

多模态模型在肾脏病领域的应用

武琪琪,成淼淼,肖晓燕

(山东大学齐鲁医院肾内科,山东 济南 250012)

摘要:肾脏是维持人体健康的重要器官,其功能障碍相关疾病由多种病因引发,依据疾病发展过程,通常分为急性肾损伤和慢性肾脏病。临床上通过实验室检查、影像学 and 肾组织活检等方法发现。在人工智能快速发展的今天,基于多模态模型的人工智能是一个新兴发展的专业领域,也是一个高效分析和挖掘数据的方法,为肾脏病个体化精确诊治提供了可能性。近年来,基于多模态模型的人工智能技术已被广泛应用于急性肾损伤、慢性肾脏病、血液透析、肾移植和肾脏肿瘤等多种临床场景,为疾病的精准管理治疗提供了支持。本文就多模态模型方法论、多模态模型在肾脏病领域的应用、当前面临的挑战及未来展望进行综述,旨在为多模态模型在肾脏病领域的进一步推广应用提供参考,并揭示其在临床实践应用中的巨大优势和潜力。

关键词:人工智能;大语言模型;多模态模型;急性肾损伤;慢性肾脏病

中图分类号:R319 **文献标志码:**A

Multimodal models in the field of kidney disease

WU Qiqi, CHENG Miaomiao, XIAO Xiaoyan

(Department of Nephrology, Qilu Hospital of Shandong University, Jinan 250012, Shandong, China)

Abstract: Kidneys are vital organs for maintaining human health, and diseases associated with their dysfunction are caused by a variety of aetiological factors. Based on the progression of the disease, they are usually categorised as acute kidney injury and chronic kidney disease. It is detected clinically by laboratory tests, imaging and renal tissue biopsy. In the rapid development of artificial intelligence(AI), multimodal model-based AI is an emerging and evolving field of expertise and an efficient way to analyse and mine data, which providing the possibility of individualised and precise diagnosis and treatment of kidney disease. In recent years, multimodal model-based AI techniques have been widely used in a variety of clinical scenarios, including acute kidney injury, chronic kidney disease, hamodialysis, kidney transplantation, and renal tumour, to support precise management and treatment of diseases. In this paper, we provide an overview of multimodal modeling methodologies, applications of multimodal models in the field of renal diseases, current challenges and future perspectives, with the aim of providing references for the further popularization and application of multimodal models in the field of renal diseases, as well as revealing their great advantages and potentials in the application of clinical practice.

Key words: Artificial intelligence; Large language model; Multimodal models; Acute kidney injury; Chronic kidney disease

目前全球肾脏病的发病率呈日益上升趋势,但其在精准化、高效化诊断和治疗方面面临着诸多挑战。传统的非侵入性检查有时对临床肾功能损害不敏感,侵入性检查由于成本高、并发症等原因不适合长期监测疾病,且肾脏病复杂多样,依靠单一检查方

法往往无法早期诊断治疗^[1-3],因此迫切需要一种可以全面综合高效分析肾脏病的新技术。近年大语言模型的发展备受瞩目,但是由于只能处理零散的文本信息或者单一的图像信息,在处理多源融合信息方面存在局限性。多模态模型作为人工智能

(artificial intelligence, AI)的一个新兴领域,可以进行数据挖掘和整合多源信息,详细准确地分析,在肾脏病早期发现、诊断准确性及疾病预后预测等方面显示出巨大潜力。

多模态模型是指在机器学习和人工智能领域中,能够处理和整合来自多种不同类型数据源或模态的信息的模型,通常包括但不限于文本、图像、视频、音频和传感器数据^[4-5]。多模态模型是人工智能中一个不断发展的领域,大多使用深度学习或者机器学习的方法作为处理和学习的框架,结合文本、图像和语言等多种模态,使得它们在处理文字、图像和语言等多模态信息处理能力方面展示出令人瞩目的能力^[6]。在肾脏病中,多模态模型通过在大量数据集上训练,成功整合图像、基因、临床数据等多个信息源,以期实现疾病的早期诊断,精准治疗,复发和生存预测等各个临床场景的高精度性和鲁棒性^[7-11]。

多模态模型已经越来越多地被应用于各种肾脏病的预测和分类,特别是肾脏肿瘤和前列腺癌^[12-13],此外,在急性肾损伤、慢性肾脏病、血液透析、肾移植等方面多模态模型也展现出极大优势。本文就多模态模型的方法论及多模态模型在肾脏病领域的应用进行综述,揭示其在临床实践中的应用。

1 多模态模型方法论

构建多模态模型涉及数据采集、数据预处理、构建多模态模型和模型可解释性一系列步骤,这些步骤对于开发、训练多模态模型并应用到临床实践中至关重要。

模态选择涉及数据选择和采集,为了开发多模态模型,需要从多种数据源中获取数据。数据集的大小对后续模型学习过程的准确性和泛化能力至关重要,多源数据可以减少数据偏差,提高模型性能^[1]。

