# HyperPriv-EPN：利用特权知识进行室管膜瘤预后的超图学习

1st Shuren Gabriel Yu清华大学软件学院中国北京
yusr22@mails.tsinghua.edu.cn

2nd Sikang Ren北京天坛医院中国北京
rensk777@163.com

3nd Yongji Tian北京天坛医院中国北京
tianyongji@bjtth.org

arXiv:2601.00626v1 [cs.CV] 2 Jan 2026

**摘要——室管膜瘤的术前预后评估对治疗规划至关重要，但由于磁共振成像缺乏语义洞见，且术后手术报告中包含这类信息，因此评估颇具挑战。现有多模态方法无法利用推理阶段不可获取的特权文本数据。为弥合这一差距，我们提出HyperPriv-EPN，这是一种基于超图的特权信息学习（LUPI）框架。我们提出断连图策略，利用共享编码器处理教师图（融入特权术后信息）和学生图（仅限术前数据）。通过双流蒸馏，学生模型仅凭视觉特征即可学习生成语义社区结构。在一个包含311名患者的多中心队列上进行验证后，HyperPriv-EPN实现了先进的诊断准确率和生存分层效果。该方法有效地将专家知识迁移至术前场景，发掘历史术后数据的价值，以指导新患者的诊断，且推理阶段无需文本。**

索引词—**室管膜瘤、超图神经网络、利用特权信息学习、知识蒸馏**

## I. 引言

室管膜瘤是一种具有异质性的中枢神经系统（中枢神经系统）恶性肿瘤，其分子特征和临床结局差异显著。根据2021年世界卫生组织（WHO）中枢神经系统分类[1]，，准确的术前评估——尤其是预测分子分组（例如后颅窝A型与B型） [14] 以及WHO分级——对于风险分层和治疗决策至关重要。尽管组织病理学仍是金标准，但该方法具有侵入性并伴有手术风险。因此，多序列磁共振成像（磁共振成像）已成为术前诊断的主要无创成像方式。

尽管深度学习在医学影像领域取得了成功，现有基于磁共振成像的预后系统仍面临两项根本性局限。首先，“独立性假设”忽视了群体层面的智慧。标准卷积神经网络（CNN）和基于注意力的多实例学习（MIL）方法（如AttentionDeepMIL [3],）会将每位患者作为独立个体进行处理。这种独立建模无法捕捉高阶相关性，例如具有特定侵袭性分子亚型的患者“群体”所共有的潜在结构相似性。

其次，还存在一个关键问题：“推理时模态鸿沟”。在回顾性训练队列中，通常可以获得丰富的多模态数据，包括详尽的放射学报告和手术记录，其中明确描述了生物学特征（例如“坏死”或“血管增生”）。然而，由于新患者在首次推理时（即手术前）无法提供这些文本数据，现有模型通常会将其舍弃。这导致大量“特权信息”（PI）被浪费——这些语义专家知识本可用于指导对模糊磁共振成像特征的解读。我们认为，这种数据损失源于架构设计，而非根本限制；通过蒸馏，可以将这些“未来”报告的语义丰富性有效融入术前模型。将特权文本视为训练支架，而非必需输入，我们便能将专家见解直接嵌入视觉骨干网络，使其即使在文本缺失时也可发挥作用。尽管 MCAT [5] 等近期多模态变换器尝试融合这些模态，但它们依赖两种输入同时存在，因此在推理时缺少文本分支便无法正常工作。

为弥合这一差距，我们提出了HyperPriv-EPN，这是一种利用特权信息学习（特权信息学习）的新型超图神经网络框架。我们的核心见解是，文本是超图的构建者。仅依据噪声较大的磁共振成像像素对患者进行聚类颇具难度，而特权文本报告则提供了定义患者群体的真实语义概念。通过构建由文本定义的群体（“概念超边”）驱动的教师超图，我们提供了稳健的结构支架。随后，我们采用一种切断式图蒸馏策略，迫使仅使用磁共振成像的学生超图模仿这些高阶拓扑结构。这使学生模型能够仅凭磁共振成像特征“臆想”缺失的语义上下文，即使无法获取临床报告，也能实现高性能推理。

