

机器学习方法预测人群中抑郁症发病风险的研究进展

龚旻炜^{1,2,3}, 石佳琪^{1,2,3}, 吴健^{1,2,3}

1. 浙江大学公共卫生学院, 浙江 杭州 310058; 2. 浙江大学经血管植入器械全国重点实验室, 浙江 杭州 310000; 3. 浙江大学医学院附属第二医院眼科中心, 浙江 杭州 310000

【摘要】在维普、万方、知网、Embase、PubMed和Web of Science数据库中检索2019~2023年间有关机器学习方法预测抑郁症发病风险的文献,系统地总结这些算法的特点、研究领域、模型效能和当前应用所面临的问题和挑战。研究共纳入92篇文献,结果显示,机器学习预测抑郁症发病风险的模型效果较好,最佳预测模型的AUC值为0.603 0~0.997 6。未来应当建立多中心、前瞻性的融合多模态的动态预测模型,为抑郁症的临床诊断提供更可靠的依据。

【关键词】抑郁症;机器学习;深度学习;自然语言处理;预测模型;综述

【中图分类号】R318;R749.41

【文献标志码】A

【文章编号】1005-202X(2024)06-0776-06

Review on machine learning methods in predicting the risk of depression

GONG Minwei^{1,2,3}, SHI Jiaqi^{1,2,3}, WU Jian^{1,2,3}

1. School of Public Health, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China; 2. State Key Laboratory of Transvascular Implantation Devices, Zhejiang University, Hangzhou 310000, China; 3. Eye Center, the Second Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine, Hangzhou 310000, China

Abstract: The articles on machine learning methods for predicting the risk of depression between 2019 and 2023 are retrieved from 6 databases (VIP, WANFANG, CNKI, Embase, PubMed and Web of Science). The review systematically summarized the algorithm characteristics, research fields, model performance, and current problems and challenges. A total of 92 articles are includes. The analysis results show that the machine learning models for predicting the risk of depression perform well, with the AUC values of the best prediction models ranging from 0.603 0 to 0.997 6. In the future, there should be a construction of multicenter prospective dynamic prediction models that use a multi-modal fusion approach to provide a more reliable basis for the clinical diagnosis of depression.

Keywords: depression; machine learning; deep learning; natural language processing; prediction model; review

前言

抑郁症是一种常见的心理障碍,主要表现为情绪低落、兴趣减退、注意力不集中等症状,严重影响患者在工作、学校和家庭等各个方面,但其具体病因尚不明确,目前普遍认为是受到社会、心理和生物因素的复杂相互作用所引起。据2023年世界卫生组织最新公开数据显示,目前全球范围内约有2.8亿人患

有抑郁症,大约占全球总人口数的3.8%^[1],预估将在2030年跃居全球疾病负担的首位,抑郁症的防治工作刻不容缓^[2]。目前,临床上一般采用医生访谈与常用量表相结合的形式对个体的抑郁情况进行评估^[3],但这种方式耗时耗力且准确性易受主观影响。

近年来,人工智能(Artificial Intelligence, AI)发展迅速,其在医疗领域方面的应用日趋增多并逐渐被接受。机器学习方法作为AI的核心技术,通过结合个体行为、临床资料、生理信号、调查问卷、音视频信息等数据来建立风险预测模型,从而实现抑郁症患者的早期识别,帮助医生及时开展有效的预防或治疗手段^[4]。深度学习是机器学习的一个分支方向,利用多层神经网络和优化技术,从数据中自动提取有用信息和特征。自然语言处理也是AI领域的一个重要方向,通过机器学习和深度学习方法对用户

【收稿日期】2024-02-12

【基金项目】国家自然科学基金(62176231, 82202984)

【作者简介】龚旻炜,硕士研究生,研究方向:医学人工智能、机器学习,
E-mail: gongminwei1026@163.com

【通信作者】吴健,博士,教授,研究方向:医学人工智能, E-mail: wujian2000@zju.edu.cn

社交平台上发布的帖子进行情感分析,能识别文字中潜在的抑郁情绪^[5-6]。本研究对已发表的抑郁症发病预测模型文献进行归纳、分析及总结评价,为今后开发更便捷、实用、准确的预测模型提供参考依据。

