

SEPTRON: Predição de Sepsis usando Transformer, Ontologia e Algoritmo Bioinspirado

Lourival G. da Silva Júnior¹, Rossana M. C. Andrade¹, Joaquim Celestino Jr.²

¹Grupo de Redes de Computadores, Engenharia de Software e Sistemas (GREAT)
Universidade Federal do Ceará (UFC) – Fortaleza – CE – Brasil

²Grupo de Redes e Sistemas Inteligentes (INETSYS)
Universidade Estadual do Ceará (UECE) – Fortaleza – CE – Brasil

`lourival-junior@ufc.br, rossana@ufc.br, celestino@uece.br`

Abstract. Sepsis prediction in patients admitted to Intensive Care Units (ICUs) remains challenging. This work proposes SEPTRON (Sepsis Prediction using Transformer, Ontology and BioInspired Algorithm), a hybrid model for sepsis prediction that integrates ontology, Genetic Algorithm (GA), and Transformer. The contributions include: (i) a replicable pipeline; (ii) a curated dataset; (iii) a Transformer adapted for structured data; and (iv) clinically relevant variables. Using 4-hour time windows during the first 72 hours of ICU admission, SEPTRON achieved competitive performance (AUC-ROC 0.83 and recall 0.76) when compared to other models. The results indicate a promising approach for clinical decision support in the early anticipation of sepsis risk in the ICU.

Resumo. A predição de sepse em pacientes de Unidades de Terapia Intensiva (UTIs) permanece desafiadora. Este trabalho propõe o SEPTRON (Sepsis Prediction using Transformer, Ontology and BioInspired Algorithm), um modelo híbrido para predição de sepse que integra ontologia, Algoritmo Genético (AG) e Transformer. As contribuições incluem: (i) pipeline replicável; (ii) dataset curado; (iii) Transformer para dados estruturados; e (iv) variáveis clínicas relevantes. Utilizando janelas de 4 horas nas primeiras 72 horas de internação, o SEPTRON alcançou desempenho competitivo (AUC-ROC 0,83 e revocação 0,76) quando comparado com outros modelos. Os resultados indicam abordagem promissora à decisão clínica na antecipação do risco de sepse em UTI.

1. Caracterização do problema e Motivação da pesquisa

A sepse é definida como uma disfunção orgânica com risco de morte causada por uma resposta desregulada do hospedeiro a uma infecção [Singer et al. 2016]. Apesar da implementação de protocolos padronizados, a mortalidade por sepse permanece elevada [Viana et al. 2020].

Tradicionalmente, a detecção da sepse baseia-se em escalas clínicas como SIRS, MEWS e SOFA. Seus limiares fixos e regras estáticas tornam difícil capturar padrões dinâmicos e não lineares presentes na evolução da doença. Diante disso, o uso de técnicas de Aprendizado de Máquina (AM) emerge como abordagem mais adaptativa e orientada a dados [Evans et al. 2021].

Estudos abordados em uma meta-análise mostraram que modelos de AM têm potencial para superar as ferramentas tradicionais de triagem de sepse, oferecendo previsões

mais precisas e adaptadas ao perfil individual de cada paciente [Islam et al. 2019]. Contudo, a aplicação prática desses modelos ainda enfrenta desafios estruturais para sua aplicação prática. Um dos principais desafios é a definição e seleção das variáveis clínicas mais relevantes, de modo a garantir que os modelos utilizem atributos clinicamente relevantes e informativos para a progressão da sepse [Shwartz-Ziv and Armon 2021].

Outro entrave está na organização dos dados clínicos: registros eletrônicos frequentemente apresentam medições irregulares, valores ausentes e formatos não padronizados, o que dificulta sua preparação para modelos baseados em Aprendizado Profundo (AP) [Arik and Pfister 2021]. Além disso, bases amplamente utilizadas como a MIMIC-IV apresentam exatamente essas características, exigindo estratégias de pré-processamento que preservem a temporalidade e a consistência clínica dos dados [Johnson et al. 2023].

