

基于贝叶斯优化的支持向量回归预测帕金森病严重程度研究

王 敬^{1*}, 王朋威¹, 谢 晓¹, 韩红芳²

(1. 信阳师范大学 计算机与信息技术学院/河南省教育大数据分析与应用重点实验室, 河南 信阳 464000;

2. 上海应用技术大学 计算机科学与信息工程学院, 上海 201418)

摘 要: 基于公开数据集中的多模态数据, 包括人口统计学特征、临床特征和影像学特征, 构建了一种基于贝叶斯优化的支持向量回归模型, 旨在准确预测帕金森病的严重程度。实验结果表明, 该模型在预测帕金森病严重程度方面不仅具有高度的准确性, 还表现出显著的解释力。通过特征重要性分析, 有效识别出对预测模型贡献最显著的关键特征, 为帕金森病的临床管理和治疗决策提供了科学依据, 还为深入探究该疾病的病理机制开辟了新的研究视角。

关键词: 帕金森病; 支持向量回归; 贝叶斯优化; 多模态数据分析; 功能核磁共振成像

中图分类号: R742.5

文献标志码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



Predicting Parkinson's disease severity using support vector regression based on Bayesian optimization

WANG Jing^{1*}, WANG Pengwei¹, XIE Xiao¹, HAN Hongfang²

(1. College of Computer and Information Technology / Henan Key Laboratory of Educational Big Data Analysis and Applications, Xinyang Normal University, Xinyang 464000, China;

2. School of Computer Science and Information Engineering, Shanghai Institute of Technology, Shanghai 201418, China)

Abstract: Based on multimodal data from public datasets, including demographic characteristics, clinical features and imaging features, a support vector regression model optimized through Bayesian optimization was proposed to accurately predict the severity of Parkinson's disease. Experimental results demonstrated that the model not only exhibited high accuracy in predicting Parkinson's disease severity but also showed significant explanatory power. Through feature importance analysis, the key features that contribute most significantly to the predictive model were effectively identified, which not only provides a solid scientific basis for clinical management and treatment decisions in Parkinson's disease, but also opens up new research perspectives for in-depth exploration of the pathological mechanisms of this disease.

Key words: Parkinson's disease; support vector regression; Bayesian optimization; multimodal data analysis; functional magnetic resonance imaging

0 引言

帕金森病(Parkinson's Disease, PD)是目前世界上增长最快的神经退行性疾病,以运动和非运动功能的逐渐丧失为特征,严重影响患者的生

活质量^[1-2]。随着全球人口老龄化趋势的加剧,帕金森病的发病率和患病率呈上升趋势,使得其早期诊断与管理变得尤为重要^[3-4]。流行病学研究揭示,在中国65岁以上人群中,帕金森病的患病率达到1.7%^[5]。更令人担忧的是,预计到2030年,中

收稿日期:2024-07-23;修回日期:2024-11-27;*.通信联系人,E-mail:wangjing@xynu.edu.cn

基金项目:国家自然科学基金项目(31900710);信阳师范大学南湖学者奖励计划青年项目

作者简介:王敬(1989—),男,湖北麻城人,讲师,博士,主要从事神经影像学和机器学习研究。

引用格式:王敬,王朋威,谢晓,等.基于贝叶斯优化的支持向量回归预测帕金森病严重程度研究[J].信阳师范大学学报(自然科学版),2025,38(3):297-303.

WANG Jing, WANG Pengwei, XIE Xiao, et al. Predicting Parkinson's disease severity using support vector regression based on Bayesian optimization[J]. Journal of Xinyang Normal University (Natural Science Edition), 2025, 38(3):297-303.