1 研究方法

本研究遵循国际上广泛认可和接受的PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses)指南^[7]对纳入研究的文献展开系统综述。

1.1 文献来源和检索策略

选取近5年来机器学习方法在抑郁症发病风险预测领域的文献,限定检索日期范围在2019年1月1日至2023年11月7日内。通过维普、万方和知网这3个中文数据库以“(主题:(抑郁)and主题:(预测)and主题:(机器学习))”为检索式获得中文文献,在Embase、PubMed和Web of Science这3个英文数据库以“((Depression) AND (predict)) AND (machine learning)”为检索式获得英文文献。

1.2 文献纳入和排除标准

纳入标准:(1)文献所用语言为中文或英文;(2)发表日期为2019~2023年;(3)仅纳入利用机器学习

预测抑郁症发病风险的论文,而与其他疾病无关;(4)有明确的预测模型,且有一系列模型评价指标,如混淆矩阵、灵敏度、特异度、F1分数和AUC值等。

排除标准:(1)非中英文文献(西班牙语、孟加拉语、韩语等)、学位论文、会议论文、各种类型的综述及无全文的文献等;(2)发表日期不在2019~2023年;(3)研究主题与抑郁症的发病预测无关,如抗抑郁药物效果预测、抑郁症预后预测等;(4)预测模型构建不明确,或模型评价指标不明确、不适用。

1.3 数据的提取与分析

由2位研究者手动剔除重复文献,按文献纳排标准进行筛选,分别独立提取文献中的数据信息,并主要从研究设计、数据利用和预测模型的构建与评价这3个方面展开分析。

2 结果

2.1 文献检索与筛选

检索时间为2023年11月7日,检索获得文献合计2518篇。通过阅读文献的标题、摘要及正文部分,剔除重复文献878篇、不符合既定标准的论文1548篇,最终纳入研究的文献数量为92篇(图1)。