Nesse sentido, os modelos baseados na arquitetura Transformer [Vaswani et al. 2017] emergem como uma alternativa inovadora no âmbito do AP, uma vez que são capazes de capturar relações temporais e interdependências complexas entre variáveis clínicas ao longo do tempo.

2. Objetivos e Contribuições do trabalho

Diante dos desafios recorrentes na identificação precoce da sepse e das limitações observadas em modelos preditivos tradicionais, tanto em termos de performance quanto de interpretabilidade clínica, torna-se necessário propor abordagens mais avançadas, explicáveis e alinhadas às demandas da área de saúde. A literatura aponta avanços significativos com o uso de técnicas de aprendizado profundo e métodos bioinspirados; entretanto, ainda são escassas as propostas que integram, de forma estruturada, o conhecimento formalizado em ontologias clínicas com mecanismos de seleção de variáveis e arquiteturas de rede neural adaptadas a dados estruturados.

Neste contexto, esta pesquisa apresenta uma abordagem híbrida para preencher essa lacuna, estruturando um modelo de predição de sepse que seja simultaneamente eficiente e compatível com a prática clínica. Assim, estabelece-se os seguintes objetivos e contribuições deste trabalho:

2.1. Objetivo Geral

Desenvolver e validar um modelo preditivo de sepse em pacientes de UTI, baseado em uma abordagem híbrida utilizando ontologia, algoritmo genético e Transformer.

2.2. Objetivos Específicos

- Realizar uma revisão da literatura sobre predição de sepse, destacando **abordagens, desafios, tendências e lacunas**.
- Desenvolver um **pipeline de dados estruturados** para extração, transformação e carga dos dados clínicos da base MIMIC-IV.
- Construir um **dataset curado** para predição de sepse, derivado da MIMIC-IV, orientado por **modelo conceitual formalizado em uma ontologia clínica da sepse**.
- Aplicar um **algoritmo genético** para a seleção e otimização de variáveis clínicas, compondo uma abordagem híbrida que combina conhecimento semântico e técnicas de otimização bioinspirada.

- Implementar **modelos preditivos** de sepse, incluindo baselines, LSTM e Transformer sem algoritmo genético, a fim de compará-los ao modelo híbrido SEPTRON.
- Avaliar o **desempenho dos modelos** com base em métricas como **F1-score**, **AUC-ROC**, **precisão e sensibilidade**, considerando diferentes configurações de variáveis selecionadas pela ontologia e pelo algoritmo genético.
- Investigar as **variáveis selecionadas pelo algoritmo genético**, empregando técnicas de interpretabilidade de modelos, com foco na compreensão clínica da importância das características utilizadas na predição de sepse.

2.3. Principais contribuições deste trabalho

- **Pipeline de Dados para Predição de Sepse**: abrangendo extração de dados, pré-processamento, modelagem e avaliação.
- **Dataset curado MIMIC-IV-EXT-ONTO-SEPSE**: derivado da MIMIC-IV v2.2, integrando sinais vitais, exames laboratoriais e variáveis demográficas.
- **Arquitetura Transformer para séries temporais estruturadas**: adaptada para modelar trajetórias de pacientes em janelas de 4 horas até 72 horas.
- **Integração de IA explicativa**: evidências sobre a relevância das variáveis clínicas selecionadas.

3. Resultados obtidos e Discussão

Utilizando o dataset curado **MIMIC-IV-EXT-ONTO-SEPSE**, as séries temporais foram organizadas em janelas de 4 horas, considerando até 72 horas de internação. Com base nesses dados, foram comparados cinco modelos: Regressão Logística (LR), Random Forest (RF), XGBoost (XGB), LSTM e Transformer.

