

## • 头颈部影像学 •

# CT 影像组学在头颈部木村病淋巴结病变与淋巴瘤鉴别中的应用

张力,于淑婧,张迎,马建楠,付兰,姚丽

**【摘要】** 目的:探讨基于增强 CT 影像组学特征鉴别头颈部木村病淋巴结病变和淋巴瘤的可行性,并验证建立的逻辑回归诊断模型。方法:回顾性分析经手术病理或穿刺活检证实的 14 例头颈部木村病(38 枚肿大淋巴结)和 27 例淋巴瘤患者(37 枚肿大淋巴结)的相关资料,所有患者均行头颈部增强 CT 扫描。将病灶所有显示层面的 CT 静脉期图像导入 ITK-SNAP 软件([www.itksnap.org](http://www.itksnap.org)),手动勾画立体感兴趣区(VOI),使用 artificial intelligence kit 软件提取纹理特征。按照 7:3 的比例将数据随机分为训练组与验证组。采用方差分析+秩和检验、一般线性模型和 Lasso 算法进行特征降维,并用最终筛选出的纹理特征构建逻辑回归模型并进行 5 折交叉验证。用验证组数据对模型进行验证,评价指标采用 ROC 曲线下面积(AUC)、敏感性和特异性。结果:从 75 个病灶中共提取 396 个特征,通过降维最终筛选出 5 个可用于鉴别两种病变的组学特征。逻辑回归模型在训练组中鉴别效能的 AUC 为 0.987,特异度为 0.958,敏感度为 0.966;验证组的 AUC 为 0.938,特异度为 0.786,敏感度为 1。结论:影像组学鉴别头颈部木村病淋巴结病变和淋巴瘤具有可行性,基于 CT 影像组学特征建立的逻辑回归模型具有较高的诊断效能。

**【关键词】** 木村病; 淋巴结; 淋巴瘤; 影像组学; 体层摄影术,X 线计算机

**【中图分类号】** R593.9; R551.2; R814.42 **【文献标识码】** A

**【文章编号】** 1000-0313(2020)02-0159-06

DOI:10.13609/j.cnki.1000-0313.2020.02.007      开放科学(资源服务)标识码(OSID):



**Application of CT-based radiomics in differentiation of lymph node involved by Kimura disease from lymphoma in head and neck** ZHANG Li, YU Shu-jing, ZHANG Ying, et al. Department of CT Diagnosis, Cangzhou Central Hospital, Hebei 061001, China

**【Abstract】** **Objective:** To investigate the feasibility to differentiate of lymph node involved by Kimura disease from lymphoma of the head and neck based on radiomic features from contrast enhanced CT image, and to establish the logistic regression diagnosis model. **Methods:** Fourteen patients with head and neck Kimura disease (a total of 38 enlarged lymph nodes) and 27 lymphoma patients (a total of 37 enlarged lymph nodes) confirmed by pathology were enrolled in this study and analyzed retrospectively. After contrast enhanced CT scan, all slices of CT venous images with enlarged lymph nodes were imported into ITK-SNAP ([www.itksnap.org](http://www.itksnap.org)) software with manually delineating of the volume of interest (VOI). The AK software was used to extract radiomic texture features. The data were randomly divided into training and validation group according to the ratio of 7 to 3. The feature reduction was performed by ANOVA, Wilcoxon, General Linear model (GLM), and LASSO algorithm. And then, a logistic regression model was established with the final selected texture features, which was evaluated by performing a 5-folds cross-validation and verified by the validation group data. The evaluation index of the model included the area under the ROC curve (AUC), sensitivity, and specificity. **Results:** A total of 396 radiomics features were extracted from 75 lesions. Finally, five dimensionality features were identified as the factors of distinguishing enlarged lymph node involved by Kimura disease from lymphomas of the head and neck. The AUC, specificity, and sensitivity of the logistic regression model were 0.987, 0.958, and 0.966 in the training group and 0.938, 0.786, and 1 in validation group respectively. **Conclusion:** Radiomics is feasible for differentiation of lymph node in-

volved by Kimura disease from lymphomas in the head and neck, and the logical regression model from CT-based radiomics features has a high diagnostic efficiency.