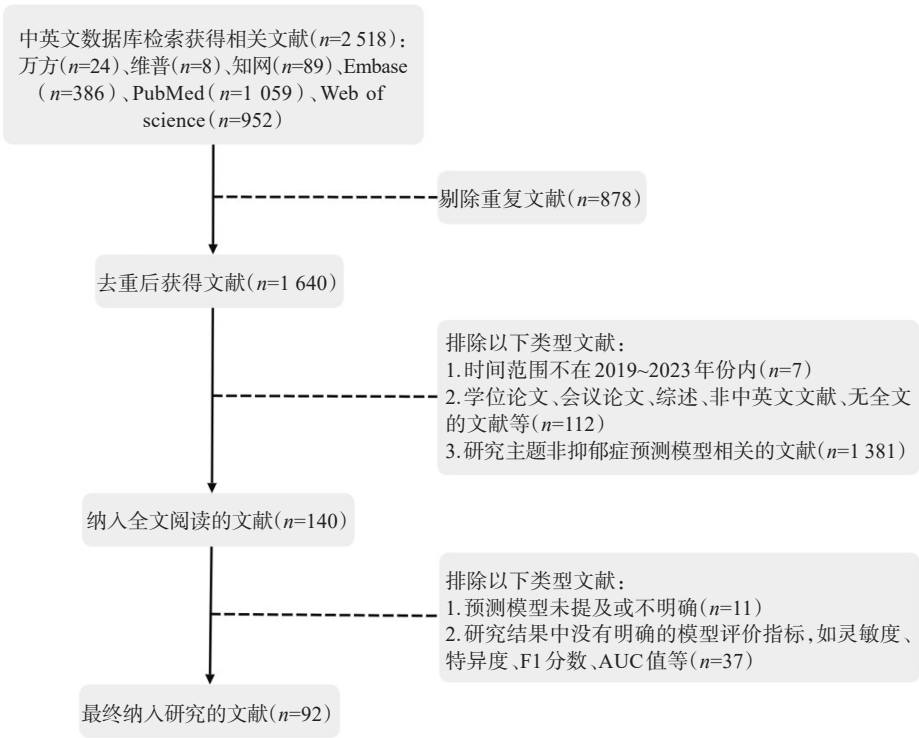


图1 文献检索流程图
Figure 1 Literature retrieval process

2.2 纳入研究基本情况

2.2.1 研究设计 按研究领域划分,传统机器学习模

型59篇、深度学习模型28篇、生物信息学与机器学习相结合模型5篇。其中,88项研究仅针对抑郁症的

有无开发二分类预测模型,4项研究根据抑郁严重程度开发抑郁症多级诊断预测模型;12项研究对模型进行外部验证,80项研究仅通过交叉验证对模型做内部验证。按研究人群划分,大部分研究针对18岁及以上成年人,少部分研究对象限定在老年人、残疾人、在校学生、退役或现役军人等。其中,大部分研究人群的种族没有进行报告,剩下主要来自6个国家或地区,从高到低依次为:中国人、韩国人、新加坡人、白种人、意大利人、孟加拉人。各项研究对于抑郁症患者分类的判定依据没有统一标准,25项研究采用PHQ健康问卷(Patient Health Questionnaire),10项研究采用汉密尔顿抑郁量表(Hamilton Depression Scale, HAMD),8项研究采用贝克抑郁自评量表(Beck Depression Inventory, BDI),6项研究采用CES-D抑郁量表(Center for Epidemiologic Studies Depression Scale),5项研究采用美国精神疾病诊断标准(Diagnostic and Statistical Manual of Mental Disorders, DSM),15项研究根据参与者在社交媒体上发布的文本主题是否与抑郁相关进行判定,4项研究的抑郁症患者由医院专业医师诊断得到,其余19项研究使用诸如SDS、HRDS等其他量表或判定依据。

2.2.2 数据利用 研究数据主要来源于公共数据库、社交媒体、医院或心理健康中心。其中,2项研究为多中心研究,40项研究使用公共数据库,15项研究利用社交媒体,13项研究使用医院或心理健康中心记录数据,其余研究来自学校、部队等。数据类型主要包括文本数据、调查数据、基因数据、智能设备数据和多模态数据。其中,29项使用调查数据,15项使用文本数据,9项使用智能设备数据,8项使用多模态数据,6项使用基因数据,其余研究也分别从EEG、ECG、MRI信号、眼动数据、行为数据、电子健康病历(Electronic Health Record, EHR)数据、问卷数据、音频信息、生化指标等对抑郁症的风险预测展开研究。92项研究中,大部分研究对数据进行预处理,主要包括去重、标准归一化、重采样、删补缺失值等步骤。有42项研究的样本量大于1000,然而也有样本量较小的研究,其往往聚焦于特定研究人群,如入伍新兵^[8]、残疾老年人^[9]和医护人员^[10]等。多数研究采用重采样技术来解决样本不平衡的问题。在特征选择方面,大部分研究通过对候选特征进行重要性分析,将重要性排序靠前的特征变量纳入预测模型。

2.2.3 预测模型的构建与评价 大部分预测模型构建所选取的特征包括社会人口学信息、实验室检查数

据、生理指标、问卷调查数据及患者抑郁评分等。部分研究在模型构建过程中针对不同的研究内容会纳入独有的变量,如基因信息、行为学数据、音视频信息等。绝大多数研究通过使用多种机器学习算法建模,对比不同模型之间的预测效能。归纳得到建立模型所使用的算法/网络,图2仅展示了在所有纳入的研究中被累计采用3次及以上的算法。从中可以看出,支持向量机(Support Vector Machine, SVM)算法的应用频率最高,其次是基于决策树的集成学习算法,如随机森林(Random Forest, RF)和XGBoost(eXtreme Gradient Boosting),传统的Logistic回归(Logistic Regression, LR)算法应用频率也较高。对比发现,预测模型的最佳表现情况与其应用频率并不完全相符,基于决策树的集成学习算法表现效果最好,18项研究使用RF算法,12项研究使用XGBoost算法获得最佳预测效果,18项研究分别使用不同的深度学习网络构建模型,也取得最佳效果。SVM、LR算法仅分别在8、9项研究中获得最佳预测效果。值得注意的是,将各种算法堆叠形成的集成模型也表现出优于单一传统机器学习方法的预测性能。此外,有7项研究加入SHAP(Shapley Additive exPlanation)可解释性分析,这是一种用于解释和理解机器学习模型如何进行预测的技术。通过对比SHAP值,可以清晰地看出每个纳入特征对预测的影响程度,从而找到那些和抑郁症有关的潜在保护因素和危险因素。所有研究都使用了至少1项下列模型评价指标:混淆矩阵、阳性预测值(精确率)、灵敏度(召回率)、特异度、F1分数和ROC曲线下面积(Area Under Curve, AUC)等。92项研究的最佳预测模型AUC值分布在0.603 0~0.997 6。

