



放射多组学协同学习预测鼻咽癌自适应放疗触发机制

邱成羽, 李兵, 林世杰, 盛嘉宝, 滕信智, 张将, 程煜婷, 张馨匀, 周塔, 葛红, 张远鹏, 蔡璟

引用本文:

邱成羽,李兵,林世杰,盛嘉宝,滕信智,张将,程煜婷,张馨匀,周塔,葛红,张远鹏,蔡. 放射多组学协同学习预测鼻咽癌自适应放疗触发机制[J]. 智能系统学报, 2024, 19(1): 58–66.

QIU Chengyu, LI Bing, LAM Saikit, et al. Radioactive multi-omics collaborative learning for adaptive radiation therapy eligibility prediction in nasopharyngeal carcinoma[J]. *CAAI Transactions on Intelligent Systems*, 2024, 19(1): 58–66.

在线阅读 View online: <https://dx.doi.org/10.11992/tis.202304029>

您可能感兴趣的其他文章

基于分类差异与信息熵对抗的无监督域适应算法

Unsupervised domain adaptation algorithm based on classification discrepancy and information entropy
智能系统学报. 2021, 16(6): 999–1006 <https://dx.doi.org/10.11992/tis.202010020>

基于特征融合及自适应模型更新的相关滤波目标跟踪算法

Correlation filter target tracking algorithm based on feature fusion and adaptive model updating
智能系统学报. 2020, 15(4): 714–721 <https://dx.doi.org/10.11992/tis.201803036>

深度自编码与自更新稀疏组合的异常事件检测算法

Abnormal event detection method based on deep auto-encoder and self-updating sparse combination
智能系统学报. 2020, 15(6): 1197–1203 <https://dx.doi.org/10.11992/tis.202007003>

应用于不平衡多分类问题的损失平衡函数

Application of the loss balance function to the imbalanced multi-classification problems
智能系统学报. 2019, 14(5): 953–958 <https://dx.doi.org/10.11992/tis.201808004>

面向特征选择问题的协同演化方法

Co-evolutionary algorithm for feature selection
智能系统学报. 2017, 12(01): 24–31 <https://dx.doi.org/10.11992/tis.201611029>

面向特征选择问题的协同演化方法

Co-evolutionary algorithm for feature selection
智能系统学报. 2017, 12(1): 24–31 <https://dx.doi.org/10.11992/tis.201611029>

DOI: 10.11992/tis.202304029

网络出版地址: <https://link.cnki.net/urlid/23.1538.TP.20230731.1732.010>

放射多组学协同学习预测鼻咽癌自适应放疗触发机制

邱成羽^{1,2}, 李兵^{3,4}, 林世杰⁵, 盛嘉宝¹, 滕信智¹, 张将¹, 程煜婷²,
张馨匀², 周塔^{1,4}, 葛红³, 张远鹏^{1,2,4}, 蔡璟^{1,4}

(1. 香港理工大学 健康科技与资讯学系, 香港 999077; 2. 南通大学 医学信息学系, 江苏 南通 226019; 3. 郑州大学附属肿瘤医院, 河南 郑州 450008; 4. 香港理工大学深圳研究院, 广东 深圳 518057; 5. 香港理工大学 生物医学工程学系, 香港 999077)

摘要: 针对传统的放射多组学(影像组学、剂量组学和轮廓组学)模型往往采用特征拼接的方式, 容易忽略不同组学特定统计属性、产生过拟合的问题, 提出了以一致性约束和自适应权重为核心构建的多组学协同学习算法(multi-omics collaborative learning, MOCL)。该算法采用一致性约束挖掘不同组学特征之间的互补模式, 再通过香农熵自适应学习不同组学特征的权重, 最后引入紧致度图来避免过拟合现象。通过将 MOCL 在 311 名鼻咽癌患者组成的临床影像数据上得到的实验结果与 3 种传统的机器学习算法以及 2 种多视角算法进行比较, 结果表明 MOCL 在多组学协同学习上, 具有一定的优势, 能为鼻咽癌自适应放疗资格预测提供有价值的决策依据。

关键词: 数据融合; 机器学习; 特征提取; 特征选择; 预测; 图像分析; 自适应算法; 鼻咽癌; 多组学

中图分类号: TP391.71 **文献标志码:** A **文章编号:** 1673-4785(2024)01-0058-09

中文引用格式: 邱成羽, 李兵, 林世杰, 等. 放射多组学协同学习预测鼻咽癌自适应放疗触发机制[J]. 智能系统学报, 2024, 19(1): 58-66.

英文引用格式: QIU Chengyu, LI Bing, LAM Saikit, et al. Radioactive multi-omics collaborative learning for adaptive radiation therapy eligibility prediction in nasopharyngeal carcinoma[J]. CAAI transactions on intelligent systems, 2024, 19(1): 58-66.

Radioactive multi-omics collaborative learning for adaptive radiation therapy eligibility prediction in nasopharyngeal carcinoma

QIU Chengyu^{1,2}, LI Bing^{3,4}, LAM Saikit⁵, SHENG Jiabao¹, TENG Xinzhì¹, ZHANG Jiang¹,
CHENG Yuting², ZHANG Xingyun², ZHOU Ta^{1,4}, GE Hong³, ZHANG Yuanpeng^{1,2,4}, CAI Jing^{1,4}

(1. Department of Health Science, Technology and Informatics, Hong Kong Polytechnic University, Hong Kong 999077, China; 2. Department of Medical Informatics, Nantong University, Nantong 226019, China; 3. The Affiliated Cancer Hospital of Zhengzhou University, Zhengzhou 450008, China; 4. The Hong Kong Polytechnic University Shenzhen Research Institute, Shenzhen 518057, China; 5. Department of Biomedical Engineering, Hong Kong Polytechnic University, Hong Kong 999077, China)

Abstract: Traditional radiation omics models, including radiomics, dosiomics, and contouromics, typically adopt feature splicing, which tends to ignore the specific statistical attributes of different omics and therefore leads to overfitting. A multi-omics collaborative learning (MOCL) algorithm focused on consistency constraints and adaptive weights was proposed in the study to address this problem. The MOCL algorithm employs consistency constraints to explore complementary patterns among heterogeneous omics features and adaptively learns their weights using Shannon entropy while avoiding overfitting through compactness mapping. An experiment was conducted on the clinical imaging data of 311 patients with nasopharyngeal carcinoma using MOCL. The experimental result is compared with three traditional machine learning algorithms and two multiperspective algorithms. The results demonstrate that MOCL has certain advantages in collaborative learning of multi-omics and can provide a valuable prediction basis for adaptive radiotherapy qualification in the case of nasopharyngeal carcinoma.