我们的主要贡献总结如下：

- 我们提出了首个用于室管膜瘤的超图蒸馏框架，通过将临床概念视为超边，显式建模患者间的高阶关联，从而捕捉成对图所遗漏的群体层面模式。

- 我们提出了一种断连图蒸馏机制，在学生阶段物理移除特权文本连接，

确保模型在训练期间能够受益于文本，同时最终推理严格依赖磁共振成像和临床数据，以防止数据泄漏。

- 在多中心队列上验证后，HyperPriv-EPN在诊断任务（WHO分级和分子分组）及总生存期（OS）预测方面显著优于MCAT和AttentionDeepMIL等最先进的基线方法，同时在无进展生存期（PFS）预测方面取得了与基线方法相当的竞争性表现。

## II. 相关工作

### A. 多模态生存分析与多实例学习

深度生存分析已从DeepSurv [2] 等简单的基于多层感知机的方法，发展到复杂的多实例学习（MIL）框架。AttentionDeepMIL [3], 、CLAM [4], 、TransMIL [17] 和DSMIL[18] 等方法将局部图块级特征聚合为患者级预测，但会独立处理每位患者，忽略潜在的群体级相关性。为利用互补数据，MCAT [5] 等多模态变换器通过交叉注意力机制融合基因组学和组织学特征。然而，这些融合框架受限于僵化的“可用性假设”：推理时必须提供所有模态。在临床实践中，先进的基因组学或文本报告在术前往往无法获得，因此这类模型难以有效部署。

### B. 超图神经网络（*HGNN*）

与对成对关系进行建模的标准图神经网络（GNN）（例如 GCN [19] 和 GAT [20] ）不同，超图允许一条边连接任意数量的节点，从而捕捉高阶相关性 [6]。在医学影像中，超图神经网络已用于对脑网络和组织学图块中的复杂交互进行建模。然而，现有的大多数方法仅依赖视觉相似性来构建超边。我们的工作在此基础上进一步利用语义特权信息来引导拓扑结构的构建，确保边所表示的是具有生物学意义的患者群体，而不仅仅是视觉聚类。

### C. 利用特权信息学习（特权信息学习）

特权信息学习是一种学习范式：训练期间，教师模型可以访问测试时学生模型无法获取的“特权”数据（例如文本） [7]。这种方法通常通过知识蒸馏（KD）实现，即训练学生模型模仿教师模型的表征 [8]。尽管特权信息学习在动作识别和目标检测领域已展现出良好前景，但其在医学预后中的应用仍然有限。据我们所知，HyperPriv-EPN 是首个将基于超图的特权信息学习应用于室管膜瘤预后的框架，它采用“切断图”策略，将语义社区结构蒸馏到仅使用视觉信息进行推理的模型中。

与标准的知识蒸馏（KD）不同，标准方法通常旨在实现模型压缩（将大型教师模型蒸馏为较小的学生模型），我们将特权信息学习（LUPI）用于模态蒸馏。在这一范式中，学生模型的参数数量不一定少于教师模型，但其运行所依赖的输入空间是教师模型的子集。这一区别在医学影像领域至关重要，因为“特权”模态（如组织病理学或专家文本报告）包含的判别信号，在学生模型所用模态（磁共振成像）中根本不存在。近期研究已在单模态设置中探索了这一思路，而我们的框架将其扩展至超图拓扑，因此需要蒸馏的不仅是特征语义，还包括结构性社区关系。

## III. 方法

### A. 问题定义与框架概述

我们将室管膜瘤预后建模为一项特权信息学习任务。令$\mathcal{D} = \{(X_i,\ X_i^*,\ Y_i)\}_{i=1}^N$ 表示一个包含 $N$ 名患者的队列。这里，$X_i$ 表示推理阶段可用的标准模态（多序列磁共振成像和临床属性），而 $X_i^*$表示仅在训练阶段可用的特权模态（手术病理报告）。$Y_i$ 表示诊断标签（分子分组、WHO分级）和生存结局（无进展生存期、总生存期）。

如图1所示，我们的框架 HyperPriv-EPN 旨在通过知识蒸馏，学习一个学生编码器 $f_S(X_i)$，使其性能接近教师编码器 $f_T(X_i,\ X_i^*)$。该框架分为三个阶段：

- **阶段1（多模态提取）：** 我们将患者数据编码为异构图，每位患者对应8个节点：5个磁共振成像节点（通过3D掩码自编码器和分层自监督学习处理）、1个临床节点，以及2个特权文本节点（通过通义千问大语言模型处理）。
- **阶段2（断连图策略）：** 我们构建了两种拓扑变体：一种是利用所有节点建模语义社群的教师超图，另一种是将文本节点屏蔽并“切断”语义边以模拟推理的学生超图。
- **阶段3（蒸馏）：** 我们采用共享的超图神经网络（ HGNN），并通过双流蒸馏（特征 + 逻辑值）迫使学生模型仅凭视觉特征推断出教师模型的语义拓扑。