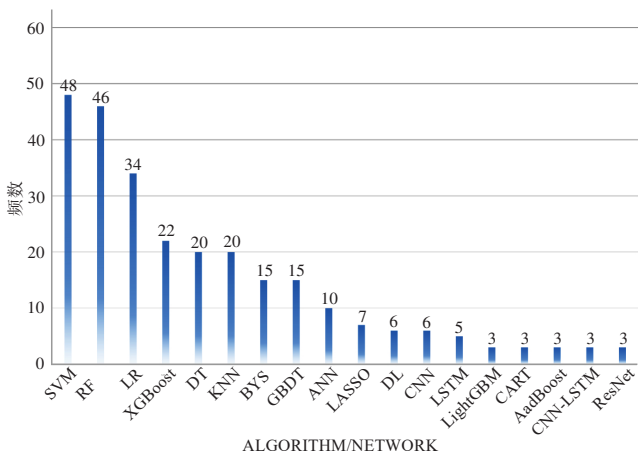


图2 算法/网络使用情况统计

Figure 2 Algorithm/network usage frequency

3 讨论

针对不同的研究目的,可以使用不同的算法进行建模预测。纳入的研究大致可分为3类:基于传统机器学习方法的抑郁症预测模型、基于深度学习方法的抑郁症预测模型和基于生物信息学与机器学习相结合方法的抑郁症预测模型。

3.1 基于传统机器学习方法的抑郁症预测模型

传统机器学习方法主要从流行病学调查数据纳入特征变量构建模型。Lin等^[11]从涵盖人口统计学、社会经济学、生活和健康状态这3个方面的调查数据,通过LCGM和GMM模型将人群分为4类:无症状(63.9%)、新发加重(16.8%)、慢性症状减轻(12.5%)、持续症状严重(6.8%),后3类分别与第一类进行建模比较发现,CESD-10得分、认知、睡眠时间、自我报告的记忆状态和生活满意度是所有类别中最重要的5个预测因素。Xia等^[12]将10种重金属纳入研究,揭示血液中的重金属元素与抑郁症密切相关,尤其是镉、汞和乙基汞。Daza Vergaray等^[13]发现多个模型组合而成的堆叠模型相比单一模型预测抑郁症严重程度的效果更好,灵敏度达94.22%,AUC值为0.9469。Al-Zahrani等^[14]也得到类似的结论。Gai等^[15]对rs-fMRI数据的研究结果显示,利用脑网络的时空数据动态变化能较好地区分抑郁症患者和健康人群,并能预测抑郁患者的严重程度。此外,其他研究利用ECG^[16]、EEG^[17]、眼动数据^[18]、人体骨骼运动数据^[19]和多模态数据构建模型也取得较好的预测效果^[20-23]。

3.2 基于深度学习方法的抑郁症预测模型

深度学习方法相较于传统的机器学习方法,更多从音视频信息、文字以及EHR数据中提取特征,从而构建模型。Du等^[24]提出一种CNN和LSTM网络相结合的模型(MSCDR),具有良好的泛化能力和优越性,研究结果证明副语言表征与抑郁症之间的潜在联系,并进一步表明言语可以作为早期发现精神障碍的有力工具。基于音频的诊断技术可以应用于手机、手环等智能设备,主动监测人们的心理健康状况,应对社会中潜在的心理健康风险,具有广阔的应用前景。Meng等^[25]开发一种时间深度学习模型(HCET),整合多次就诊期间的5种类型的EHR数据,用于抑郁症预测。HCET在电子病历建模中具有处理数据异质性和稀疏性的能力,并加入注意力权重项,以提高模型的可解释性。Kour等^[26]通过分析社交媒体推特(Twitter)上的文本,提出CNN-biLSTM混合模型,使用卷积层和增强的循环网络架构提取特征,可以处理更长的文本序列。CNN-biLSTM模

