



白鷗 x 喚  
Daily Bio Juan

# 每日生醫新聞報告

技術導讀與學習地圖

產出日期：2025/09/27

白鷗 x 喚  
Daily Bio Juan

## cAltomorph：基於Transformer的實際環境中外周血塗片血液惡性腫瘤預測

### 摘要

外周血塗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，指導後續的診斷步驟。然而，由於腫瘤性轉變通常發生在骨髓中，可能不會在外周血中表現出可檢測的異常，這對診斷構成挑戰。在本文中，我們介紹了cAltomorph，一種基於Transformer的可解釋AI模型，訓練用於基於外周血細胞形態學分類血液惡性腫瘤。我們的數據包括6115名患者的外周血單細胞圖像，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分析確認，另有495名健康對照，分類為22個詳細和7個粗略類別。cAltomorph利用DinoBloom血液學基礎模型，通過Transformer架構將圖像編碼聚合為單一向量。在7種疾病分類中，它達到了 $68\pm 1\%$ 的總體準確率（平均值 $\pm$ 標準差，5折交叉驗證），急性白血病的F1分數為 $74\pm 2\%$ ，骨髓增生性腫瘤為 $75\pm 3\%$ ，無惡性腫瘤情況為 $82\pm 3\%$ 。在前兩名預測中，總體準確率提高到 $84\pm 1\%$ 。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%，而不漏掉任何急性白血病病例，從而減少了不必要的骨髓穿刺。本研究強調了AI輔助診斷在血液惡性腫瘤中的潛力，說明了在實際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

cAltomorph是一種基於Transformer的人工智慧模型，專門用於分析外周血塗片以預測血液惡性腫瘤（如白血病）。外周血塗片是診斷血液疾病的重要工具，但因為腫瘤變化通常發生在骨髓中，外周血可能不顯示異常。cAltomorph結合了DinoBloom模型，透過分析大量患者的血液細胞圖像，提升了診斷的準確性，並減少了不必要的骨髓穿刺。這意味著，使用這種AI技術可以更快、更準確地診斷血液疾病，並減少患者的痛苦。

### 學習路徑

血液學基礎 → 細胞形態學 → 人工智慧基礎 → 轉換器（Transformer）模型 → 血液腫瘤學 → AI在醫學影像中的應用

### 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) 大約會使進展至輕度認知障礙 (MCI) 和癡呆的風險增加一倍。本研究探討個人對自身認知的主觀關注如何在語音感知過程中的神經動態中表現出來。研究中，從56位粵語、認知正常的老年人（年齡介於60至70歲）收集腦電圖 (EEG) 數據，這些受試者在聆聽四種表達風格的刺激時，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。我們使用編碼模型從聲學、分段和音位特徵來預測EEG信號，發現更高的主觀關注與較弱的皮層追蹤相關，特別是在（1）高階語言特徵而非聲學特徵，以及（2）較不吸引人的刺激（打亂和描述性風格）而非韻律豐富的刺激。總體而言，我們的結果表明，通過語音感知的皮層追蹤可以揭示出認知障礙的早期跡象，尤其是在聆聽韻律平淡的語音時。

## 導讀

這篇文章研究了主觀認知衰退 (SCD) 如何影響大腦在處理語音時的反應。研究人員發現，對自己認知能力有更多擔憂的人，在聆聽語音時，大腦對高階語言特徵的追蹤能力較弱，特別是在面對不那麼吸引人的語音風格時（如打亂和描述性風格）。這意味著，通過觀察大腦對語音的反應，我們可以早期發現認知障礙的跡象。

## 學習路徑

神經科學基礎 → 認知科學 → 語音處理 → 腦電圖 (EEG) 分析 → 主觀認知衰退 (SCD)

## 原文連結

點擊連結

## 學習對齊分子與蛋白質：一種幾何感知的結合親和力方法

## 摘要

準確預測藥物與目標蛋白的結合親和力可以加速藥物發現，因為它能在昂貴的實驗室篩選之前優先考慮有潛力的化合物。儘管深度學習在這項任務中取得了進展，大多數模型僅通過簡單的串聯方式融合配體和蛋白質的表示，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。我們介紹了一種輕量級框架FIRM-DTI，通過特徵線性調制 (FiLM) 層將分子嵌入條件化於蛋白質嵌入，並通過三元組損失強化度量結構。運行於嵌入距離上的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-DTI在Therapeutics Data Commons DTI-DG基準上達到了最先進的性能，這已由廣泛的消融研究和域外評估證明。我們的結果強調了條件化和度量學習在穩健的藥物-目標親和力預測中的價值。

