

共形预测框架下的预测区间估计方法及乳腺癌应用研究

夏露竹, 曾文君, 曹雅琦 *

中央民族大学 理学院, 北京 100081

DOI:10.61369/ASDS.12184

摘 要 : 共形预测是一类具有有限样本保证的统计方法, 能够在无需依赖模型分布假设的前提下实现有效的不确定性量化。本文系统研究了完全共形预测的基本原理与算法框架, 并重点分析了几种典型变体, 包括分裂共形预测、交叉共形预测和 Jackknife 方法, 探讨其在提升预测效率和覆盖精度方面的优势。通过对回归问题的数值模拟与波士顿房价数据的实证分析, 比较各方法在预测区间宽度、覆盖率和计算效率上的表现。进一步将共形预测方法应用于乳腺癌风险预测中, 结合主成分分析与核密度估计分类器, 实现了预测区域的动态更新。结果表明, 共形预测能够有效表征分类模型的不确定性, 尤其在处理复杂数据时展现出良好的稳定性与适应性。

关 键 词 : 共形预测; 不确定性量化; 风险预测; 核密度估计分类器; 预测区间

Prediction Interval Estimation under the Conformal Prediction Framework, with the Application to Breast Cancer Risk Assessment

Xia Luzhu, Zeng Wenjun, Cao Yaqi*

College of Science, Minzu University of China, Beijing 100081

Abstract: Conformal prediction is a class of statistical methods that provide uncertainty quantification with finite-sample guarantees without relying on distributional assumptions. This paper introduces the theoretical foundation and algorithmic framework of full conformal prediction and further explores several representative variants, including split conformal prediction, cross-conformal prediction, and the Jackknife method, highlighting their advantages in improving prediction efficiency and coverage accuracy. Through numerical simulations and empirical analysis using the Boston Housing dataset, we compare the performance of these methods in terms of interval width, coverage probability, and computational cost. In addition, we apply conformal prediction to breast cancer risk assessment using the Wisconsin Breast Cancer dataset. By integrating principal component analysis (PCA) for dimensionality reduction and a kernel density estimation classifier, we implement dynamic updates of prediction regions. The results demonstrate that conformal prediction effectively captures the uncertainty of classification models and provides reliable predictions, especially when handling complex datasets.

Keywords: conformal prediction; uncertainty quantification; risk prediction; kernel density estimation classifier; prediction interval

引言

共形预测 (Conformal Prediction) 方法由 Vovk 等人^[1]提出, 是一种无需依赖模型结构或分布假设即可构建预测区间的方法, 近年来在统计学与机器学习领域获得广泛关注。该方法在有限样本条件下提供具有边际覆盖率保证的预测区间, 尤其适用于非线性、高维或异质性数据情境, 能够有效应对传统方法在模型依赖性与分布假设方面的局限。共形预测框架下的代表性方法包括完全共形预测^[2]、分裂共形预测^[3]、交叉共形预测^[4]与 Jackknife 方法^[5], 均在提升计算效率、缩短区间长度与增强适用性方面提出了不同策略。尽管这些方法在回归与分类任务中取得了良好表现, 但在覆盖性质 (如条件覆盖率)、模型稳定性及计算复杂性等方面仍存在进一步研究空间。

在理论层面, Vovk 等^[6]提出了归纳共形预测的条件有效性准则, Lei 等^[7]通过引入交叉验证与双重稳健估计提升了方法在非独立同分布数据下的覆盖可靠性。Tibshirani 等^[8]则针对协变量偏移提出了重加权机制, Barber 等^[9]提出的 Jackknife+ 方法进一步扩展了适用

基金信息: 国家自然科学基金青年项目 (No.12301369)。

作者简介:

夏露竹 (2004-), 女, 汉族, 辽宁沈阳人, 学士, 专业方向为应用统计;

曾文君 (2003-), 男, 汉族, 陕西安康人, 学士, 专业方向为应用统计;

通讯作者: 曹雅琦 (1995-), 女, 汉族, 河南新乡人, 中央民族大学理学院讲师, 博士, 研究方向为缺失数据分析及风险预测, 邮箱 yaqicao@muc.edu.cn。

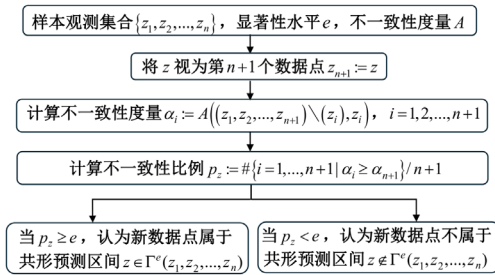
范围。Guan^[10]、Linusson^[11]等人亦在局部适应性与聚合预测器校准方面进行了深入探索。