型与其他模型进行比较,其表现出更好的性能(灵敏度92.66%,特异度96.35%,AUC值0.9544)。此外,Anshul等^[27]、Mao等^[28]应用多模态数据建模,也取得不错的预测效果,灵敏度、特异度和F1分数均在0.95以上。

3.3 基于生物信息学与机器学习方法相结合的抑郁症预测模型

有学者将生物信息学和机器学习结合起来共同构建抑郁症风险预测模型。Lin等^[29]提出一种整合机器学习和全基因组分析的方法来识别台湾生物库中的eQTL SNP,并预测潜在的重度抑郁患者,研究发现其中17个位点可能与重度抑郁症有关,并首次提出*ALDH1L1*基因与女性重度抑郁症存在显著关联的可能性,是重度抑郁症的有力候选基因,这与该基因曾被报道过与重度抑郁症和自杀有关相一致^[30-31]。Bouazid等^[32]通过生物信息学和机器学习方法进行综合分析,比较重度抑郁患者和对照组的转录组学变化,发现与免疫反应和炎症反应途径相关的差异表达基因。与健康对照组相比,重度抑郁患者的*NRG1*表达水平升高;对人类大脑区域的功能定位显示*NRG1*在与抑郁症有关的主要皮质下边缘脑区域具有高表达特性。因此,建议将*NRG1*作为诊断重度抑郁患者的非侵入性液体活检生物标志物。Qi等^[33]通过对mRNA数据进行分析,证明基因表达数据的机器学习分析可以有效地区分重度抑郁患者和健康人群。此外,有研究发现与血液mRNA相比,大脑mRNA可能对开发新的治疗方案更有用,这可能是因为大脑mRNA与重度抑郁症的病理生理学相关。

3.4 问题与挑战

利用机器学习模型预测人群中抑郁症发病风险是一个动态发展的领域,受到越来越多的关注,并取得不少成果,但现有研究还存在一些局限和挑战。在过去5年间,至少有92项研究利用机器学习方法构建抑郁症预测模型,其优势在于可利用海量数据进行建模,从而加强模型的鲁棒性。然而,数据量大并不等同于数据质量好以及数据真实可靠。因此,如何在充分利用数据的同时去除噪音和提高数据质量是首要解决的问题。样本不平衡和特征选择是数据利用方面面临的最大挑战。正负样本比例不平衡会导致模型的分类预测性能降低,一般在每个类别的样本数量大致均衡时,模型预测效果才能达最佳性能^[34]。因此,需要对不平衡样本进行处理,大部分研究采用欠采样、过采样和SMOTE重采样技术^[35-39]或代价敏感学习^[32,40]来解决这一问题。纳入模型构建的特征并不是越多越好,过多的特征会导致模型过拟合,应用于外部验证时,预测效能下降,导致“维

数灾难”。为解决这一问题,同时降低任务难度,在实际应用过程中需进行特征选择,但过度筛选又有可能忽略一些重要的影响因素,未来必须进一步完善特征选择工作,开发新的特征选择方法。

对抑郁症发病预测模型的评估指标有阳性预测值、灵敏度、特异性、F1分数、AUC值等。AUC是评价模型整体效能最常用的指标,取值范围为0.5~1.0, AUC值越接近1.0,表示模型的预测效果越好。然而,机器学习构建模型时选用不同的参数都可能导致不同的AUC值。当AUC值较高时,模型在实际应用中的可靠性或许并不高,因为其阳性预测值、灵敏度和特异度等指标可能降至极低水平。此外,目前的研究涉及的算法种类繁多,不同研究之间使用的算法存在较大差异,即使是同一算法,对于不同的研究目的或对象,其表现也往往不尽相同。因此,对模型的评估不应仅仅局限于单一或几个指标,而应该根据研究目的和内容综合分析各指标选择最优模型。此外,探索新的模型评价指标也有望更好地区分不同模型间的表现。