**【Key words】** Kimura disease; Lymph nodes; Lymphoma; Radiomics; Tomography, X-ray computed

木村病又称嗜酸性淋巴肉芽肿,是一种相对少见的、原因未明的慢性炎症性疾病。1948年日本学者木村(Kimura)对该病进行系统描述,称之为木村病<sup>[1]</sup>。该病主要临床表现为头颈部多发无痛性结节及肿块,常累及大涎腺和周围淋巴结。肿大淋巴结在CT上边界清晰、无明显液化坏死及钙化、且无明显融合趋势,但该病仍难以与其他引起淋巴结肿大的疾病鉴别,易误诊为淋巴瘤等恶性肿瘤,临幊上需结合病史和病理组织学检查来提高诊断准确性<sup>[2,3]</sup>。

近几年来,影像组学作为一项新兴的疾病诊断和辅助检测技术成为临幊医学和生物医学工程领域的研究热点<sup>[4,5]</sup>。影像组学在肿瘤良恶性鉴别、肿瘤分期、分子分型以及基因突变等领域应用广泛<sup>[6,7]</sup>。作为一种医学辅助工具,影像组学分类效果或高于传统的临幊因子和评分系统<sup>[8]</sup>,组学特征与其他传统诊断方法相结合显示出较高的诊断价值<sup>[9]</sup>。本研究基于增强CT扫描图像,探讨影像组学鉴别头颈部木村病淋巴结病变和淋巴瘤的可行性,并对建立的逻辑回归诊断模型进行验证,以期为该病的鉴别诊断提供有效、无创的参考。

## 材料与方法

### 1. 病例资料

回顾性分析河北沧州市中心医院2011年7月—2018年8月经手术病理或穿刺活检证实的头颈部木村病和淋巴瘤患者的CT检查资料。本研究获得河北省沧州市中心医院伦理委员会批准。纳入标准:①均行头颈部增强CT检查;②有多发肿大淋巴结,淋巴结短径均≥1.0 cm,且有组织病理学检查结果;③肿大淋巴结均无明显液化、坏死及钙化,且无明显融合趋势;④病灶边界清晰且无明显伪影干扰。最终纳入研究的头颈部木村病患者14例,淋巴瘤患者27例。14例头颈部木村病患者中,男12例,女2例,年龄26~66岁,平均年龄41.7岁。每例选取2~3枚肿大淋巴结,共38枚淋巴结。淋巴结位于I区8枚,II区10枚,III区1枚,V区2枚,VI区17枚。27例淋巴瘤患者中(霍奇金淋巴瘤7例,非霍奇金淋巴瘤20例),男13例,女14例,年龄17~81岁,平均年龄55.6岁。每例选取1~2枚肿大淋巴结,共37枚淋巴结。淋巴结位于I区6枚,II区7枚,III区11枚,IV区1枚,V区11枚,VI区1枚。淋巴结分组采用新版头颈部肿瘤颈部淋巴

结分区指南<sup>[10]</sup>。

### 2. CT 检查方法

采用美国GE Light Speed 64/16层螺旋CT扫描仪进行横轴面扫描,患者取仰卧位,扫描范围从颅底至胸骨切迹水平。管电压120 kV,自适应管电流。层厚2.5 mm,层间隔2.5 mm,螺距1.375。对比剂为碘海醇(350 mg I/mL,1.5 mL/kg),采用高压注射器经肘静脉以3.5 mL/s流率团注,动脉期及静脉期扫描时间分别为注射后25~30 s和60~70 s。

### 3. 数据收集、特征选择和模型构建

考虑到所有病灶在静脉期显示最清晰,为避免误差,只选择静脉期进行肿大淋巴结勾画。将病灶所有层面的CT静脉期图像导入开源ITK-SNAP软件([www.itksnap.org](http://www.itksnap.org)),采用软组织窗观察图像(窗宽400 HU,窗位35 HU)。淋巴结病变区域由一名具有10年工作经验的影像科主治医生沿病变边缘内侧1~2 mm逐层手动勾画,另一名高年资影像科医师进行核查,出现异议时,两名医师经商讨达成共识。软件将勾画的所有层面ROI自动融合成立体感兴趣区(volume of interest,VOI)(图1、2)。采用GE artificial intelligence kit(AK)软件提取VOI内定量影像特征参数,共获得包括直方图特征、形态学特征和纹理特征在内的396个特征。由于病例数较少,本研究仅探讨病变在纹理特征中的差异,剔除和形态学相关的特征,对387个特征进行数据分析。