国的帕金森病患者数量将攀升至惊人的500万例^[6]。在此背景下,准确预测帕金森病的严重程度对临床管理和治疗策略的制定具有重大意义,不仅能够帮助医疗专业人员制定个性化治疗方案,还能延缓病情进展,从而显著改善患者的生活质量。

近年来,基于多模态数据的方法在帕金森病严重程度预测领域展现出巨大潜力^[7]。这些方法整合了多种数据源,包括步态、手写、语音、传感器、脑电图等,为全面评估帕金森病严重程度提供了多维视角。ENDO等^[8]通过自监督预训练的Transformer模型预测人类运动,进而评估帕金森病患者的步态损伤程度。ÖZSEVEN等^[9]综述了基于手写数据使用机器学习方法诊断帕金森病的研究,为未来相关研究提供了重要参考。ALI等^[10]利用语音数据预测帕金森病的严重程度,拓展了诊断方法的多样性。YANG等^[11]开发了一种基于夜间呼吸信号的深度学习模型,用于监测帕金森病并预测其严重程度。该方法实现了对帕金森病的非侵入性远程监测,极大地便利了患者和护理人员。DONG等^[12]提出了一种基于压力传感器数据的光流方法,通过分析这些数据评估受试者的疾病严重程度,并将其整合到现有临床评估中,提高了诊断的准确性。ZHANG等^[13]利用临床睡眠脑电图数据诊断和监测帕金森病,这一技术有助于帕金森病的早期诊断和有效治疗。这些多模态方法的结合不仅提高了诊断的准确性,还为个性化治疗和疾病进展预测开辟了新途径。

尽管步态、手写、语音、传感器、脑电图等数据在帕金森病的检测和评估中具有重要作用,但神经影像学数据在提供高分辨率脑部结构信息、早期检测、客观量化评估、多维度综合分析以及广泛的研究和临床应用方面具有显著优势,使得神经影像学在预测帕金森病严重程度方面具有独特的价值^[7, 14-15]。基于神经影像学数据的研究通常综合考虑多种对帕金森病具有预测能力的特征。这些特征不仅限于影像学数据,还包括人口统计学特征和临床特征。人口统计学特征包括年龄、性别、惯用手、民族和种族以及受教育年限等。临床特征包括诊断信息、老年抑郁量表(Geriatric Depression Scale, GDS)、蒙特利尔认知评估(Montreal Cognitive Assessment, MoCA)、Hoehn-Yahr分期(HY)、运动障碍学会修订版统一帕金森

病评定量表(Movement Disorder Society-Sponsored Revision of the Unified Parkinson's Disease Rating Scale, MDS-UPDRS)^[16]等。其中诊断信息包括症状开始和诊断的日期、诊断时的主要运动症状(震颤、僵硬、运动迟缓、姿势不稳及其他)、症状优势侧等。影像学特征通常是基于功能磁共振成像(functional Magnetic Resonance Imaging, fMRI)计算出的特征,包括局部一致性(Regional Homogeneity, ReHo)、低频振幅(Amplitude of Low-Frequency Fluctuation, ALFF)和分数低频振幅(fractional ALFF, fALFF)^[14-15]等。多变量模型的应用能够提供比单一特征更全面和准确的预测,为帕金森病的个性化治疗和早期干预提供了有力支持。

本文在NGUYEN等^[14]工作的基础上进行深化,通过综合利用多模态数据特征和先进的机器学习方法,旨在显著提高帕金森病严重程度预测的准确性。相较于NGUYEN等^[14],本文的主要贡献包括:(1)修正了Nguyen数据集中两个受试者的影像学数据采集日期错误,确保数据的准确性。(2)采用官方用户使用手册^[17]推荐的方法,对MDS-UPDRS评分的第三部分,同一患者在同一日期存在多个测量值时选取最大值,而非药物有效期的测量值,以更真实地反映患者病情。(3)引入贝叶斯优化方法替代随机搜索,提高预测模型超参数寻优的效率和效果。(4)在相同数据集上,本文模型的预测性能,以均方根误差(Root Mean Square Error, RMSE)和决定系数(Coefficient of Determination, 又称R-squared或 R^2)为评估标准,均优于现有研究。

此外,本文特别关注了多变量模型的构建,通过特征选择和特征重要性分析,识别对帕金森病严重程度预测贡献最大的特征。这一方法不仅提高了模型的预测准确性,也为深入理解帕金森病的病理机制提供了新的视角。通过这项工作,期望为帕金森病的临床管理和治疗决策提供更为科学、精准的支持,同时为后续研究提供有价值的参考和基础。这项工作的成果有助于推动帕金森病个性化治疗策略的制定,最终改善患者的长期预后和生活质量。