Keywords: data fusion; machine learning; feature extraction; feature selection; forecasting; image analysis; adaptive algorithms; nasopharyngeal carcinoma; multi-omic

收稿日期: 2023-04-13. 网络出版日期: 2023-08-01.

基金项目: 国家自然科学基金项目(82072019); 深圳市科技创新委员会深圳市基础研究计划(JCYJ20210324130209023); 深圳-香港-澳门科技计划(C类)(SGDX20201103095002019); 江苏省自然科学基金项目(BK20201441); 河南省医学科学技术研究省部共建项目(SBGJ202103038, SBGJ202102056); 河南省重点研发与推广项目(科学技术研究)(222102310015); 河南省自然科学基金(222300420575, 232300420231); 河南省科学技术研究项目(222102310322).

通信作者: 蔡璟. E-mail: jing.cai@polyu.edu.hk.

©《智能系统学报》编辑部版权所有

鼻咽癌(nasopharyngeal carcinoma, NPC)是指发生于鼻咽腔顶部和侧壁的恶性肿瘤。根据国际癌症研究机构的数据^[1], 2020 年, 在世界范围内估计有 1930 万新的癌症病例, 其中大概有 13.3 万例鼻咽癌新发病例, 死亡人数约为 8 万人, 表现出较高的死亡率。在中国, 鼻咽癌的发病人数明显高于世界平均水平(1.9 万/10 万)^[2-3], 主要发生在

香港和南方五省(广东、广西、湖南、福建和江西), 是当地头颈部恶性肿瘤的首位。

随着人工智能技术的发展, 影像组学被广泛应用于癌症的临床分期、治疗方法选择、疗效评估以及预后分析等领域, 并且取得了一定的研究成果。在鼻咽癌领域, Liu 等^[4]从鼻咽癌患者的 CT 图像提取影像组学数据并与患者的唾液量相结合, 通过预测患者的预期唾液量来构建预测患者未来急性口干干燥症的可能性和程度的模型, 该模型能在早期准确地预测患者的唾液量, 并提前预防口干症状; 金哲等^[5]从 1393 例鼻咽癌患者的 MRI 图像中提取影像组学特征并结合患者的临床指标构建鼻咽癌远端转移预测模型, 在预测鼻咽癌远端转移风险方面具有较高效能。

但影像组学数据也有自己的局限性^[6-9], 由于各个医院之间所采用的机器不同、协议不同、参数不同, 以及负责感兴趣区域 (volume of interest, VOI) 标注的临床医师的不同, 使得影像组学特征的再现性受到影响, 进而影响模型的准确性和可重复性。因此, 影像组学数据融合其他组学或临床指标的方法逐渐开始受到重视。将影像组学与其他组学相结合的研究方式, 可以充分利用来自不同组学特征进行互补, 也可以避免单组学特征冗余度过高的问题, 以提高模型的预测精度和泛用性。例如, Zhou 等^[10]结合影像组学和基于 EQD2 的剂量组学, 建立了基于 CT 的放射性肺炎 (padiation poisoning, RP) 预测模型, 发现剂量组学结合影像组学的训练效果要优于传统的剂量-体积直方图 (dose-volume histogram, DVH)、影像组学+DVH, 且具有统计学意义; Cai 等^[11]将水平计算机断层扫描 (CT) 融合剂量学, 所建立的融合剂量学模型均优于单一的 CT/剂量模型; Cui 等^[12]在深度学习中整合了 PET (positron emission tomography) 影像组学、细胞因子和 miRNA 的多组学信息, 构建了预测正常组织并发症概率/肿瘤控制概率的模型, 要优于传统的预测模型。

在多组学研究中, 处理多组学数据传统方法之一是将来自不同组学的特征向量连接成特征新向量, 然后在连接后的向量上应用单视角算法进行处理。而这样简单的特征拼接处理容易带来以下问题: 1) 忽略了不同组学之间的信息互补关系; 2) 特征数量会随着组学数量的增加而增加, 造成维度灾难。最终导致过拟合, 模型精度较差等问题^[13]。多组学问题应当基于多视角学习的原则设计^[14]: 1) 假设视角之间的分歧是分类误差的

上限, 力求最大限度地保证每个视角的预测一致性; 2) 假设每个视角都包含其他视角没有的信息, 从每个视角中提取差异, 同时保留共享信息。因此, 采用合适的多组学融合方案是多组学研究的关键。对此, 本研究针对影像组学、剂量组学和轮廓组学, 设计了一种多组学协同学习算法 (multi-omics collaborative learning, MOCL)。MOCL 通过一致性约束挖掘不同组学特征之间的互补模式, 另外还通过香农熵自适应学习不同组学特征的权重。通过在真实临床影像数据上的实验结果表明, MOCL 对鼻咽癌远端转移有较好的预测作用。另外, 和引入的对比算法的比较结果表明, MOCL 在多组学协同学习上具有一定的优势。

1 放射多组学协同学习

1.1 问题提出

鼻咽癌患者在治疗过程中, 从其 CT、MRI 等常规放射影像学资料中, 可以获取的组学特征包括影像组学、剂量组学以及轮廓组学。已有研究表明, 影像组学、剂量组学以及轮廓组学特征均和患者的治疗预后密切相关^[15-16], 只使用单一组学构建模型往往会出现模式信息有限的问题, 如何有效地挖掘不同组学特征所包含的互补信息对于准确预测患者预后来说显得非常重要。传统的学习策略将各组学进行拼接, 人为地割裂了各个组学之间潜在的联系, 只是简单地将单独学习的结果进行集成, 很难达到较为满意的学习效果。因此, 基于多组学协同学习的问题描述如下。

假设 $\{X, Y\}$ 为一个多组学训练集, 其中, 每个组学特征空间可以表示为 $X_k \in \mathbf{R}^{N \times d}$, 则多组学协同学习的问题可以形式化描述为

$$\min_f \sum_k L(f(X_k), Y) + \sum_{k, j, k \neq j} C(f(X_k), f(X_j)) + \|f\|_F^2 \quad (1)$$

式中: 第 1 项为各个组学特征空间上的损失之和; 第 2 项为各组学之间的一致性约束, 用于保障同一对象在不同组学特征空间预测的一致性; 第 3 项为泛化项, 用于保障模型的泛化能力。

1.2 多组学特征空间损失

在使用机器学习进行线性分类的过程中, 对于每个样本, 可以使用一个转置矩阵将其映射到一个低维空间中, 即模型对该样本的预测值 $f(X)$ 。但需要对模型的预测值 $f(X)$ 与真实值 Y 的差异程度的进行估算。两者相差值越小, 说明模型的预测精度就越好。在描述多组学的特征空间损失时, 具体定义如下:

$$\sum_{k=1}^K \omega_k \| \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y} \|_F^2 \quad (2)$$