## 導讀

這篇文章探討了一種新的方法來預測藥物和蛋白質之間的結合親和力，這對於加速藥物發現非常重要。傳統的方法通常只是簡單地將藥物和蛋白質的數據拼接在一起，這樣可能會導致預測不夠準確。這篇文章提出了一種名為FIRM-DTI的框架，使用特徵線性調制（FiLM）層來更好地整合這些數據，並使用一種叫做三元組損失的技術來提高預測的可靠性。這種方法在一個叫做Therapeutics Data Commons DTI-DG的基準測試中表現優異，顯示出它在藥物發現中的潛力。

## 學習路徑

化學基礎 → 分子生物學 → 蛋白質結構 → 深度學習基礎 → 藥物-目標結合親和力 → 特徵線性調制（FiLM） → 度量學習 → FIRM-DTI框架

## 原文連結

點擊連結

# 結合LLM嵌入技術以解析人類基因組變異

## 摘要

近來在大型語言模型（LLM）嵌入技術上的進展，使生物數據的強大表達成為可能，但目前的應用大多集中於基因層次的信息。我們提出了一個首批系統化框架之一，能夠在整個人類基因組中生成變異層次的嵌入。我們使用來自FAVOR、ClinVar和GWAS Catalog的精選註釋，為89億個可能的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UK Biobank推算變異，以及約90億個所有可能的變異。嵌入是使用OpenAI的text-embedding-3-large和開源的Qwen3-Embedding-0.6B模型生成的。基準實驗顯示對變異屬性的高預測準確性，證明這些嵌入作為基因組變異的結構化表示是有效的。我們概述了兩個下游應用：通過將Frequentist和Bayesian框架擴展到全基因組關聯研究來進行嵌入知情的假設檢驗，以及增強標準多基因風險評分的嵌入增強遺傳風險預測。這些資源在Hugging Face上公開提供，為推進大規模基因組發現和精準醫療奠定了基礎。

## 導讀

這篇文章探討了如何利用大型語言模型（LLM）的嵌入技術來生成整個人類基因組的變異層次嵌入。嵌入技術是一種將文本或數據轉換為數字向量的方式，使得計算機可以更好地理解和處理這些信息。作者使用了多個數據庫的註釋，為89億個可能的基因變異創建了語義描述，並使用兩種不同的模型生成嵌入。這些嵌入可以用於進行假設檢驗和遺傳風險預測，並且資源已在Hugging Face上公開，為基因組研究和精準醫療提供了新的工具。

## 學習路徑

基因組學 → 大型語言模型（LLM） → 嵌入技術 → 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

# 一種用於導航可合成分子空間的遺傳算法

## 摘要

受到遺傳算法 (Genetic Algorithms) 有效性的啟發，以及在分子設計中合成能力的重要性，我們提出了一種簡單的遺傳算法，稱為SynGA，直接作用於合成路徑。我們的方法具有自定義的交叉和突變運算子，明確地將其限制在可合成的分子空間。通過修改適應度函數，我們展示了SynGA在各種設計任務中的有效性，包括可合成類似物搜索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，該過濾器專注於構建塊集，我們將SynGA提升到最先進的性能。在屬性優化方面，這表現為一種基於模型的變體SynGB0，它在貝葉斯优化的內循環中使用SynGA和塊過濾。由於SynGA輕量且通過構建強制合成能力，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塊，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名為SynGA的遺傳算法，專門用於分子設計中的合成路徑。遺傳算法是一種模仿自然選擇過程的優化技術。SynGA通過自定義的交叉（將兩個解的部分組合）和突變（隨機改變解的一部分）運算子，確保生成的分子是可合成的。文章還提到，通過結合機器學習過濾器，SynGA的性能得到了提升，尤其是在屬性優化方面，這使得SynGA能夠在貝葉斯優化（Bayesian Optimization，一種基於概率模型的優化方法）中發揮作用。這意味著SynGA不僅是一個獨立的工具，還可以作為更大合成系統的一部分。

## 學習路徑

遺傳算法 (Genetic Algorithms) → 分子設計 (Molecular Design) → 機器學習過濾器 (Machine Learning Filters) → 合成路徑優化 (Synthesis Pathway Optimization) → 貝葉斯優化 (Bayesian Optimization)