数据预处理是确保数据集准确性和一致性的重要步骤。数据清洗包括重复项删除、去除噪声数据、填补缺失值^[14]。对于类别型数据,可使用独热编码方法转换为数值型数据,进行数据标准化处理使数据具有可比性^[15]。数据扩充通过数据整合(如统一图像分辨率)和数据增强(如图像的旋转、缩放、位移)增加数据量,提高模型的训练效果和泛化能力^[16]。数据融合可以实现将不同数据特征拼接成一个综合向量,为模型提供更高的诊断性能^[17]。

构建多模态模型包括选择模型架构、模型训练

及验证。架构选择是根据数据类型和分析需求进行选择的过程,深度学习和机器学习常被用来分析多模态数据。对于深度学习(deep learning, DL),卷积神经网络(convolutional neural network, CNN)、U-Net网络通常用来处理图像数据(例如CT、MRI、PET、超声),U-Net网络、StarDist网络在面对图像分割时也非常出色,ResNeSt、ResNet和XCiT网络被用作构建模型的高性能图像特征提取组件^[18-20]。对于机器学习(machine learning, ML),极端梯度提升(extreme gradient boosting, XGBoost)、轻量梯度提升机(light gradient boosting machine, LightGBM)、线性核支持向量机(linear kernel support vector machine, SVM-Lin)可处理临床和图像的组合数据^[21-23];消息传递神经网络(message passing neural networks, MPNN)模型可处理化合物结构向量和物理化学的组合特征^[24];在处理基因数据和临床数据的组合数据时,可选择Lasso回归和递归特征消除(recursive feature elimination, RFE)进行建模^[25]。进而通过模型训练,将预处理的训练数据输入所选架构中并调整参数以最小化预测输入和输出之间的差异。超参数设置(如学习率、迭代次数和权衡参数)对于控制模型行为的变量具有重要作用。模型训练过程中需要不断调整超参数,进而找到最优参数组^[10],而后进行模型验证(如交叉验证),通过验证集优化和调整模型,建立最优模型^[26]。

评估模型性能是确保模型可靠性的关键步骤。准确性、召回率、精确度、接受者操作特征曲线下面积(area under the receiver operating characteristic curve, AUROC)等指标常用于评估分类和对比筛选任务中模型性能^[27]。Dice分数、体积偏差和平均豪斯多夫距离(hausdorff distance),可评估模型在图像分割任务中的性能^[28]。校准曲线和决策曲线分析(decision curve analysis, DCA)可评估模型的临床实用性^[18]。

模型可解释性,有助于理解模型决策过程、区分复杂数据的权重以提高模型可靠性。沙普利可加性特征解释方法(shapley additive explanations, SHAP)可以为模型每个重要特征分配重要值,使模型决策过程更加透明。此外,局部可解释性模型诊断解释(local interpretable model-agnostic explanations, LIME)可以根据模型在特定预测周围的局部行为解释模型的决策过程,注意力权重通过关注输入数据并为不同的输入数据分配权重,从而提高模型可解释性^[8,14]。

2 多模态模型在肾脏病中的应用

基于多模态数据融合的人工智能模型已经广泛应用于肾脏病,包括急性肾损伤、慢性肾脏病、血液透析、肾移植和肾细胞癌等。

2.1 急性肾损伤

急性肾损伤可由多种原因导致,研究人员根据导致急性肾损伤的不同原因,利用临床信息、影像数据等开发多模态模型,以提高急性肾损伤的早期预测和干预治疗的能力。Chen 等^[25]评估了多参数磁共振成像对肾冷缺血再灌注损伤大鼠模型的肾损伤分级性能,通过 Lasso 回归选择特征,使用支持向量机(support vector machines, SVM)、Logistic 回归和随机森林(random forest, RF)等多种分类器构建模型,经验证模型病理分类准确率达到 80%以上。早发现早治疗对于急性肾损伤的预后至关重要,Liu 等^[29]建立了急性肾损伤预测模型,识别在发病前不同时间点可改变因素(如,电解质平衡、高风险药物使用、护理策略等)对急性肾损伤的影响,模型有效地提高了对可改变因素的关注,预测准确性可达 80%。术后急性肾损伤的发生率约为 12%^[30],Hofer 等^[31]通过整合来自不同临床数据源(实验室数据、药物使用和手术信息)的特征向量,构建了 9 个包含以上特征的模型,其中包含所有特征的模型对术后急性肾损伤的预测准确性高达 75%。

