



白鷗 x 喚
Daily BioJuan

每日生醫新聞報告

技術導讀與學習地圖

產出日期：2025/09/26

白鷗 x 喚
Daily BioJuan

cAltomorph：基於Transformer的周邊血液抹片血液惡性腫瘤預測模型

摘要

周邊血液抹片在血液腫瘤診斷中仍然是基石，提供快速且有價值的見解以指導後續診斷步驟。然而，由於腫瘤性轉變通常發生在骨髓中，可能不會在周邊血液中表現為可檢測的異常，這給診斷帶來挑戰。在本文中，我們介紹了一種可解釋的基於Transformer的AI模型cAltomorph，旨在根據周邊血液細胞形態學分類血液惡性腫瘤。我們的數據包括6115名患者的周邊血液單細胞圖像，這些患者的診斷已通過骨髓樣本的細胞形態學、細胞遺傳學、分子遺傳學和免疫表型確認，並包含495名健康對照，分為22個詳細類別和7個粗略類別。cAltomorph利用DinoBloom血液學基礎模型，並通過基於Transformer的架構將圖像編碼聚合成單一向量。它在7種疾病分類中的整體準確率達到 $68\pm1\%$ （平均值 \pm 標準差，5折交叉驗證），急性白血病的F1分數為 $74\pm2\%$ ，骨髓增殖性腫瘤為 $75\pm3\%$ ，無惡性病例為 $82\pm3\%$ 。在前兩名預測中，整體準確率提高到 $84\pm1\%$ 。通過分析多頭注意力，我們展示了臨床相關的細胞級注意力和像素級熱圖。此外，我們模型的校準預測概率將誤發現率從13.8%降低到12%，而不會漏掉任何急性白血病例，從而減少了不必要的骨髓抽吸。我們的代碼、測試數據和模型權重公開可用，以確保可重現性。這項研究強調了AI輔助診斷在血液惡性腫瘤中的潛力，展示了在真實世界數據上訓練的模型如何提高診斷準確性並減少侵入性程序。

導讀

周邊血液抹片是診斷血液腫瘤（如白血病）的一個重要工具，因為它能夠快速提供關於血液細胞狀態的信息。然而，因為腫瘤變化通常發生在骨髓中，周邊血液可能未顯示明顯異常，這使得診斷變得困難。cAltomorph是一個基於Transformer（深度學習模型的一種）的人工智慧模型，專門用來分析周邊血液的細胞形態學，從而幫助識別血液惡性腫瘤。該模型使用了DinoBloom基礎模型，並在多個患者數據上進行訓練，能夠在多種疾病類別中提供高準確率的預測。這不僅有助於提高診斷的準確性，還能減少不必要的侵入性檢查，如骨髓抽吸。

學習路徑

細胞生物學 → 血液學 → 細胞形態學 → 人工智慧基礎 → 深度學習 → Transformer模型 → 醫學影像分析 → 血液腫瘤學

原文連結

點擊連結

不只是感覺：表達風格影響主觀認知衰退者的皮層語音追蹤

摘要

主觀認知衰退 (Subjective cognitive decline, SCD) 大約會使進展為輕度認知障礙 (MCI) 和癡呆的風險翻倍。本研究探討個人對自身認知的主觀擔憂如何在語音感知過程中的神經動態中表現出來。研究收集了56名廣東話、認知正常的老年人 (年齡60至70歲) 的腦電圖 (EEG)，在他們聆聽四種不同表達風格的語音刺激時進行記錄，這些風格在韻律上有所不同：打亂的、描述性的、對話的和令人興奮的。使用編碼模型從聲學、分段和語音特徵預測EEG信號，我們發現，較高的主觀擔憂與較弱的皮層追蹤 (1) 高層次語言特徵但不是聲學特徵，以及 (2) 較不吸引人的刺激 (打亂和描述性風格) 但不是韻律豐富的刺激有關。總體而言，我們的結果表明，通過皮層追蹤可以從語音感知中揭示認知損傷的早期跡象，尤其是在聆聽韻律平淡的語音時。

導讀

主觀認知衰退 (SCD) 是指個人感受到的記憶或認知能力下降，雖然在測試中可能顯示正常，但它可能預示著未來的認知障礙。本研究利用腦電圖 (EEG) 來觀察這些主觀感受如何影響大腦處理語音的方式。研究發現，對自己認知能力的擔憂會影響大腦追蹤語音中較高層次語言特徵的能力，特別是在聆聽不那麼吸引人的語音時。這意味著早期的認知問題可能通過分析語音處理的方式被檢測出來。

學習路徑

神經科學基礎 → 認知科學 → 認知衰退與癡呆 → 腦電圖 (EEG) 技術 → 語音處理與語言學 → 認知障礙的早期檢測方法

原文連結

點擊連結

學習對齊分子和蛋白質：一種幾何感知的結合親和力方法

摘要

準確預測藥物-靶點結合親和力可以在昂貴的實驗室篩選之前優先考慮有潛力的化合物，從而加速藥物發現。雖然深度學習已經在這項任務中取得進展，但大多數模型通過簡單的串聯融合配體和蛋白質的表徵，缺乏明確的幾何正則化，導致在化學空間和時間上的泛化能力較差。我們引入了FIRM-DTI，一個輕量級框架，通過特徵層線性調制 (FiLM) 層將分子嵌入條件化於蛋白質嵌入上，並通過三元損失強化度量結構。基於嵌入距離的RBF回歸頭提供平滑且可解釋的親和力預測。儘管其規模適中，FIRM-D