### B. 分层特征提取

对于每位患者 $p_i$，我们提取特征并形成一组节点嵌入 $Z_i$。

*1*）视觉编码（*3D MAE + HSSL*）：为了从原始磁共振成像序列（T1、T1C、T2、液体衰减反转恢复、表观扩散系数）中捕捉病灶特异性异质性，我们采用基于三维掩码自编码器（3D MAE）架构的三维卷积神经网络编码器 [9]。为了进一步优化这些特征以用于小队列分析，我们采用分层自监督学习（HSSL）策略。通过 InfoNCE 对比目标 [10] 训练非线性投影头，以最大化不同体积增强之间的互信息。损失函数定义如下：

$$\mathcal{L}_{InfoNCE} = -\log \frac{\exp(\text{sim}(z_i, z_i^+)/\tau)}{\sum_{j=1}^{N} \exp(\text{sim}(z_i, z_j)/\tau)} \tag{1}$$

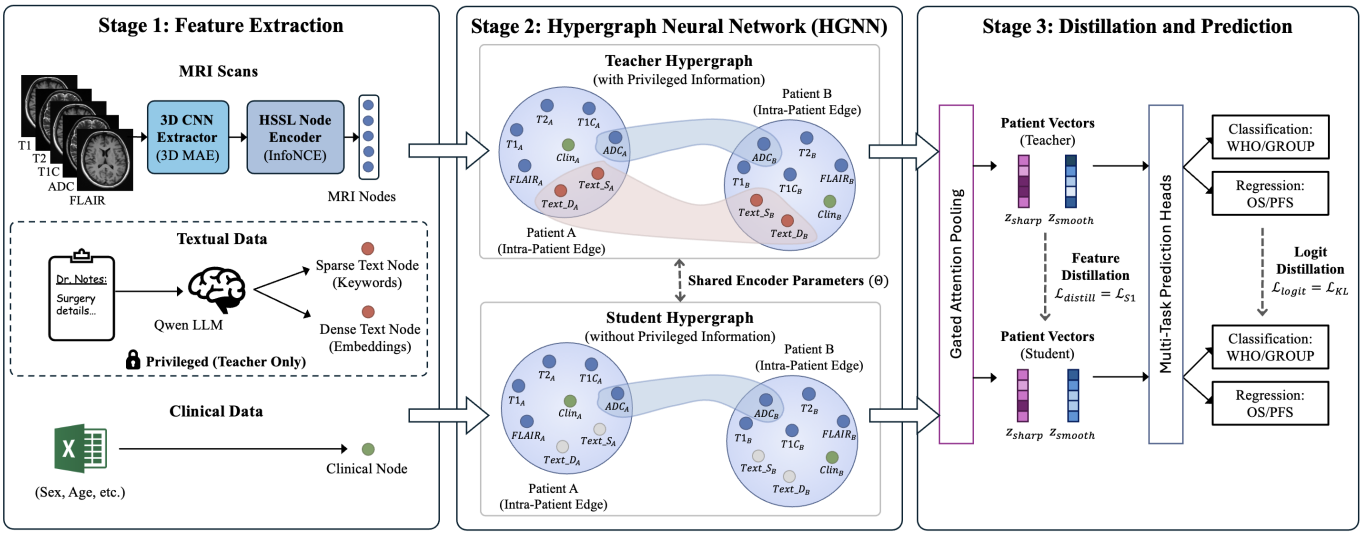



图1. HyperPriv-EPN框架。在阶段1中，我们从MRI扫描、临床数据和特权手术报告中提取特征，以构建多模态节点。阶段2采用共享的超图神经网络编码器，同时处理教师超图和学生超图。最后，在阶段3中，通过门控注意力池化聚合节点特征，生成患者级向量；特征蒸馏使学生模型与教师模型对齐，随后由多任务预测头执行分类和回归，并利用logit蒸馏。

这一预训练确保 MRI节点嵌入$Z_{mri}$ 在超图构建之前能够捕捉具有判别性的组织特性（例如坏死与水肿）。

*2*）特权文本编码：为了从非结构化手术报告中提取高质量的语义特征，我们采用Qwen-7B大语言模型（ LLM） [11], , 因其在生物医学语境中具备强大的零样本推理能力。我们提取两种互补的特征表征：