式中: K 是数据集中所包含的组学的数量, ω_k 是第 k 个组学所占的权重, \mathbf{X}_k 为第 k 个组学的特征向量, \mathbf{A}_k 代表第 k 个组学特征的转置矩阵。通过最小化式 (2), 能保证训练过程中得到的标签和真实结果误差尽可能最小。

1.3 一致性约束

为了确保各组学特征空间之间预测结果的一致性, 即认为同一个鼻咽癌患者, 在不同视图下, 其放疗预后的结果应该尽量保持一致, 设置一个先验知识, 具体定义如下:

$$\sum_{k=1}^K \left\| \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \frac{1}{K-1} \sum_{l=1, l \neq k}^K \mathbf{X}_l \tilde{\mathbf{A}}_l \right\|_F^2 \quad (3)$$

其中 $\tilde{\mathbf{A}}_l$ 是针对每个组学特征空间单独预先训练得到的一个转换矩阵。通过最小化式 (3), 能保证从任意组学特征空间进行预测时, 都能与其余组学特征空间得到的预测结果的差异最小, 保证同一样本在不同组学特征空间预测的结果尽量一致。

同时为了从不同的角度来探索一致或互补的信息, 本文提出了一种基于信息论的多视图加权机制, 即自适应权重。具体来说, 引入了一个基于“香农熵”的视图加权惩罚项来自适应学习每个组学的权重系数, 对于包含模式信息较少的特征空间, 为其分配较小的权重, 反之, 则为其分配较大的权重其定义如下:

$$\sum_{k=1}^K \omega_k \ln \omega_k \quad (4)$$

通过最小化式 (4), 能使得包含更多有效特征的组学在训练中被给予更大的权重。

1.4 泛化性能提升

为了减少在迭代过程中可能出现的过拟合现象, 基于流形学习的方法, 采用紧致度图来尽可能避免过拟合问题。在紧致度图中, 同一标签的两个不同的样本对应的两个节点由一条无向边连接, 其权重定义如下:

$$\mathbf{W}_{ij} = \begin{cases} e^{-\frac{\|x_i - x_j\|^2}{\sigma}}, & x_i, x_j \text{ 标签相同} \\ 0, & x_i, x_j \text{ 标签不同} \end{cases} \quad (5)$$

其中 σ 是热核参数。如果 \mathbf{W}_{ij} 能够保证具有相同标签的样本彼此应该相互靠近, 那么两个具有相同标签的样本 f_i 和 f_j 就应该被赋予更大的权重 $\mathbf{W}_{ij}^{[17]}$ 。选择映射的合理标准是最小化以下目标函数:

$$\min_f \sum_{ij} \|f_i - f_j\|^2 \mathbf{W}_{ij} \quad (6)$$

其中: f_i 和 f_j 表示 x_i 和 x_j 进行变换后的结果, 通过最小

化该式, 能进一步确保 f_i 和 f_j 在空间中的相对接近。因此, 可以通过式 (6), 保持样本在变换空间中的紧致性。再引入拉普拉斯矩阵之后, 式 (6) 可以进一步变化为

$$\lambda \sum_{k=1}^K (\mathbf{A}_k^T \mathbf{X}_k^T \mathbf{L}_k \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k) \quad (7)$$

式中: \mathbf{L}_k 是拉普拉斯矩阵, 定义为 $\mathbf{L} = \mathbf{Z} - \mathbf{W}$; \mathbf{Z} 是对角矩阵, 它的对角项可以由 $\mathbf{Z}_{ij} = \sum_j \mathbf{W}_{ij}$ 计算。

1.5 目标函数和优化

基于式 (2)~(4)、(7) 所设计的组件, 多组学协同学习算法的目标函数可以表示为

$$\begin{aligned} J(\omega_k, \mathbf{A}_k) = & \min_{\mathbf{A}_k, \omega_k} \sum_{k=1}^K \omega_k \| \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y} \|_F^2 + \\ & \eta \sum_{k=1}^K \left\| \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \frac{1}{K-1} \sum_{l=1, l \neq k}^K \mathbf{X}_l \tilde{\mathbf{A}}_l \right\|_F^2 + \\ & \lambda \sum_{k=1}^K (\mathbf{A}_k^T \mathbf{X}_k^T \mathbf{L}_k \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k) + \beta \sum_{k=1}^K \omega_k \ln \omega_k \\ & \text{s.t. } \sum_{k=1}^K \omega_k = 1 \end{aligned} \quad (8)$$

其中, η 、 λ 、 β 作为平衡参数且 > 0 , 以调配目标函数中不同部分的影响。

定理 1 针对 $J(\omega_k, \mathbf{A}_k)$, 当 ω_k 固定时, 求得最佳的 \mathbf{A}_k 计算如下:

$$\mathbf{A}_k = [(\omega_k + \eta) \mathbf{X}_k^T \mathbf{X} + \lambda \mathbf{X}_k^T \mathbf{L}_k \mathbf{X}_k]^{-1} (\omega_k \mathbf{X}_k^T + \eta \mathbf{X}_k^T \tilde{\mathbf{D}}) \quad (9)$$

其中 $\tilde{\mathbf{D}} = \frac{1}{K-1} \sum_{l=1, l \neq k}^K \mathbf{X}_l \tilde{\mathbf{A}}_l$ 。

证明 给定任意 ω_k , 式 (8) 中的目标函数可以重新表达为

$$J(\mathbf{A}_k) = \min_{\mathbf{A}_k, \omega_k} \sum_{k=1}^K \omega_k \| \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y} \|_F^2 + \quad (10)$$

$$\eta \sum_{k=1}^K \| \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \tilde{\mathbf{D}} \|_F^2 + \lambda \sum_{k=1}^K (\mathbf{A}_k^T \mathbf{X}_k^T \mathbf{L}_k \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k)$$

其中 $\tilde{\mathbf{D}} = \frac{1}{K-1} \sum_{l=1, l \neq k}^K \mathbf{X}_l \tilde{\mathbf{A}}_l$, 通过将 $J(\mathbf{A}_k)$ 对 \mathbf{A}_k 的偏导数设为 0, 可以得到

$$\frac{\partial J(\mathbf{A}_k)}{\partial \mathbf{A}_k} = 0$$

$$\begin{aligned} & \Rightarrow 2\omega_k \mathbf{X}_k^T \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - 2\omega_k \mathbf{X}_k^T \mathbf{Y} + \\ & 2\lambda \mathbf{X}_k^T \mathbf{L}_k \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k + 2\eta (\mathbf{X}_k^T \mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{X}_k^T \tilde{\mathbf{D}}) = 0 \\ & \Rightarrow (\omega_k \mathbf{X}_k^T \mathbf{X}_k + \lambda \mathbf{X}_k^T \mathbf{L}_k \mathbf{X}_k + \eta \mathbf{X}_k^T \mathbf{X}_k) \mathbf{A}_k = \\ & \omega_k \mathbf{X}_k^T \mathbf{Y} + \eta \mathbf{X}_k^T \tilde{\mathbf{D}} \end{aligned}$$