## 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

隨著計算病理學的進步，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變得越來越重要。在本研究中，我們提出了一個通用的深度學習框架，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則強調細緻的短距離空間互動。為了有效結合這些互補信號，我們引入了一種基於熵的信心加權機制的自適應融合策略。這種方法根據不同下游任務中局部與全局信息的上下文重要性，動態平衡兩個分支的貢獻，通過為信心較高（熵較低）的分支分配更高的權重。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實現了 $0.751 \pm 0.05$ 的精確召回曲線下面積（PRAUC），優於MIL（ $0.491 \pm 0.042$ ）、Trans-MIL（ $0.39 \pm 0.017$ ）、僅用Mamba（ $0.664 \pm 0.063$ ）、僅用GNN（ $0.748 \pm 0.091$ ）以及之前類似工作的GAT-Mamba（ $0.703 \pm 0.075$ ）。SlideMamba在ROC AUC（ $0.738 \pm 0.055$ ）、敏感性（ $0.662 \pm 0.083$ ）和特异性（ $0.725 \pm 0.094$ ）方面也取得了具有競爭力的結果。這些結果強調了集成架構的優勢，並由所提出的基於熵的自適應融合策略增強，顯示了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新的深度學習框架，SlideMamba，專門用於分析數位病理學中的全片影像。全片影像是病理學中的大型圖像文件，包含豐富的生物信息。SlideMamba結合了Mamba架構和圖神經網絡（GNNs），前者擅長處理長距離的全局依賴性，而後者則著重於短距離的空間互動。為了有效地融合這兩者的優勢，研究人員設計了一種基於熵的自適應融合策略，這意味著系統會根據預測的信心動態調整不同方法的權重。這種方法在預測基因融合和突變狀態的任務中表現優異，顯示了其在數位病理學中應用的潛力。

## 學習路徑

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

## 原文連結

點擊連結

## 可解釋的語音嵌入增強並解釋音頻模型對大腦編碼性能的提升

### 摘要

語音基礎模型（Speech Foundation Models, SFMs）日益被認為是人類語音感知的強大計算模型。然而，由於這些模型的表示本質上是黑箱的，因此尚不清楚它們與大腦反應對齊的驅動因素。為了解決這一問題，我們從六個可解釋的特徵家族構建了線性編碼模型：梅爾頻譜圖（mel-spectrogram）、Gabor濾波器組特徵、語音存在、語音音素、語法和語義特徵，以及來自三個最先進的SFMs（Whisper、HuBERT、WavLM）的上下文嵌入，量化了特徵類別之間共享的皮質腦電圖（ECoG）反應變異性。變異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它們學習和編碼簡單可解釋的語音特徵來解釋。其次，SFMs在各層之間展示了大腦相關的低階和高階特徵編碼的系統性權衡。最後，我們的結果顯示，SFMs學習了無法用低階語音特徵解釋的大腦相關語義，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，一種原則性的方法是通過增強SFM嵌入的可解釋特徵來構建更可解釋、更準確和更高效的大腦編碼模型。

### 導讀

這篇文章探討了語音基礎模型（SFMs）如何作為人類語音感知的計算模型，並試圖揭示這些模型與大腦反應對齊的原因。研究人員使用了六種可解釋的特徵來構建模型，包括梅爾頻譜圖（用於表示聲音頻譜的特徵圖）、Gabor濾波器組特徵（用於分析信號的頻率和時間特徵）、以及語音音素（語音的基本單位）、語法和語義特徵等。他們發現這些模型能夠學習和編碼簡單的語音特徵，並且在不同層次之間存在低階和高階特徵編碼的權衡。此外，這些模型能夠學習到與大腦相關的語義，這種能力隨著模型的增大而增強。

### 學習路徑

聲學基礎 → 語音處理 → 機器學習基礎 → 語音基礎模型（SFMs） → 大腦編碼與語音感知 → 變異分割分析

### 原文連結

[點擊連結](#)

## 使用神經網絡估算實驗時間序列間的互信息

### 摘要

量化信息傳遞能力對於分析和設計自然及工程系統至關重要。信息傳遞率是具有時間變化信號的系統的基本衡量指標，但計算它極具挑戰性。特別是，由於信號軌跡空間的高維性，無法直接從實驗時間

序列數據中獲得該速率。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速率。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結合以獲得信息速率。我們通過將其在從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於相同模型獲得的真實結果進行比較，展示了這種技術的準確性。我們通過將ML-PWS應用於神經元時間序列數據，說明了其實用性。

## 導讀

這篇文章探討了一種名為ML-PWS的新技術，該技術結合了機器學習和路徑權重取樣，用於估算時間序列數據中的信息傳遞率。信息傳遞率是指系統在時間變化過程中傳遞信息的速率。傳統上，這需要一個數學模型來計算，但ML-PWS技術可以直接從實驗數據中生成模型，然後計算信息速率。這對於分析複雜系統，如神經元活動，具有重要意義。