- **稠密文本节点**（$h_{dense}$）：我们将原始手术文本输入大语言模型，并提取最后一个Transformer层的隐藏状态。这些稠密向量（$D = 4096$）能够捕捉报告的全局语境和细微的语言差异，例如肿瘤切除程度或解剖结构侵犯的描述。
- **稀疏概念节点**（$h_{sparse}$）：为明确建模临床表型，我们采用提示工程策略（例如：“提取关键病理属性：坏死、出血、钙化.....”）。LLM识别这些特定高风险关键词是否存在，并将其编码为二值稀疏向量。这些概念作为超图中的显式锚点，将具有相同生物学特征的患者连接起来，而不受其MRI相似性的影响。

### *C.* 断连图策略

为在避免数据泄漏的情况下建模高阶相关性，我们不训练独立模型。相反，我们采用一个由 Θ 参数化的共享超图神经网络编码器，在两个并行过程中处理该队列。

*1)* 教师通路（特权拓扑）：在第一阶段中，编码器在完整图 $G_T = (\mathcal{V},\ \mathcal{E}_{total})$上运行。我们将综合边集 $\mathcal{E}_{total} = \mathcal{E}_{com} \cup \mathcal{E}_{priv}$ 定义如下：

**1. 公共边**（$\mathcal{E}_{com}$）：这些结构由非特权数据构建，并在教师和学生通路中均保持有效。

- 患者内超边：对于每位患者 $p_i$，我们构建一条超边，将其所有多模态节点（磁共振成像、临床和文本）连接起来。这是局部患者特征的主要融合机制。
- 视觉KNN超边：我们计算所有患者MRI嵌入之间的余弦相似性。对于每位患者 $p_i$，我们在视觉潜在空间中构建超边，将其与 $k = 10$ 个最近邻连接起来，从而捕捉整个队列中形态相似的肿瘤。
- 临床KNN超边：同样，我们构建超边，连接临床特征向量最为相似的 $k = 10$ 患者（例如年龄、性别和肿瘤位置相匹配），以确保人口统计学和解剖学一致性。

**2. 特权边**（$\mathcal{E}_{priv}$）：这些结构仅根据手术报告构建，且仅供教师模型使用。

- 语义文本K近邻：我们计算患者报告的通义千问稠密嵌入之间的相似度。超边连接手术结果在语义上相关的患者，从而捕捉磁共振成像中无法获取的细微语言差异。
- 概念共享超边：针对每个稀疏临床关键词（例如“坏死”），我们构建一条超边，连接报告中包含该特定术语的所有患者。这会将真实的生物学群体明确地“硬编码”到图拓扑中。

*2*）学生模型通行（拓扑切断）：在第二次通行中，我们通过施加切断操作来模拟推理场景

。我们应用二进制掩码 $M_{blind}$ ，将所有文本节点 ( $X_{student} = X \odot M_{blind}$) 严格置零，使其实际上变为“死节点”。因此， $\mathcal{E}_{priv}$ 中的所有边（文本 K 近邻和概念共享）都会失效，因为其支撑节点已被置空。这样一来，学生模型只能通过 $\mathcal{E}_{com}$ （患者内、视觉 K 近邻和临床 K 近邻）传播信息。由于 HGNN 的权重 $\Theta$ 是共享的，优化器必须学习一种视觉流形，使得由“视觉 K 近邻”边相连的患者也能与缺失的“概念”边所定义的潜在语义社群保持一致。

### *D.* 特征聚合与预测

为了将更新后的节点嵌入映射为患者级预测，我们采用了特定于任务的聚合策略。对于生存任务（无进展生存期、总生存期），我们使用门控注意力机制聚合“平滑”向量$Z_{smooth}$ ，以识别高风险区域。节点 $h_k$ 的重要性分数 $\alpha_k$ 计算如下：

$$\alpha_k = \frac{\exp\left(\mathbf{w}^T\left(\tanh(\mathbf{V}h_k) \odot \sigma(\mathbf{U}h_k)\right)\right)}{\sum_j \exp\left(\mathbf{w}^T\left(\tanh(\mathbf{V}h_j) \odot \sigma(\mathbf{U}h_j)\right)\right)} \tag{2}$$

其中，$\mathbf{w}$，$\mathbf{V}$，$\mathbf{U}$ 为可学习参数。所得加权和 $H_{surv}$ 能够有效“提高”关键语义节点（例如“坏死”）的权重，同时抑制噪声。相反，对于诊断分类（分子分组、WHO），我们对“锐利”的视觉节点应用均值池化，得到 $H_{diag}$，确保预测基于肿瘤的整体形态。最后，将这些表征输入特定于任务的多层感知机： $H_{diag}$预测分子分组/WHO分级（通过交叉熵优化），而 $H_{surv}$ 预测对数风险评分（通过 Cox 部分似然优化）。