则

$$\mathbf{A}_k = (\omega_k \mathbf{X}_k^T \mathbf{X}_k + \lambda \mathbf{X}_k^T \mathbf{L}_k \mathbf{X}_k + \eta \mathbf{X}_k^T \mathbf{X}_k)^{-1} (\omega_k \mathbf{X}_k^T \mathbf{Y} + \eta \mathbf{X}_k^T \tilde{\mathbf{D}}) \quad (11)$$

证毕。

定理 2 针对 $J(\omega_k, \mathbf{A}_k)$, 当 \mathbf{A}_k 固定时, 可以求得最佳 ω_k :

$$\omega_k = \frac{e^{-\frac{\|\mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y}\|_F^2}{\beta}}}{\sum_{k=1}^K e^{-\frac{\|\mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y}\|_F^2}{\beta}}} \quad (12)$$

证明 给定任意的 \mathbf{A}_k , 式 (8) 中的目标函数可以被重新表达为

$$J(\omega_k) = \min_{\mathbf{A}_k, \omega_k} \sum_{k=1}^K \omega_k \|\mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y}\|_F^2 + \beta \sum_{k=1}^K \omega_k \ln \omega_k \quad (13)$$

$$\text{s.t. } \sum_{k=1}^K \omega_k = 1$$

通过将 $J(\omega_k)$ 对 ω_k 的偏导数设置为 0, 可以得到

$$\begin{aligned} \frac{\partial J(\omega_k)}{\partial \omega_k} &= 0 \\ \Rightarrow -\|\mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y}\|_F^2 + \beta(\ln \omega_k + 1) + \varphi &= 0 \\ \Rightarrow \ln \omega_k &= \frac{-\varphi - \|\mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y}\|_F^2}{\beta} - 1 \\ \Rightarrow \omega_k &= e^{-\frac{\varphi - \|\mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y}\|_F^2}{\beta} - 1} = e^{-\frac{\varphi}{\beta}} e^{-\frac{\|\mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y}\|_F^2}{\beta}} e^{-1} \end{aligned}$$

由 $\sum_{k=1}^K \omega_k = 1$ 可得:

$$\sum_{k=1}^K e^{-\frac{\varphi}{\beta}} e^{-\frac{\|\mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y}\|_F^2}{\beta}} e^{-1} = 1 \Rightarrow e^{-\frac{\varphi}{\beta}} e^{-1} = \frac{1}{\sum_{k=1}^K e^{-\frac{\|\mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y}\|_F^2}{\beta}}}$$

将 $e^{-\frac{\varphi}{\beta}} e^{-1}$ 代入 ω_k , 可得:

$$\omega_k = \frac{e^{-\frac{\|\mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y}\|_F^2}{\beta}}}{\sum_{k=1}^K e^{-\frac{\|\mathbf{X}_k \mathbf{A}_k - \mathbf{Y}\|_F^2}{\beta}}} \quad (14)$$

证毕。

1.6 MOCL 算法描述

根据 \mathbf{A}_k 和 ω_k 的计算原则, 具体算法计算流程如下。

算法 1 MOCL 训练

输入 多组学训练样本 $\{\mathbf{X}_k, \mathbf{Y}\}$, 正则化参数 η 、 λ 、 β , 迭代次数 t

输出 \mathbf{A}_k 和 ω_k

- 1) 计算影像组学、轮廓组学和剂量组学的转置矩阵 $\tilde{\mathbf{A}}_t$;
- 2) 为每一个组学特征空间计算 \mathbf{L}_m ;
- 3) 以 $1/K$ 为每个组学特征空间赋予初始权重 ω_k 重复;
- 4) 为每个组学特征空间计算 \mathbf{A}_k ;
- 5) 为每个组学特征空间计算 ω_k 直到 $(\|\mathbf{A}_k^{(t)} - \mathbf{A}_k^{(t-1)}\| \leq 10^{-4})$;

6) 返回 \mathbf{A}_k 和 ω_k 。

算法 2 MOCL 测试

输入 测试集 $\{\hat{\mathbf{X}}_k\}$, \mathbf{A}_k 和 ω_k

$$\text{输出 } \hat{\mathbf{Y}} = \sum_{k=1}^K \omega_k \hat{\mathbf{X}}_k \mathbf{A}_k$$

2 实验分析

2.1 数据来源和预处理

2.1.1 患者数据

本研究对 2012—2015 年期间在香港伊利沙伯医院接受放疗的 311 名 NPC 患者进行了回顾性分析。研究对象包括符合以下条件的患者: 1) 初次诊断为经组织活检证实的原发性鼻咽癌, 无远处转移和合并其他类型肿瘤; 2) 接受了治愈性的同步放化疗 (concurrent chemoradiation, CCRT) 或 CCRT 加辅助化疗 (AC); 3) 接受了螺旋调强放疗治疗。被排除的患者包括: 1) 在接受 CCRT 治疗之前接受过新辅助化疗的患者; 2) 接受放疗但未同时接受化疗的患者; 3) 未注射造影剂进行计划对比增强 CT (contrast enhancement CT, CECT) 或计划对比增强 T1-w (CET1-w) 磁共振成像的患者; 4) 没有完整的临床/影像数据的患者。个体患者以在放疗后是否需要自适应复查 (adaptive review) 来进行分类, 其中需要进行自适应复查的标记为 1, 不需要的标记为 0。

2.1.2 感兴趣区域

本研究涉及 8 个不同的器官结构的 VOI, 包括原发性 NPC 肿瘤 (GTVnp) 和转移淋巴结 (GTVn) 的总肿瘤体积、同侧腮腺 (IpsiPG)、对侧腮腺 (ContraPG)、脑干 (BS)、脊髓 (SC)、淋巴结计划靶体积的高剂量和低剂量区 (分别为处方剂量为 70-Gy 的 PTVn_high_dose 和处方剂量为 60-Gy 的 PTVn_low_dose)。图 1 结出了本研究中涉及到的每个 VOI 的位置。