## 學習路徑

概率論與統計學 → 隨機過程 → 信息理論 → 時間序列分析 → 機器學習基礎 → 神經網絡 → 生物信息學 → 路徑權重取樣技術

## 原文連結

點擊連結

# 乳癌檢測的對比學習框架

## 摘要

乳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，早期檢測腫瘤至關重要，因為早期檢測能顯著改善治療效果。隨著非侵入性成像技術的進步，計算機輔助檢測 (CAD) 系統通過傳統圖像分析實現了早期檢測。然而，由於深度學習方法的卓越效果，檢測方法正逐漸轉向深度學習。儘管深度學習具有潛力，但由於缺乏大規模標記數據集進行訓練，其準確性常常受到限制。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，該框架在較小的標記數據集上表現出色。我們使用大量未標記的乳房X光片數據，通過相似性指數在半監督的CL方法中訓練Resnet-50。在此過程中，我們使用了各種增強和轉換技術來提高我們方法的性能。最終，我們在一小部分標記數據上調整了模型，超越了現有的最先進技術。我們在基準數據集INbreast和MIAS上觀察到96.7%的乳癌檢測準確率。

## 導讀

這篇文章介紹了一種新的乳癌檢測方法，利用對比學習 (CL) 框架來提高檢測準確性。對比學習是一種機器學習技術，特別適合在標記數據有限的情況下使用。研究中使用了Resnet-50，一種深度神經網



絡模型，並通過半監督學習（利用部分標記和大量未標記數據）來提升模型性能。這種方法在乳房X光片數據上進行了多種圖像增強和轉換，最終在INbreast和MIAS這兩個基準數據集上達到了96.7%的高準確率。

## 學習路徑

基礎醫學知識 → 醫學影像學 → 機器學習基礎 → 深度學習 → 卷積神經網絡（CNN） → 對比學習（Contrastive Learning） → 乳癌檢測技術

## 原文連結

點擊連結

# FHRFormer：一種自我監督的變壓器方法，用於胎心率的填補和預測

## 摘要

大約10%的新生兒在出生時需要幫助才能開始呼吸，而約5%需要通氣支持。胎心率（FHR）監測在產前護理中扮演著重要角色，能夠評估胎兒的健康狀況，幫助檢測異常模式，並支持及時的產科干預，以減少分娩期間的胎兒風險。將人工智慧（AI）方法應用於分析大量連續FHR監測數據集，可能會提供有關預測需要呼吸協助或干預風險的新見解。最近在可穿戴FHR監測器方面的進展，使得在不影響母體活動性的情況下進行連續胎兒監測成為可能。然而，母體移動期間的傳感器位移，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數據中出現缺口。這些缺失數據限制了有意義見解的提取，並使基於AI的自動分析變得複雜。傳統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。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組件來重建缺失的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，並可用於信號填補和預測。該方法可以回溯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，以實現更早期和更穩健的風險檢測。

## 導讀

胎心率（FHR）監測是產前護理中用來評估胎兒健康的重要工具。傳統上，當數據中出現缺失時，通常使用簡單的插值技術來填補，但這些方法無法保留信號的頻譜特徵。本文介紹了一種新的方法，使用變壓器模型（Transformer，一種基於注意力機制的深度學習模型），來重建缺失的FHR數據，並進行預測。這種方法不僅能夠填補數據缺口，還能保持信號的空間和頻率特徵，從而提高AI分析的準確性和可靠性。

## 學習路徑

胎心率監測 → 人工智慧基礎 → 深度學習 → 變壓器模型 (Transformer) → 自我監督學習 → 信號處理

## 原文連結

點擊連結

# 利用先進大腦功能表示和Kolmogorov-Arnold網絡改善腦部疾病診斷

## 摘要

量化功能性連結 (Functional Connectivity, FC) 是診斷各種腦部疾病的重要指標，傳統上依賴於預定義的大腦圖譜。然而，使用這些圖譜可能導致選擇偏差和缺乏針對性的問題。為了解決這些問題，我們提出了一種新穎的基於Transformer的分類網絡 (ABFR-KAN)，以有效的大腦功能表示來協助診斷自閉症譜系障礙 (Autism Spectrum Disorder, ASD)。ABFR-KAN利用Kolmogorov-Arnold Network (KAN) 模塊取代傳統的多層感知器 (MLP) 組件。詳細的實驗顯示，ABFR-KAN在不同模型架構配置下有效改善了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協同活動，對於診斷腦部疾病，如自閉症譜系障礙 (ASD)，非常重要。傳統上，這些連結是通過預定義的大腦圖譜來量化的，但這可能導致偏差。本文提出了一種新方法，使用ABFR-KAN這種基於Transformer的網絡，來更準確地表示大腦功能。ABFR-KAN使用Kolmogorov-Arnold Network (KAN) 模塊，這是一種替代傳統多層感知器 (MLP) 的技術，能夠更好地診斷ASD。