在应用层面，共形预测已被广泛用于生物医学、图像识别、因果推断及司法风险评估等领域。Nicora等^[12]验证了其在医疗决策中的可靠性，Yin等^[13]将其与敏感性分析结合用于个体化治疗推断，Angelopoulos等^[14]则提出分层校准策略以增强神经网络的不确定性刻画。Candès等^[15]在生存分析中提出了处理删失数据的动态区间方法，Kuchibhotla等^[16]则通过嵌套共形集提升了结构化数据预测的可信度。

一、共形预测方法理论基础

共形预测（Conformal Prediction）通过量化新样本与已观测样本之间的不一致性程度，构建在给定显著性水平下的预测区间或预测集合，以判定新样本是否落入具有预设置信度的风险区域。作为一种无需依赖具体分布形式的非参数方法，该方法的核心理论依据是随机变量的可交换性假设，相较于独立同分布的假设相比更弱。设样本集合为 $B = \{z_1, z_2, \dots, z_n\}$ ，定义实值映射函数 $A(B, z)$ 为不一致度量，用于量化待测样本 z 与样本组成的集合 B 中数据分布的统计偏离程度。实际应用中可以使用两样本之间的距离度量 $A(B, z) := d(\hat{z}(B), z)$ ，比如可以选取 B 中元素的平均值或中位数作为 $\hat{z}(B)$ 。进一步生成共形平复，构造一定预测准确度保证下的预测集合。

基于以上定义与假设框架，图1以单变量预测（仅依据已知数据取值预测新数据）与回归预测（依据已知数据取值和新数据特征预测新数据）为典型场景，系统阐述共形预测方法的实施流程。



> 图1 单变量预测的完全共形预测过程示意图

（一）完全共形预测

单变量完全共形预测仅依据已知数据取值预测新数据，已知样本空间 $\mathcal{Z}$ 内包含 n 个既有样本数据点 $z_1, z_2, \dots, z_n$ 以及一个新观测值 z ，在显著性水平 e 的约束条件下，选择特定不一致度量 A 作为评估准则，假设所有数据满足可交换性，将新数据点 z 临时添加到样本集中，设置 $z_{n+1} := z$ ，视为第 $n+1$ 个数据点；对于每个数据点 $i \in \{1, 2, \dots, n+1\}$ ，计算将其从扩展样本集 $(z_1, z_2, \dots, z_{n+1})$ 中移除后剩余数据集与该数据点之间的不一致性，评估每个数据点相对于其他数据点的异常程度；计算在原有数据点的不一致性值 $\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_n$ 中， α_{n+1} 的相对位置，计算非一致性比例 p_z ；如果非一致性比例 p_z 大于或等于显著性水平 e ，则认为新数据点 z 属于预测区域 $\Gamma^e(z_1, z_2, \dots, z_n)$ 。

多变量完全共形预测依据已知数据取值和新数据特征预测新数据，样本空间 $\mathcal{Z}$ 可表示为 $\mathcal{Z} = X \times Y$ ，其中 X 为特征空间， Y 为标签空间，样本 $z_i = (x_i, y_i)$ 。已知 $z_1, z_2, \dots, z_n, x_{n+1}$ ，与单变量模型的解

释类似，最终得到预测区域为 $\Gamma^e = \{y : p_y > e, y \in Y\}$ 。

前文详细讨论了共形预测的最初形式——完全共形预测方法，其核心原理与算法实现。经过二十多年的发展，完全共形预测已衍生出多个重要变体，极大地扩展了其应用领域与实用性。特别是分裂共形预测，由于其计算效率高、实现简单，成为最为广泛应用的变体之一。此外，交叉共形预测和 Jackknife 方法等也在特定场景下展示了显著优势。

（二）分裂共形预测

给定数据 $(x_1, y_1), (x_2, y_2), \dots, (x_n, y_n)$ ，令 $z_i = (x_i, y_i)$ ， $i = 1, 2, \dots, n$ ，将其划分为训练集 $\mathcal{Z}_1, \dots, \mathcal{Z}_m$ 和验证集 $\mathcal{Z}_{m+1}, \dots, \mathcal{Z}_n$ ，其中 $m < n$ ；使用训练集 $\mathcal{Z}_1, \dots, \mathcal{Z}_m$ 和选定的机器学习方法（如决策树、SVM、神经网络等）训练模型，生成预测规则作为预测器；将验证集中样本 $\mathcal{Z}_{m+1}, \dots, \mathcal{Z}_n$ 逐个代入训练好的模型，计算其不一致分数 R_j ：

$$R_j := A_{m+1}(((x_1, y_1), \dots, (x_m, y_m)), (x_j, y_j)), j = m+1, \dots, n-1.$$