### *E.* 特权知识蒸馏

我们采用多目标优化策略，使学生模型的潜在表示与教师模型的“特权”理解相一致。

*1)* 超图传播与解耦：两种图变体均由共享的超图神经网络处理。我们使用一个门控注意力池化层，将每位患者的活跃节点聚合为单个向量 $H_i$。为处理诊断（需要具有判别性的高频特征）与预后（需要平滑的序数特征）之间的冲突，我们将输出解耦为两个向量： $z_{sharp}$ 用于分类任务， $z_{smooth}$ 用于生存回归。

*2)* 蒸馏目标：我们使用双流损失对齐学生模型和教师模型。首先，特征蒸馏迫使学生模型“幻觉式地重现”教师模型的潜在位置。我们最小化二者特征向量之间的 Smooth $L_1$ 距离：

$$\begin{aligned}\mathcal{L}_{feat} = \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}[&\text{SmoothL1}(z_{S,i}^{sharp}, z_{T,i}^{sharp}) \\ &+ \text{SmoothL1}(z_{S,i}^{smooth}, z_{T,i}^{smooth})]\end{aligned} \tag{3}$$

其次，logit 蒸馏将教师模型的“软”置信度（暗知识）传递给学生模型。我们对温度缩放的 logits 应用 KL 散度：

$$\mathcal{L}_{logit} = \sum_{k\in\mathcal{T}} \text{KL}\left(\sigma\left(\frac{y_{S,k}}{\tau}\right) \middle\| \sigma\left(\frac{y_{T,k}}{\tau}\right)\right) \tag{4}$$

其中， $\mathcal{T}$表示任务集合（分组、无进展生存期）， $\tau$ 为温度参数。

*3)* 总目标：通过最小化组合目标，对模型进行端到端训练：

$$\mathcal{L}_{total} = \mathcal{L}_{task} + \lambda_1\mathcal{L}_{feat} + \lambda_2\mathcal{L}_{logit} \tag{5}$$

其中， $\mathcal{L}_{task}$ 是任务特定损失的总和：用于 WHO 分级和分子分组的交叉熵、用于生存排序（无进展生存期/总生存期）的 Cox 负对数似然，以及用于在视觉编码器中强化空间感知的辅助解剖学正则项（针对肿瘤位置的交叉熵）。

## IV. 实验

### *A.* 数据集与实现细节

**临床队列与数据采集**。 我们对一个多中心队列开展了全面的回顾性研究，该队列包含311名经组织病理学确诊的后颅窝室管膜瘤（PF-EPN）患者，治疗时间为2000年5月至2022年11月。这是针对这种罕见病理类型规模最大的多模态数据集之一。纳入标准要求患者具备完整的术前多模态磁共振成像序列（T1加权成像、T1增强成像、T2加权成像、液体衰减反转恢复、表观扩散系数）以及记录肿瘤位置、质地和血管分布的结构化手术报告。对于生存分析（无进展生存期、总生存期），我们采用了具有完整长期随访数据的高质量子集。

**预处理流程**。磁共振成像（MRI）数据经过标准化预处理流程，包括颅骨剥离、N4偏置场校正，以及使用 SimpleITK [12]将图像刚性配准至 T1增强成像空间。使用预训练的 nnU-Net [13] 自动分割肿瘤感兴趣区（ROI），并由资深神经放射科医生进行核验。不同于标准方法，我们采用经分层自监督学习（HSSL）增强的三维卷积神经网络骨干提取视觉特征，通过 InfoNCE对比预训练捕获病灶特异性表征。对于文本数据，我们使用通义千问大语言模型（LLM）提取稠密语义嵌入和稀疏临床概念，捕捉仅凭影像常会遗漏的关键表型描述（例如“坏死”）。