Dois cenários experimentais foram avaliados: (i) uso das 17 variáveis clínicas selecionadas pela ontologia; e (ii) uso de um subconjunto reduzido de variáveis selecionado por meio de um AG, aplicado individualmente a cada um dos cinco modelos. Nesse segundo cenário, o AG selecionou 10 variáveis para LR, 12 para RF, 6 para XGB, 8 para LSTM e 8 para o Transformer, representando neste último modelo, o SEPTRON.

A Tabela 1 apresenta o desempenho utilizando as 17 variáveis. O XGB obteve a maior AUC (0,85), precisão (0,78) e acurácia (0,78). Entretanto, o Transformer alcançou o melhor *recall* (0,83) e F1-score (0,78), métricas relevantes em contextos clínicos nos quais a não identificação de pacientes sépticos pode gerar consequências graves.

Tabela 1. Performance com todas as 17 variáveis. Melhores valores em negrito

Modelo	AUC	Precision	Recall	F1-score	Accuracy
LR	0.7721	0.6994	0.6588	0.6785	0.6883
RF	0.8231	0.7338	0.7699	0.7514	0.7452
XGB	0.8536	0.7760	0.7768	0.7764	0.7766
LSTM	0.8444	0.7556	0.7965	0.7645	0.7697
Transformer	0.8471	0.7316	0.8309	0.7781	0.7632

O Transformer apresentou melhor equilíbrio entre sensibilidade e desempenho global, configurando-se como forte candidato para detecção precoce em UTI. Em contraste, o XGB, embora dominante na maioria das métricas, apresentou menor *recall*, reduzindo sua adequação quando a minimização de falsos negativos é prioritária. O LSTM

mostrou desempenho competitivo (*recall* = 0,80; F1 = 0,76), porém ligeiramente inferior ao Transformer em sensibilidade. Já os modelos tradicionais (LR e RF) obtiveram *recall* e F1 menores, limitando sua aplicabilidade em ambientes críticos.

A Tabela 2 apresenta os resultados usando o subconjunto de variáveis selecionadas pelo AG. O Transformer com apenas 8 variáveis (SEPTRON) obteve a melhor AUC, F1-score e acurácia; o RF alcançou o maior *recall*; e o XGB obteve a maior precisão.

Tabela 2. Performance com variáveis reduzidas pelo AG. Melhores valores em negrito.

Modelo	AUC	Precision	Recall	F1-score	Accuracy
LR	0.7614	0.7046	0.6332	0.6670	0.6839
RF	0.8179	0.7250	0.7620	0.7430	0.7366
XGB	0.8281	0.7466	0.7532	0.7499	0.7483
LSTM	0.8129	0.7262	0.7561	0.7408	0.7352
Transformer	0.8315	0.7464	0.7552	0.7507	0.7498

A aplicação do AG mostrou-se eficaz para potencializar o desempenho dos modelos, em especial dos baseados em árvore e o Transformer, contribuindo para uma seleção mais criteriosa de características relevantes no contexto da predição de sepse.

3.1. Análises Temporais e de Interpretabilidade

Na verificação de interpretabilidade das 8 variáveis usadas pelo SEPTRON, observou-se que a frequência cardíaca apresentou a maior contribuição relativa (22,4%), seguida pelos leucócitos (19,8%) e pela idade (18,8%), variáveis que refletem aspectos fundamentais da resposta inflamatória e da condição do paciente. O lactato (14,1%) e a pressão arterial diastólica (11,1%) também se destacaram, alinhando-se à prática clínica que associa acidose láctica e disfunção hemodinâmica à sepse. Variáveis como pH (6,8%), plaquetas (6,6%) e temperatura (0,5%) tiveram impacto reduzido no modelo, possivelmente em função da alta variabilidade individual e da presença de medições esparsas no dataset. Esses resultados indicam que o Transformer, combinado ao algoritmo genético e à análise de interpretabilidade, capturou padrões clínicos relacionados a biomarcadores de sepse.