各项研究筛选抑郁症患者的量表具有差异性,不同的抑郁筛查量表所包含的问题和数目并不一致,如BDI、PHQ-9、CES-D-10等。即使是同一量表在不同情况下也可能造成标准与结论不完全一致的情况。抑郁筛查的准确性及标准的统一性对于构建预测模型来说起到非常重要的作用。此外,通过机器学习算法也可以对传统的量表条目进行删减,筛选出最具代表性的问题,从而为今后临床中应用新型筛查量表提供借鉴依据。Sun等^[41]开发一种在线抑郁症快速评估工具,将原来的DASS-42量表从42个项目降为对预测贡献度最高的7个项目,准确率依然能达到90%以上。

AI在医学领域蓬勃发展的过程中,同样也产生一系列问题。如与自然语言处理有关的研究中,音频信息、图像信息和文本信息等数据往往涉及个人隐私和数据泄露的问题,这是一个日益受到关注的问题,特别是抑郁症患者有其特殊性,如果其个人隐私或临床信息被泄露,会对其工作和生活产生影响,甚至加重患者的病情。因此,未来的研究过程中应注重数据脱敏,建立起一套数据利用原则,共同遵守和监督,在数据利用效益最大化和个人隐私之间寻求平衡点。

4 结论

本研究从Embase、PubMed、Web of Science、维普、万方、知网数据库中搜索2019~2023年相关文献,通过一系列事先制订的纳排标准筛选,从研究设计、

数据利用和预测模型的构建与评价这3个方面展开较为全面的分析,并对基于不同算法构建的模型进行阐述比较。本研究仍存在一定局限性:可能没有涵盖所有已发表的研究,没有纳入基于机器学习方法以外构建模型的研究,仅对相关研究的现状进行阐述,没有对研究结果进行Meta分析。

利用机器学习模型预测人群中抑郁症发病风险主要通过传统机器学习方法和近年来流行的深度学习方法。两者主要差别在于,传统机器学习方法依赖于特征工程,特征选择效果将直接影响模型的分类效能,而深度学习方法不依赖于特征选择就能取得较好的分类结果,但模型的可解释性较差,无法为公共卫生机构做出针对性预防措施提供确定依据。从现有的研究情况来看,目前使用更多的算法仍以传统机器学习为主,但深度学习被越来越多地用在音视频数据、图像数据、文本数据和EHR数据等数据上,尤其是多模态数据可以融合不同种类的数据,形成信息互补,提高模型分类精度。此外,生物信息学结合机器学习的方法也受到越来越多学者的青睐。

随着技术的发展,可穿戴设备、智能手机等设备使得时间密集型数据变得更容易获取,AI技术已在文本识别、视觉影像、智能穿戴等方面有所突破;但也要认识到,机器学习预测模型在当前技术水平下不能完全取代专业医师,而应作为临床决策的补充,辅助相关人士作出诊断,避免过度依赖算法。抑郁症的精准识别离不开包括心理学、计算机科学和大数据科学在内的多个学科领域,有必要加强研究人员跨学科领域之间的合作。综上所述,未来应当建立多中心、前瞻性的融合多模态的动态预测模型,为抑郁症的临床诊断提供更可靠的依据。

【参考文献】

- [1] World Health Organization. Depressive disorder (depression)[EB/OL]. (2023-03-31)[2023-12-10]. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/depression>.
- [2] World Health Organization. Depression and other common mental disorders: global health estimates[EB/OL]. (2017-01-03)[2023-12-10]. <https://www.who.int/publications/i/item/depression-global-health-estimates>.
- [3] 胡晓俊,张鹏,甘国兵,等.基于易感人格语言特征的抑郁风险分析与预测[J].中国健康心理学杂志,2023,31(9):1281-1287.
Hu XJ, Zhang P, Gan GB, et al. Analysis and prediction of depression based on language characteristics of vulnerable personality[J]. China Journal of Health Psychology, 2023, 31(9): 1281-1287.
- [4] 韩佳丽,丰雷.人工智能在抑郁症领域中应用的研究进展[J].北京医学,2020,42(4):317-319.
Han JL, Feng L. Research progress on the application of artificial intelligence in the field of depression[J]. Beijing Medical Journal, 2020, 42(4): 317-319.
- [5] Gkotsis G, Oellrich A, Velupillai S, et al. Characterisation of mental health conditions in social media using informed deep learning[J]. Sci Rep, 2017, 7: 45141.
- [6] Medhat W, Hassan A, Korashy H. Sentiment analysis algorithms and