TI在Therapeutics Data Commons DTI-DG基準上達到了最先進的性能，這已在廣泛的消融研究和域外評估中得到證明。我們的結果強調了條件化和度量學習對於穩健的藥物-靶點親和力預測的重要性。

導讀

這篇文章探討了如何利用深度學習來預測藥物和蛋白質之間的結合親和力（binding affinity）。傳統方法通常只是簡單地將配體（ligand）和蛋白質的數據拼接在一起，這樣的方法缺乏對幾何結構的考量，導致預測效果不佳。FIRM-DTI框架則引入了一種新的方法，使用特徵層線性調制（FiLM）來讓分子嵌入考慮蛋白質的影響，並通過三元損失（triplet loss）來強化模型的度量結構，從而提高預測的準確性。

學習路徑

化學基礎 → 分子生物學 → 蛋白質結構與功能 → 深度學習基礎 → 深度學習在生物醫學中的應用 → 藥物-靶點結合親和力預測 → FIRM-DTI框架

原文連結

點擊連結

結合大型語言模型嵌入於人類基因組變異分析

摘要

近期大型語言模型（LLM）嵌入技術的進展，使得生物數據的表達能力大幅提升，但目前大多數應用僅集中於基因層級的信息。我們提出了一個首創的系統框架，用於生成整個人類基因組的變異層級嵌入。通過使用來自FAVOR、ClinVar和GWAS Catalog的精選註釋，我們為89億個可能變異構建了語義文本描述，並在三個層級上生成嵌入：150萬個HapMap3+MEGA變異、約9000萬個推測的英國生物庫變異，以及約90億個所有可能的變異。嵌入是通過OpenAI的text-embedding-3-large模型和開源的Qwen3-Embedding-0.6B模型生成的。基線實驗顯示了對變異屬性的高預測準確性，驗證了這些嵌入作為基因組變異的結構化表達的有效性。我們概述了兩個下游應用：通過擴展頻率主義和貝葉斯框架進行基因組範圍關聯研究的嵌入知識假設檢驗，以及增強標準多基因風險評分的嵌入增強基因風險預測。這些資源已在Hugging Face上公開，為推進大規模基因組發現和精準醫療提供了基礎。

導讀

這篇文章介紹了一種利用大型語言模型（LLM）來分析人類基因組變異的新方法。傳統上，基因分析多集中於單一基因，但這項研究擴展到了整個基因組的變異層級。研究人員使用了來自不同數據庫的註釋，生成了大量變異的語義描述，並利用兩種不同的模型生成嵌入（Embedding，一種數據表達形式）。這些嵌入能夠有效預測基因變異的特性，並可應用於基因組關聯研究和基因風險預測，對於精準醫療有重要意義。

學習路徑

基因學基礎 → 生物信息學 → 大型語言模型（LLM） → 基因組學 → 基因變異分析 → 多基因風險評分 → 精準醫療

原文連結

點擊連結

使用遺傳演算法導航可合成分子空間

摘要

受到遺傳演算法（Genetic Algorithms）有效性的啟發，以及分子設計中可合成性的重要性，我們提出了一種簡單的遺傳演算法，稱為SynGA，直接作用於合成路徑上。我們的方法具有自定義的交叉和變異操作符，明確地將其限制在可合成的分子空間中。通過修改適應度函數，我們展示了SynGA在各種設計任務上的有效性，包括可合成的類似物搜尋和樣本效率的屬性優化，適用於2D和3D目標。此外，通過將SynGA與基於機器學習的過濾器結合，聚焦於構建塊集合，我們將SynGA提升至最先進的性能。在屬性優化方面，這表現為一種基於模型的變體SynGB0，它在貝葉斯優化的內循環中使用SynGA和塊過濾。由於SynGA輕量且通過構建強制可合成性，我們希望SynGA不僅能作為一個強大的獨立基準，還能作為一個多功能模組，未來可以整合到更大的合成感知工作流程中。

導讀

這篇文章介紹了一種稱為SynGA的遺傳演算法，專注於分子設計中合成的可行性。遺傳演算法是一種模仿自然選擇過程的計算方法，用於尋找最佳解決方案。SynGA的特點是它的交叉和變異操作符被設計成只在可合成的分子空間內運作，這意味著它生成的分子設計都可以實際合成出來。此外，SynGA還結合了機器學習技術來提高其性能，特別是在屬性優化方面。這使得SynGA不僅是一個有效的工具，還能作為更大規模設計流程中的一部分。

學習路徑

遺傳演算法 → 分子設計 → 合成化學 → 機器學習在化學中的應用 → 貝葉斯優化

原文連結

點擊連結

SlideMamba：基於熵的自適應融合GNN和Mamba以增強數位病理學中的表徵學習

摘要

計算病理學的進步越來越依賴於從全片影像（Whole Slide Images, WSIs）中提取有意義的表徵，以支持各種臨床和生物學任務。在這項研究中，我們提出了一個可普遍應用的深度學習框架，將Mamba架構與圖神經網絡（Graph Neural Networks, GNNs）整合，以增強WSI分析。我們的方法旨在捕捉局部空間關係和長距離上下文依賴性，提供了一個靈活的數位病理學分析架構。Mamba模組擅長捕捉長距離的全局依賴性，而GNNs則強調細粒度的短距離空間互動。為了有效結合這些互補信號，我們引入了一種基於熵的自適應融合策略，該策略使用熵為基礎的信心加權機制。這種方法根據局部與全局信息對不同下游任務的上下文重要性，動態地平衡來自兩個分支的貢獻，賦予預測信心較高（熵較低）的分支更高的權重。我們在一個代表性任務中展示了我們方法的效用：從WSIs預測基因融合和突變狀態。我們的框架SlideMamba達到了 0.751 ± 0.05 的精確召回曲線下面積（PRAUC），優於MIL（ 0.491 ± 0.042 ）、Trans-MIL（ 0.39 ± 0.017 ）、僅使用Mamba（ 0.664 ± 0.063 ）、僅使用GNN（ 0.748 ± 0.091 ）以及先前類似工作的GAT-Mamba（ 0.703 ± 0.075 ）。SlideMamba在ROC AUC（ 0.738 ± 0.055 ）、敏感性（ 0.662 ± 0.083 ）和特异性（ 0.725 ± 0.094 ）方面也取得了競爭力的結果。這些結果突顯了集成架構的強大性，並通過提出的基於熵的自適應融合策略得到增強，顯示出在計算病理學中應用空間解析預測建模任務的潛力。