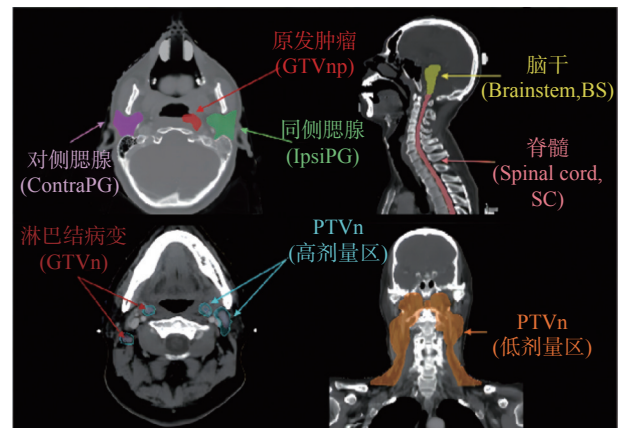


图 1 本研究中涉及的 8 个 VOI

Fig. 1 Eight VOIs involved in this study

其中 GTVnp 是与计划 MRI 图像对准后, 在轴向 CT 层面上手动勾画出来的, GTVn 是由一名丰

富经验且获得认证的头颈放射肿瘤学家按照国际颈部水平 CT 描绘指南在 CECT 图像上绘制的。为了区分患者的同侧腮腺和对策腮腺, 本文按照以下策略进行: 1) 确定腮腺 (PG) 体积上特定体素点与 GTVnp 表面上所有体素点之间的最小几何距离; 2) 选择另一体素点, 重复 (1) 过程, 直到确定整个 PG 上所有体素点相对于 GTVnp 的最小距离; 3) 计算所有最小距离的中值, 并以此确定各个患者的 PG 与 GTVnp 的总体接近度。中值较小的认为是同侧腮腺, 较大的认为是对侧腮腺。所有分割均使用 Varian ARIA 和 Eclipse 治疗计划系统 v13(加利福尼亚州帕洛阿尔托的 Varian 医疗系统公司) 进行。

2.1.3 影像组学特征

在实验中, 由 GTVnp、GTVn、IpsiParotid 和 ContraParotid 4 种来自不同器官结构的 VOI 参与影像组学的特征提取的计算。使用 Python 中的 SimpleITK(v1.2.4) 和 Pyradiomics(v2.2.0) 对原始医学图像进行提取。一般来说, 影像组学特征可以分为 3 类: 一阶统计特征、形态特征、二阶及高阶纹理特征。一阶统计特征反应所测体素的对称性、均匀性以及局部强度分布变化。包括中值、平均值、最小值、最大值、标准差、偏度、峰度等。形态特征定量描述感兴趣区的几何特性, 如肿瘤的表面积、体积、表面积和体积比、球形度、紧凑性和三维直径等, 这些特征可以描述肿瘤三维的大小和形态信息。二阶及高阶纹理特征能够反映图像体素灰度之间的空间排列关系, 可以分为灰度共生矩阵 (gray-level covarionce matrix, GLCM)、灰度游程长度矩阵 (gray-level run-length matrix, GLRLM) 和灰度尺寸区域矩阵 (gray-level size zone matrix, GLSZM)。在对 CECT、CET1-w 和 T2-w 磁共振图像进行影像组学特征计算的过程中, 以高斯-拉普拉斯滤波器 (核大小: 1、3、6 mm) 和小波滤波器 (HHH、HLL、LHL、LLH、LHH、HLH、HHL、LLL) 进行滤波。在本研究中, 将 4 个 VOI 的形态学特征全部分离出来, 为每个研究的 VOI 提供了总共 6 348 个影像组学特征。同时将 4 个 VOI (GTVnp、GTVn、IpsiPG 和 ContraPG) 的伸长、平整度、最小轴长、长轴长、小轴长、最大 2D 直径列、最大 2D 直径行、最大 2D 直径切片、最大 3D 直径网格体积、球度、表面积、表面体积比、体素体积 14 个形态学特征组合起来的 56 个特征作为一

组。影像组学和形态学特征的详细定义可在 Pyradiomics 文档中找到。

2.1.4 剂量组学特征

因为传统的剂量-体积直方图 (DVH) 不包含辐照器官内空间剂量分布的信息, 所以本文采用 RT 剂量数据对 8 种不同器官结构的 VOI 进行剂量学特征计算。相比之下, 剂量组学能够表征所研究的 8 个 VOI 内局部辐射剂量分布的空间格局, 在癌症预后和治疗反应的各种预测模型中得到了广泛的研究^[18-19]。本研究采用 Gabryovic 等^[20]的方法计算了 8 种 VOI 的 DVH 曲线点的剂量学特征, 示例包括但不限于最大剂量、最小剂量、平均剂量、至少接受一定剂量水平的 VOI 的体积以及一定体积的 VOI 接受的最小剂量。此外, 本文提取了每个研究 VOI 内的空间剂量分布, 以全面描述沉积剂量的异质性, 如沿 3 个成像轴 (x、y 和 z 方向) 的剂量梯度。这些特征的定义在 Buettner 等^[21]之前的出版物中描述过。同时, 本文将每个研究 VOI 内的三维剂量分布都转换为 3D 图像, 以便后续使用 Pyradiomics 包计算与影像组学特征相似的剂量组学特征; 所提取的特征包括一阶剂量统计量、灰度依赖矩阵 (gray-level dependence matrix, GLDM)、GLCM、GLRLM、GLSZM 和相邻灰度差分矩阵 (neighboring gray tone difference matrix, NGTDM) 等。本研究共从 8 个 VOI 中提取了 1608 个剂量组学特征。

2.1.5 轮廓组学特征

在本研究中, 是否需要实施自适应放疗 (adaptive radiotherapy, ART) 是由头颈部不同内部器官几何关系的变化决定的。故我们提取了能描述 4 对器官结构的 VOI (GTVnp 与 IpsiPG、GTVnp 与 ContraPG、GTVnp 与 SC、PTVn_low_dose 与 SC) 之间复杂几何关系的特征。这些特征是从 RT 等高线数据中提取的, 作为“轮廓组学”特征。对于每个 VOI 对, 从距离描述符重叠体积直方图 (overlapping volume nistogram, OVH) 中计算一系列轮廓特征; 例如, 在治疗计划阶段, SC 与 PTVn_low_dose 之间的最大和最小距离分别作为零和满体积时 OVH 上的距离。在本研究中, OVH 的计算使用了 Wu 等^[22]设计的算法。此外还使用投影重叠体积 (projected overlap volume, POV), 即一个 VOI 与另一个 VOI 在特定投影角度的平行投影重叠, 来进一步揭示 VOI 对潜在的轮廓特征。本研究共从 4 对 VOI 中提取了 132 个轮廓特征。