1 方法

1.1 数据集

本研究中利用了来自帕金森病进展标志物计

划(Parkinson's Progression Markers Initiative, PPMI)网站(www.ppmi-info.org)^[17]的数据。PPMI是一项由Michael J. Fox基金会发起的全球性研究项目,旨在深入探索帕金森病的进展机制和相关生物标志物。该项目通过系统性地收集和分析与帕金森病相关的临床数据、生物样本和影像学数据,致力于识别病情进展的生物标志物,以促进早期诊断和治疗策略的制定。

从PPMI数据库中筛选了82名帕金森病患者作为研究对象,获取其人口统计学特征、临床特征和影像学数据。在临床特征中,MDS-UPDRS总评分作为衡量帕金森病严重程度的关键指标,是本研究的预测目标,而其他数据则作为预测变量。影像学数据采用Siemens TrioTim 3T扫描仪获取。其中,fMRI数据扫描采用梯度回波平面成像(Echo-Planar Imaging, EPI)序列,具体参数如下:重复时间(Repetition Time, TR)=2400 ms,回波时间(Echo Time, TE)=25 ms,翻转角=80°,体素大小=3.3 mm³(等向性),图像维度=68×66×33,采集210个时间点。每次扫描的总采集时间为504 s。扫描序列为2D EPI。所有受试者的数据采集,均经过相应机构伦理委员会的审批。

实验中采用NGUYEN等^[14]公开的数据集,简称Nguyen数据集,其下载链接见该项目的Github页面:<https://github.com/DeepLearningForPrecisionHealthLab/Parkinson-Severity-rsfMRI>。

NGUYEN等^[14]从PPMI网站下载了部分帕金森病患者的功能像和结构像数据,经过一系列标准预处理步骤,包括颅骨剥离、配准、运动校正和生理伪影消除等,最终计算出ReHo、ALFF和fALFF等3种影像学特征并进行公开,方便后续研究者进行重复性实验。Nguyen数据集包含176名受试者的328条数据。每名受试者可能有1~4条数据,对应不同的采集日期。每条数据均包含ReHo、ALFF和fALFF等3种特征。本研究中仅用到ReHo特征。

本研究仅使用了Nguyen数据集中82名受试者的数据,与NGUYEN等^[14]保持一致。详细的受试者列表见该项目的Github页面。NGUYEN等^[14]将每名受试者首次具有MDS-UPDRS评分的影像学检查定义为基线检查。在这82名受试者中,1年后有53名、2年后有45名、4年后有33名受试者具有MDS-UPDRS评分。NGUYEN等^[14]利

用这些受试者的人口统计学特征、临床特征和基线影像学特征来预测基线和1年后、2年后、4年后的MDS-UPDRS评分,以寻找与帕金森病进展相关的预测性生物标志物。为简化分析复杂度并便于与NGUYEN等^[14]的研究进行比较,本研究仅预测基线MDS-UPDRS评分,并探索相应的生物标志物。经检查发现,Nguyen数据集中2名受试者(编号为40366和50901)的影像学数据采集日期与PPMI网站记录不一致,对此进行了手动校正。

获取82名受试者的ReHo数据后,使用NGUYEN等^[14]提供的包含135个分区的Schaefer模板对每名受试者的ReHo数据分别进行特征提取。具体而言,对Schaefer模板中的每个分区,计算该分区对应的ReHo数据的平均值作为该分区的特征,用于后续的预测模型。

MDS-UPDRS评分包括四个部分,全面评估了帕金森病的不同方面^[16]。第一部分评估患者日常生活中的非运动症状,如情绪、睡眠、认知功能等,包括抑郁、焦虑、精神病症状及其他非运动性问题。第二部分评估患者日常生活中的运动功能,如穿衣、洗漱、进食、行走等,关注运动功能对患者日常活动能力的影响。第三部分通过一系列临床运动检查评估帕金森病的运动症状,包括震颤、僵硬、运动迟缓和不安定性等,主要基于物理检查和观察得出评分。第四部分评估与帕金森病治疗相关的并发症,包括运动并发症和非运动并发症,关注药物的副作用和不良反应对患者的影响。