## 學習路徑

神經科學基礎 → 功能性連結 (Functional Connectivity) → 大腦圖譜 (Brain Atlas) → 自閉症譜系障礙 (ASD) → Transformer網絡 → Kolmogorov-Arnold Network (KAN)

## 原文連結

點擊連結

## 銜接隱私與實用性：透過約束效用函數合成匿名化的腦電波數據

### 摘要

腦電圖（EEG）廣泛用於記錄大腦活動，並在機器學習中有多種應用，例如檢測睡眠階段和神經系統疾病。然而，數據再識別和其他個人信息洩漏的潛力已被多項研究證實。因此，隨著EEG消費設備的日益普及，用戶隱私問題日益受到關注，這促使我們研究如何在保護這些敏感數據的同時，保持其在EEG應用中的實用性。為了解決這一挑戰，我們提出了一種基於transformer的自編碼器，用於創建不允許個體再識別的EEG數據，同時保留其在特定機器學習任務中的實用性。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再識別和效用潛力。結果顯示，EEG信號的可再識別性可以大幅降低，同時保留其在機器學習中的實用性。

### 導讀

腦電圖（EEG）是用來記錄大腦活動的技術，常用於研究睡眠和神經疾病。隨著EEG設備的普及，個人隱私問題變得重要。這篇文章提出了一種新方法，使用transformer（變壓器，一種深度學習模型）和自編碼器（autoencoder，一種用於數據壓縮和特徵提取的神經網絡）來創建匿名化的EEG數據。這樣的數據不容易被用來識別個人，但仍然可以用於機器學習，比如自動分析睡眠階段。

### 學習路徑

EEG基礎知識 → 機器學習基礎 → 深度學習概念 → 自編碼器技術 → transformer模型 → 數據隱私保護技術 → EEG在機器學習中的應用

### 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，這對於理解大腦狀態至關重要，並在診斷和推動藥物開發方面具有潛在應用。然而，從原始EEG信號中提取有意義的特徵，同時處理噪聲和通道變異性，仍然是一個重大挑戰。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，涵蓋廣泛的特徵以應對不同的EEG相關任務。其次，為了建模複雜的依賴性並處理EEG的高時間分辨率，我們引入了一個基於注意力的編碼器，該編碼器能同時學習EEG通道之間以及單個通道內局部「塊」的交互。我們在注意力編碼器之上集

成了一個專用的門控網絡，以動態過濾掉噪聲和無信息的通道，提高EEG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，範圍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茲海默症的診斷。我們的結果表明，所提出的學習範式能夠從不同物種的原始EEG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

這篇文章提出了一種新穎的深度學習方法來分析腦電波信號（EEG），這些信號對於理解大腦狀態和診斷神經系統疾病非常重要。傳統上，從這些信號中提取有用的信息很困難，因為信號中常常包含噪聲和變異。這項研究開發了一個新的編碼器，能夠捕捉多尺度的頻率振盪（不同頻率範圍的信號波動），並使用注意力機制（模仿人類注意力的數學模型）來處理信號的高時間分辨率。這種方法還使用了一個門控網絡來過濾掉不必要的信號，並引入了一種新的損失函數來提高模型的準確性和泛化能力（模型在新數據上的表現）。這些技術被用於診斷多種神經系統疾病，顯示出良好的效果。