Essa capacidade explicativa é particularmente relevante em aplicações de saúde, nas quais a interpretabilidade sustenta a confiança clínica e a tomada de decisão baseada em evidências [Holzinger et al. 2017].

3.2. Aplicabilidade no Ambiente Hospitalar

Para avaliar a aplicabilidade clínica do modelo, foi simulada sua utilização em um cenário de monitoramento contínuo utilizando o Transformer com 8 variáveis (SEPTRON). Dez pacientes do conjunto de teste foram selecionados e as probabilidades de sepse foram recalculadas cumulativamente ao longo das 18 janelas temporais.

As trajetórias de risco evidenciaram padrões heterogêneos (Figura 1). Alguns pacientes sépticos apresentaram probabilidade persistentemente elevada ao longo das janelas, enquanto outros demonstraram aumento gradual do risco. Em contraste, a maioria dos pacientes não sépticos manteve probabilidades baixas ou moderadas, com picos transitórios ocasionais. Esses resultados sugerem que a persistência e a tendência temporal do risco são mais informativas do que valores isolados de probabilidade.

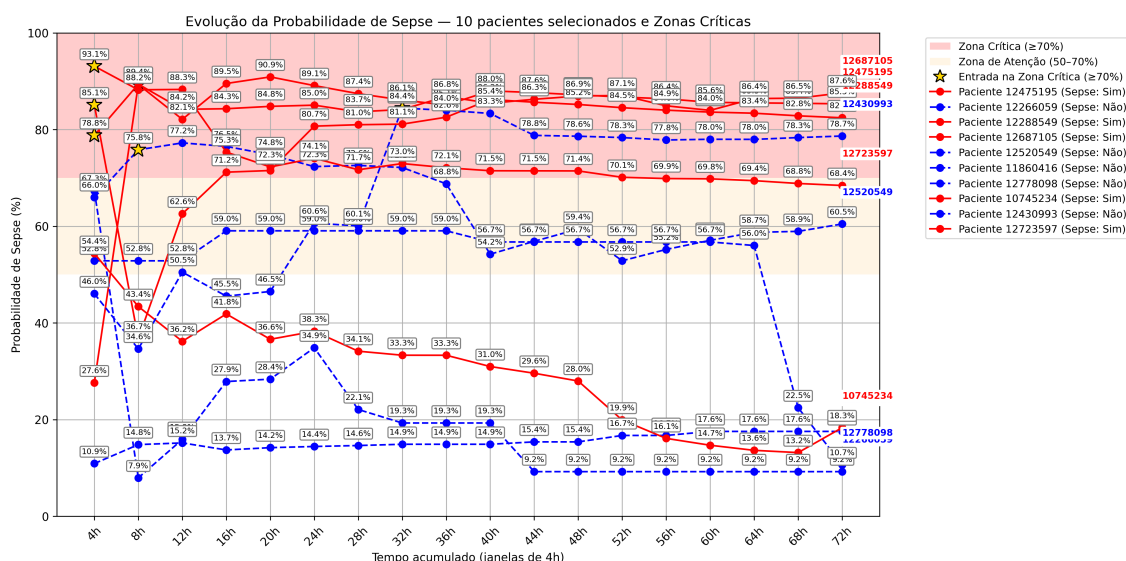


Figura 1. Evolução da probabilidade de sepse com indicação das zonas operacionais de risco

Com base nessas trajetórias, foram definidas duas zonas operacionais de decisão: *Zona de Atenção* (50–70%) e *Zona Crítica* ($\geq 70\%$). Observou-se que a permanência persistente na Zona Crítica apresentou forte associação com pacientes sépticos. Eventuais casos de falso positivo reforçam o papel do modelo como ferramenta de monitoramento dinâmico, pois, em contexto clínico, um alerta potencialmente reversível é preferível à ausência de alerta em casos verdadeiros.