首先对提取的特征值进行预处理,用平均值替换异常值和缺失值;然后将数据标准化,以消除量纲的影响;最后按7:3的比例将病变随机分为训练组与验证组。38枚木村病肿大淋巴结中,训练组24枚,验证组14枚;淋巴瘤37枚肿大淋巴结中,训练组29枚,验证组8枚。对训练组和验证组的样本分布进行卡方或Fisher精确检验。采用方差分析+秩和检验、一般线性模型(GLM)和Lasso算法进行特征降维,减少特征冗余,最终从387个特征中筛选出5个影像组学特征,并以此构建逻辑回归模型,采用5折交叉验证方法验证模型精度,避免模型过拟合。对模型拟合优度进行Hosmer-Lemeshow检验。建立ROC曲线、决策曲线和临床影响曲线评价模型鉴别性能。ROC曲线下面积(AUC)、敏感性和特异性越大说明模型越可靠。最后建立模型列线图,实现模型应用。

### 4. 统计学方法

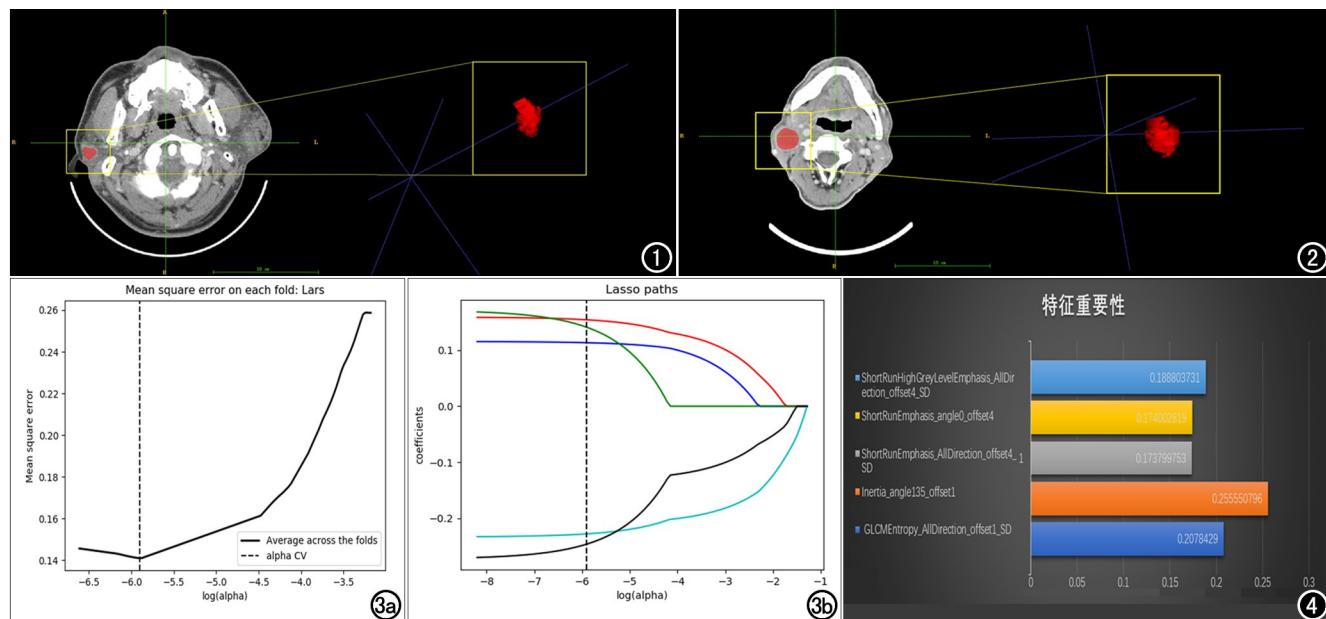


图 1 男,29岁,木村病患者,CT图像病灶最大层面ROI和分割的VOI。图 2 男,57岁,淋巴瘤患者,CT图像病灶最大层面ROI和分割的VOI。图 3 Lasso 模型降维的可视化过程。a) 10 折交叉验证的均方误差图。纵轴代表每折模型的均方误差值,横轴代表每折模型参数  $\alpha$  的对数值。Lasso 模型根据最小的均方误差值确定最优参数  $\alpha$ ,图中垂直虚线所在位置即代表最佳  $\alpha$  值。b) Lasso 模型的降维过程。Lasso 模型通过最佳参数  $\alpha$  构建惩罚函数,将不重要变量的系数压缩为 0。图中垂直虚线与曲线的交点数即代表 Lasso 模型中特征的个数,对应的纵坐标值为变量的系数大小。图 4 5 个最优特征集的特征重要性排序图。图中横坐标为逻辑回归模型中变量系数的绝对值占比,数值越大代表该特征对模型分类的贡献度越大,也表示该特征在两类数据间的差异性最显著。

