其中SAA和PCT相关性最强;而PLT与病毒CT值呈正相关($r = 0.147, P = 0.035$),见表3。为确保后续出现指标偏倚,对CRP、PCT、SAA开展共线性诊断,其共线性统计容差为0.228、0.031、0.027,方差膨胀系数(variance inflation factor, VIF)为4.386、3.012、3.935。

2.4 基于支持向量机的危险因素筛选模型评估

2.4.1 特征选择变量 递归特征消除算法筛选出的重要预测变量(重要性值 ≥ 0.8)依次为SAA、PCT、CT值、CRP、咳嗽、气喘。年龄、BMI因变异度过低,发热因发生率过高($> 99\%$)均未纳入最终特征选择。

2.4.2 支持向量机建模 对不同核函数的支持向量机模型进行比较评估,结果见表3和表4。径向基函数(radial basis function, RBF)核模型在准确度

(90.29%)、受试者工作特征曲线下面积(area under the curve, AUC)(0.869)、敏感度(80.60%)和特异度(92.20%)上均表现最优,其F1分数为0.851,表明其在识别阳性病例和整体平衡上具有良好性能。多项式核模型虽准确度最高(94.17%),但AUC(0.778)和敏感度(58.70%)相对较低,提示可能存在过拟合。线性核模型表现稳定,略逊于RBF核。S型(Sigmoid)核模型性能最差。5折交叉验证结果显示,RBF核模型的AUC值在5次验证中波动较小,表明模型具有较好的稳定性。

表3 不同核函数模型变量重要性

变量	RBF	多项式	Sigmoid	线性	平均重要性
PCT	0.3893	0.0872	0.0777	0.4005	0.2387
SAA	0.3668	0.5252	0.1075	0.3574	0.3392
咳嗽	0.0826	0.1533	0.4259	0.0559	0.1794
CT值	0.1033	0.0438	0.0953	0.1236	0.0915
气喘	0.0581	0.1905	0.1507	0.0627	0.1155
CRP	0.0000	0.0000	0.1428	0.0000	0.0357

表4 不同核函数模型预测效能分析

核函数	准确度(%)	AUC	标准错误	渐近95%置信区间		敏感度(%)	特异度(%)
				下限值	上限值		
RBF	90.29	0.869	0.025	0.821	0.917	80.60	92.20
多项式	94.17	0.778	0.034	0.711	0.845	58.70	88.20
Sigmoid	75.73	0.658	0.046	0.567	0.749	72.90	58.80
线性	89.81	0.849	0.026	0.799	0.900	75.50	90.20

3 讨论

3.1 模型性能与关键预测指标分析 本研究成功构建了基于支持向量机的老年H1N1并发病毒性肺炎风险预测模型。结果显示,在多种核函数中,RBF核模型表现出最优的预测性能与稳健性。该结果符合机器学习理论预期,RBF核在捕捉医学数据中常见的复杂非线性关联方面具有优势^[7-8]。特征选择结果明确指出了SAA、PCT、病毒CT值、CRP及临床症状(咳嗽、气喘)是核心预测变量。这一结果提示老年H1N1患者并发病毒性肺炎是病毒直接损伤、机体过度炎症反应及临床症状演变三者共同作

用的结果^[9-11]。

3.2 关键预测指标的临床与护理意义 在本研究中,肺炎组患者咳嗽、气喘占比更高,CRP、PCT和SAA水平也更高,且这些炎症指标与病毒CT值呈负相关,其中SAA和PCT的相关性最强。分析其具体机制发现,当机体感染H1N1后,免疫系统被激活,可释放大量炎症介质,导致CRP、PCT和SAA等炎症指标升高。病毒载量越高,炎症反应越剧烈,上述指标上升越显著。且炎症反应可能会进一步损伤呼吸道黏膜和肺组织,导致咳嗽、气喘等症状的出现^[12-13]。本研究通过支持向量机模型识别出SAA

与 PCT 为最具预测价值的生物标志物。这要求临床护理实践中,不仅应关注其是否升高,更应对入院老年 H1N1 患者立即建立包含 SAA、PCT 的基线档案,并制订系统性的动态监测方案(如每 24~48 h 复查)。当指标呈进行性升高或持续处于高位时,即使患者当前生命体征平稳,也应视为高风险信号,自动启动强化监护流程,包括提高呼吸、血氧饱和度监测频率,并提前做好气道护理与氧疗准备。陈梅等^[14]研究指出,SAA 作为急性期蛋白,其升高速度比 CRP 更快,这与本研究中 SAA 在多项式核模型中重要性评分最高(0.5252)的结果相一致,可能与其对病毒复制早期的敏感反应有关。廖姣姣等^[6]强调,PCT 在鉴别病毒、细菌混合感染中有独特价值,这也可解释为何本研究中 PCT 在线性核与 RBF 核模型中均表现突出(权重分别为 0.4005 与 0.3893)。马玉兰等^[15]研究发现,咳嗽症状对肺炎的预测 OR 值达 2.3,这与本研究中咳嗽在 S 型核模型重要性异常升高的现象相符,可能与该核函数对症状-影像学非线性关系的特殊捕捉能力有关。