2.2 慢性肾脏病

在慢性肾脏病的研究中,多模态模型通过整合影像学数据、临床数据、病理特征等来预测慢性肾脏病纤维化或者辅助诊断慢性肾脏病。

慢性肾脏病的早期预测、及时发现并干预对肾功能的保护和恢复至关重要。Weaver 等^[32]纳入 225 例患有后尿道瓣膜(posterior urethral valve, PUV)的儿童,使用 RF 构建基于成像特征和临床数据的集成模型并评估其在预测 PUV 儿童慢性肾脏病进展方面的性能,研究采用大量样本交叉验证的方法来减轻机器学习模型存在的泛化性问题,最终集成模型表现出较高的预测准确性,一致性指数达到 0.82。此外,Ge 等^[1]使用放射组学和临床特征相结合的多元逻辑回归方法构建模型,经验证该模型可以提高传统超声对慢性肾脏病患者肾小管间质纤维化的诊断性能。同样,也有研究整合磁共振、肾脏功能及肾组织病理学参数建立多模态模型,预测肾脏纤维化程度^[33]。另外,Qin 等^[34]将连续灰阶超声、超级微血管成像和应变弹性成像输入 ResNet18

网络构建多模态模型以预测慢性肾脏病患者早期纤维化。

在慢性肾脏病的辅助诊断方面,研究人员同样应用多模态模型进行探索。Lee 等^[35]评估了将计算机提取的可测量特征与 CNN 相结合对慢性肾脏病超声图像计算机辅助诊断准确性的影响,共提出了 3 种模型,第 1 种仅用超声图像训练的模型准确率为 81%;第 2 种结合自动提取肾脏长度和回声特征的图像训练模型准确率提高至 88%;第 3 种模型将临床信息合并在用 CNN 和可测量特征训练的模型中,准确率达到 91%,但因应用于分割和分类的验证集不相同可能导致整体性能高估。

慢性肾脏病所导致的肾脏纤维化、肾功能恶化是一个不可逆过程,目前仍没有确切的治疗方法,Si 等^[36]通过整合血浆蛋白质组和转录组数据,涉及两样本孟德尔随机化分析,汇总数据的孟德尔随机化分析及共定位分析,设计了一个全面分析流程以发现慢性肾脏病或者肾功能损害的潜在药物靶点,最终成功识别了 32 个潜在治疗靶点。

2.2.1 IgA 肾病

IgA 肾病(immunoglobulin a nephropathy, IgAN)是最常见的原发性肾小球疾病。Qin 等^[37]开发了一种新型组合提名图模型即多模态模型,用于无创区分 IgAN 和非 IgAN,在患者接受肾脏活检前一天进行超声和微血管成像检查,并结合临床因素构建模型,经评估测试队列的 ROC 为 0.884,显示出强大的区分能力。此外,有研究将时间变量的临床和病理数据融合,开发了一个多变量动态模型以预测 IgA 肾病患者肾衰竭的风险^[38]。该研究共纳入 18 个肾脏中心的 2 056 例 IgA 肾病患者,通过递归神经网络(recursive neural network, RNN)构建模型以处理和预测时间序列信息与 IgA 患者预后之间的依赖关系,经评估该模型一致性指数 0.93,具有较高预测能力。杨玲^[39]采用多种磁共振技术相结合的方法,对志愿者和 IgA 肾病患者进行扫描获取多模态图像数据,通过这些图像提取纹理数据等特征,基于这些特征建立 IgA 肾病患者病理分级影像预测模型及类固醇激素疗效预测模型,在区分不同病理分级的 IgA 肾病患者和预测类固醇激素疗效方面展示出其特色。

2.2.2 糖尿病肾病

糖尿病肾病是糖尿病的微血管并发症之一,是糖尿病导致的慢性肾脏病,也是肾脏纤维化和终末期肾病的主要原因之一。Chen 等^[40]构建多模式磁共振成像模型以评估糖尿病肾病肾功能损害,将成

像特征和临床特征输入机器学习算法中,选择稳健的基于 T2 加权成像的肾功能评估模型,通过结合测量的血氧水平依赖性(blood oxygen level dependent, BOLD)和弥散加权成像(diffusion weighted imaging, DWI)值构建了多模式磁共振成像模型,提高了其在评估肾纤维化方面的性能。

2.2.3 常染色体显性多囊肾

常染色体显性多囊肾(autosomal dominant polycystic kidney disease, ADPKD)是一种常见的遗传性肾脏病,主要表现为双侧肾脏出现多个大小不一的囊肿,可导致肾功能衰退甚至肾衰竭。ADPKD 进展需要体积测量来实现,要求测量变异性低,因此 He 等^[41]通过利用所有脉冲序列获得多次测量以减少 ADPKD 患者 MRI 上器官体积测量的变异性,旨在提高测量的精确性,该研究使用了 413 例受试者的 T1、T2、SSFP、DWI 和 CT 序列数据,训练基于 nnU-net 的 3D 多模态多类别分割模型,经验证该模型的检测-再检测重现性优于参与的 5 位放射科医生,分类准确性与放射科医生相当。