### *B.* 实验设置与评估指标

**临床任务**。 我们在四项标准的《神经肿瘤学》任务上评估性能：

- 分子分组（分类）：预测生物学亚型（后颅窝A型与后颅窝B型），这至关重要，因为后颅窝A型肿瘤的预后通常比后颅窝B型肿瘤更差。

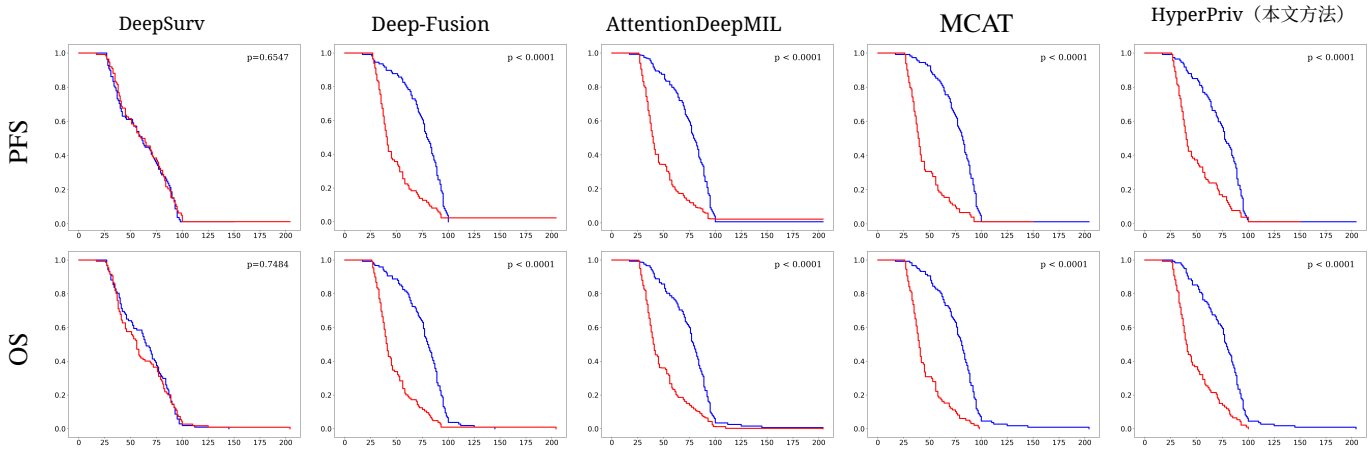



图 2. 所有对比方法在预后指标（无进展生存期/总生存期）上的 KM曲线。根据中位等级，将预测风险评分划分为高风险（红色）和低风险（蓝色）。

表 I 与最先进方法的比较。所有方法在推理过程中仅使用磁共振成像和临床数据。

| 方法 | 诊断（准确率） | | 预后（C指数） | |
|---|---|---|---|---|
| | 分子分组 | WHO分级 | PFS | OS |
| DeepSurv（仅临床） | $0.8587_{\pm 0.0489}$ | $0.7042_{\pm 0.0480}$ | $0.4739_{\pm 0.0414}$ | $0.4956_{\pm 0.0337}$ |
| Deep-Fusion | $0.8494_{\pm 0.0437}$ | $0.7206_{\pm 0.0442}$ | $0.7251_{\pm 0.0661}$ | $0.7174_{\pm 0.0614}$ |
| AttentionDeepMIL | $0.8108_{\pm 0.0545}$ | $0.6986_{\pm 0.0837}$ | $\mathbf{0.7671_{\pm 0.0292}}$ | $0.7394_{\pm 0.0295}$ |
| MCAT | $0.7850_{\pm 0.0362}$ | $0.6789_{\pm 0.0318}$ | $0.7481_{\pm 0.0497}$ | $0.7275_{\pm 0.0519}$ |
| **HyperPriv-EPN（我们的方法）** | $\mathbf{0.8591_{\pm 0.0500}}$ | $\mathbf{0.7208_{\pm 0.0656}}$ | $0.7634_{\pm 0.0495}$ | $\mathbf{0.7585_{\pm 0.0423}}$ |

•WHO 分级（分类）：根据 2021年 WHO 中枢神经系统分类标准确定肿瘤分级（II级与III级）。

• 总生存期（OS）：回归任务，用于预测从手术到患者死亡的时间（以月为单位）。
• 无进展生存期（PFS）：回归任务，用于预测从手术到肿瘤复发或进展的时间。

**评估指标。**
•准确率（ACC）：对于诊断分类（分组/世界卫生组织），我们报告标准准确率。
• 一致性指数（C指数） [22]：对于生存分析，我们采用 C 指数，它将 ROC 曲线下面积（ AUC ）推广到删失数据。该指标衡量的是：对于随机选取的一对患者，模型正确预测哪位患者生存时间更长的概率。 $c$ =0.5 表示随机猜测，而 $c = 1.0$ 则表示排序完全正确。

• Kaplan-Meier（KM）分析 [15]：为评估临床实用性，我们根据预测风险评分的中位数将患者划分为低风险组和高风险组。随后，我们使用 KM曲线展示随时间变化的生存概率，并通过对数秩检验（$p$-值）量化组间差异的统计显著性。 [16]