導讀

這篇文章介紹了一種名為SlideMamba的新方法，旨在改進數位病理學中的影像分析。數位病理學是利用計算技術來分析病理影像，這對於診斷和研究非常重要。SlideMamba結合了Mamba架構和圖神經網絡（GNNs），前者擅長處理長距離的影像信息，而後者則專注於局部細節。這兩者的結合通過一種基於熵的自適應融合策略來實現，這種策略會根據預測的信心（熵越低，信心越高）來動態調整兩者的權重。這樣的設計使得SlideMamba在基因融合和突變狀態的預測上表現優異，顯示出其在計算病理學應用中的潛力。

學習路徑

數位病理學 → 深度學習基礎 → 圖神經網絡（GNN） → Mamba架構 → 熵及其應用 → 自適應融合策略

原文連結

點擊連結

可解釋的語音嵌入提升並解釋音頻模型的腦編碼性能

摘要

語音基礎模型（Speech Foundation Models, SFMs）逐漸被視為人類語音感知的強大計算模型。然而，由於其表示本質上是黑箱，驅動其與大腦反應對齊的因素仍不明確。為了解決這一問題，我們從六個可解釋的特徵家族構建線性編碼模型：梅爾頻譜圖、Gabor濾波器組特徵、語音存在、語音學、句法和語義特徵，以及來自三個最先進的SFMs（Whisper、HuBERT、WavLM）的上下文嵌入，量化特徵類之間的皮質腦電圖（ECoG）反應方差。方差分割分析揭示了幾個關鍵見解：首先，SFMs與大腦的對齊主要可以通過其學習和編碼簡單可解釋語音特徵的能力來解釋。其次，SFMs在跨層次的腦相關低層和高層特徵編碼中表現出系統性權衡。最後，我們的結果顯示，SFMs學習到的腦相關語義無法通過低層語音特徵解釋，且這種能力隨著模型大小和上下文長度的增加而增強。綜合來看，我們的研究結果表明，可以通過增強SFM嵌入的可解釋特徵來構建更可解釋、更準確且更高效的大腦編碼模型。

導讀

語音基礎模型（SFMs）是用來模擬人類語音感知的計算模型，但它們的運作方式常被視為黑箱。這篇文章探討了如何利用可解釋的特徵來增強這些模型的表現。研究發現，SFMs能夠學習和編碼簡單的語音特徵，這有助於它們與大腦反應的對齊。此外，SFMs在不同層次的特徵編碼中存在一種平衡，並且它們能夠學習到一些無法通過低層特徵解釋的語義信息。這表明，通過增強模型的可解釋特徵，我們可以開發出更準確和高效的腦編碼模型。

學習路徑

聲學基礎（Acoustics）→ 語音信號處理（Speech Signal Processing）→ 語音基礎模型（Speech Foundation Models, SFMs）→ 腦電圖（Electrocorticography, ECoG）→ 語義學（Semantics）→ 模型可解釋性（Model Interpretability）

原文連結

點擊連結

ML-PWS：使用神經網絡估算實驗時間序列之間的互信息

摘要

量化信息傳輸的能力對於分析和設計自然及工程系統至關重要。信息傳輸率是具有時變信號的系統的基本度量，但計算它極具挑戰性。特別是，由於信號軌跡空間的高維性，傳輸率無法直接從實驗時間

序列數據中獲得，而不進行近似。路徑權重取樣 (Path Weight Sampling, PWS) 是一種計算技術，可以精確獲得任何隨機系統的信息率。然而，它需要系統的數學模型，無論是由主方程還是一組微分方程描述。在此，我們提出了一種技術，利用機器學習 (Machine Learning, ML) 從實驗時間序列數據中開發生成模型，然後將其與PWS結合以獲得信息率。我們通過將其在非線性模型生成的合成時間序列數據上的結果與直接應用PWS於相同模型的真實結果進行比較，證明了該技術的準確性。我們通過將ML-PWS應用於神經元時間序列數據，展示了其實用性。

導讀

這篇文章介紹了一種新技術，稱為ML-PWS，這是一種結合機器學習和路徑權重取樣的方法，用於估算時間序列數據中的信息傳輸率。信息傳輸率是指信號在系統中傳遞的效率。傳統的計算方法需要系統的數學模型，但這種新方法利用機器學習生成模型來克服這一限制，並且在神經元數據中展示了其應用潛力。