- applications: a survey[J]. *Ain Shams Eng J*, 2014, 5(4): 1093-1113.
- [7] Page MJ, McKenzie JE, Bossuyt PM, et al. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews[J]. *PLoS Med*, 2021, 18(3): e1003583.
- [8] Zhao MX, Feng ZZ. Machine learning methods to evaluate the depression status of Chinese recruits: a diagnostic study [J]. *Neuropsychiatr Dis Treat*, 2020, 16: 2743-2752.
- [9] Xin Y, Ren XH. Predicting depression among rural and urban disabled elderly in China using a random forest classifier[J]. *BMC Psychiatry*, 2022, 22(1): 118.
- [10] Zhou ZH, Luo D, Yang BX, et al. Machine learning-based prediction models for depression symptoms among Chinese healthcare workers during the early COVID-19 outbreak in 2020: a cross-sectional study [J]. *Front Psychiatry*, 2022, 13: 876995.
- [11] Lin SW, Wu YF, He LX, et al. Prediction of depressive symptoms onset and long-term trajectories in home-based older adults using machine learning techniques[J]. *Aging Ment Health*, 2023, 27(1): 8-17.
- [12] Xia F, Li QW, Luo X, et al. Machine learning model for depression based on heavy metals among aging people: a study with national health and nutrition examination survey 2017-2018[J]. *Front Public Health*, 2022, 10: 939758.
- [13] Daza Vergaray A, Miranda JC, Cornelio JB, et al. Predicting the depression in university students using stacking ensemble techniques over oversampling method[J]. *Inform Med Unlocked*, 2023, 41: 101295.
- [14] Al-Zahrani FA, Abdulrazak LF, Ali MM, et al. StackDPP: stacking-based explainable classifier for depression prediction and finding the risk factors among clinicians[J]. *Bioengineering (Basel)*, 2023, 10(7): 858.
- [15] Gai Q, Chu TP, Che KL, et al. Classification of major depressive disorder based on integrated temporal and spatial functional MRI variability features of dynamic brain network[J]. *J Magn Reson Imaging*, 2023, 58(3): 827-837.
- [16] Geng DY, An Q, Fu ZG, et al. Identification of major depression patients using machine learning models based on heart rate variability during sleep stages for pre-hospital screening[J]. *Comput Biol Med*, 2023, 162: 107060.
- [17] Kim T, Park U, Kang SW. Prediction model for potential depression using sex and age-reflected quantitative EEG biomarkers[J]. *Front Psychiatry*, 2022, 13: 913890.
- [18] Zhang D, Liu X, Xu LH, et al. Effective differentiation between depressed patients and controls using discriminative eye movement features[J]. *J Affect Disord*, 2022, 307: 237-243.
- [19] Li WT, Wang QX, Liu X, et al. Simple action for depression detection: using kinect-recorded human kinematic skeletal data [J]. *BMC Psychiatry*, 2021, 21(1): 205.
- [20] Toenders YJ, Kottaram A, Dinga R, et al. Predicting depression onset in young people based on clinical, cognitive, environmental, and neurobiological data [J]. *Biol Psychiatry Cogn Neurosci Neuroimaging*, 2022, 7(4): 376-384.
- [21] Ho CS, Chan YL, Tan TW, et al. Improving the diagnostic accuracy for major depressive disorder using machine learning algorithms integrating clinical and near-infrared spectroscopy data[J]. *J Psychiatr Res*, 2022, 147: 194-202.
- [22] Li QH, Dong FH, Gai Q, et al. Diagnosis of major depressive disorder using machine learning based on multisequence MRI neuroimaging features[J]. *J Magn Reson Imaging*, 2023, 58(5): 1420-1430.
- [23] Shi YC, Zhang LH, He CC, et al. Sleep disturbance-related neuroimaging features as potential biomarkers for the diagnosis of major depressive disorder: a multicenter study based on machine learning[J]. *J Affect Disord*, 2021, 295: 148-155.