对新数据 x_{n+1} 及其所有可能的预测值 y 构成的 (x_{n+1}, y) ，计算不一致分数 R_{n+1} ：

$$R_{n+1} := A_{m+1}(((x_1, y_1), \dots, (x_m, y_m)), (x_{n+1}, y)).$$

比较新数据的不一致分数 R_{n+1} 与验证集中所有样本的不一致分数 R_j ，计算 p_z 值：

$$p_z := \frac{|\{j = m+1, \dots, n+1 : R_j \geq R_{n+1}\}|}{n-m+1},$$

p_z 表示新数据 $z_{n+1} = (x_{n+1}, y)$ 与原数据集一致的概率；根据给定的显著性水平 e ，如果 $p_z > e$ ，则接受 z_{n+1} 为原数据集中同一分布的样本，预测区域 $\Gamma^e = \{z : p_z > e, z \in \mathcal{Z}\}$ 。

由此可见，分裂共形预测器在运算速度上具有显著优势，能够处理大规模数据集，并在保证预测精度的前提下，减少计算复杂度。然而，分裂共形预测并未充分利用所有样本进行训练、在计算 p_z 时舍弃了部分训练集数据，其在统计意义上的效率并不高。为此，Vovk^[17]在2015年进一步提出了交叉共形预测器。

（三）交叉共形预测

对数据集采用 K 折交叉验证法均分为 K 个子集，在每次验证中选择第 k 个子集作为验证集，其余 $K-1$ 个子集合并为训练集，重复分裂共形预测中的步骤，分别计算得到 K 组 R_k 、 p_k ；取 p_k 平均值或加权平均值作为最终的 p_{z0} ，若 p_{z0} 大于已给定的显著性水平 e ，则说明 z_{n+1} 可以被接纳为原样本包中同一分布的数据，预测区域 $\Gamma^e = \{z : p_{z0} > e, z \in \mathcal{Z}\}$ 。

交叉共形预测的主要优点在于它结合了交叉验证的思想，充分利用数据集中的所有样本，提高了模型的稳定性和预测准确性。此外，交叉共形预测在处理不同数据分布和复杂模型时，能够提供更稳健的预测性能，使得预测区域更加精确和可靠。

(四) Jackknife共形预测

Jackknife预测算法在提高样本数据利用效率的同时避免使用完全共形预测,采用留一法对分裂共形预测器或交叉共形预测器进行拓展。在包含 n 个样本的数据集 D 中,每次将第 i 个样本作为校准,剩余 $n-1$ 个样本作为训练集用于训练预测模型,并计算每次迭代中模型输出的不一致分数 R_i 即对应的 p_i 。与交叉共形预测器类似,采用 p_i 的算术平均或加权平均值作为全局 $\bar{p}$,若 $\bar{p}$ 超越给定显著性水平 e 时,可推断新观测数据 z_{n+1} 与原始数据集 D 服从同一概率分布,进而生成满足 $1-e$ 置信水平的预测区域 $\Gamma^e = \{z: \bar{p} > e, z \in Z\}$ 。由于其独特的数据集分割方式,Jackknife共形预测的计算复杂度介于完全共形预测和分裂共形预测之间。

此外,研究者们还结合双向重采样机制和对称误差约束准则,创造了 Jackknife+ 共形预测算法。与 Jackknife 预测类似,该方法通过依次剔除每个样本训练得到 n 个留一模型,生成新样本对应的预测值集合,并基于留一模型在训练集上的残差分布,将预测结果的上下界分别扩展一个调整量,从而生成自适应的预测区间,实现了对预测区域的动态调整。这一改进使得预测区间能够更灵活地适应数据的局部特征,同时通过双重校准机制强化了覆盖率的理论保证。然而,该方法需存储所有留一模型的预测结果并执行额外的计算步骤,因此在计算和存储资源的成本方面显著高于其他方法。



图2 共形预测方法流程图 (a)多变量完全共形预测、(b)分裂共形预测、(c)交叉共形预测、(d)Jackknife共形预测过程示意图

图2展示了上述四类共形预测变体的核心流程,其中(a)多变量完全共形预测通过临时添加新观测 x_{n+1} 到样本集,全局计算所有数据点的不一致性度量;(b)分裂共形预测将数据划分为训练集和验证集,利用训练模型计算新数据与验证集不一致分数的分位数;(c)交叉共形预测基于 K 折交叉验证,聚合多轮子集验证结果;(d) Jackknife共形预测采用留一法循环训练模型并校准不一致分数。各方法均通过不一致性度量 and 统计阈值构建预测区域,差异主要体现在数据划分策略及计算与效率的权衡上。