2.2.4 肾动脉狭窄

肾动脉狭窄(renal artery stenosis, RAS)是继发性高血压的常见病因,可导致肾脏灌注不足、慢性肾脏病甚至终末期肾病,及时诊断治疗对预后至关重要。因此,有研究基于超声扫描图像、光谱波形和临床信息的融合技术开发了 3 种用于肾动脉狭窄的辅助诊断深度学习模型,分别为 ResNeSt、ResNet 和 XCiT,通过精确度、准确率和 F1 分数等指标评估模型,经评估 3 个 DL 模型的预测准确率均超过 80%^[18]。

2.3 血液透析

血液透析过程中低血压和高血压都与患者的不良预后密切相关,因此, Yun 等^[42]通过构建融合时间序列数据和静态临床数据的多模态模型,以实时预测血液透析中的低血压和高血压,该模型通过序列到序列的注意力网络,经 AUROC 和精确率-召回率曲线下面积验证,表明该模型实现了对低血压和高血压的实时双重预测,但该模型主要强调与血压相关的结果,没有解决透析中其他的并发症,如心律失常、高脉压和猝死。

2.4 肾移植

肾移植是终末期肾病患者的有效治疗方法之一,但是肾移植是一个复杂的过程,移植后炎症反应、免疫反应等也会给患者带来不利后果。Shehata 等^[43]介绍了一种名为 RT-CAD 的计算机辅助诊断系统,旨在非侵入性地评估早期肾移植后肾脏功能

状态,该系统整合了两种影像资料和两种临床资料,经过 k 折交叉验证,该系统对区分急性肾排斥和非排斥方面具有较高可靠性,达到准确率 93.3%、敏感性 90.0% 和特异性 95.0%。此外,旨在为肾移植患者提供更准确的长期肾功能预测, Zhu 等^[15]开发多模态模型以预测移植后 1 年的肾功能,该模型整合了 2 个超声成像特征、4 个临床特征和 6 个放射组学特征,经评估该模型的预测准确性达到 82%。

2.5 肾细胞癌

肾细胞癌是一种起源于肾脏的恶性肿瘤,是最常见的肾脏癌症类型。为了改善肾细胞癌的诊断精度、治疗效果以及患者预后评估,多模态模型的应用为相关研究提供了一种高效的途径。

2.5.1 多模态模型在 RCC 诊断中的应用

肾活检的高精度分析是为患者提供诊断和靶向治疗的关键。Siegerist 等^[44]根据肾脏活检组织切片,构建多模态深度学习工具箱,该模型结合空间单细胞转录组学、(超)形态测量学和经典组织学,实现识别较少见的肾脏细胞类型中局部转录变化、空间单细胞水平上单 mRNA 分辨率,以提高肾脏活检的诊断精度。肾癌中的肉瘤样分化与预后不良有关,但怀疑为肾细胞癌的肿瘤不做常规活检进行组织学评估,因此 Mazin 等^[45]开发了一种非侵入性方法在术前检测肉瘤样分化,该方法使用机器学习技术整合多参数磁共振成像数据(包括 T2 加权成像,非对比剂 T1 加权脂肪饱和和成像,对比增强动脉期 T1 加权脂肪饱和和成像以及对比增强静脉期 T1 加权脂肪饱和和成像)进行分析,从而识别肾细胞癌中的肉瘤样分化。

2.5.2 多模态模型在 RCC 治疗中的应用

肾脏肿瘤是一组具有不同组织学或遗传特征的异质性癌症,需要特定类型的肿瘤治疗,有研究整合了空间代谢组学和形态测量学数据以提高基于机器学习的肾肿瘤亚型分类的准确性,经验证结合形态计量和分子数据使肾癌亚型分类的平均准确率达到 88.04%^[46]。另外,在转移性透明细胞肾癌(metastatic clear cell renal cell carcinoma, mRCC)治疗方面,临床证据支持卡博替尼与免疫检查点抑制剂联合治疗,但是这种协同作用的生物学基础尚未被表征,因此 Durán 等^[47]开发了一种称为治疗性能映射的系统,探索卡博替尼与程序性细胞死亡蛋白 1(programmed cell death protein 1, PD1)抑制剂协同作用机制,该系统应用人工神经网络和采样方法,融合蛋白质组学、基因组学和转录组数据库以及挖掘文本信息(例如:文献信息),提供了卡博替尼与

PD1 抑制剂联合治疗在 mccRCC 观察到的协同抗肿瘤效应的分子解释,预测了卡博替尼和 PD1 抑制剂如何通过调节多个细胞类型和细胞内位置来增强彼此的疗效,但人工神经网络可能无法准确识别一些尚未被发现或未纳入训练集的药物靶点关系,采样方法在检测间接效应和涉及多个效应器的复杂机制时灵敏度较低。