## C. 主要结果

表 I 汇总了测试队列上的性能比较结果。结果揭示了现有方法固有的权衡，而 HyperPriv-EPN 成功解决了这一问题。

**临床基线的权衡。**DeepSurv 的诊断准确率出奇地高（分组：0.8587，世界卫生组织：0.7042），表明年龄和肿瘤侵犯等临床变量对诊断具有很强的预测能力。然而，它在预后预测方面表现极差（无进展生存期：0.4739，总生存期：0.4956），不比随机猜测好。这证实，虽然临床元数据足以进行分类，但其粒度不足以预测长期生存结局。

**预后性能的权衡。** 先进的深度学习基线模型（AttentionDeepMIL、MCAT）扭转了这一趋势。尽管它们取得了更优的预后性能（AttentionDeepMIL 无进展生存期：0.7671），但与简单的临床基线模型相比，其诊断准确率反而有所下降（例如，MCAT 的世界卫生组织指标：0.6789，而 DeepSurv 的世界卫生组织指标：0.7042）。这表明，复杂的深度学习模型可能会过拟合视觉信号，牺牲稳健的临床先验。

**HyperPriv-EPN：全能选手。**我们提出的框架以独特方式弥合了这一差距。通过采用学生模型-教师模型蒸馏，HyperPriv-EPN 在保留临床模型高诊断准确率的同时（分组：0.8591，世界卫生组织：0.7208），也实现了最先进的预后分层。值得注意的是，我们在总生存期（OS）方面优于 AttentionDeepMIL（0.7585 vs. 0.7394），在无进展生存期（PFS）方面的表现则在统计学上相当（0.7634）。这表明，我们的方法能够有效“补全”整体患者评估所需的缺失语义上下文，在以下方面实现最优

诊断和预后任务的综合表现。

**视觉分层验证**。我们进一步通过 Kaplan-Meier 分析验证这些发现（图 2）。与定量指标一致，仅使用临床数据的 DeepSurv 基线模型无法对患者进行分层（$p > 0.05$）。相比之下，包括 MCAT 和 AttentionDeep- MIL 在内的所有深度学习方法均实现了具有统计学意义的组间分离（$p < 0.0001$）。尤为重要的是，HyperPriv-EPN 保持了这种稳健的分层能力，生成了清晰的分离曲线，其效果可与多模态MCAT基线相媲美。这从视觉上证实，我们的蒸馏策略成功保留了特权教师模型的预后判别能力，即使在推理时无法获取手术报告，也能实现明确的风险分层。

表 II HyperPriv-EPN组件的消融研究。

| 方法 | 诊断（准确率） | | 预后（C指数） | |
|---|---|---|---|---|
| | 分组 | 世界卫生组织 | 无进展生存期 | 总生存期 |
| 无超图 | 0.8587 | 0.7126 | 0.7153 | 0.7071 |
| 无知识蒸馏 | 0.8494 | 0.7206 | 0.7251 | 0.7174 |
| 无自监督学习（原始 MRI信号） | 0.7463 | 0.6301 | 0.6716 | 0.6617 |
| **HyperPrivEPN（我们的方法）** | **0.8591** | **0.7208** | **0.7634** | **0.7585** |
| HyperPrivEPN（教师模型） | 0.8687 | 0.7300 | 0.7823 | 0.7644 |

### *D.* 消融研究

我们通过消融研究进一步验证了架构方面的贡献（表 II）。

**超图与蒸馏的影响**。移除超图结构或蒸馏机制（即“深度融合”变体）会导致预后性能显著下降（无进展生存期/总生存期下降 ∼5%），但诊断准确率保持稳定。这证实了断连图策略专门负责将教师模型中的复杂生存相关语义知识迁移过来。

**自监督学习预训练的重要性**。事实证明，最关键的组成部分是分层自监督学习（HSSL）编码器。将 InfoNCE 预训练的嵌入替换为标准 ResNet 特征（“无自监督学习”）后，所有指标均大幅下降 ∼10%。这表明，如果没有稳健的对比式节点嵌入，超图就无法有效建模患者间相似性。

**教师模型与学生模型的差距**。最后，将学生模型与特权教师模型（推理时可访问文本）进行比较后发现，二者的性能差距微乎其微（诊断方面为 <1%，预后方面为 ∼1-2%）。这一微小差异验证了蒸馏的有效性：学生模型已成功内化教师模型绝大部分特权见解，因此在推理时文本报告基本上是冗余的。