对于MDS-UPDRS评分的第三部分,某些受试者在同一日期可能有多个测量值,这是由于测量可能在药物有效期和无效期分别进行。NGUYEN等^[14]保留药物有效期时的测量值。本研究遵循PPMI官方使用手册^[17]的建议,保留某一日期的最大测量值,即当日最差情况。在大部分情况下,该操作保留的是药物无效期的测量值。这些值通常比药物有效期的测量值更大,并且能够更真实地反映患者的病情。因此,本研究中的预测目标跟NGUYEN等^[14]中的有所区别。对于MDS-UPDRS评分的第四部分,某些受试者存在缺失值。通过检查这些受试者在邻近日期的评分可以发现,将该评分补零是合理的选择。

用于预测帕金森病严重程度的特征,包括人口统计学特征、临床特征和影像学特征。本研究

中使用的特征如下:人口统计学特征包括年龄、性别、惯用手、民族和种族以及受教育年限。临床特征包括诊断信息、GDS、MoCA、HY 分期。其中诊断信息包括症状开始和诊断的日期、诊断时的主要运动症状(震颤、僵硬、运动迟缓、姿势不稳及其他)、症状优势侧。影像学特征仅使用到 ReHo 特征。

这些特征需要经过处理才能用于预测,处理步骤包括:(1)结合患者的出生日期、帕金森病症状开始日期、帕金森病诊断日期计算出症状持续时间和诊断后时间,以天(d)为单位,作为预测变量。(2)将惯用手和症状优势侧中的左侧、右侧、双侧三个选项,由原始数据中的 1、2、3 标记转换为独热编码。(3)由于受试者总数较少,对所有受试者提取出上述特征后,经检查发现部分特征全为 0。这些全 0 特征对预测无贡献,需要删除。(4)某些受试者的 MoCA 评分缺失。经检查发现,同一受试者不同日期的 MoCA 评分较为接近,因此使用该受试者邻近的 3 个日期的 MoCA 评分平均值来填充缺失值。如果某个受试者记录的 MoCA 评分不足 3 个,就以该受试者记录的全部 MoCA 评分的平均值来填充缺失值。经过以上处理,共得到 24 个有关特征。接着将这些特征与 ReHo 特征结合,用于预测帕金森病的严重程度。

1.2 预测模型

采用综合方法,结合人口统计学特征、临床特征和影像学特征来预测帕金森病的严重程度。影像学特征是利用 Schaefer 模板提取的 ReHo 特征。帕金森病的严重程度以 MDS-UPDRS 总评分作为量化指标。

预测模型选用线性支持向量回归(Support Vector Regression, SVR)算法^[18]。由于输入特征的量纲存在差异,首先对这些特征进行 Z-score 标准化处理。具体步骤为:对于所有训练样本,计算每个特征的均值和标准差;将每个特征值减去该特征的均值,然后除以其标准差;使用训练集得到的参数,即均值和标准差,对测试集进行相同的标准化处理。这种标准化方法可以消除不同特征之间的尺度差异,提高模型的性能和稳定性,并且加速模型的收敛过程。

线性 SVR 主要涉及两个待优化参数: C 和 $Epsilon$, 这两个参数均要求为正值。为了获得最佳参数组合,采用贝叶斯优化方法^[19]对这两个参

数进行调节。贝叶斯优化^[19]是一种基于概率模型的序列化优化策略,用于寻找黑盒函数的全局最优解。其工作原理是:首先随机选择几个点进行评估,然后基于已知数据点更新概率模型,找到最优的下一个评估点,之后在目标函数上评估新的数据点,重复以上过程直到满足停止条件。贝叶斯优化在处理复杂、计算密集型优化问题时特别有效,尤其是在机器学习模型的超参数调优中广泛应用。它通过智能地选择下一个评估点,大大减少了所需的评估次数,从而提高了优化效率。本研究在 $[10^{-3}, 10^3]$ 范围内使用贝叶斯优化对 SVR 的两个参数,即 C 和 $Epsilon$, 进行搜索,共搜索 100 种参数组合。