學習路徑

機器學習基礎 → 時間序列分析 → 信息理論 → 路徑權重取樣 (Path Weight Sampling, PWS) → 神經網絡應用於生物數據

原文連結

點擊連結

一種用於乳腺癌檢測的對比學習框架

摘要

乳腺癌是全球第二大癌症相關死亡原因，佔所有癌症病例的四分之一。為了降低死亡率，早期發現腫瘤至關重要，因為早期檢測顯著改善治療效果。非侵入性成像技術的進步使得通過計算機輔助檢測 (CAD) 系統進行早期檢測成為可能，這些系統依賴於傳統的圖像分析來識別惡性腫瘤。然而，由於深度學習方法的高效性，越來越多的研究轉向這些方法。儘管深度學習方法具有潛力，但由於缺乏大型標註數據集進行訓練，其準確性往往受到限制。為了解決這一問題，我們的研究引入了一個對比學習 (CL) 框架，該框架在較小的標註數據集上表現出色。在這方面，我們使用大量未標註的乳房X光片數據，通過相似性指數以半監督對比學習方法訓練Resnet-50。我們使用各種增強和轉換技術來提高我們方法的性能。最後，我們在一小部分標註數據上調整模型，並超越了現有的最先進技術。具體而言，我們在基準數據集INbreast和MIAS上觀察到96.7%的乳腺癌檢測準確率。

導讀

乳腺癌是全球女性健康的一大威脅，早期檢測對於提高治療效果至關重要。傳統的計算機輔助檢測 (CAD) 系統依賴於圖像分析，但隨著深度學習技術的發展，這些方法的效能更高。然而，深度學習需要

大量的標註數據來訓練模型，這在醫療領域往往難以獲得。本文提出了一種對比學習（Contrastive Learning, CL）框架，這是一種機器學習方法，能在較小的標註數據集上有效運行。研究中使用了Resnet-50模型，這是一種深度學習架構，並採用了半監督學習（semi-supervised learning）技術，這意味著它能利用未標註數據進行訓練。通過各種數據增強和轉換技術，研究實現了高達96.7%的檢測準確率，顯示出其在乳腺癌早期檢測中的潛力。

學習路徑

生物學基礎 → 醫學影像學 → 機器學習基礎 → 深度學習 → 對比學習（Contrastive Learning）→ 半監督學習（Semi-supervised Learning）→ 乳腺癌檢測技術

原文連結

點擊連結

FHRFormer：一種自我監督的Transformer方法，用於胎兒心率修補和預測

摘要

大約10%的新生兒在出生時需要協助開始呼吸，約5%需要通氣支持。胎兒心率（FHR）監測在產前護理中扮演著至關重要的角色，可以評估胎兒的健康狀況，幫助及時發現異常模式，並支持產科干預以減輕分娩期間的胎兒風險。將人工智能（AI）方法應用於分析大型連續FHR監測數據集，可能提供新的見解來預測需要呼吸協助或干預的風險。近期可穿戴FHR監測器的進步，使得在不影響母體活動的情況下進行連續胎兒監測成為可能。然而，由於母體運動導致的傳感器移位，以及胎兒或母體位置的變化，常常導致信號中斷，從而在記錄的FHR數據中產生缺口。這些缺失數據限制了有意義見解的提取，並使自動化（基於AI）分析變得複雜。傳統的處理缺失數據的方法，如簡單的插值技術，往往無法保留信號的頻譜特徵。本文提出了一種基於遮罩Transformer的自編碼器方法，通過捕捉數據的空間和頻率成分來重建缺失的FHR信號。該方法在不同持續時間的缺失數據中表現出穩健性，可用於信號修補和預測。該方法可以回顧性地應用於研究數據集，以支持AI風險算法的開發。未來，該方法可整合到可穿戴FHR監測設備中，以實現更早和更穩健的風險檢測。

導讀

胎兒心率（FHR）監測是評估胎兒健康的重要工具，尤其是在產前護理中。最近的技術進步讓可穿戴設備能夠在不影響孕婦活動的情況下進行連續監測。然而，當孕婦移動或姿勢改變時，傳感器可能會發生位移，導致數據缺失。傳統的數據修補方法通常無法保留信號的完整特徵。本文提出了一種新方法，使用Transformer（一種深度學習模型）來自動修補和預測缺失的FHR數據，這可能有助於更早地檢測和管理胎兒風險。

學習路徑

胎兒心率監測 → 人工智能基礎 → 深度學習 → Transformer模型 → 自我監督學習 → 信號處理與插值技術

原文連結

點擊連結

改善腦部疾病診斷：進階腦功能表徵與Kolmogorov-Arnold網路的應用

摘要

量化功能性連結 (Functional Connectivity, FC) 是診斷多種腦部疾病的重要指標，傳統上依賴預先定義的腦圖譜。然而，使用這些圖譜可能導致選擇偏差和缺乏特異性的問題。為了解決這些問題，我們提出了一種新穎的基於Transformer的分類網路 (ABFR-KAN)，以有效的腦功能表徵來協助診斷自閉症譜系障礙 (ASD)。ABFR-KAN利用Kolmogorov-Arnold網路 (KAN) 塊取代傳統的多層感知機 (MLP) 組件。透過詳細的實驗，我們證明了ABFR-KAN在不同模型架構配置下能有效改善ASD的診斷。我們的代碼可在<https://github.com/tbwa233/ABFR-KAN>獲得。

導讀

功能性連結 (FC) 是指大腦不同區域之間的互動關係，對於診斷腦部疾病如自閉症譜系障礙 (ASD) 非常重要。傳統上，這些連結是透過預先定義的腦圖譜來量化的，但這可能會導致偏差。我們的研究提出了一種新的方法，使用ABFR-KAN網路來改善這些問題。ABFR-KAN網路使用Kolmogorov-Arnold網路 (KAN) 塊，這是一種替代傳統多層感知機 (MLP) 的技術，可以更準確地表徵腦功能，從而提高診斷的準確性。

