深圳先进院等在肿瘤影像-基因智能诊疗领域取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/15892.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

近日，中国科学院深圳先进技术研究院生物医学与健康工程研究所研究员李志成团队等在肿瘤影像-基因智能诊疗领域取得进展，利用肿瘤影像、基因等多组学数据，建立了生物医学可解释的人工智能精准诊疗模型，并在多中心数据集上对影像-基因映射关系进行了可重复性验证研究。相关研究成果以*Biological pathways underlying prognostic radiomics phenotypes from paired MRI and RNA sequencing in glioblastoma*为题发表在*Radiology*上。人工智能在医学影像辅助诊疗中取得了很多突破性成果，尤其是影像组学和深度学习方法在一些疾病筛查诊断中取得了超越人类专家的成绩。然而，目前的医学影像人工智能模型多数仍沿用自然图像中的建模思路，即在大规模标注数据集上训练模型，寻找特定图像表征与临床结果之间的相关性。训练好之后，人工智能模型被当作一个“黑箱”来使用，即针对输入的医学影像直接给出预测结果，但并不会给出解释，或只给出“模型关注区域”等机器视觉层面的解释。这种建模方式虽然显示出了很高的准确性，却无法说服临床医生充分信赖其预测结果。医生的临床决策过程和现有的医学影像智能模型有很大区别。临床医生在解读医学影像时，需要借助自己脑中已有的生理、病理、解剖、临床等生物医学先验知识，最终做出具有可解释性的临床决策，决策过程是相对透明的。因此，如何建立生物医学可解释的智能诊疗模型，成为目前研究热点和难点。

为此，课题组考虑到临床上会收集肿瘤病人的影像、病理到基因测序数据等多种信息，如果能利用这些多组学数据对影像特征进行重新“解读”，则会为现有医学影像人工智能研究带来新方法和新发现。课题组首先针对脑胶质瘤这一重大难治性脑肿瘤，收集了磁共振影像和RNA-seq测序数据，开展了影像-基因映射关系研究，最终发现影像组学特征之所以能够预测患者预后，是因为这些毫米尺度的影像组学特征与底层的致癌基因和肿瘤信号通路有关，并据此将影像组学特征重新归类为免疫类、肿瘤增殖类、治疗响应类和细胞功能类四个大类。同时，在外部验证集和TCIA/TCGA公开数据集上对所发现的影像-基因相关性进行了可重复性验证。该项研究揭示了“宏观”影像学特征与底层“微观”分子生物学特性之间的内在联系，赋予了“黑箱式”影像特征生物学可解释性，让医生在使用影像组学或机器学习模型时能理解其背后的生物医学含义，即“人工智能学到的抽象的影像特征为什么可以预测临床结果”。该项研究也为增强人工智能模型泛化能力提供了新途径。

此外，该研究团队还针对脑髓母细胞瘤和肾细胞癌等不同类型的肿瘤，与郑州大学第一附属医院、上海仁济医院等合作，深入开展了影像-病理-基因多组学精准诊疗的研究，致力于开发可解释、强泛化的深度学习智能诊疗新方法。相关研究成果在*EBioMedicine*和*European Radiology*等期刊上发表。该团队已经在多种不同类型肿瘤中建立起了一系列的影像-病理-基因多组学智能诊疗新方法，并与国内多家医院开展紧密合作研究，为肿瘤智能精准诊疗新方法的应用

推广和临床转化做出大量尝试，以期推动智能诊疗新的研究范式。未来，研究团队将探讨多组学智能诊疗模型的泛化性能和在多种癌症上的适用性，为更进一步的认识肿瘤、治疗肿瘤提供人工智能新方法和新工具。

上述工作得到了国家自然科学基金联合重点项目、中科院青年创新促进会和深圳市科创委的支持。

论文链接：1、2

图1 脑胶质瘤磁共振影像特征、基因表达特性和患者预后之间的映射关系

图2 脑胶质瘤DTI影像深度学习特征、转录组特性和基因突变间的关联性

研究团队单位：深圳先进技术研究院

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发