4. Conclusão

O presente trabalho apresentou o **SEPTRON**, uma abordagem para predição de sepse baseada na arquitetura de rede neural profunda *Transformer*, adaptada para dados clínicos estruturados, incluindo sinais vitais, exames laboratoriais e informações demográficas de pacientes internados em UTI.

Os resultados evidenciaram um equilíbrio relevante entre as métricas de **precisão** e **revocação**, aspecto particularmente importante no contexto clínico da sepse. Enquanto a revocação está associada à identificação precoce de pacientes em risco, a precisão contribui para a redução de alarmes falsos que podem sobrecarregar equipes assistenciais. Esse equilíbrio reforça a utilidade clínica do SEPTRON ao alinhar seu comportamento às necessidades operacionais de ambientes de terapia intensiva.

Observou-se que a combinação entre **conhecimento clínico estruturado**, representado pela ontologia da sepse, **seleção de características por Algoritmo Genético** e o uso da arquitetura *Transformer* permitiu manter forte desempenho preditivo mesmo com um número reduzido de variáveis, quando comparado a modelos amplamente utilizados na literatura, como *Random Forest* e *XGBoost*.

Esses resultados indicam que o **SEPTRON** constitui uma abordagem eficaz para a predição de sepse com menor quantidade de informações clínicas, contribuindo para decisões mais ágeis e apoio à atuação das equipes de saúde em ambientes de UTI.

Dessa forma, o SEPTRON não se limita a um modelo preditivo, configurando-se como uma abordagem integrada que alinha desempenho, interpretabilidade e aplicabilidade clínica no contexto da sepse.

Referências

- Arik, S. O. and Pfister, T. (2021). Tabnet: Attentive interpretable tabular learning. In *Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence*, volume 35, pages 6679–6687. AAAI.
- Evans, L., Rhodes, A., Alhazzani, W., Antonelli, M., Coopersmith, R., French, C., Machado, S., McIntyre, T., Ostermann, M., Prescott, H., Schorr, A., Simpson, S., Wieringa, J., Alshamsi, J., et al. (2021). Surviving sepsis campaign: International guidelines for management of sepsis and septic shock 2021. *Critical Care Medicine*, 49(11):e1063–e1143.
- Holzinger, A., Biemann, C., Pattichis, C. S., and Kell, D. B. (2017). What do we need to build explainable ai systems for the medical domain? *Methods of Information in Medicine*, 56(4):280–285.
- Islam, M. M. et al. (2019). Prediction of sepsis patients using machine learning approach: A meta-analysis. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 170:1–9.
- Johnson, A. E. et al. (2023). MIMIC-IV, a freely accessible electronic health record dataset. *Scientific Data*, 10(1):1.
- Shwartz-Ziv, R. and Armon, A. (2021). Tabular data: Deep learning is not all you need. *arXiv preprint arXiv:2106.03253*.
- Singer, M., Deutschman, C. S., Seymour, C. W., Shankar-Hari, M., Annane, D., Bauer, M., Bellomo, R., Bernard, G. R., Chiche, J.-D., Coopersmith, C. M., Hotchkiss, R. S., Levy, M. M., Marshall, J. C., Martin, G. S., Opal, S. M., Rubenfeld, G. D., van der Poll, T., Vincent, J.-L., and Angus, D. C. (2016). The third international consensus definitions for sepsis and septic shock (sepsis-3). *JAMA*, 315(8):801–810.
- Vaswani, A., Shazeer, N., Parmar, N., Uszkoreit, J., Jones, L., Gomez, A. N., Kaiser, Ł., and Polosukhin, I. (2017). Attention is all you need. In *Proceedings of the 31st International Conference on Neural Information Processing Systems (NeurIPS)*, pages 5998–6008. Curran Associates, Inc.
- Viana, R. A. P. P., Machado, F. R., and de Souza, J. L. A. (2020). *Sepse: um problema de saúde pública: a atuação e colaboração da enfermagem na rápida identificação e tratamento da doença*. COREN-SP, São Paulo, 3 edition.