表 1 总结了计算所研究的 4 种组学特征所涉及的 VOIs 的来源(“—”表示无相应组学特征)。

表 1 3 种组学特征涉及到的 VOIs 来源

Table 1 Source of VOIs involved in the three histological profiles

影像组学	剂量组学	轮廓组学
CECT-GTVnp	GTVnp	PTVn_low_dose-SC
CECT-GTVn	GTVn	GTVnp-IpsiPG
CECT-IpsiPG	IpsiPG	GTVnp-ContraPG
CECT-ContraPG	ContraPG	GTVnp-SC
CET1w-GTVnp	BS	—
CET1w-IpsiPG	SC	—
CET1w-ContraPG	PTVn_high_dose	—
T2w-GTVnp	PTVn_low_dose	—
T2w-IpsiPG	—	—
T2w-ContraPG	—	—

2.2 特征选择

在最小化模型过度拟合的风险时, 特征选择(feature selection, FS) 能减少建模阶段的冗余和不相关性较高的特征, 是机器学习中必不可少的步骤。在这项研究中, 仿照了 Li 等^[23] 的方法选取了 6 种常用的无监督 FS 算法和 4 种有监督 FS 算法产生 24 组 FS 组合。进行多次随机分割作为训练集和验证集, 以每种 FS 组合的可分辨性和再现性的乘积作为评价指标, 且各组学独立进行特征选择过程, 互相无影响。最佳的特征选择方法依次是费舍尔得分 Fisher Score 和 Pearson Score、T_score 和 Pearson Score、T_score 和 Lap_score, 组成 311×35 、 311×4 和 311×8 的数据集。

2.3 实验设置

为了综合评估 MOCL 算法对于多组学数据的预测性能, 选取了 3 种传统的单视角机器学习算法 SVM、C4_5 决策树、Adaboost 元算法和 Zhang 等^[24] 提出的 DICS、Yang 等^[25] 提出的 WeightReg 两种多视角算法进行比较。针对单视角算法, 采用传统的特征拼接方法, 即影像组学、剂量组学、轮廓组学的 3 组特征向量拼接成一组新特征向量, 进行归一化后直接使用单视角算法对拼接后的向量进行处理。本实验的评价指标设置为接收者操作特征曲线下的面积 (area under curve, AUC) 和 F1_score。

为了进行公正的比较, 每一种算法都进行了相对公平的参数设定和评价指标。所有的算法都是在搭载了 win10 操作系统的机器上运行的。具体流程如图 2 所示, 其中支持向量机 (support vec-

tor machines, SVM) 算法和 MOCL 算法都额外使用 10 折交叉验证寻找最佳参数; 由于 Adaboost 元算法是通过迭代的方式不断优化分类器的性能, 故取 20 个分类器中最优分类器的实验精度作为 10 次随机划分的结果并求均值。表 2 给出了实验过程中, 各算法参数的设定值。

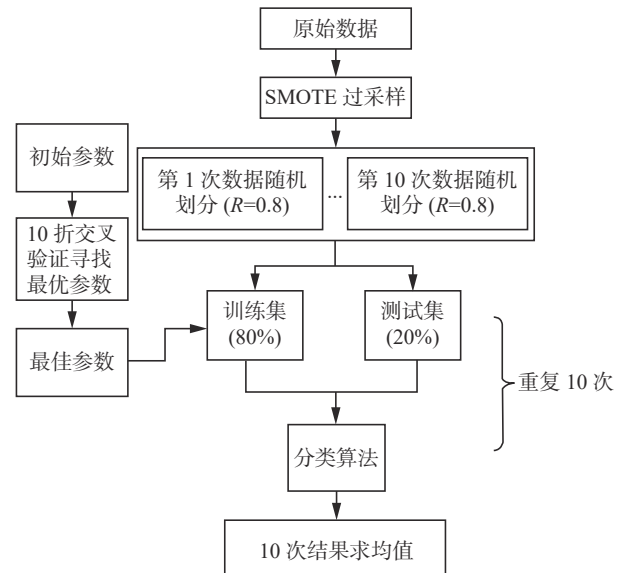


图 2 算法流程

Fig. 2 Algorithmic process

表 2 各算法参数设定值

Table 2 Parameter settings for each algorithm

算法	参数表
SVM	RBF核函数 $\gamma \in \{-10:1:10\}$, 正则化项系数 $C \in \{-10:1:10\}$, $s=10^{-4}$, $\nu=10$
C4_5决策树	防过拟合参数 $N \in \{5,6,7,8,9,10\}$
Adaboost	$N=20$
DICS	$K_1=5, K_3=10, K_2=5, K_4=10$, $\alpha=0.1, \beta=10, \gamma=100, i=200, f=10$
WeightReg	$\gamma=1.0, i=200, e=5 \times 10^{-3}$
MOCL	$\beta \in \{0.01, 0.1, 1, 10\}$, $\eta \in \{0.01, 0.1, 1, 10\}$, $\lambda \in \{0.01, 0.1, 1, 10\}$
MOCL消融	$\lambda \in \{0.01, 0.1, 1, 10, 100\}$

2.4 实验结果和分析

首先, 给出 MOCL 及其对比算法的分类准确率, 如表 3 所示。可以看到和传统的单视角机器学习算法相比, 采用自适应权重和一致性约束的 MOCL 算法能取得较为优秀的实验结果。其中 SVM 和 Adaboost 元算法也都有较好的结果, 可能是因为所使用的数据中, 影像组学的特征占比较大, 对于拼接后的特征向量, 剂量组学和轮廓组学特征带来的影响比较小。同时相对于两种

针对多视角的算法, MOCL 算法明显取得了更加优秀的实验结果。DISC 采用联合非负矩阵分解将多视图数据分解为公共部分和视图特定部分, 而这种方法的结果对于子空间维数相当敏感, 在面对不同的设定时结果差异很大; WeightReg 算法设计了一种基于判别回归的框架将多视图数据映射到统一的低维判别子空间, 并引入了一组可学习的权重参数保留原始视图的相关和互补信息在投影子空间中, 这种设计在处理不同视角特征数目不等的真实数据集时可能存在一定的不足。

表 3 MOCL 及其对比算法结果平均值 (标准差)

Table 3 Mean of results for MOCL and its comparison algorithms (standard deviation)