二、数值模拟与对比分析

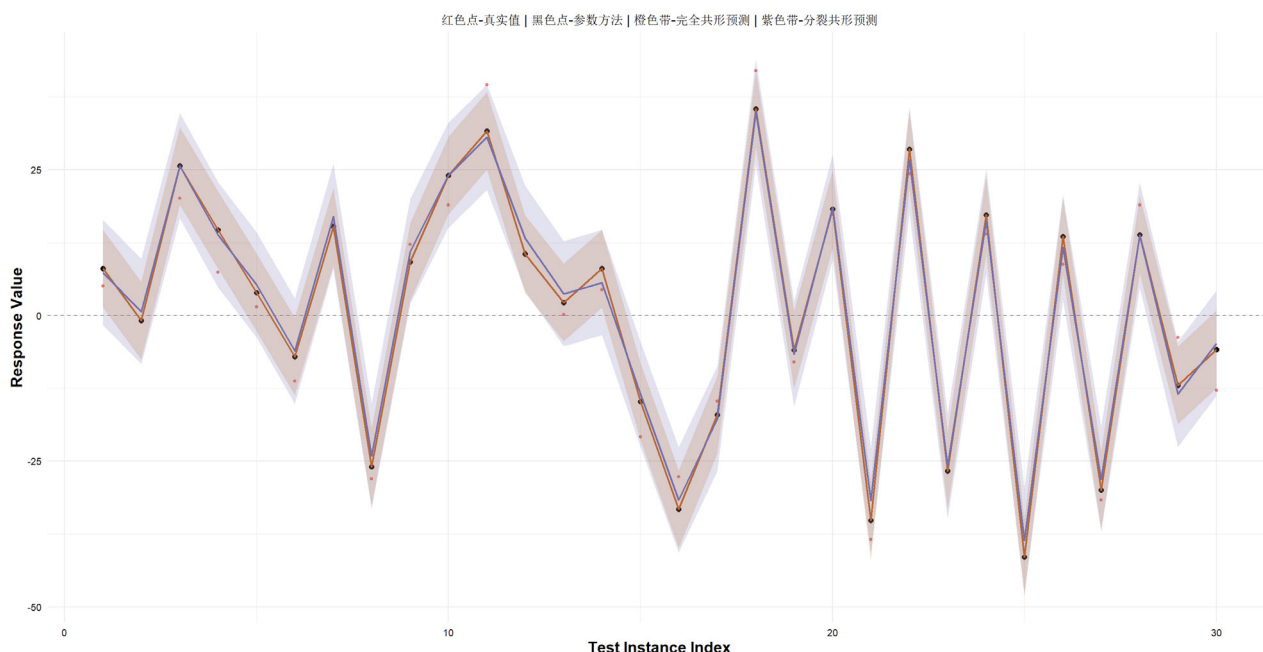
首先利用回归模型探究完全共形预测和分裂共形预测的预测

差异。为了能更真实的反应复杂系统中的变量关系,本文引入非线性关系和异方差性,随机生成一个包含100个样本的训练集和一个包含30个样本的测试集。

其中,响应变量 Y 由线性组合、非线性项和异方差性误差项组成:

$$Y = \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + 0.5 X_1^2 + \varepsilon,$$

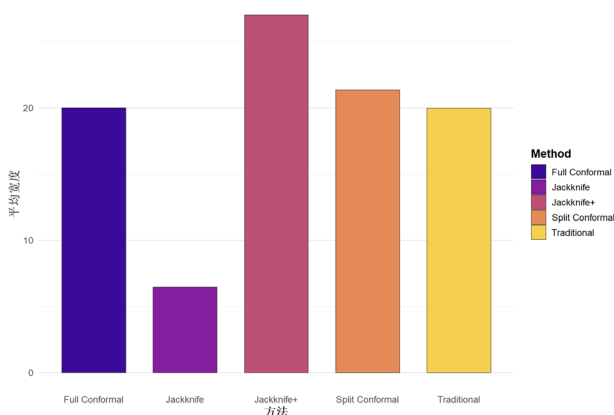
特征 X_1 和 X_2 从区间 $[-5, 5]$ 上的均匀分布生成。参数 β 从均值为0、标准差为2的正态分布中随机产生, $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$, $\sigma = \exp(0.1 X_2)$ 。用训练集拟合线性回归模型,并计算测试集样本在95%置信度下的预测区间作为参考基准。同时,使用完全共形预测和分裂共形预测算法计算95%置信度下的预测区间。