## 學習路徑

電腦科學基礎 → 機器學習 → 深度學習 → 腦電波信號處理 → 注意力機制 → 對比學習 → 神經系統疾病診斷

## 原文連結

點擊連結

# 個人化聯邦字典學習在多站點fMRI數據異質性建模中的應用

## 摘要

數據隱私限制對於大規模神經影像分析造成了重大挑戰，特別是在多站點功能性磁共振成像（fMRI）研究中，站點特異性異質性導致數據非獨立同分佈（non-IID）。這些因素阻礙了可普遍應用模型的開發。為了解決這些挑戰，我們提出了個人化聯邦字典學習（Personalized Federated Dictionary Learning, 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在每個站點執行獨立的字典學習，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，而本地原子則獨立細化以捕捉站點特異性變異性，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，數據隱私和異質性（不同站點的數據差異）是兩大挑戰。傳統的方法難以在不共享原始數據的情況下進行有效的建模。PFedDL是一種聯邦學習框架（Federated Learning Framework），它允許各站點在不共享原始數據的前提下協作學習。這種方法將每個站點的數據分解為共享的全局部分和個性化的本地部分，從而提高模型的準確性和穩健性。PFedDL的應用顯示出在處理非獨立同分佈數據時的優勢，特別是在ABIDE數據集上的表現。

## 學習路徑

聯邦學習（Federated Learning）→ 字典學習（Dictionary Learning）→  
功能性磁共振成像（fMRI）→ 多站點數據分析（Multi-site Data Analysis）→  
非獨立同分佈數據（Non-IID Data）

## 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數據獲取的資源密集性限制了用於數據驅動的大腦分析模型所需的高保真樣本的可用性。儘管現代生成模型可以合成fMRI數據，但它們經常表現不佳，因為忽視了BOLD信號的複雜非穩態和非線性動態。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的傅立葉變換將BOLD信號轉換為窗口頻譜圖，捕捉潛在的時間動態和頻譜演變。隨後，訓練一個無分類器的擴散模型來生成類別條件頻譜圖，然後通過逆傅立葉變換將其還原為BOLD信號。最後，我們通過展示在下游基於fMRI的大腦網絡分類中的準確性和泛化能力的提升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技術，透過觀察血液中氧氣含量的變化來分析。然而，獲取這些數據需要大量資源，限制了研究的進行。現代的生成模型可以幫助合成這些數據，但通常效果不佳，因為它們忽略了BOLD信號的複雜性。T2I-Diff是一個新的框架，旨在解決這些問題。它首先將BOLD信號轉換為一種稱為窗口頻譜圖的圖像，這樣可以更好地捕捉信號的時間和頻率變化。然後，使用一種無分類器的擴散模型來生成這些頻譜圖，最後再轉回BOLD信號。這種方法在大腦網絡分類的準確性和泛化能力上有顯著提升。

## 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 → 傅立葉變換 → 時頻分析 → 生成模型 → 擴散模型

## 原文連結

點擊連結

# 從不完整模態中進行穩健的多組學整合顯著提升阿茲海默症的預測

## 摘要

多組學數據捕捉了複雜的生物分子交互作用，並提供了對代謝和疾病的深入見解。然而，缺失的模態阻礙了異質組學的整合分析。為了解決這一問題，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，並通過可學習的加權機制將它們融合。在針對阿茲海默症 (AD) 的宗教秩序研究和記憶與老化項目 (ROSMAP) 數據集上的評估中，MOIRA的表現超過了現有的方法，進一步的消融研究證實了模態方面的貢獻。特徵重要性分析揭示了與AD相關的生物標記，這與先前的文獻一致，突顯了我們方法的生物學相關性。

## 導讀

這篇文章介紹了一種名為MOIRA的新方法，用於整合多組學數據（不同類型的生物數據，如基因組、蛋白質組等），即使在有些數據缺失的情況下，也能有效學習。MOIRA通過將不同的數據集映射到一個共同的空間，並使用一種可以學習的加權機制來融合這些數據，從而提高阿茲海默症的預測準確性。這種方法的優勢在於，即使某些數據模態缺失，也不會影響整體的分析結果。

## 學習路徑

生物學基礎 → 分子生物學 → 組學技術（如基因組學、蛋白質組學）→ 多組學整合 → 機器學習基礎 → 深度學習 → MOIRA方法應用

## 原文連結

點擊連結

## FHRFormer：自我監督Transformer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以開始呼吸，而約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）方法應用於分析具有多樣結果的大規模連續FHR監測數據集，可能提供新的見解來預測需要呼吸幫助或干預的風險。可穿戴FHR監測器的最新進展使得在不影響孕婦活動性的情況下進行連續胎兒監測成為可能。然而，孕婦移動時的感測器位移以及胎兒或孕婦位置的改變，常常導致信號中斷，從而在記錄的FHR數據中產生空白。這些缺失的數據限制了有意義見解的提取，並使自動化（基於AI）的分析變得複雜。傳統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組件來重建缺失的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，並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。未來，該方法可集成到可穿戴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，但在孕婦活動時，可能會因感測器移動而導致數據缺失。傳統的數據補全方法可能會失去信號的某些特徵。本文提出了一種新的方法，使用Transformer（深度學習模型的一種）來補全和預測胎兒心率數據。這種方法能夠更好地保留信號的特徵，並且在不同情況下都能保持穩定的效果，未來有望應用於可穿戴設備中，提升胎兒健康風險的早期檢測能力。