在模型评估方面,采用留一法进行交叉验证,以均方根误差(RMSE)作为评估预测模型效果的主要指标,并计算决定系数(R-squared)。该指标反映模型解释的方差百分比,用于进一步评估模型的拟合优度。为了平衡计算资源和模型性能评估的需求^[14-15],本研究未采用嵌套交叉验证(Nested Cross-Validation)方法。在完成参数优化后,输出了 RMSE 和 R-squared 值,以全面反映模型的预测能力和解释力。RMSE 越小,代表模型的预测能力越强。R-squared 越大,代表模型的解释力越强。

本研究所采用的综合分析方法不仅考虑了多模态特征信息,还通过严谨的参数优化和模型评估过程,力求为帕金森病严重程度的预测提供一个可靠且高效的模型。

实验在配备 Intel(R) Core(TM) i5-12400F 2.50 GHz 处理器的计算机上,使用 MATLAB R2024a 环境进行。主要数据和源代码已在 GitHub 仓库公开:<https://github.com/yuzhounh/PD-regression-82subs>。

1.3 算法流程

输入: 人口统计学特征、临床特征、ReHo MDS-UPDRS 总评分。

输出: RMSE、R-squared。

1. 利用 Schaefer 模板提取的 ReHo 特征。

2. 将输入特征融合。

3. 留一验证法:

a) 划分训练样本和测试样本;

b) 对训练样本进行标准化,并用同样参数对测试集进行标准化;

c) 定义线性 SVR 模型,指定参数 C 和 $Epsi$

lon 的搜索范围;

d) 执行贝叶斯优化;

e) 使用最佳参数训练模型,并对测试样本进行测试。

4. 评估最终模型,计算 RMSE 和 R-squared。

2 实验结果

2.1 预测模型的性能

在综合考虑人口统计学特征、临床特征和 ReHo 特征的基础上,运用 SVR 算法预测 MDS-UPDRS 总评分。经过贝叶斯优化,获得的最优参数组合为 $C=0.181\ 6$, $Epsilon=0.002\ 3$ 。使用这组参数得到均方根误差 (RMSE) 为 13.695 4,决定系数 (R-squared) 为 0.396 7,表明该模型能够解释 39.67% 的 MDS-UPDRS 总评分变异。

图 1 为贝叶斯优化过程示意图,该图展示了参数搜索的整体过程。最优参数集中在该图下方的波谷位置。在最优解附近,模型对 C 值的敏感程度高于对 $Epsilon$ 值的敏感程度。也就是说,固定 C 为最优参数,微调 $Epsilon$,模型预测性能不会发生太大改变。相反,如果固定 $Epsilon$,微调 C ,模型的预测性能就会大幅降低。

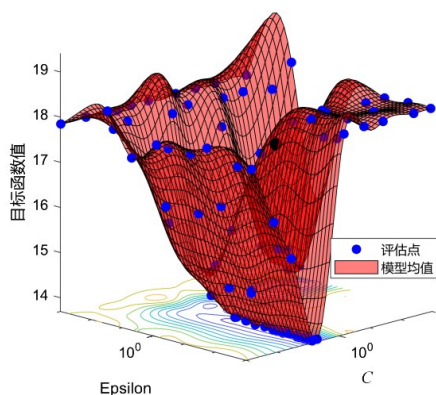


图 1 贝叶斯优化过程示意图

Fig. 1 Illustration of the Bayesian optimization process

图 2 为 82 个受试者的 MDS-UPDRS 总评分真实值和预测值的分布散点图。图 2 中的红色直线为线性拟合直线,直观反映了预测值与实际值的相关程度。该模型能够解释约 39.67% 的 MDS-UPDRS 总评分变异,具有较好的解释力。

表 1 对比了 NGUYEN 等^[14]、GERMANI 等^[15]和本研究使用的预测模型和实验结果。这些对比

结果均基于 ReHo 特征和 Schaefer 模板计算得出,从而确保了比较的一致性和可靠性。本研究得到的 RMSE 略低于 NGUYEN 等^[14]的结果,同时本研究得到了最高的 R-squared 值。这些结果表明,相对于另外两个研究^[14-15]中的模型,本研究所提出的模型具有较好的预测能力和更强的解释力。