- [24] Du MH, Liu S, Wang T, et al. Depression recognition using a proposed speech chain model fusing speech production and perception features [J]. *J Affect Disord*, 2023, 323: 299-308.
- [25] Meng YW, Speier W, Ong M, et al. HCET: hierarchical clinical embedding with topic modeling on electronic health records for predicting future depression[J]. *IEEE J Biomed Health Inform*, 2021, 25(4): 1265-1272.
- [26] Kour H, Gupta MK. An hybrid deep learning approach for depression prediction from user tweets using feature-rich CNN and bi-directional LSTM[J]. *Multimed Tools Appl*, 2022, 81(17): 23649-23685.
- [27] Anshul A, Pranav GS, Rehman MZ, et al. A multimodal framework for depression detection during COVID-19 via harvesting social media [J]. *IEEE Trans Comput Soc Syst*, 2023: 1-17.
- [28] Mao KN, Zhang W, Wang DB, et al. Prediction of depression severity based on the prosodic and semantic features with bidirectional LSTM and time distributed CNN[J]. *IEEE Trans Affect Comput*, 2023, 14(3): 2251-2265.
- [29] Lin E, Kuo PH, Lin WY, et al. Prediction of probable major depressive disorder in the Taiwan biobank: an integrated machine learning and genome-wide analysis approach[J]. *J Pers Med*, 2021, 11(7): 597.
- [30] Nagy C, Suderman M, Yang J, et al. Astrocytic abnormalities and global DNA methylation patterns in depression and suicide[J]. *Mol Psychiatry*, 2015, 20(3): 320-328.
- [31] Zhang L, Verwer RW, Lucassen PJ, et al. Prefrontal cortex alterations in glia gene expression in schizophrenia with and without suicide[J]. *J Psychiatr Res*, 2020, 121: 31-38.
- [32] Bouzid A, Almidani A, Zubrikhina M, et al. Integrative bioinformatics and artificial intelligence analyses of transcriptomics data identified genes associated with major depressive disorders including NRG1[J]. *Neurobiol Stress*, 2023, 26: 100555.
- [33] Qi B, Ramamurthy J, Bennani I, et al. Machine learning and bioinformatic analysis of brain and blood mRNA profiles in major depressive disorder: a case-control study[J]. *Am J Med Genet B Neuropsychiatr Genet*, 2021, 186(2): 101-112.
- [34] Yu HL, Yang XB, Zheng S, et al. Active learning from imbalanced data: a solution of online weighted extreme learning machine[J]. *IEEE Trans Neural Netw Learn Syst*, 2019, 30(4): 1088-1103.
- [35] Lin ZQ, Lawrence WR, Huang YH, et al. Classifying depression using blood biomarkers: a large population study[J]. *J Psychiatr Res*, 2021, 140: 364-372.
- [36] Na KS, Cho SE, Geem ZW, et al. Predicting future onset of depression among community dwelling adults in the Republic of Korea using a machine learning algorithm[J]. *Neurosci Lett*, 2020, 721: 134804.
- [37] Opoku Asare K, Terhorst Y, Vega J, et al. Predicting depression from smartphone behavioral markers using machine learning methods, hyperparameter optimization, and feature importance analysis: exploratory study[J]. *JMIR Mhealth Uhealth*, 2021, 9(7): e26540.
- [38] Byeon H. Developing a predictive model for depressive disorders using stacking ensemble and naive Bayesian nomogram: using samples representing South Korea[J]. *Front Psychiatry*, 2021, 12: 773290.
- [39] Cho SE, Geem ZW, Na KS. Predicting depression in community dwellers using a machine learning algorithm[J]. *Diagnostics (Basel)*, 2021, 11(8): 1429.
- [40] Kabir MK, Islam M, Kabir AN, et al. Detection of depression severity using Bengali social media posts on mental health: study using natural language processing techniques [J]. *JMIR Form Res*, 2022, 6(9): e36118.
- [41] Sun YH, Liu QJ, Lee NY, et al. A novel machine learning approach to shorten depression risk assessment for convenient uses[J]. *J Affect Disord*, 2022, 312: 275-291.

(编辑:谭斯允)