> 图3 参数回归中完全共形和分裂共形预测的95%预测区间

由图3可见，参数回归预测区间（黑点）在相同置信度下波动性最小，完全共形预测（橙带）在部分点上接近参数回归，表现出较高准确性。分裂共形预测（紫带）区间更宽，符合其通过牺牲部分训练数据换取计算效率的特性。具体而言，参数回归依赖数据分布信息，提供最精确区间；完全共形不依赖分布假设，使用全数据生成区间，部分情况下接近回归模型；分裂共形虽区间较宽，但仍能保持可靠性。

接下来，利用波士顿房价数据集探讨五种方法的预测差异。数据集依据60%、20%、20%的比例分为训练集、校准集和测试集，并使用线性回归模型进行训练，比较传统回归、完全共形预测、分裂共形预测、Jackknife和Jackknife+的预测区间宽度、覆盖率和计算时间。波士顿房价数据集是机器学习领域中一个经典的回归问题数据集，它包含了波士顿地区房屋的相关信息，旨在通过一系列特征来预测房屋的平均价格。



> 图4 五种算法的预测区间平均宽度对比

图4展示了五种算法的预测区间宽度对比。Jackknife+生成最宽的预测区间，Jackknife最窄，完全共形预测和分裂共形预测居中，传统回归方法虽然宽度相当，但依赖于模型假设。在覆盖率方面，所有方法接近1.0，说明它们能有效覆盖真实

值。计算效率方面，传统回归和分裂共形预测的计算成本最低，完全共形预测、Jackknife和Jackknife+计算复杂度较高，尤其是Jackknife+，由于多次重训练和校准，计算时间显著增加。综合来看，对于小规模数据集，建议使用完全共形预测或Jackknife+；对于中等规模数据集，分裂共形预测和Jackknife是较好的选择；对于大规模数据集，则推荐使用分裂共形预测或传统回归方法。

三、实证分析：在乳腺癌风险预测中的应用

威斯康星州乳腺癌数据集包含699例样本，其中458例为良性，241例为恶性。针对数据中16个缺失样本，采用删除策略，最终保留683个完整数据进行模型训练。数据集包含9个标准化的病理特征：肿块厚度、细胞大小均匀性、细胞形态均匀性、边缘粘连、单上皮细胞大小、裸核、乏味染色体、正常核和有丝分裂。诊断结果二元分类，B表示良性，M表示恶性。本研究基于683个有效样本构建分类模型，并进行主成分分析 (PCA) 降维，减少数据维度以便可视化及提取关键特征。PCA的KMO检验结果为0.935，表明数据满足共线性假设。通过PCA将原9个特征降至2维空间，保留了大部分信息。

（一）完全共形预测

使用核密度估计分类器构建完全共形预测动态分类器。在训练过程中，通过更新核密度估计及计算样本不一致性得分，动态调整分类模型的预测区间。构建基于核密度估计的分类模型，定义类别标签集 $k \in \{0, 1\}$ ，其中0表示良性类别，1表示恶性类别，类别k的核密度估计函数表达式为 $\hat{f}_k(X) = \frac{1}{n_k \times h^d} \sum_{i: y_i=k} K\left(\frac{X - X_i}{h}\right)$ ，其中 n_k 为类别k的样本数。对于新样本X，通过贝叶斯定理计算其属于类别k的后验概率 $\hat{P}^{(s)}(Y=k|X) = \frac{\hat{f}_k(X)}{\sum \hat{f}_k(X)}$ 。

在核密度估计分类器的基础上构建完全共形预测动态分类器。对于新样本及其候选标签 $y \in \{0, 1\}$ ，通过注入假设标签生成扩展数据集 $D^{(y)} = \{(X_1, y_1), \dots, (X_n, y_n), (X_{n+1}, y)\}$ 并动态更新核密度估计，若新样本标签为 $y=0$ 时，更新良性类的核密度估计：

$$\hat{f}_0^{(y=0)}(X) = \frac{1}{(n_0+1) \cdot h} \left[\sum_{i=1}^n K\left(\frac{X-X_i}{h}\right) + K\left(\frac{X-X_{n+1}}{h}\right) \right]$$

此时，恶性类的核密度估计 $\hat{f}_1^{(y=0)}(X)$ 保持不变。

若新样本特征与假设标签的类别一致，不一致得分 $R_{n+1}^{(y)} = 1 - \hat{P}^{(y)}(Y = y_{n+1} | X = X_{n+1})$ 趋近于0，对应共形预测的 p 值 $\pi_{n+1}(y) = \frac{1}{n+1} \sum_{i=1}^{n+1} \mathbf{1}(R_i^{(y)} \leq R_{n+1}^{(y)})$ 显著高于 $\alpha = 0.1$ ；当假设标签与样本特