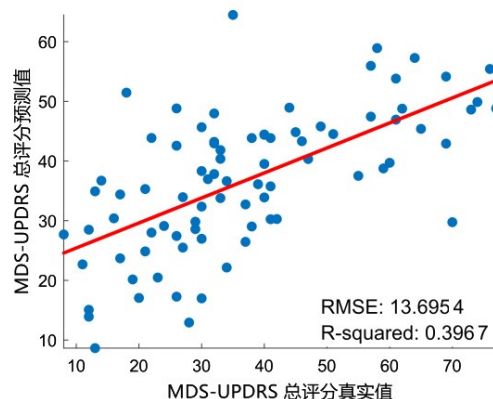


图 2 MDS-UPDRS 总评分真实值和预测值的分布散点图

Fig. 2 Scatter plot of the distribution of actual and predicted MDS-UPDRS total scores

表 1 对比不同研究的模型和实验结果

Tab. 1 Comparison of models and experimental results from different studies

方法	预测模型	超参数调优	RMSE	R^2
Nguyen 等 ^[14]	Gradient Boosting	随机搜索	13.42	0.304
Germani 等 ^[15]	ElasticNet	随机搜索	14.98	0.124
本研究	SVR	贝叶斯优化	13.69	0.397

2.2 学习到的预测特征

NGUYEN 等^[14]使用梯度提升 (Gradient Boosting) 算法进行预测,并使用随机搜索 (Random Search) 方法优化参数。他们依据梯度提升算法训练出的基尼 (Gini) 重要性来评估各个特征的影响力,识别出的前 10 大重要特征为:左侧眶部额上回 2 区、右侧后扣带回、诊断后时间、右侧额中回、右侧罗兰多周围区、右侧楔前叶 2 区、症状持续时间、右侧中扣带回 2 区、左侧楔前叶 2 区和左侧颞叶。这些特征主要涉及大脑的特定区域,尤其是额叶、顶叶和枕叶的部分以及反映疾病进程的时间因素。

GERMANI 等^[15]使用弹性网络 (ElasticNet) 算法进行预测,结合随机搜索优化参数。他们依据弹性网络算法训练出的权重的绝对值大小,识别出的前 9 大重要特征为:年龄、左侧舌回、左侧楔前

叶、小脑 20 区、纹状体 3 区、右侧额下回三角部、基线 MoCA 评分、左侧扣带回中部和右侧顶上回。这些特征涵盖了年龄、认知评估指标以及大脑的多个关键区域。

本研究使用 SVR 算法进行预测,并通过贝叶斯优化方法优化参数。依据 SVR 算法训练出的权重的绝对值大小,识别出的前 10 大重要特征为:HY 分期、诊断后时间、左小脑 8 区、左侧壳核 2 区、左侧颞上回 2 区、右侧壳核、左侧小脑脚 2 区、右侧壳核 1 区、右侧额上回 2 区和右侧尾状核 2 区。上述脑区分均基于 Schaefer 模板。

图 3 给出了权重绝对值最大的 3 个脑区,从上往下依次是左小脑 8 区、左侧壳核 2 区和左侧颞上回 2 区,对应权重分别为 $-2.010\ 5$ 、 $1.733\ 2$ 和 $-1.690\ 0$ 。负权重值在图中显示为蓝色,正权重值在图中显示为红色。本研究识别出的特征主要涉及帕金森病的临床评估量表以及大脑的特定区域,尤其突出了基底神经节和小脑在疾病进程中的重要性。

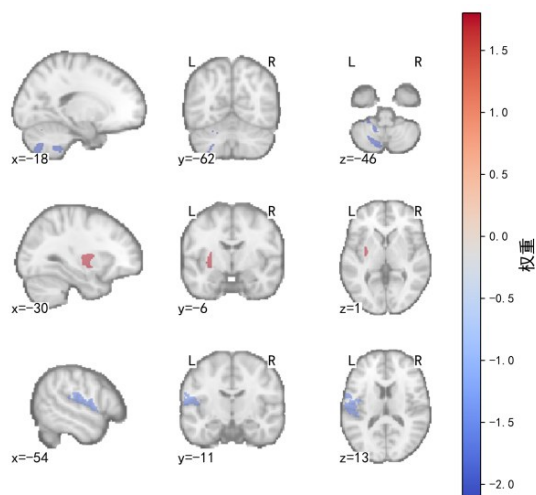


图 3 SVR 权重绝对值最大的 3 个脑区的三视图
Fig. 3 Tri-view of three brain regions with the largest absolute SVR weights