分类算法		AUC	F1_score
单视角 算法	SVM	0.765 7(0.057 3)	0.773 8(0.046 2)
	C4_5决策树	0.623 6(0.056 0)	0.610 4(0.052 1)
	Adaboost元算法	0.731 0(0.060 2)	0.729 8(0.048 0)
多视角 算法	DICS	0.718 8(0.080 6)	0.601 2(0.089 2)
	WeightReg	0.716 1(0.070 9)	0.716 3(0.048 3)
	MOCL	0.795 0(0.052 2)	0.706 7(0.063 9)

2.5 消融分析

为了确定采用多组学协作学习算法构建模型和使用单一组学特征构建模型确实存在差异, 将 MOCL 算法进行消融, 即去除其中有关自适应权重和一致性约束的计算, 将其改造为针对单一组学特征空间的算法。对 3 个组学特征进行单独 10 次随机划分后、训练和验证, 并以 10 次验证结果的均值作为最终结果, 结果如表 4 所示。可以看出, 综合考虑 AUC 和 F1_score 两项评价指标, 采取多组学协作学习的方式构建模型相比单独考虑单一组学特征空间, 能取得更好的预测精度。

表 4 MOCL 与其消融算法结果对比平均值 (标准差)

Table 4 Mean of results for MOCL and its ablation algorithms (standard deviation)

MOCL消融	AUC	F1_score
特征空间1(轮廓组学)	0.644 4(0.036 6)	0.602 7(0.036 4)
特征空间2(剂量组学)	0.727 4(0.035 8)	0.668 7(0.027 8)
特征空间3(影像组学)	0.771 1(0.033 9)	0.690 7(0.035 6)
3个特征空间合计	0.714 3(0.026 2)	0.654 1(0.022 4)
MOCL	0.795 0(0.052 2)	0.706 7(0.063 9)

2.6 统计分析

为了进一步确定每一种对比算法和 MOCL

算法是否存在统计学上的差别, 依次将对对比算法与 MOCL 进行了 T 检验, 设定 α 为 0.05, 具体结果如表 5 所示。可以看出, MOCL 算法与 SVM 算法在 AUC 不存在显著的差异, 能达到类似的性能, 但从 F_1 的角度评估与 SVM 还有一定差距。而与其他算法相比, MOCL 改良算法至少在一项评价指标上显现出显著差异, 证明无论是与单视角算法对比还是已有的多视角算法对比, MOCL 都有较为优秀的分类性能和稳定性。MOCL 消融算法和 MOCL 的显著差异也更一步体现, 使用多组学协作学习的方式相较于应用单一组学的方式能取得更好的模型性能。

表 5 MOCL 与其对比算法统计学比较

Table 5 Statistical comparison of MOCL with its comparison algorithm

对比算法	AUC (p-value)	是否接受 差异(H)	F_1 (p-value)	是否接受 差异(H)
MOCL-SVM	0.52	0	0.03	1
MOCL-C4_5	1.33×10^{-6}	1	0.000 3	1
MOCL_Adaboost	0.048	1	0.68	0
MOCL-DICS	0.050 1	0	0.002 7	1
MOCL-WeightReg	0.025 8	1	0.871 7	0
MOCL-MOCL消融	0.000 295	1	0.002 1	1

3 结束语

由于影像组学特征的再现性容易受到多种因素影响, 使用多组学融合进行研究的方法越来越受到重视。而如何挖掘不同组学之间的互补信息是多组学研究的关键。针对此, 本文设计了一种基于放射多组学的协同学习算法用于预测鼻咽癌患者是否需要进行 ART, 并在来自香港伊利沙伯医院 311 名患者的真实数据上完成验证。相比已有的一些针对多视角的算法, 能够更好地适应多组学数据, 有较好的实验精度。但相比 SVM、Adaboost 两种经典的机器学习算法, 没有显示出统计学上的明显差异。可能是因为所使用的数据集中, 剂量组学和轮廓组学特征数量较小, 在计算过程中权重影响较低, 在接下来的研究中会着重于剂量组学和轮廓组学的特征提取和选择, 尽可能扩大其特征数量。总的来说, 本算法在预测鼻咽癌患者是否需要进行 ART 时, 可以为临床决策提供较为可靠的参考意见, 更早发现有可能发生转移的病人, 提高病人的存活率。

参考文献:

- [1] SUNG H, FERLAY J, SIEGEL R L, et al. Global cancer

- statistics 2020: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries[J]. *CA: a cancer journal for clinicians*, 2021, 71(3): 209–249.
- [2] 梁铎, 杨剑, 高婷, 等. 中国鼻咽癌流行概况 [J]. *中国肿瘤*, 2016, 25(11): 835–840.
LIANG Xin, YANG Jian, GAO Ting, et al. Nasopharynx cancer epidemiology in China[J]. *China cancer*, 2016, 25(11): 835–840.
- [3] CHEN Yupei, CHAN A T C, LE Q T, et al. Nasopharyngeal carcinoma[J]. *Lancet*, 2019, 394(10192): 64–80.
- [4] LIU Yanxia, SHI Hongyu, HUANG Sijuan, et al. Early prediction of acute xerostomia during radiation therapy for nasopharyngeal cancer based on delta radiomics from CT images[J]. *Quantitative imaging in medicine and surgery*, 2019, 9(7): 1288–1302.
- [5] 金哲, 张斌, 张璐, 等. 基于多参数 MRI 影像组学及临床特征的鼻咽癌远处转移可解释性机器学习预测模型 [J]. *磁共振成像*, 2022, 13(11): 22–29.
JIN Zhe, ZHANG Bin, ZHANG Lu, et al. Prediction of distant metastasis in nasopharyngeal carcinoma by interpretable machine learning model based on multiparametric MRI radiomics and clinical factors[J]. *Chinese journal of magnetic resonance imaging*, 2022, 13(11): 22–29.
- [6] ZHANG Xingping, ZHANG Yanchun, ZHANG Guijuan, et al. Deep learning with radiomics for disease diagnosis and treatment: challenges and potential[J]. *Frontiers in oncology*, 2022, 12: 773840.
- [7] MAYERHOEFER M E, MATERKA A, LANGS G, et al. Introduction to radiomics[J]. *Journal of nuclear medicine: official publication, Society of Nuclear Medicine*, 2020, 61(4): 488–495.
- [8] HARDING-THEOBALD E, LOUISSAINT J, MARAJ B, et al. Systematic review: radiomics for the diagnosis and prognosis of hepatocellular carcinoma[J]. *Alimentary pharmacology & therapeutics*, 2021, 54(7): 890–901.
- [9] AVANZO M, STANCANELLO J, EL NAQA I. Beyond imaging: the promise of radiomics[J]. *Physica medica*, 2017, 38: 122–139.
- [10] ZHOU Lu, WEN Yuefeng, ZHANG Guoqian, et al. Machine learning-based multiomics prediction model for radiation pneumonitis[J]. *Journal of oncology*, 2023, 2023: 1–9.
- [11] CAI C, LYU Wenbing, CHI F, et al. Prognostic generalization of multi-level CT-dose fusion dosiomics from primary tumor and lymph node in nasopharyngeal carcinoma[J]. *Medical physics*, 2023, 50(2): 922–934.
- [12] CUI Sunan, TEN HAKEN R K, EL NAQA I. Integrating multiomics information in deep learning architectures for joint actuarial outcome prediction in non-small cell lung cancer patients after radiation therapy[J]. *International journal of radiation oncology biology physics*, 2021, 110(3): 893–904.
- [13] TONG Li, WU Hang, WANG M D. Integrating multiomics data by learning modality invariant representations for improved prediction of overall survival of cancer[J]. *Methods*, 2021, 189: 74–85.
- [14] XU Chang, TAO Dacheng, XU Chao. A survey on multi-view learning[EB/OL]. (2013–04–20)[2023–03–24]. <https://arxiv.org/abs/1304.5634.pdf>.
- [15] 包丹, 罗德红. 基于 MR 的影像组学在鼻咽癌中的研究进展 [J]. *国际医学放射学杂志*, 2020, 43(5): 560–564.
BAO Dan, LUO Dehong. Research progress in MR-based radiomics of nasopharyngeal carcinoma[J]. *International journal of medical radiology*, 2020, 43(5): 560–564.
- [16] FANETTI G, AVANZO M, PIRRONE G, et al. PO-122 CT/PET based dosiomics and radiomics model predicts local control of nasopharyngeal carcinoma[J]. *Radiotherapy and oncology*, 2019, 132: 62–63.
- [17] FANG Xiaozhao, XU Yong, LI Xuelong, et al. Regularized label relaxation linear regression[J]. *IEEE transactions on neural networks and learning systems*, 2018, 29(4): 1006–1018.
- [18] WU Aiqian, LI Yongbao, QI Mengke, et al. Dosiomics improves prediction of locoregional recurrence for intensity modulated radiotherapy treated head and neck cancer cases[J]. *Oral oncology*, 2020, 104: 104625.
- [19] LEE S H, HAN Peijin, HALES R K, et al. Multi-view radiomics and dosiomics analysis with machine learning for predicting acute-phase weight loss in lung cancer patients treated with radiotherapy[J]. *Physics in medicine & biology*, 2020, 65(19): 195015.
- [20] GABRYŚ H S, BUETTNER F, STERZING F, et al. Design and selection of machine learning methods using radiomics and dosiomics for normal tissue complication probability modeling of xerostomia[J]. *Frontiers in oncology*, 2018, 8: 35.
- [21] BUETTNER F, MIAH A B, GULLIFORD S L, et al. Novel approaches to improve the therapeutic index of head and neck radiotherapy: an analysis of data from the PARSPORT randomised phase III trial[J]. *Radiotherapy and oncology*, 2012, 103(1): 82–87.
- [22] WU Binbin, RICCHETTI F, SANGUINETI G, et al. Patient geometry-driven information retrieval for IMRT treatment plan quality control[J]. *Medical physics*, 2009, 36(12): 5497–5505.
- [23] LI Bing, ZHENG Xiaoli, GUO Wei, et al. Radiation pneumonitis prediction using multi-omics fusion based

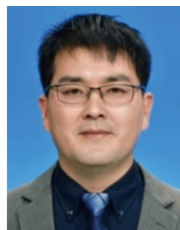
on a novel machine learning pipeline[J]. Human-centric computing and information sciences, 2022, 12: 49.

- [24] ZHANG Zhong, QIN Zhili, LI Peiyan, et al. Multi-view discriminative learning via joint non-negative matrix factorization[C]//International Conference on Database Systems for Advanced Applications. Cham: Springer, 2018: 542–557.
- [25] YANG Muli, DENG Cheng, NIE Feiping. Adaptive-weighting discriminative regression for multi-view classification[J]. *Pattern recognition*, 2019, 88: 236–245.

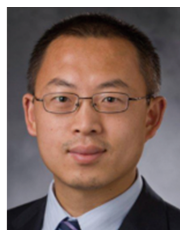
作者简介:



邱成羽, 硕士研究生, 主要研究方向为智能医学工程。E-mail: 1277294613@qq.com。



张远鹏, 博士, 教授, 2019 届香江学者, 江苏省人工智能协会不确定性人工智能专业委员会委员, IEEE 会员, TCYB、TNNLS、TFS、SMCA、TCBB 等权威期刊的审稿人和客座编委。主要研究方向为人工智能与模式识别相关 (模糊聚类、TSK 模糊系统、特征选择等) 研究及其在医学上 (脑电信号处理、多模态影像组学分析) 的应用。主持国家自然科学基金项目 2 项、江苏省自然科学基金项目 1 项、江苏省博士后基金项目 1 项、南通市科技计划项目 1 项。发表学术论文 30 篇。E-mail: maxbirdzhang@ntu.edu.cn。



蔡璟, 教授、临床医学物理住院医师, 博士。任多家领域内顶尖杂志执行主编/高级副主编/副主编/编委, 国际科研项目评审专家。主持参与科研项目 50 余项。发表学术论文 130 余篇, 发表会议摘要和其他著作 200 多个。E-mail: jing.cai@polyu.edu.hk。

2024 中国具身智能大会 2024 China Embodied AI Conference

由中国人工智能学会主办, CAAI 具身智能专委会(筹)、同济大学、中国科学院计算技术研究所、上海交通大学联合承办的中国具身智能大会将于 2024 年 3 月 29—31 日在上海市徐汇区西岸智塔召开。本次大会将为具身智能领域的学术界和产业界提供前沿的技术发展动态、丰富多样的学术交流活动、全面前瞻的产业技术宣传平台, 以广泛促进学术分享与交流、产业合作与互动, 推动产学研联动发展, 提升我国具身智能技术的研究与应用水平。

大会将围绕具身智能和机器人领域的前沿创新与产业发展设立 10 余个专题论坛, 邀请领域知名专家学者担任专题论坛主席, 主题紧扣国家重大需求与时代发展脉搏, 为具身智能领域的专家学者提供一个展示创新成果、展望未来发展的高端学术对话平台, 有效汇聚各方智慧和力量, 为提高具身智能领域的科技创新水平、为实现国家重大战略目标做出积极贡献。

大会秘书处

同济大学张亚英老师: 13917393951

同济大学倪张凯老师: 13646019080

上海交通大学李永露老师: 15811360754

同济大学朱坤老师: 13125025996

同济大学吴勇老师: 18018598921