2.5.3 多模态模型在 RCC 患者预后评估中的应用

肾透明细胞癌 (clear cell renal cell carcinoma, ccRCC) 是最常见的肾细胞癌类型,恶性程度高,早期可无明显临床症状,病因尚未明确。Cheng 等^[48]整合了蛋白质组学和转录组学数据,开发了一个用于 ccRCC 预后评估的模型,该模型在预测 ccRCC 患者的生存方面显示出高准确性。此外,Zhu 等^[49]应用多模态超声技术预测 ccRCC 患者中细胞角蛋白 7 (cytokeratin7, CK7) 的表达,该预测模型融合了 B 型超声、彩色多普勒血流成像和超声造影,通过单变量和多变量逻辑回归分析,确定了与 CK7 阳性相关的独立因素,并验证了该模型具有较高预测能力和临床实用性。

肾乳头状细胞癌 (papillary renal cell carcinoma, PRCC) 也是肾细胞癌中较常见的类型,多模态模型对 PRCC 预后预测方面同样具有一定潜力。Huang 等^[13]整合了长链非编码 RNA 基础分类器、深度学习全切片图像基础分类器和临床病理分类器,使用 COX 回归系数构建了一个多分类风险评估模型,旨在准确预测术后局部 (I-III 期) PRCC 复发,经验证该多分类系统在训练集和两个验证集中一致性指数达到 0.831~0.858,具有较高预测准确性,并且可与当前的分期系统一起使用,以更准确地预测疾病进程,并为个体化辅助治疗策略提供信息。Mahootiha 等^[50]开发了一个多模态人工智能框架,用于预测肾细胞癌患者生存概率,该框架通过整合 CT 图像和临床数据,利用 3D CNN 架构,在预测肾细胞癌患者的生存概率方面显示出强大能力。

3 当前挑战和未来展望

多模态模型在应用领域尚有一定局限性,模型的准确分析是建立在输入大量不同形式融合数据的基础上,而缺乏大量、多样化的数据集正是多模态模型面临的重要挑战之一^[42]。多模态模型的算法需要大量数据来学习并作出准确预测,然而,高质量的医学影像数据、临床数据、基因数据或者病理数据需要不同领域多个医生甚至多个医疗机构协作收集,

不仅涉及收集数据的复杂性、数据收集标准的一致性,还涉及共享数据时保护患者隐私的道德需求。同时,还需考虑不同数据集之间的数据质量和平衡问题,以避免由数据收集过程中所导致潜在的偏差问题^[14]。对于可用数据集太小的情况,有研究采用迁移学习来对数据进行更好的学习和训练,使用现有模型的参数初始化新模型,并在新的数据集上再进行训练,可能会解决部分数据集较少的问题^[34]。

众多多模态模型在临床验证中虽表现出色,但是在临床实践缺乏验证。一方面可能是由于大多数模型是在实验条件下开发出来的,在临床应用中可能存在一定局限性,例如在数据资料参差不齐、应用场景复杂多变或者有其他并发症时^[19];另一方面可能是由于多模态模型分析过程中的不透明性,使得在输入和输出之间的因果关系难以阐明,从而产生伦理风险。当临床医生使用多模态模型进行临床决策时,如果出现错误,由于缺乏算法可解释性和相关的规定,很难明确责任方^[51]。同时,在评估偏倚风险时,无法实现决策中预测因素的明确定义,从而给偏倚评估造成障碍。因此有研究尝试在外部中心更大规模地验证所建立的模型,如果能够得到与内部验证同样满意的结果,可以在一定程度上减少可解释性差对临床医生的影响^[52]。此外,人工智能工具 (例如 SHAP, LIME 技术) 为一些模型提供了一个可解释的框架,其中 SHAP 值用于量化每个属性在预测中的影响,而 LIME 则通过局部训练的替代模型解释特定目标特征的行为^[14,34]。在某种程度上可能打破了多模态模型的“黑盒”过程,但是当模型过于复杂时,其可解释性尚需进一步探索。

尽管目前多模态模型在肾脏病领域的应用面临一些挑战,但其未来的应用和发展仍然充满希望。多模态模型在肾脏病领域具有极大的潜力提高疾病评估、诊断的准确性和高效性,从而实现早期干预和更好的治疗效果。此外,多模态模型对基因变化与疾病关联的准确识别,显著改善患者治疗并降低医疗成本。由此可见,多模态模型未来必定会融合更多数据信息,在更大规模、更多中心的基础上进行研究,以提供更高的准确性,但是同样应该注意疾病的关联性数据的融合,以提高疾病的关联网络^[10]。与此同时,也许可以通过对大语言模型和大视觉模型 (large vision model, LVM) 等单模态模型的训练数据进行收集整合,以获得更多数据源,对数据进行特征提取、对齐以确保数据质量或建立医学专业数据库来确保数据质量的一致性;运用对抗网络、逆向推理机制和前瞻