NGUYEN 等^[14]的研究结果主要聚焦于大脑皮层区域和疾病时间进程。相比之下,GERMANI 等^[15]的发现更为广泛,不仅涵盖了多个大脑区域,还强调了年龄和认知功能(如 MoCA 评分)在预测中的关键作用。本研究则突出了临床评估指标(如 HY 分期)的重要性,同时特别强调了基底神经节(包括壳核、尾状核)和小脑在帕金森病进展中的重要地位。

尽管这些研究在方法论和具体结果上存在差异,但它们都一致指出了特定大脑区域在帕金森病病理过程中的重要性。结果的差异可能源于不同的机器学习算法和特征选择策略,这反映了帕金森病的多维复杂性,表明各种预测模型可能捕捉到了疾病的不同侧面。

综合以上研究结果可以获得对帕金森病神经生物学基础和疾病进展预测因素更全面、深入的理解。这种多角度的分析方法不仅有助于揭示帕金森病的复杂机制,还为未来的临床诊断、预后评估和个性化治疗策略提供了宝贵的理论基础。

3 结束语

主要探讨了使用支持向量回归模型预测帕金森病严重程度的方法,研究了基于公开数据集并整合了人口统计学特征、临床特征和功能磁共振成像的局部一致性特征。通过贝叶斯优化调参,模型在预测 MDS-UPDRS 总评分方面取得了较好的效果,优于先前研究。特征重要性分析突出了 HY 分期、诊断后时间等临床指标,以及小脑和基底神经节等脑区的重要性。这项研究不仅提高了帕金森病严重程度预测的准确性,还为深入理解疾病机制和制定个性化治疗策略提供了新的视角。

未来研究可从以下几个方面进行深化和拓展:(1)扩大数据集规模,提高模型的泛化能力和稳定性。大规模、多中心的数据收集将有助于克服当前样本量限制,增强结果的可靠性和普适性。(2)扩展影像学特征的范围,如纳入扩散张量成像(Diffusion Tensor Imaging, DTI)或静息态功能连接等先进技术,以揭示疾病进展的新维度。(3)探索不同的大脑模板,可能为疾病机制的理解带来新的视角。(4)在算法层面,可尝试能够表征大脑空间结构和特征稀疏性的新型算法^[20],或应用集成学习、深度学习等先进技术,以捕捉更为复杂的特征关系。(5)研究高效的超参数优化方法,如进化算法或强化学习,以进一步提升模型性能。

此外,加强跨学科合作,尤其是与临床医学领域的紧密结合,将有助于研究成果向临床实践的转化。通过这些努力,预计帕金森病预测研究将向更精确、全面的方向发展,为临床决策提供更可靠的支持,最终改善患者的诊疗效果和生活质量。

参考文献:

- [1] DORSEY E R, SHERER T, OKUN M S, et al. The emerging evidence of the Parkinson pandemic[J]. Journal of Parkinson's Disease, 2018, 8(S1): S3-S8.
- [2] TANNER C M, KAMEL F, ROSS G W, et al. Rotenone, paraquat, and Parkinson's disease[J]. Environmental Health Perspectives, 2011, 119(6): 866-872.
- [3] DORSEY E R, BLOEM B R. The Parkinson pandemic-a call to action[J]. JAMA Neurology, 2018, 75(1): 9-10.
- [4] 王坚, 郭剑军, 常颖, 等. 中国帕金森疾病蓝皮书[J]. 中国临床神经科学, 2024, 32(S1): 1-41.
WANG Jian, WU Jianjun, CHANG Ying, et al. The bluebook for Parkinsonian disorders in China[J]. Chinese Journal of Clinical Neurosciences, 2024, 32(S1): 1-41.
- [5] ZHANG Zhenxin, ROMAN G C, HONG Zhen, et al. Parkinson's disease in China: Prevalence in Beijing, Xi'an, and Shanghai[J]. The Lancet, 2005, 365(9459): 595-597.
- [6] LI Gen, MA Jianfang, CUI Shishuang, et al. Parkinson's disease in China: A forty-year growing track of bedside work[J]. Translational Neurodegeneration, 2019, 8: 22.
- [7] AYAZ Z, NAZ S, KHAN N H, et al. Automated methods for diagnosis of Parkinson's disease and predicting severity level[J]. Neural Computing and Applications, 2023, 35(20): 14499-14534.
- [8] ENDO M, POSTON K L, SULLIVAN E V, et al. GaitForeMer: Self-supervised pre-training of transformers via human motion forecasting for few-shot gait impairment severity estimation [C]//Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention-MICCAI 2022, Singapore, 2022: 130-139.
- [9] ÖZSEVEN T, POLAT G. A survey of machine learning methods for diagnosing Parkinson's disease with handwriting [C]//2023 7th International Symposium on Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies (ISMSIT), Ankara, 2023: 1-9.
- [10] ALI L, HE Zhiquan, CAO Wenming, et al. MMDD-ensemble: A multimodal data-driven ensemble approach for Parkinson's disease detection[J]. Frontiers in Neuroscience, 2021, 15: 754058.
- [11] YANG Yuzhe, YUAN Yuan, ZHANG Guo, et al. Artificial intelligence-enabled detection and assessment of Parkinson's disease using nocturnal breathing signals[J]. Nature Medicine, 2022, 28(10): 2207-2215.
- [12] DONG Chenhui, CHEN Ying, HUAN Zhan, et al. An "optical flow" method based on pressure sensors data for quantification of Parkinson's disease characteristics[J]. Biomedical Signal Processing and Control, 2023, 81: 104377.
- [13] ZHANG Ruilin, JIA Jian, ZHANG Rui. EEG analysis of Parkinson's disease using time-frequency analysis and deep learning[J]. Biomedical Signal Processing and Control, 2022, 78: 103883.
- [14] NGUYEN K P, RAVAL V, TREACHER A, et al. Predicting Parkinson's disease trajectory using clinical and neuroimaging baseline measures[J]. Parkinsonism & Related Disorders, 2021, 85: 44-51.
- [15] GERMANIE, BAGHWATN, DUGRÉM, et al. Predicting Parkinson's disease trajectory using clinical and functional MRI features: A reproduction and replication study[EB/OL]. (2024-05-24) [2024-07-23]. <https://arxiv.org/abs/2403.15405>.
- [16] GOETZ C G, TILLEY B C, SHAFTMAN S R, et al. Movement disorder society-sponsored revision of the unified Parkinson's disease rating scale (MDS-UPDRS): Scale presentation and clinimetric testing results[J]. Movement Disorders, 2008, 23(15): 2129-2170.
- [17] Parkinson Progression Marker Initiative. The Parkinson progression marker initiative (PPMI) [J]. Progress in Neurobiology, 2011, 95(4): 629-635.
- [18] SMOLA A J, SCHÖLKOPF B. A tutorial on support vector regression[J]. Statistics and Computing, 2004, 14(3): 199-222.
- [19] PELIKAN M, GOLDBERG D E, TSUTSUI S. Hierarchical Bayesian optimization algorithm: Toward a new generation of evolutionary algorithms [C]//SICE 2003 Annual Conference (IEEE Cat. No. 03TH8734), Fukui, 2003: 2738-2743.
- [20] 王敬, 张宝, 谢晓, 等. 基于广义稀疏逻辑回归的全脑分类[J]. 信阳师范学院学报(自然科学版), 2022, 35(3): 488-493.
WANG Jing, ZHANG Bao, XIE Xiao, et al. Whole-brain classification based on generalized sparse logistic regression [J]. Journal of Xinyang Normal University (Natural Science Edition), 2022, 35(3): 488-493.

责任编辑: 郭红建