### 學習路徑

生物醫學工程基礎 → 信號處理 → 人工智慧基礎 → 深度學習 → Transformer模型 → 自我監督學習 → 胎兒心率監測技術

### 原文連結

點擊連結

## RAPTOR-GEN：用於生物製造中的貝葉斯學習的快速後驗生成器

### 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變異性，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，我們引入了快速後驗生成器（RAPTOR-GEN），這是一個機制知識驅動的貝葉斯學習框架，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，該圖被構建為基於隨機微分方程（SDE）的基礎模型，以捕捉生物製程的非線性動態。RAPTOR-GEN包含兩個要素：（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量並明確近似難以處理的似然函數；（ii）一種高效的貝葉斯後驗抽樣方法，利用郎之萬擴散（LD）通過利用導出的似然梯度來加速後驗探索。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。我們開發了一種快速且穩健的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中的潛在調控機制方面的有效性。

## 導讀

生物製藥製造對於公共健康非常重要，但因為生物製程的複雜性和變異性，難以快速生產所需的生物治療藥物。RAPTOR-GEN是一種新的貝葉斯學習框架，能夠從有限且多樣的實驗數據中快速開發出智能數位雙胞胎（數位模擬模型）。這個框架使用了多尺度概率知識圖（pKG）和隨機微分方程（SDE）來捕捉生物製程的複雜動態，並利用線性噪聲近似（LNA）和郎之萬擴散（LD）等技術來提高數據分析的效率和準確性。

## 學習路徑

生物製藥基礎 → 生物製程原理 → 機械學習基礎 → 貝葉斯學習 → 隨機微分方程（SDE） → 多尺度概率知識圖（pKG） → 數位雙胞胎技術 → 先進數據分析技術（如LNA和LD）

## 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）在許多應用中越來越重要，但也引發了對偏見、公平性和監管合規的擔憂。本文回顧了偏見輸出的風險及其對社會的影響，重點關注歐盟的人工智慧法案（AI Act）和數位服務法案（Digital Services Act）等框架。我們認為，除了持續的監管之外，還需要更加關注競爭和設計治理，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）是能夠理解和生成人類語言的人工智慧系統，廣泛應用於聊天機器人、翻譯工具等。然而，這些模型可能會產生偏見，影響公平性和合規性。歐盟的人工智慧法案和數位服務法案



是兩個重要的監管框架，旨在規範這些技術的使用。本文指出，除了這些法案，還需要關注競爭（市場中的多元選擇）和設計治理（如何設計和管理技術）來確保人工智慧的公平和可信。

## 學習路徑

人工智慧基礎 → 機器學習 → 自然語言處理 → 大型語言模型 → 人工智慧倫理 → 監管框架（如AI Act和Digital Services Act）

## 原文連結

點擊連結

# 監督式圖對比學習在基因調控網路中的應用

## 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，通過圖形擾動進行數據增強，並在生物網路分析中展現出越來越多的應用，如基因調控網路（Gene Regulatory Networks, GRNs）。然而，GCL中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。這一問題促使圖表示學習領域趨向於避免使用增強方法，認為這些結構變化應被避免。然而，這種趨勢忽視了一個基本洞見，即來自生物學上有意義的擾動的結構變化並不是應該被避免的問題，而是一個豐富的信息來源，從而忽略了利用真實生物實驗數據的寶貴機會。基於這一洞見，我們提出了SupGCL（監督式圖對比學習），這是一種針對GRNs的新GCL方法，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聯繫起來，並使用後者作為明確的監督信號。為了評估其效果，我們使用SupGCL訓練GRN表示，並在下游任務中評估其性能。評估包括基因功能分類等節點級任務，以及患者特異性GRN上的圖級任務，如患者生存危險預測。在來自三種癌症類型患者的GRN數據集上構建的13項任務中，SupGCL始終優於最先進的基準方法。

## 導讀

圖對比學習（GCL）是一種用於分析生物網路的技術，特別是在基因調控網路（GRNs）中。傳統上，GCL使用人工擾動（例如刪除節點）來增強數據，但這可能會導致與真實生物結構不符的問題。SupGCL是一種改進的方法，它使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現實。這種方法不僅能夠提升在基因功能分類等任務中的表現，還能在患者生存預測等更高級的應用中取得優異的效果。