性研究提高模型的可信度及可解释性,同时应制定将多模态模型等人工智能技术运用于医学方面的法规,建立数据提供方、模型构建者和模型使用者三级责任追踪体系,以避免相关责任纠纷。

4 结 论

多模态模型在数据融合和综合分析方面具有极大潜力,广泛应用于肾脏病研究领域。在肾脏病的风险评估、早期诊断、治疗和预后等多种临床场景中,表现出优良的性能。然而,多模态模型由于数据集的限制性,模型的可解释性和可重复性较差,在临床实践中进行推广仍面临多重挑战。

参考文献:

- [1] Ge XY, Lan ZK, Lan QQ, et al. Diagnostic accuracy of ultrasound-based multimodal radiomics modeling for fibrosis detection in chronic kidney disease [J]. *Eur Radiol*, 2023, 33(4): 2386-2398.
- [2] Franke M, Kramarczyk A, Taylan C, et al. Ultrasound-guided percutaneous renal biopsy in 295 children and adolescents: role of ultrasound and analysis of complications [J]. *PloS One*, 2014, 9(12): e114737. doi:10.1371/journal.pone.0114737
- [3] Halimi JM, Gatault P, Longuet H, et al. Major bleeding and risk of death after percutaneous native kidney biopsies: a French nationwide cohort study [J]. *Clin J Am Soc Nephrol*, 2020, 15(11): 1587-1594.
- [4] Occhipinti A, Verma S, Doan LMT, et al. Mechanism-aware and multimodal AI: beyond model-agnostic interpretation [J]. *Trends Cell Biol*, 2024, 34(2): 85-89.
- [5] 岳潭. 基于多模态学习的图文信息融合方法的研究及应用 [D]. 北京:北京邮电大学, 2024.
- [6] 陈晋音, 席昌坤, 郑海斌, 等. 多模态大语言模型的安全性研究综述 [J]. *计算机科学*, 2025, 52(7): 315-341.
- [7] Uhm KH, Jung SW, Hong SH, et al. Lesion-aware cross-phase attention network for renal tumor subtype classification on multi-phase CT scans [J]. *Comput Biol Med*, 2024, 178: 108746. doi:10.1016/j.compbimed.2024.108746
- [8] Forbes AN, Xu D, Cohen S, et al. Discovery of therapeutic targets in cancer using chromatin accessibility and transcriptomic data [J]. *Cell Syst*, 2024, 15(9): 824-837.
- [9] Cheng L, Huang Q, Zhu Z, et al. MoAGL-SA: a multi-omics adaptive integration method with graph learning and self attention for cancer subtype classification [J]. *BMC Bioinformatics*, 2024, 25(1): 364. doi:10.1186/s12859-024-05989-y
- [10] Tian H, He X, Yang K, et al. DAPNet: multi-view graph contrastive network incorporating disease clinical and molecular associations for disease progression prediction [J]. *BMC Med Inform Decis Mak*, 2024, 24(1): 345. doi: 10.1186/s12911-024-02756-0
- [11] Liu R, Wang Q, Zhang X. Identification of prognostic coagulation-related signatures in clear cell renal cell carcinoma through integrated multi-omics analysis and machine learning [J]. *Comput Biol Med*, 2024, 168: 107779. doi: 10.1016/j.compbimed.2023.107779
- [12] Pan KH, Yao F, Hong WF, et al. Multimodal radiomics based on ¹⁸F-Prostate-specific membrane antigen-1007 PET/CT and multiparametric MRI for prostate cancer extracapsular extension prediction [J]. *Br J Radiol*, 2024, 97(1154): 408-414.
- [13] Huang KB, Gui CP, Xu YZ, et al. A multi-classifier system integrated by clinico-histology-genomic analysis for predicting recurrence of papillary renal cell carcinoma [J]. *Nat Commun*, 2024, 15(1): 6215. doi: 10.1038/s41467-024-50369-y
- [14] Wang Z, Xue Y, Liu Z, et al. AI fusion of multisource data identifies key features of vitiligo [J]. *Sci Rep*, 2024, 14(1): 24278. doi: 10.1038/s41598-024-75062-4
- [15] Zhu L, Huang R, Zhou Z, et al. Prediction of renal function 1 year after transplantation using machine learning methods based on ultrasound radiomics combined with clinical and imaging features [J]. *Ultrason Imaging*, 2023, 45(2): 85-96.
- [16] Leube J, Horn M, Hartrampf PE, et al. PSMA-PET improves deep learning-based automated CT kidney segmentation [J]. *Z Fur Med Phys*, 2023, 34(2): 231-241.
- [17] Shehata M, Shalaby A, Switala AE, et al. A multimodal computer-aided diagnostic system for precise identification of renal allograft rejection: Preliminary results [J]. *Med phys*, 2020, 47(6): 2427-2440.
- [18] Wang X, Cai S, Wang H, et al. Deep-learning-based renal artery stenosis diagnosis via multimodal fusion [J]. *J App Clin Med Phys*, 2024, 25(3): e14298. doi: 10.1002/acm2.14298
- [19] Jeon SK, Joo I, Park J, et al. Fully-automated multi-organ segmentation tool applicable to both non-contrast and post-contrast abdominal CT: deep learning algorithm developed using dual-energy CT images [J]. *Sci Rep*, 2024, 14(1): 4378. doi: 10.1038/s41598-024-55137-y
- [20] 唐玉宁, 潘天岳, 董智慧等. 深度学习在主动脉影像自动分割中的研究进展 [J]. *山东大学学报(医学版)*, 2024, 62(9): 66-73.