征存在分布冲突时，不一致得分趋近于1，此时 p 值低于 0.1 而被认为不在预测集 $C(X_{n+1}) = \left\{ y \in D : \pi_{n+1}(y) \leq \frac{[(n+1)(1-\alpha)]}{n+1} \right\}$ 中，计算可得完全共形预测的经验覆盖率为 94%。

散点图展示了良性（红点）与恶性（蓝三角）样本在 PCA 特征空间的分布，填色区域对应 90% 置信水平下的预测结果：单一分类区域可明确归类，多分类区域反映决策模糊，灰色空区表示无法以 90% 置信度作出可靠预测。

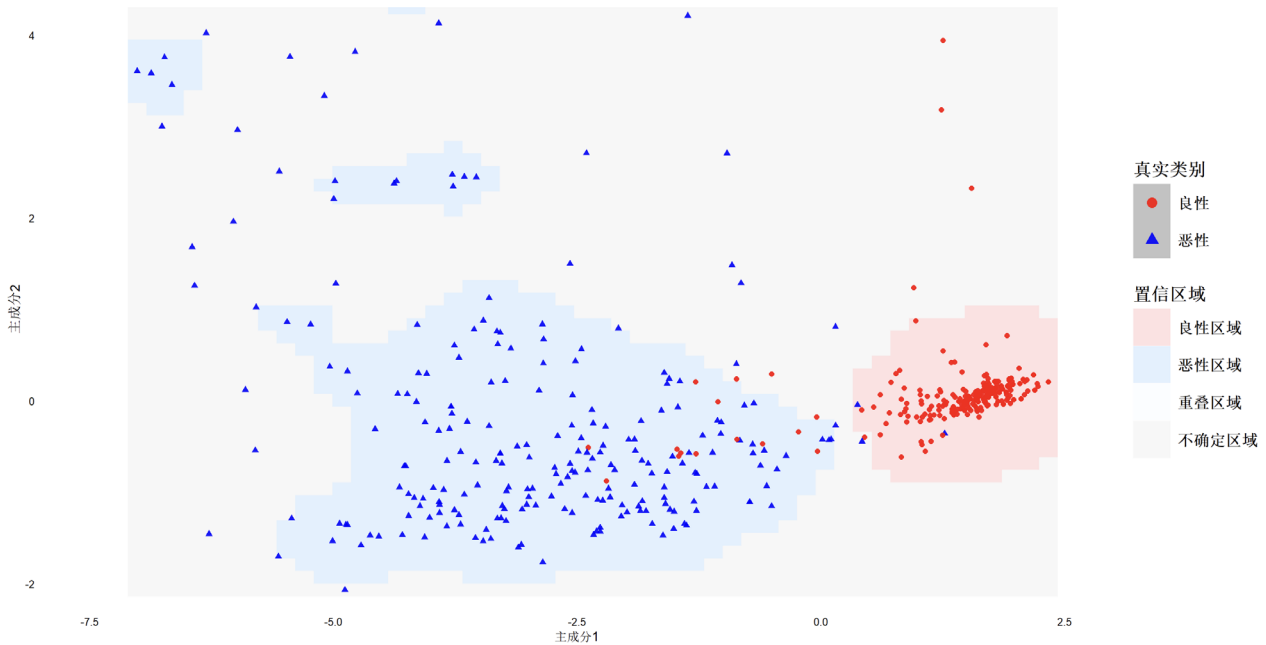


图5 完全共形预测分类及结果

（二）分裂共形预测

随机抽取 100 个良性样本作为独立测试集 D_3 ，剩余 344 个良性样本与全部恶性样本按 6:4 比例划分训练集 D_1 与校准集 D_2 ，该划分满足 $P\{Y_{n+1} \in \hat{C}(X_{n+1})\} \geq 1 - \alpha$ 。其中， D_1 对应样本数 n_1 ， D_2 对应样本数 n_2 ， D_3 对应样本数 n_3 。

设类别标签 $k \in \{0, 1\}$ ，其中 0 为良性，1 为恶性。类别 k 的核密度估计函数为 $\hat{f}_k^*(X; h) = \frac{1}{n_k \times h^2} \sum_{j: y_j = k} K\left(\frac{X - X_j}{h}\right)$ 。定义样本 X_i 基于校准集 D_2 的不一致分数 $R_i = \frac{1}{\hat{f}_{n_i}(X_i; h)}$ ， $i \in n_2$ ，其中 $\hat{f}_{n_i}(X_i; h)$ 为通过交叉验证确定的最优带宽 h 估计的类别条件密度。在校准集上计算经验分位数 $\hat{q}_{n_i} = \inf\left\{q: \frac{1}{n_2} \sum_{i=1}^{n_2} \mathbf{1}(R_i \leq q) \geq 1 - \alpha\right\}$ ，在显著性水平 $\alpha = 0.1$ 下，满足边际覆盖保证：

$$P\{Y_{n+1} \in \hat{C}(X_{n+1}) | (X_i, y_i), i \in D_1\} \in \left[1 - \alpha, 1 - \alpha + \frac{1}{n_2 + 1}\right].$$