本研究的数据预处理、特征降维采用 AK 软件完成。采用 RStudio(1.1.463)进行数据分析和建立逻辑回归模型。使用 IBM SPSS Statistics 22.0 统计学分析软件。对定量资料进行正态分布检验(Shapiro-Wilk)和方差齐性检验(Levene)。组间差异采用独立样本  $t$  检验或 Mann-Whitney U 非参数检验。定性数据采用卡方检验或 Fisher 精确检验。 $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

## 结 果

### 1. 影像组学特征

两组样本在训练组和验证组的频数分布均无统计学差异(训练组: $P = 1$ ;验证组: $P = 1$ )。通过 Lasso 模型降维(图 3),最终从 387 个特征中筛选出 5 个特征,包括 3 个灰度共生矩阵和 2 个灰度游程矩阵特征。对木村病和淋巴瘤中的 5 个特征分布进行 Mann-Whitney U 非参数检验, $P$  值均 $<0.05$ (表 1)。

不同 CT 图像数据在两组间的分布无统计学差异( $\chi^2 = 1.090, P = 0.296$ )。对 5 个特征在不同 CT 型号间的分布进行非参数检验,结果显示 GLCMEentropy\_AllDirection\_offset1\_SD 和 Inertia\_angle135\_offset1 在两种 CT 型号间的分布具有统计学差异( $P$  均 $<$

表 1 5 个影像组学特征的描述性分布统计和组间差异比较

影像组学特征	木村病(n=38) (Label 0)	淋巴瘤(n=37) (Label 1)	两种病变组间		两种 CT 机型组间	
			Z 值	P 值	Z 值	P 值
GLCMEentropy_AllDirection_offset1_SD	$0.0147 \pm 0.011$ (0.001, 0.043)	$0.030 \pm 0.028$ (0.002, 0.11)	-2.618	0.004	-3.954	<0.001
Inertia_angle135_offset1	$264.434 \pm 135.881$ (64.359, 514.952)	$580.183 \pm 432.117$ (85.704, 2123.870)	-4.366	<0.001	-2.892	0.004
ShortRunEmphasis_AllDirection_offset4_SD	$0.00005 \pm 0.00004$ (3.54E-06, 0.0002)	$0.00002 \pm 0.00003$ (2.21E-08, 0.0001)	-4.705	<0.001	-0.690	0.490
ShortRunEmphasis_angle0_offset4	$0.995 \pm 0.007$ (0.975, 0.999)	$0.983 \pm 0.010$ (0.957, 0.999)	-5.055	<0.001	-1.238	0.216
ShortRunHighGreyLevelEmphasis_AllDirection_offset4_SD	$91496.735 \pm 88848.663$ (2188.13, 348152)	$24149.069 \pm 34767.251$ (94.105, 152025)	-4.726	<0.001	-0.570	0.569

0.05); ShortRunEmphasis\_AllDirection\_offset4\_SD、ShortRunEmphasis\_angle0\_offset4 和 ShortRun-HighGreyLevelEmphasis\_AllDirection\_offset4\_SD 均无统计学差异( $P$  均 $>0.05$ )。

5 个特征对模型鉴别性能的贡献度见图 4。Inertia\_angle135\_offset1 在本研究建立的模型中, 对鉴别诊断的贡献度最大。

## 2. 模型建立

用筛选的 5 个影像组学特征建立逻辑回归模型, 为避免模型过拟合, 进行 5 折交叉验证。5 折交叉验证将数据集分成 5 份互斥子集, 轮流将其中 4 份作为训练集, 剩下 1 份数据作为验证集, 交叉验证重复 5 次, 得到 5 个训练集模型的平均准确率, 作为对算法精度的估计(平均值: 0.945, 值分布: 1, 0.818, 0.909, 1, 1)。确定模型的最优参数后, 建立影像组学标签公式, 并根据该公式算出每位患者的组学标签值(Radscore), 通过 Sigmoid 函数转换进而得出患者的阳性患病概率。逻辑回归模型各参数见表 2。