TANG Yuning, PAN Tianyue, DONG Zhihui, et al. Research progress of deep learning in automatic segmentation of aortic images [J]. *Journal of Shandong*

- University (Health Sciences), 2024, 62(9): 66-73.
- [21] Bifarin OO, Gaul DA, Sah S, et al. Machine learning-enabled renal cell carcinoma status prediction using multiplatform urine-based metabolomics[J]. *J Proteom Res*, 2021, 20(7): 3629-3641.
- [22] Chen Z, Wang Y, Ying MTC, et al. Interpretable machine learning model integrating clinical and elastosonographic features to detect renal fibrosis in Asian patients with chronic kidney disease[J]. *J Nephrol*, 2024, 37(4): 1027-1039.
- [23] Xiong H, Wei B, Huang Y, et al. A novel approach to the cause of death identification-multi-strategy integration of multi-organ FTIR spectroscopy information using machine learning[J]. *Talanta*, 2025, 282: 127040. doi: 10.1016/j.talanta.2024.127040
- [24] Handa K, Sasaki S, Asano S, et al. Prediction of inhibitory activity against the MATE1 transporter via combined fingerprint- and physics-based machine learning models[J]. *J Chem Inf and Model*, 2024, 64(18): 7068-7076.
- [25] Chen L, Ren Y, Yuan Y, et al. Multi-parametric MRI-based machine learning model for prediction of pathological grade of renal injury in a rat kidney cold ischemia-reperfusion injury model[J]. *BMC Med Imaging*, 2024, 24: 188. doi: 10.1186/s12880-024-01320-6
- [26] Ding JL, Xing ZY, Jiang ZX, et al. Evaluation of renal dysfunction using texture analysis based on DWI, BOLD, and susceptibility-weighted imaging[J]. *Eur Radiol*, 2019, 29(5): 2293-2301.
- [27] Oetjen J, Aichler M, Trede D, et al. MRI-compatible pipeline for three-dimensional MALDI imaging mass spectrometry using PAXgene fixation[J]. *J Proteom*, 2013, 90(2): 52-60.
- [28] Guo SZ, Chen HJ, Sheng XY, et al. Cross-modal transfer learning based on an improved CycleGAN model for accurate kidney segmentation in ultrasound images[J]. *Ultrasound Med Biol*, 2024, 50(11): 1638-1645.
- [29] Liu K, Yuan BR, Zhang XZ, et al. Characterizing the temporal changes in association between modifiable risk factors and acute kidney injury with multi-view analysis[J]. *Int J Med Inform*, 2022, 163: 104785. doi: 10.1016/j.ijmedinf.2022.104785
- [30] Grams ME, Sang Y, Coresh J, et al. Acute kidney injury after major surgery: a retrospective analysis of veterans health administration data[J]. *Am J Kidney Dis*, 2016, 67(6): 872-880.
- [31] Hofer IS, Kupina M, Laddaran L, et al. Integration of feature vectors from raw laboratory, medication and procedure names improves the precision and recall of models to predict postoperative mortality and acute kidney injury[J]. *Sci Rep*, 2022, 12(1): 10254. doi: 10.1038/s41598-022-13879-7
- [32] Weaver JK, Milford K, Rickard M, et al. Deep learning imaging features derived from kidney ultrasounds predict chronic kidney disease progression in children with posterior urethral valves[J]. *Pediatr Nephrol*, 2023, 38(3): 839-846.
- [33] 张炯. 功能磁共振对慢性肾脏病患者肾脏纤维化状态的评估及多模态模型的建立[D]. 上海: 中国人民解放军海军军医大学, 2022.
- [34] Qin X, Liu X, Xia L, et al. Multimodal ultrasound deep learning to detect fibrosis in early chronic kidney disease[J]. *Ren Fail*, 2024, 46(2): 2417740. doi: 10.1080/0886022X.2024.2417740
- [35] Lee SM, Kang M, Byeon K, et al. Machine learning-aided chronic kidney disease diagnosis based on ultrasound imaging integrated with computer-extracted measurable features[J]. *J Digit Imag*, 2022, 35(5): 1091-1100.
- [36] Si S, Liu H, Xu L, et al. Identification of novel therapeutic targets for chronic kidney disease and kidney function by integrating multi-omics proteome with transcriptome[J]. *Genome Med*, 2024, 16(1): 84. doi: 10.1186/s13073-024-01356-x
- [37] Qin X, Xia L, Ma Q, et al. Development of a novel combined nomogram model integrating deep learning radiomics to diagnose IgA nephropathy clinically[J]. *Ren Fail*, 2023, 45(2): 2271104. doi: 10.1080/0886022X.2023.2271104
- [38] Chen T, Chen T, Xu W, et al. Development and external validation of a multidimensional deep learning model to dynamically predict kidney outcomes in IgA nephropathy[J]. *Clin J Am Soc Nephrol*, 2024, 19(7): 898-907.
- [39] 杨玲. 联合影像组学及肾脏多模态磁共振成像技术建立 IgA 肾病患者病理分级影像预测模型及类固醇激素疗效预测模型的临床研究[D]. 成都: 四川大学, 2022.
- [40] Chen W, Zhang L, Cai G, et al. Machine learning-based multimodal MRI texture analysis for assessing renal function and fibrosis in diabetic nephropathy: a retrospective study[J]. *Front Endocrinol*, 2023, 14: 1050078. doi: 10.3389/fendo.2023.1050078
- [41] He XZ, Hu ZX, Dev H, et al. Test retest reproducibility of organ volume measurements in ADPKD using 3D multimodality deep learning[J]. *Acad Radiol*, 2024, 31(3): 889-899.
- [42] Yun D, Yang HL, Kim SG, et al. Real-time dual prediction of intradialytic hypotension and hypertension using an explainable deep learning model[J]. *Sci Rep*, 2023, 13: 18054. doi: 10.1038/s41598-023-45282-1
- [43] Shehata M, Ghazal M, Khalifeh HA, et al. A deep