## 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） → 基因調控網路（GRNs） → 監督式圖對比學習（SupGCL）

## 原文連結

點擊連結

# 突觸神經網路壓縮：探索單次訓練後修剪與量化技術

## 摘要

突觸神經網路 (Spiking Neural Networks, SNNs) 作為新一代節能神經網路，適合在神經形態硬體上實現。然而，由於這類硬體的記憶體和計算資源有限，最近研究開始探索權重修剪和量化技術以提升SNNs的效率。目前最先進的SNN修剪和量化方法需要多次壓縮和訓練迭代，這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單次訓練後修剪/量化框架，稱為突觸大腦壓縮 (Spiking Brain Compression, SBC)，該框架將最佳大腦壓縮 (Optimal Brain Compression, OBC) 方法擴展至SNNs。SBC用基於尖峰列車的目標替換了OBC中的電流損失，這使得Hessian矩陣的計算變得便宜，允許單次反向傳播來修剪或量化突觸並解析性地重新縮放其餘部分。我們在使用神經形態數據集 (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SNNs上的單次訓練後壓縮方法中達到了最先進的結果，與OBC相比，準確率提高了單位數到雙位數。SBC也接近於昂貴的迭代方法的準確性，同時壓縮時間減少了2-3個數量級。

## 導讀

突觸神經網路 (SNNs) 是一種模仿人腦神經元活動的神經網路類型，因其高效能和低能耗而受到關注。然而，神經形態硬體的資源有限，因此需要有效的壓縮技術來提升性能。傳統方法需要多次訓練和壓縮迭代，但這篇文章提出了一種新方法，稱為突觸大腦壓縮 (SBC)，可以在單次訓練後進行修剪和量化。這樣的方法不僅提高了準確性，還大幅減少了壓縮所需的時間。

## 學習路徑

神經科學基礎 → 神經網路基礎 → 突觸神經網路 (SNNs) → 神經形態計算 → 壓縮技術 (修剪與量化) → 突觸大腦壓縮 (SBC)

## 原文連結

點擊連結

## Biolinq 獲得 FDA de novo 認可，用於皮內葡萄糖感測器

### 摘要

Biolinq 公司開發的設備名為 Biolinq Shine，專為不依賴胰島素的第二型糖尿病患者設計。該設備獲得美國食品藥品監督管理局（FDA）的 de novo 認可，這意味著它是一種創新產品，並且在市場上沒有直接的先例。

### 導讀

Biolinq Shine

是一種用於監測第二型糖尿病患者血糖水平的皮內葡萄糖感測器。第二型糖尿病（Type 2 diabetes）是一種常見的慢性疾病，患者通常不需要依賴胰島素（insulin）來控制血糖。這款設備的創新之處在於它能夠無需依賴傳統的血糖監測方法，提供更方便的血糖管理方案。FDA 的 de novo 認可是一種針對新穎醫療設備的審批途徑，適用於那些在市場上沒有類似產品的創新設備。

### 學習路徑

糖尿病基礎知識 → 血糖監測技術 → 皮內感測技術 → 醫療設備監管 → FDA de novo 認證程序

### 原文連結

點擊連結

## 低劑量輻射與馬拉松聯合暴露引發長期神經後遺症及對海馬體脂質穩態和能量代謝的協同破壞

### 摘要

這篇研究探討了低劑量輻射與馬拉松（Malathion，一種常用的有機磷殺蟲劑）聯合暴露對小鼠海馬體的影響。研究發現，這種聯合暴露會引發長期的神經後遺症，並協同破壞海馬體的脂質穩態和能量代謝。具體來說，研究顯示這種暴露會導致海馬體中脂肪酸代謝的失調，並影響線粒體功能，從而影響神經系統的正常運作。

### 導讀

這項研究主要關注低劑量輻射和馬拉松對大腦特定區域（海馬體）的影響。海馬體是大腦中負責記憶和學習的重要區域。研究指出，這兩者的聯合暴露會對海馬體的脂質穩態（細胞中脂質的平衡狀態）和能量代謝（細胞獲取和使用能量的過程）造成破壞，進而引發神經後遺症（長期的神經系統問題）

。這意味著在面對環境中的低劑量輻射和化學物質時，我們需要更加謹慎。

## 學習路徑

生物學基礎 → 神經科學 → 脂質代謝 → 能量代謝 → 輻射生物學 → 有機磷化學品的影響 → 神經毒理學

## 原文連結

點擊連結