对任意新样本 X_{n+1} ，显著性水平 $\alpha = 0.1$ 下的预测集合定义为 $\hat{C}(X_{n+1}) = [\hat{f}_{n_1}(X_{n+1}) - \hat{q}_{n_2}, \hat{f}_{n_1}(X_{n+1}) + \hat{q}_{n_2}]$ ，其 $\hat{q}_{n_2}$ 完全由校准集计算得到，独立于测试集。分裂共形预测与完全共形预测方法结果一致，实验覆盖率为 94%。

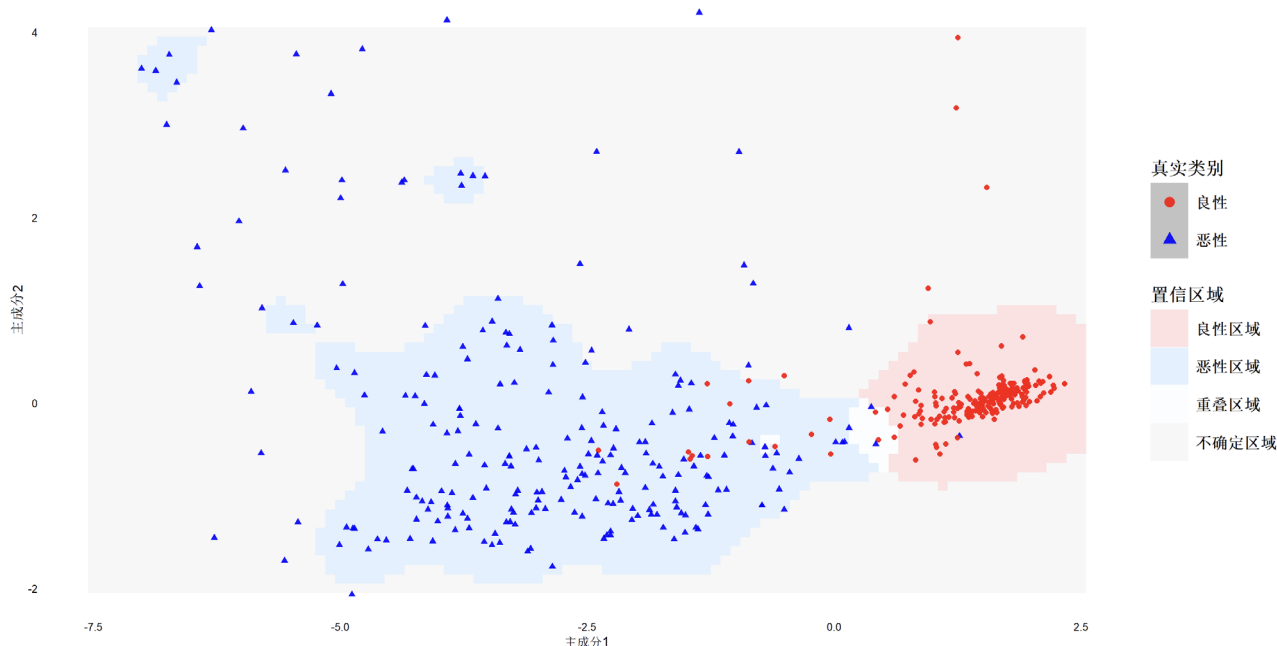
本研究结合共形预测与核密度估计分类器，构建了乳腺癌风险预测的动态不确定性量化模型。实验验证了共形预测方法在给定显著性水平下的统计有效性，且核密度分类器通过动态调整边界，提高了对复杂数据分布的适应能力。完全共形预测能自适应反映新样本影响，但计算量较大；分裂共形预测利用独立校准集降低了计算成本，更适合临床实时应用。

四、总结与讨论

本文系统研究了共形预测方法在回归与分类任务中的理论框架与应用效能。通过数值模拟实验发现，分裂共形预测在计算效率与覆盖率控制方面表现突出，在异方差与非对称误差场景下展现出更强的稳健性；完全共形预测虽能实现理论覆盖率的严格保证，但计算复杂度随样本量呈指数级增长，限制了其在大规模数据集中的应用。基于实验发现，本文提出了数据集规模导向的方法选择策略：小规模数据优先使用完全共形预测或 Jackknife+ 共形预测，中等规模数据推荐分裂共形预测和 Jackknife 共形预测，大规模数据适用分裂共形预测或传统回归方法。在乳腺癌风险预