學習路徑

神經科學基礎 → 功能性連結 (Functional Connectivity) → 自閉症譜系障礙 (ASD) → 腦圖譜 (Brain Atlas) → Transformer網路 → Kolmogorov-Arnold網路 (KAN) → 多層感知機 (MLP) → 診斷技術應用

原文連結

點擊連結

銜接隱私與效用：透過限制效用函數合成匿名化腦電波

摘要

腦電圖（EEG）廣泛用於記錄大腦活動，並在機器學習中有許多應用，例如檢測睡眠階段和神經系統疾病。多項研究已成功展示EEG數據在重新識別和洩露其他個人信息方面的潛力。因此，EEG消費設備的日益普及引發了對用戶隱私的擔憂，這促使我們研究如何在保留EEG應用效用的同時保護這些敏感數據。為了解決這一挑戰，我們提出了一種基於Transformer的自編碼器，以創建不允許主體重新識別的EEG數據，同時保留其在特定機器學習任務中的效用。我們將我們的方法應用於自動睡眠分期，通過評估EEG數據在匿名化前後的重新識別和效用潛力。結果顯示，EEG信號的可重新識別性可以在很大程度上降低，同時保留其在機器學習中的效用。

導讀

腦電圖（EEG）是一種用來記錄大腦活動的技術，常被用於檢測睡眠階段和診斷神經疾病。然而，EEG數據可能會洩露個人信息，這對用戶隱私造成威脅。為了保護隱私，同時不影響EEG數據在機器學習中的應用，研究者提出了一種基於Transformer（變壓器，一種深度學習模型）的自編碼器（autoencoder，一種神經網絡模型），用來生成匿名化的EEG數據。這種方法能有效降低EEG數據的重新識別性，但仍保留其在特定應用中的效用。

學習路徑

EEG基礎知識 → 機器學習基礎 → 深度學習（Deep Learning） → 自編碼器（Autoencoder） → Transformer模型 → 數據隱私與匿名化技術

原文連結

點擊連結

CoSupFormer：一種用於腦電波信號分類的對比監督學習方法

摘要

腦電圖信號（EEGs）包含豐富的多尺度信息，對於理解大腦狀態至關重要，並在診斷和藥物開發領域具有潛在應用。然而，從原始腦電波信號中提取有意義的特徵，同時處理噪聲和通道變異性仍然是一大挑戰。本研究提出了一種新穎的端到端深度學習框架，通過幾個關鍵創新來解決這些問題。首先，我們設計了一個編碼器，能夠明確捕捉多尺度頻率振盪，涵蓋不同腦電波相關任務的廣泛特徵。其次

，為了建模複雜的依賴性並處理腦電波的高時間分辨率，我們引入了一個基於注意力的編碼器，能夠同時學習腦電波通道之間的交互作用以及單個通道的局部「區塊」內的交互作用。我們在注意力編碼器之上整合了一個專門的門控網絡，以動態過濾掉噪聲和無信息的通道，增強腦電波數據的可靠性。整個編碼過程由一種新穎的損失函數引導，該函數利用監督和對比學習，顯著提高了模型的泛化能力。我們在多個應用中驗證了我們的方法，從多種中樞神經系統（CNS）疾病治療效果的分類到帕金森氏症和阿爾茨海默氏症的診斷。我們的結果顯示，所提出的學習範式能夠從不同物種的原始腦電波信號中提取生物學上有意義的模式，自主選擇高質量通道，並通過創新的架構和損失設計實現穩健的泛化。

導讀

腦電圖信號（EEGs）是用來研究大腦活動的工具，但從中提取有用的數據一直很困難，因為信號中常常夾雜著噪聲（不需要的干擾）和通道變異性（不同測量點的數據差異）。這篇文章介紹了一種新的深度學習方法，稱為CoSupFormer，它能夠更好地處理這些挑戰。這個方法使用了一種特別設計的編碼器，能夠捕捉到不同頻率的振盪，這對於分析腦電波非常重要。還有一個基於注意力的編碼器，能夠同時分析不同通道之間的關係，並過濾掉不需要的噪聲。這一切都由一個新型的損失函數來引導，這個函數結合了監督學習（利用標記數據進行訓練）和對比學習（比較不同數據樣本來學習）。這種方法在多種應用中都顯示出優異的性能，例如在中樞神經系統疾病的治療效果分類和疾病診斷中。

學習路徑

神經科學基礎 → 腦電圖（EEG）原理 → 深度學習基礎 → 注意力機制（Attention Mechanism）→ 監督學習與對比學習 → 信號處理技術 → 生物醫學應用

原文連結

點擊連結

個人化聯邦字典學習在多站點fMRI數據中建模異質性

摘要

數據隱私限制對於大規模神經影像分析，特別是在多站點功能性磁共振成像（fMRI）研究中構成了重大挑戰，因為站點特有的異質性導致數據非獨立同分佈（non-IID）。這些因素阻礙了可廣泛應用模型的開發。為了解決這些挑戰，我們提出了個人化聯邦字典學習（PFedDL），這是一種新穎的聯邦學習框架，能夠在不共享原始數據的情況下實現跨站點的協作建模。PFedDL在每個站點進行獨立的字典學習，將每個站點特有的字典分解為共享的全局組件和個性化的本地組件。全局原子通過聯邦聚合進行更新，以促進跨站點的一致性，而本地原子則獨立優化以捕捉站點特有的變異性，從而增強後續分析。在ABIDE數據集上的實驗表明，PFedDL在非IID數據集上的準確性和穩健性均優於現有方法。