3.3 模型的优势、局限与临床转化建议 整体来看,支持向量机模型中,RBF 核展现出最佳的综合预测效能(准确度 90.29%,AUC 0.869),表明该模型能够有效地区分肺炎组和非肺炎组,为临床提供了一个有力预测工具。基于模型输出风险评估结果,护理管理者可实施差异化的资源配置。对于模型判定的高风险患者,护理重点应放在预防并发症上,如严格落实呼吸道隔离、加强口腔护理以防继发感染、密切监测有无呼吸衰竭早期迹象,并确保急救设备与药品处于备用状态。对于中低风险患者,则侧重于健康教育与自我管理指导,如呼吸功能锻炼、营养支持与症状自我监测,从而提高护理效率,将有限的专业资源集中于最需要的患者群体^[16-18]。

4 小结

本研究构建的基于 RBF 核支持向量机的风险预测模型能有效识别老年 H1N1 患者并发病毒性肺炎的高风险人群,且 SAA 与 PCT 是模型中的关键预测指标。该模型为临床护理提供了量化的风险评估工具,有助于实现早期预警和分层管理。未来研究需通过更大规模的前瞻性数据验证模型的泛化能力,并积极探索其在临床护理信息化实践中的应用路径。

【参考文献】

[1] LERCHER A,CHEONG J G,BALE M J,et al.Antiviral innate

immune memory in alveolar macrophages following SARS-CoV-2 infection ameliorates secondary influenza A virus disease[J]. *Immunity*,2024,57(11):2530-2546.

- [2] LIAO X,LIANG Q,XU C,et al.Long non-coding RNA C1RL-AS1 aggravates influenza A virus pneumonia through miR-16-5p/LAMP3[J]. *Virus Genes*,2025,61(2):145-152.
- [3] YU L,WANG Y,YANG S,et al.Research of recombinant influenza A virus as a vector for *Mycoplasma pneumoniae* Pl1a and P30a[J/OL]. [2025-04-20]. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/iid3.70021>.DOI:10.1002/iid3.70021.
- [4] 薛亦诚,刘超,杨贵淞,等.基于 Logistic 回归和支持向量机的早发性结直肠癌风险预测模型[J]. *中国现代普通外科进展*,2024,27(3):195-198.
- [5] 高正平,程晨,寇晨.支持向量机与 Logistic 回归模型在早期识别早产儿革兰阴性菌晚发型败血症中的研究[J]. *现代医学*,2024,52(2):173-181.
- [6] 廖姣姣,陶立元,许璐,等.二分类或生存结局时预测模型建立研究的样本量计算[J]. *中华儿科杂志*,2023,61(9):804.
- [7] 李夏楠,刘玲,刘冬梅,等.基于机器学习的产妇产后创伤后应激障碍预测模型的构建与评价[J]. *军事护理*,2025,42(10):31-34,39.
- [8] 李润阳,陈佳,杨新军,等.基于优化的支持向量机模型评估和预测社会-生态系统脆弱性[J]. *生态学报*,2025,45(5):2281-2297.
- [9] 吴艳艳,申瑶,何全利,等.57 例甲型流感病毒感染合并肺炎患者感染指标与病毒载量相关性[J]. *中国感染控制杂志*,2021,20(4):357-360.
- [10] FU S,JIA W,LI P,et al.Risk factors for pneumonia among children with coinfection of influenza A virus and *Mycoplasma pneumoniae*[J]. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*,2024,43(7):1437-1444.
- [11] 刘音,杨竞斌,贺小旭,等.95 例重症病毒性肺炎患者的临床特征及预后影响因素分析[J]. *临床肺科杂志*,2022,27(10):1463-1467.
- [12] 辛晓岩,郑晓斐,孙磊,等.甲型流感病毒感染合并肺炎感染 PCT、IL-6 与病毒载量相关性[J]. *中国医药指南*,2025,23(2):56-58.
- [13] 殷荣,张涛,戴鸽,等.711 例流感病毒肺炎患儿临床特点及重症危险因素分析[J]. *国际儿科学杂志*,2022,49(2):135-139.
- [14] 陈梅,陈芳,李鹏,等.儿童甲型流感病毒肺炎临床特征及危险因素[J]. *中华医院感染学杂志*,2023,33(23):3664-3668.
- [15] 马玉兰,卢春玉,成芳芳,等.165 例住院儿童甲型流感病毒肺炎及混合感染的临床特征[J]. *临床肺科杂志*,2023,28(5):703-707.
- [16] 赵仕国,张晨美.因重症肺炎发热诱发惊厥发作 Dravet 综合征患儿一例的护理[J]. *军事护理*,2025,42(1):111-114.
- [17] 张晓伟,倚丹丹,王永,等.甲流合并肺炎患者预后不良的影响因素[J]. *标记免疫分析与临床*,2022,29(9):1492-1496.
- [18] 李文婷,孙晓营,刘凌华,等.专项护理联合强化心理护理在重症肺炎合并呼吸衰竭患者中的应用效果[J]. *国际护理学杂志*,2025,44(20):3804-3808.

(本文编辑:郁晓路,沈园园)