## V. 结论

本文介绍了 HyperPriv-EPN，这是一种新颖的超图蒸馏框架，旨在解决室管膜瘤预后中的推理阶段模态差距。通过将断连图策略与特权信息学习相结合，我们的方法能够有效地将手术报告中的高阶语义洞见蒸馏到仅使用MRI的学生模型中。在多中心队列上的实验结果表明，HyperPriv-EPN 在诊断准确率方面显著优于最先进的多模态基线方法，同时实现了稳健的风险分层，其表现可与能够访问全部数据的模型相媲美。未来的工作将着重于把这一超图蒸馏范式拓展到室管膜瘤以外的其他罕见病理，并在更大规模的外部多机构队列上验证该框架。

## 参考文献


[1] D. N. Louis 等，“2021年WHO中枢神经系统肿瘤分类：概要”，《神经肿瘤学》，第23卷，第8期，第1231–1251页，2021年。[2] J. L. Katzman 等，“DeepSurv：利用Cox比例风险深度神经网络构建个性化治疗推荐系统”，《BMC医学研究方法学》，第18卷，第1–12页，2018年。[3] M. Ilse、J. Tomczak 和 M. Welling，“基于注意力的深度多实例学习”，载于《国际机器学习会议论文集》，2018年，第2127–2136页。[4] M. Y. Lu 等，“全切片图像上的数据高效弱监督计算病理学”，《自然生物医学工程》，第5卷，第6期，第555–570页，2021年。[5] R. J. Chen 等，“用于千兆像素全切片图像生存预测的多模态协同注意力变换器”，载于《IEEE/CVF国际计算机视觉会议论文集》，2021年，第4015–4025页。[6] Y. Feng 等，“超图神经网络”，载于《AAAI人工智能会议》，第33卷，2019年，第3558–3565页。[7] V. Vapnik 和 A. Vashist，“利用特权信息学习：相似性控制与知识迁移”，《神经网络》，第22卷，第5–6期，第544–557页，2009年。[8] G. Hinton、O. Vinyals 和 J. Dean，“蒸馏神经网络中的知识”，arXiv预印本 arXiv:1503.02531，2015年。[9] K. He 等，“掩码自编码器是可扩展的视觉学习器”，载于《IEEE/CVF计算机视觉与模式识别会议论文集》，2022年，第16000–16009页。[10] T. Chen 等，“视觉表征对比学习的简单框架”，载于《国际机器学习会议论文集》，2020年，第1597–1607页。[11] J. Bai 等，“通义千问技术报告”，arXiv预印本 arXiv:2309 16609，2023年。。[12] R. Beare、B. C. Lowekamp 和 Z. Yaniv，“使用 SimpleITK 在 R 中进行图像分割、配准与表征”，《统计软件杂志》，第86卷，第1–35页，2018年。[13] F. Isensee 等，“nnU-Net：一种用于深度学习生物医学图像分割的自配置方法”，《自然方法》，第18卷，第2期，第203–211页，2021年。[14] K. W. Pajtler 等，“跨越所有中枢神经系统区室、组织病理学分级及年龄组的室管膜肿瘤分子分类”，《癌细胞》，第27卷，第5期，第728–743页，2015年。[15] E. L. Kaplan 和 P. Meier，“基于不完整观测的非参数估计”，《美国统计学会杂志》，第53卷，第282期，第457–481页，1958年。[16] N. Mantel，“生存数据评估及其分析中产生的两种新秩次统计量”，《癌症化疗报告》，第50卷，第3期，第163–170页，1966年。[17] Z. Shao 等，“TransMIL：用于全切片图像分类的基于变换器的相关多实例学习”，载于《神经信息处理系统进展》，第34卷，2021年，第2136–2147页。[18] B. Li、Y. Li 和 K. W. Eliceiri，“用于全切片图像分类的双流多实例学习网络及自监督对比学习”，载于《IEEE/CVF计算机视觉与模式识别会议论文集》，2021年，第14318–14328页。[19] T. N. Kipf 和 M. Welling，“基于图卷积网络的半监督分类”，载于《国际学习表征会议论文集》，2017年。[20] P. Velickovic 等，“图注意力网络”，载于《国际学习表征会议论文集》，2018年。[21] I. Loshchilov 和 F. Hutter，“解耦权重衰减正则化”，载于《国际学习表征会议论文集》，2019年。[22] F. E. Harrell Jr、K. L. Lee 和 D. B. Mark，“多变量预后模型：模型开发、假设与适用性评估，以及误差测量与降低中的问题”，《医学统计学》，第15卷，第4期，第361–387页，1996年。