導讀

在多站點的fMRI研究中，數據隱私和站點間的差異性是兩大挑戰。PFedDL（個人化聯邦字典學習）是一種新方法，旨在解決這些問題。它允許不同站點的數據在不共享原始數據的情況下進行協作分析。這是通過在每個站點進行獨立的字典學習來實現的，並將其分為共享的全局部分和特定於站點的本地部分。全局部分通過聯邦聚合（將多個來源的數據進行匯總）進行更新，以確保一致性，而本地部分則獨立優化以反映各站點的特性。這種方法在ABIDE數據集上的測試顯示出比現有方法更好的準確性和穩健性。

學習路徑

數據隱私 → 神經影像學 → 功能性磁共振成像（fMRI） → 多站點數據分析 → 聯邦學習 → 字典學習 → 個人化聯邦字典學習（PFedDL）

原文連結

點擊連結

T2I-Diff：透過時頻影像轉換與無分類器去噪擴散模型生成fMRI信號

摘要

功能性磁共振造影（fMRI）是一種先進的神經影像技術，通過測量血氧水平依賴（BOLD）信號的動態變化來深入分析大腦活動。然而，fMRI數據獲取所需的資源密集性限制了數據驅動的大腦分析模型所需的高保真樣本的可用性。雖然現代生成模型可以合成fMRI數據，但它們往往表現不佳，因為忽略了BOLD動態的複雜非平穩性和非線性。為了解決這些挑戰，我們引入了T2I-Diff，一個利用BOLD信號的時頻表示和無分類器去噪擴散的fMRI生成框架。具體來說，我們的框架首先通過時間依賴傅立葉變換將BOLD信號轉換為窗口化頻譜圖，捕捉其潛在的時間動態和頻譜演變。隨後，訓練無分類器擴散模型生成類別條件的頻譜圖，然後通過逆傅立葉變換將其還原為BOLD信號。最後，我們通過展示下游基於fMRI的大腦網絡分類中改進的準確性和泛化能力來驗證我們方法的有效性。

導讀

功能性磁共振造影（fMRI）是一種用來研究大腦活動的影像技術，它依賴於測量血氧水平的變化來提供信息。然而，由於獲取這些數據需要大量資源，這限制了高質量數據的可用性。T2I-Diff是一種新的方法，旨在生成高質量的fMRI數據。這個方法利用了BOLD信號的時頻表示（將信號轉換為頻譜圖的技術）和無分類器去噪擴散模型（生成數據的模型），以更好地捕捉信號的複雜動態。最終，這種方法能夠提高基於fMRI的大腦網絡分類的準確性和泛化能力。

學習路徑

神經科學基礎 → 功能性磁共振造影 (fMRI) → 血氧水平依賴 (BOLD) 信號 → 時頻分析 (如傅立葉變換) → 生成模型 (如擴散模型) → 大腦網絡分類技術

原文連結

[點擊連結](#)

從不完整的多組學數據中整合顯著提升阿茲海默症預測

摘要

多組學數據捕捉了複雜的生物分子互動，並提供了對代謝和疾病的洞察。然而，缺失的模態 (modalities) 阻礙了異質組學的整合分析。為了解決這個問題，我們提出了MOIRA (Multi-Omics Integration with Robustness to Absent modalities)，這是一種早期整合方法，通過表示對齊和自適應聚合，使得從不完整的組學數據中進行穩健學習成為可能。MOIRA利用所有樣本，包括那些缺少模態的樣本，將每個組學數據集投射到一個共享的嵌入空間中，並通過可學習的加權機制將它們融合。在宗教秩序研究和記憶與老化項目 (ROSMAP) 數據集上進行的阿茲海默症 (AD) 評估中，MOIRA的表現優於現有方法，進一步的消融研究確認了模態的貢獻。特徵重要性分析揭示了與AD相關的生物標記，與先前文獻一致，突顯了我們方法的生物學相關性。

導讀

多組學數據是指來自不同生物學層面的數據，例如基因組、蛋白質組等。這些數據有助於理解生物體內的複雜互動。然而，當數據不完整時，分析就會變得困難。MOIRA是一種新方法，可以在數據不完整的情況下，仍然有效地整合和分析這些數據。它通過將不同的組學數據投射到一個共同的空間中，並使用一種可以學習的加權機制來融合這些數據。這種方法在阿茲海默症的研究中表現出色，並且能夠識別出與疾病相關的重要生物標記。

學習路徑

生物學基礎知識 → 組學技術 (Genomics, Proteomics, Metabolomics) → 多組學數據分析 → 機器學習基礎 → 數據整合方法 → MOIRA方法研究

原文連結

[點擊連結](#)

FHRFormer：一種自我監督的變壓器方法，用於胎兒心率補全與預測

摘要

大約10%的新生兒在出生時需要幫助才能開始呼吸，約5%需要通氣支持。胎兒心率（FHR）監測在產前護理中扮演著評估胎兒健康的重要角色，能夠檢測異常模式並支持及時的產科干預，以減少分娩過程中的胎兒風險。將人工智慧（AI）方法應用於分析大規模連續FHR監測數據集，可能提供對需要呼吸幫助或干預風險的新見解。可穿戴FHR監測設備的最新進展使得在不影響孕婦活動的情況下進行連續胎兒監測成為可能。然而，孕婦移動時的傳感器位移，以及胎兒或孕婦位置的變化，常常導致信號中斷，從而在記錄的FHR數據中出現缺失。這些缺失數據限制了有意義見解的提取，並使自動化（基於AI）分析變得複雜。傳統處理缺失數據的方法，如簡單插值技術，通常無法保留信號的頻譜特徵。在本文中，我們提出了一種基於遮罩變壓器的自編碼器方法，通過捕捉數據的空間和頻率成分來重建缺失的FHR信號。該方法在不同持續時間的缺失數據中表現出穩健性，可用於信號補全和預測。該方法可以回溯應用於研究數據集，以支持AI風險算法的開發。在未來，該方法可以集成到可穿戴FHR監測設備中，以實現更早和更穩健的風險檢測。