- learning-based cad system for renal allograft assessment; diffusion, bold, and clinical biomarkers [J]. Proc Int Conf Image Proc, 2020, 2020: 355-359. doi: 10.1109/ICIP40778.2020.9190818
- [44] Siegerist F, Hay E, Dikou JS, et al. ScoMorphoFISH: a deep learning enabled toolbox for single-cell single-mRNA quantification and correlative (ultra-)morphometry[J]. J Cell Mol Med, 2022, 26(12): 3513-3526.
- [45] Mazin A, Hawkins SH, Stringfield O, et al. Identification of sarcomatoid differentiation in renal cell carcinoma by machine learning on multiparametric MRI [J]. Sci Rep, 2021, 11(1): 3785. doi: 10.1038/s41598-021-83271-4
- [46] Prade VM, Sun N, Shen J, et al. The synergism of spatial metabolomics and morphometry improves machine learning-based renal tumour subtype classification [J]. Clin Transl Med, 2022, 12(2): e666. doi: 10.1002/ctm2.666
- [47] Durán I, Castellano D, Puente J, et al. Exploring the synergistic effects of cabozantinib and a programmed cell death protein 1 inhibitor in metastatic renal cell carcinoma with machine learning [J]. Oncotarget, 2022, 13: 237-256. doi: 10.18632/oncotarget.28183
- [48] Cheng G, Zhou Z, Li S, et al. Integration of proteomics and transcriptomics to construct a prognostic signature of renal clear cell carcinoma [J]. Int J Med Sci, 2024, 21(11): 2215-2232.
- [49] Zhu YF, Liu ML, Zheng WT, et al. Predictive model of CK7 expression in patients with clear cell renal cell carcinoma by combined multimodal ultrasound diagnostic techniques: a retrospective study [J]. Ultrasound Med Biol, 2024, 50(4): 520-527.
- [50] Mahootiha M, Ali Qadir H, Bergsland J, et al. Multimodal deep learning for personalized renal cell carcinoma prognosis: Integrating CT imaging and clinical data [J]. Comput Meth Programs Biomed, 2024, 244: 107978. doi: 10.1016/j.cmpb.2023.107978
- [51] England JR, Cheng PM. Artificial intelligence for medical image analysis: a guide for authors and reviewers [J]. AJR Am J roentgenol, 2019, 212(3): 513-519.
- [52] Jee J, Fong C, Pichotta K, et al. Automated real-world data integration improves cancer outcome prediction [J]. Nature, 2024, 636(8043): 728-736.

(编辑:徐苗蓁)