## 3. 模型评价

对模型进行 Hosmer-Lemeshow 检验, 结果显示模型具有较好的拟合优度( $\chi^2=4.812, P=0.777$ ), 表明该模型接近实际鉴别模型。绘制 Hosmer-Lemeshow 检验的可视化校准曲线(图 5), 训练组: 均方误差=0.042, 绝对误差的 90% 分位数=0.088; 验证组: 均方误差=0.092, 绝对误差的 90% 分位数=0.151。建立训练组和验证组的 ROC 曲线(图 6)。模型在训练组中概率截断值为 0.629, 鉴别效能的 AUC 为 0.987(95% 置信区间: 0.9648~1), 敏感度为 0.966, 特异度为 0.958; 在验证组中概率截断值为 0.363, AUC 为 0.938(95% 置信区间: 0.8433~1), 敏感度为 1, 特异度

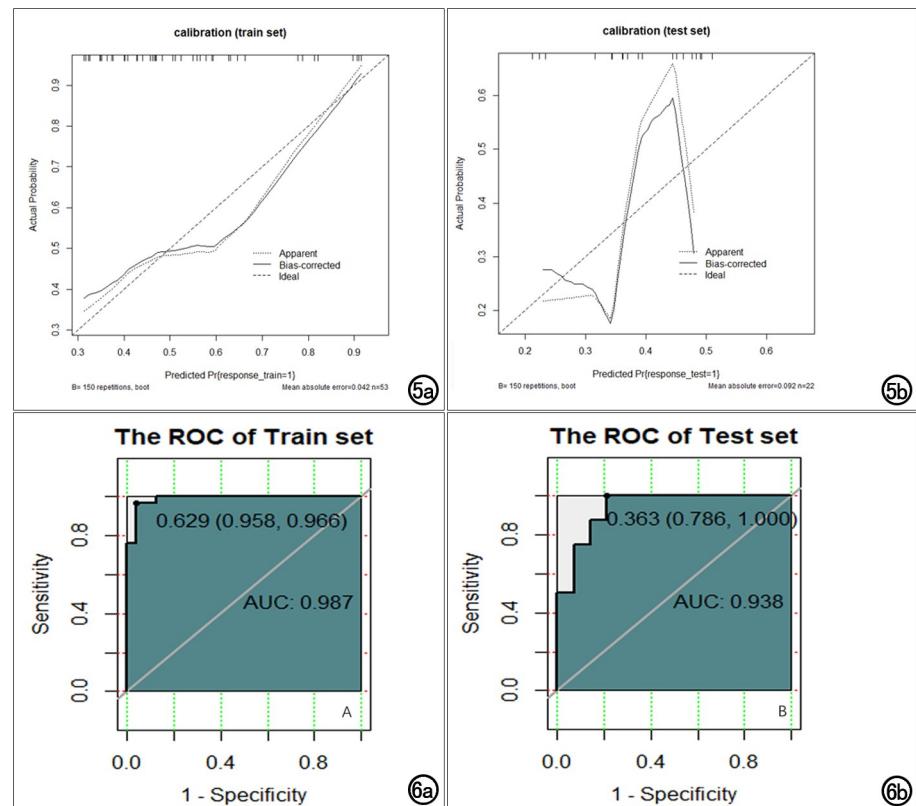


图 5 模型校准曲线。纵轴代表实际的患病概率, 横轴代表模型的预测患病概率。Apparent 点线代表预测概率与实际概率的偏差, Bias-corrected 实线为对偏差的偏移校正曲线, Ideal 虚线为偏差为 0 的理想曲线。当模型的预测概率与实际概率越接近, Apparent 点线越接近 Ideal 虚线。  
a) 训练组; b) 验证组。  
图 6 逻辑回归模型的 ROC 曲线。a) 训练组; b) 验证组。

为 0.786。采用 Delong 检验对训练组和验证组的 AUC 进行比较发现, 两组间的 AUC 无统计学差异( $P=0.323$ ), 说明逻辑回归模型在训练组和验证组间鉴别诊断木村病和淋巴瘤的性能无统计学差异。

建立模型的决策曲线(图 7)和临床影响曲线(图 8)。阈值概率为 0~1 之间时, 采用列线图进行决策所获得的标准净收益最大。阈值概率越小, 收益成本比越大。临床影响曲线使用模型模拟鉴别 1000 人, 红色曲线表示在各个阈概率下, 被模型划分为阳性(高风险)的人数, 蓝色曲线为各个阈概率下真阳性人数, 在 95% 置信区间内, 当阈值概率为 0~1 之间时模型的预测值近似真实值。