導讀

胎兒心率（FHR）監測是評估胎兒健康的重要工具，但在實際應用中，常因孕婦移動或姿勢變化導致數據缺失。傳統的數據補全方法（如插值技術）難以保留信號的完整特徵。本文提出了一種新方法，利用變壓器（Transformer，一種深度學習模型）來重建和預測缺失的FHR信號，這不僅能改善數據補全的準確性，還能應用於風險預測，提升孕期健康管理的效能。

學習路徑

基礎生物學 → 生理學（Physiology）→ 生物醫學工程（Biomedical Engineering）→ 人工智慧基礎（Artificial Intelligence Basics）→ 深度學習（Deep Learning）→ 變壓器模型（Transformer Models）→ 信號處理（Signal Processing）→ 胎兒心率監測（Fetal Heart Rate Monitoring）

原文連結

[點擊連結](#)

RAPTOR-GEN：用於生物製造的貝葉斯學習快速後驗生成器

摘要

生物製藥製造對公共健康至關重要，但由於生物製程的複雜性和可變性，缺乏快速、按需生產生物治療藥物的靈活性。為了解決這一問題，我們引入了Rapid PosteriOR GENerator (RAPTOR-GEN)，這是一個機制知情的貝葉斯學習框架，旨在加速從稀疏和異質實驗數據中開發智能數位雙胞胎。該框架建立在一個多尺度概率知識圖 (pKG) 上，該圖被制定為基於隨機微分方程 (SDE) 的基礎模型，能夠捕捉生物製程的非線性動態。RAPTOR-GEN由兩個組成部分構成：(i) 一個可解釋的元模型，整合了線性噪聲近似 (LNA)，利用生物製程機制的結構信息和一個序列學習策略來融合異質和稀疏數據，從而推斷潛在狀態變數並顯式近似不可解的似然函數；(ii) 一個高效的貝葉斯後驗採樣方法，利用朗之萬擴散 (LD) 來加速後驗探索，通過利用導出的似然梯度來推進。它將LNA方法推廣，以避免步長選擇的挑戰，促進機制參數的穩健學習，並提供可證明的有限樣本性能保證。我們開發了一個快速且穩健的RAPTOR-GEN算法，具有可控的誤差。數值實驗證明了其在揭示生物製造過程的潛在調控機制方面的有效性。

導讀

生物製藥製造在公共健康中扮演著關鍵角色，但其過程的複雜性和變動性使得快速生產變得困難。RAPTOR-GEN是一個新開發的工具，利用貝葉斯學習 (Bayesian Learning，一種統計學習方法) 來加速生物製程的數位模擬。它基於一種稱為概率知識圖 (Probabilistic Knowledge Graph) 的技術，這是一種用來表示和處理不確定性和動態系統的工具。RAPTOR-GEN的兩個核心組件分別是：一個能夠解釋和整合不同數據的元模型，以及一個高效的貝葉斯後驗採樣方法，這些都能幫助研究人員更快地理解和預測生物製造過程。

學習路徑

統計學基礎 → 機率論 → 隨機微分方程 → 貝葉斯統計 → 數位雙胞胎技術 → 生物製程知識 → 機器學習在生物製造中的應用

原文連結

點擊連結

大型語言模型中的溝通偏見：監管視角

摘要

大型語言模型（LLMs）在許多應用中變得越來越重要，但也引發了對偏見、公平性和監管合規性的擔憂。本文回顧了偏見輸出的風險及其對社會的影響，重點關注於歐盟的《人工智慧法案》和《數位服務法案》等框架。我們主張，除了持續的監管之外，還需要更強調競爭和設計治理，以確保人工智慧的公平性和可信度。這是與《ACM通訊》同名文章的預印本。

導讀

大型語言模型（LLMs）是用於自然語言處理的人工智慧系統，能夠生成類似人類的文字。然而，這些模型可能會產生偏見的輸出，影響其在社會中的應用和信任度。本文探討了這些偏見的風險以及如何通過監管框架，例如歐盟的《人工智慧法案》和《數位服務法案》，來減少偏見。此外，作者認為除了監管之外，還應重視競爭和設計治理，以確保AI系統的公平性和可信度。

學習路徑

自然語言處理（NLP）→ 大型語言模型（LLMs）→ 人工智慧偏見（AI Bias）→ 監管框架（如：AI Act, Digital Services Act）→ 設計治理（Design Governance）

原文連結

點擊連結

監督式圖對比學習於基因調控網絡的應用

摘要

圖對比學習（Graph Contrastive Learning, GCL）是一種強大的自我監督學習框架，透過圖形擾動進行數據增強，並在生物網絡分析中（如基因調控網絡，Gene Regulatory Networks, GRNs）應用日益增加。GCL常用的人工擾動方法，如節點刪除，會引起結構變化，可能偏離生物現實。這一問題促使圖表徵學習趨向於無增強方法，視這些結構變化為應避免的問題。然而，這種趨勢忽視了一個基本見解，即來自生物學意義擾動的結構變化並非應避免的問題，而是信息的豐富來源，從而忽略了利用真實生物實驗數據的寶貴機會。基於這一見解，我們提出了一種新的GCL方法SupGCL（Supervised Graph Contrastive Learning），專為GRNs設計，直接將基因敲低實驗中的生物擾動作為監督信號。SupGCL是一種概率模型，連續地推廣了傳統GCL，將人工增強與敲低實驗中測量的真實擾動相連接，並使用後者作為明確的監督信號。為了評估其有效性，我們使用SupGCL訓練GRN表徵，並在下游任務中評估其表現。評估包括節點級任務（如基因功能分類）和針對患者特定GRN的圖級任務（如患者生存危險預測）。在來自三種癌症類型患者的GRN數據集構建的13個任務中，SupGCL始終優於最先進的基線方法。