测的实证分析中，本文构建了融合主成分分析与核密度估计分类器的共形预测框架，成功实现了置信区域的动态更新，经验覆盖

率稳定维持在94%以上，验证了共形预测方法在复杂医学数据中的实用性。



> 图6 分裂共形预测分类及结果

然而，当前研究仍存在一定的局限性。共形预测的理论有效性高度依赖数据可交换性假设，但在实际医学数据中该假设可能因协变量偏移或选择偏倚而失效。此外，共形预测基模型如预测模型、回归模型的性能直接影响不一致性评分，若基模型存在系统性误判，可能导致预测区间产生乐观偏差。

基于现有成果与局限，未来研究可从以下方面展开。为应对医学数据的非可交换性挑战，可融合因果结构方程与分层条件独立检验，构建协变量偏移场景下的稳健共形预测算法。针对基模

型误判效应，可通过双重稳健估计量与影响函数校正机制进行量化分析，建立覆盖概率对误判敏感度的显式泛函表达式。在动态校准机制方面，可引入鞅差序列作为随机过程可交换性的替代评估指标^[18]，结合渐进鞅变换重构动态校准框架，拓展动态共形预测理论边界。此外，还可以探索基于贝叶斯非参核校准的半监督共形方法，将临床先验知识编码为区间约束，实现频率学派覆盖率与医学决策可解释性的统一。

参考文献

- [1]Vovk V, Gammerman A, Shafer G. Algorithmic learning in a random world[M]. New York: Springer, 2005.
- [2]Shafer G, Vovk V. A tutorial on conformal prediction[J]. Journal of Machine Learning Research, 2008, 9(3).
- [3]Vovk V. On-line confidence machines are well-calibrated[C]//The 43rd Annual IEEE Symposium on Foundations of Computer Science, 2002. Proceedings. IEEE, 2002: 187-196.
- [4]Linusson H, Johansson U, Boström H, et al. Efficiency comparison of unstable transductive and inductive conformal classifiers[C]//Artificial Intelligence Applications and Innovations: AIAI 2014 Workshops: CoPA, MHDW, IIVC, and MT4BD, Rhodes, Greece, September 19-21, 2014. Proceedings 10. Springer Berlin Heidelberg, 2014: 261-270.
- [5]Barber R F. Is distribution-free inference possible for binary regression? [J]. 2020.
- [6]Vovk, V. Conditional validity of inductive conformal predictors [C]//Asian Conference on Machine Learning. Proceedings of Machine Learning Research, 2012: 475-490.
- [7]Lei J. Cross-validation with confidence[J]. Journal of the American Statistical Association, 2020, 115(532): 1978-1997.
- [8]Tibshirani R. Conformal prediction: Advanced topics in statistical learning(lecture note)[J]. 2023.
- [9]Barber R F, Candes E J, Ramdas A, et al. Predictive inference with the jackknife+[J]. The Annals of Statistics, 2021, 49(1): 486-507.
- [10]Guan L. Localized conformal prediction: A generalized inference framework for conformal prediction[J]. Biometrika, 2023, 110(1): 33-50.
- [11]Linusson H, Norinder U, Boström H, et al. On the calibration of aggregated conformal predictors[C]//Proceedings of the Sixth Workshop on Conformal and Probabilistic Prediction and Applications. Proceedings of Machine Learning Research, 2017: 154-173.
- [12]Nicora G, Rios M, Abu-Hanna A, et al. Evaluating pointwise reliability of machine learning prediction[J]. Journal of Biomedical Informatics, 2022, 127: 103996.
- [13]Yin M, Shi C, Wang Y, et al. Conformal sensitivity analysis for individual treatment effects[J]. Journal of the American Statistical Association, 2024, 119(545): 122-135.
- [14]Angelopoulos A, Bates S, Malik J, et al. Uncertainty sets for image classifiers using conformal prediction[J]. arXiv preprint arXiv:2009.14193, 2020.
- [15]Candès E, Lei L, Ren Z. Conformalized survival analysis[J]. Journal of the Royal Statistical Society Series B: Statistical Methodology, 2023, 85(1): 24-45.
- [16]Kuchibhotla A K, Berk R A. Nested conformal prediction sets for classification with applications to probation data[J]. The Annals of Applied Statistics, 2023, 17(1): 761-785.
- [17]Vovk V. Cross-conformal predictors[J]. Annals of Mathematics and Artificial Intelligence, 2015, 74: 9-28.
- [18]Gibbs I, Candes E. Adaptive conformal inference under distribution shift[J]. Advances in Neural Information Processing Systems, 2021, 34: 1660-1672.