導讀

圖對比學習（GCL）是一種不需要標籤的學習方法，通過改變圖的結構來增強數據。這在分析像基因調控網絡（GRNs）這樣的生物網絡時非常有用。然而，傳統的GCL方法可能會引入與生物現實不符的結構

變化。SupGCL是一種新的方法，它利用基因敲低實驗中的真實生物擾動作為監督信號，這樣可以更準確地反映生物系統的真實情況，從而提高在基因功能分類和患者生存預測等任務中的表現。

學習路徑

圖論基礎 → 機器學習基礎 → 自我監督學習 → 圖對比學習 (GCL) → 基因調控網絡 (GRNs) → 基因敲低實驗 → 監督式圖對比學習 (SupGCL)

原文連結

點擊連結

刺激性大腦壓縮：探索尖峰神經網絡的一次性訓練後剪枝和量化

摘要

尖峰神經網絡 (Spiking Neural Networks, SNNs) 已成為新一代節能神經網絡，適合在類神經形態硬體上實現。由於類神經形態硬體的記憶體和計算資源有限，最近研究了權重剪枝和量化以提高SNNs的效率。現有的最先進SNN剪枝/量化方法採用了多次壓縮和訓練迭代，增加了預訓練或非常大的SNNs的成本。在本文中，我們提出了一種新的一次性訓練後剪枝/量化框架，稱為刺激性大腦壓縮 (Spiking Brain Compression, SBC)，該框架將最佳大腦壓縮 (Optimal Brain Compression, OBC) 方法擴展到SNNs。SBC用基於尖峰序列的目標替代了OBC中的電流基損失，其Hessian矩陣可低成本計算，允許單次反向傳播來剪枝或量化突觸並解析地重新縮放其餘部分。我們在使用類神經形態數據集 (N-MNIST, CIFAR10-DVS, DVS128-Gesture) 和大型靜態數據集 (CIFAR-100, ImageNet) 訓練的模型上進行的實驗顯示，SBC在一次性訓練後壓縮方法上達到了尖峰神經網絡的最先進成果，與OBC相比，準確度提高了個位數到兩位數。SBC的準確度也接近於昂貴的迭代方法，同時壓縮時間減少了2-3個數量級。

導讀

尖峰神經網絡 (SNNs) 是一種模仿大腦神經元活動的神經網絡，具有高效能和低能耗的特點。由於類神經形態硬體 (模仿生物神經系統的硬體) 有其資源限制，因此需要通過剪枝 (去除不必要的神經元連接) 和量化 (減少數據表示的精度) 來提高SNNs的效率。傳統方法需要多次訓練和壓縮，耗時且成本高。本文介紹的刺激性大腦壓縮 (SBC) 方法，則能夠在訓練後一次性完成剪枝和量化，顯著提升效率並保持甚至提高準確度。

學習路徑

神經網絡基礎 → 尖峰神經網絡 (SNNs) → 類神經形態硬體 → 剪枝技術 → 量化技術 → 最佳大腦壓縮 (OBC) → 刺激性大腦壓縮 (SBC)

原文連結

點擊連結

Heartflow獲得FDA批准更新的斑塊分析平台

摘要

Heartflow的新演算法在斑塊檢測方面相比原始版本提升了21%的準確性。這項更新已獲得美國食品藥品監督管理局（FDA）的批准，將有助於改善心血管疾病的診斷和治療。

導讀

Heartflow是一家專注於心血管疾病診斷的公司，其最新的演算法能更準確地檢測斑塊（Plaque，指血管內壁的脂肪沉積物），這對於預防心臟病發作非常重要。斑塊的檢測和分析是心血管健康評估的重要部分，因為它們可能導致動脈狹窄或阻塞。新的演算法提升了檢測準確性，這意味著醫生可以更早、更精確地識別出潛在的心臟問題。

學習路徑

心血管系統基礎知識 → 心血管疾病概論 → 斑塊形成與動脈粥樣硬化 → 影像學在心血管診斷中的應用 → 演算法在醫學影像分析中的應用 → Heartflow技術和其在心血管診斷中的角色

原文連結

點擊連結

果蠅視覺系統中神經幹細胞的同步時間模式

摘要

這篇文章探討了果蠅視覺系統中神經幹細胞的時間模式。研究發現，這些細胞在特定時間窗口內同時產生不同類型的神經元。這種同步時間模式對於視覺系統的正常發育至關重要，並且可能受到特定基因和信號通路的調控。研究人員利用基因編輯技術和螢光標記，追蹤了神經幹細胞的分裂和分化過程，揭示了這一複雜過程的細節。

導讀

這篇文章主要研究果蠅 (*Drosophila*) 的視覺系統中，神經幹細胞 (Neural Stem Cells) 如何在特定的時間內，同步地生成不同類型的神經元 (Neurons)。這種時間上的同步性對於視覺系統的正常發育非常重要。研究中提到的基因編輯技術 (Gene Editing) 和螢光標記 (Fluorescent Labeling) 是用來追蹤細胞的發育過程，幫助科學家理解這些細胞如何被調控。

學習路徑

細胞生物學 → 神經科學 → 發育生物學 → 基因編輯技術 → 果蠅作為模式生物研究

原文連結

點擊連結

白鷗 x 喚
Daily Bio Juan