表 2 逻辑回归模型相关参数

变量	偏回归系数	标准差	OR 值	Z 值	P 值
3.695(常数项)	—	2.880	40.249	1.283	0.199
GLCMEntropy_AllDirection_offset1_SD	6.354	4.910	574.802	1.294	0.196
Inertia_angle135_offset1	7.813	6.305	2471.344	1.239	0.215
ShortRunEmphasis_AllDirection_offset4_SD	5.313	3.252	203.016	1.634	0.102
ShortRunEmphasis_angle0_offset4	-5.319	2.760	0.005	-1.928	0.054
ShortRunHighGreyLevelEmphasis_AllDirection_offset4_SD	-5.772	2.993	0.003	-1.929	0.054

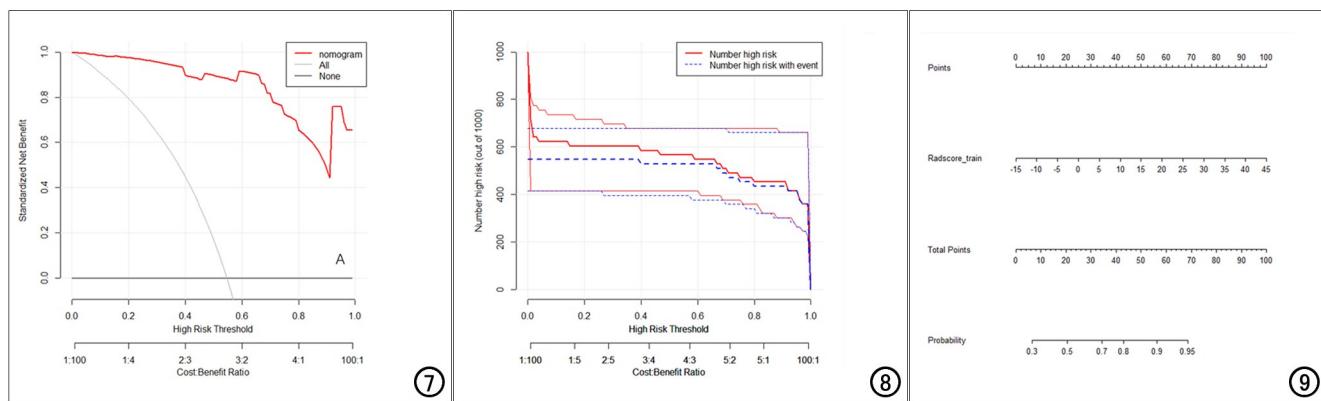


图 7 逻辑回归模型的决策曲线。纵轴代表标准净收益，横轴为概率阈值，横轴下方刻度线为相应概率阈值下的成本和收益比。红色曲线代表使用列线图进行决策，灰色曲线代表对所有患者进行治疗，黑色水平线为对所有患者均不进行治疗。 图 8 临床影响曲线。纵坐标为 1000 个样本中的高风险病患人数，横坐标和其下方刻度线与图 7 一致。蓝色曲线代表实际患病人数及其 95% 置信区间，红色曲线代表模型预测的患病人数及其 95% 置信区间。 图 9 鉴别头颈部木村病淋巴结病变与淋巴瘤的列线图。根据组学标签公式，算出每个患者的 RadScore 值，做垂直线对应得到总评分，根据总评分值做垂直线即可得到患者患淋巴瘤的风险概率。

#### 4. 影像组学列线图的应用

基于训练集数据的 RadScore 值并建立列线图(图 9)。根据 RadScore 值中位数(0.798)将病例分为高 RadScore 组和低 RadScore 组，低 RadScore 组患淋巴结病变的比例(59.46%，22/37)明显高于高 RadScore 组(39.47%，15/38)。可见，RadScore 值可作为鉴别头颈部木村病淋巴结病变与淋巴瘤的风险因子。图 1、2 分别为木村病和淋巴瘤患者。两位患者的 5 个特征值和 RadScore 值以及最终的患(淋巴瘤)病概率见表 3。木村病患者的患病概率(38%)远低于淋巴瘤患者(68%)，表明 RadScore 值具有较好的风险预测能力。

表 3 两名木村病和淋巴瘤患者的列线图评分

Column1	木村病	淋巴瘤
GLCMEntropy_AllDirection_offset1_SD	-0.052	-0.072
Inertia_angle135_offset1	-0.586	-0.899
ShortRunEmphasis_AllDirection_offset4_SD	1.775	-0.656
ShortRunEmphasis_angle0_offset4	0.970	-1.276
ShortRunHighGreyLevelEmphasis_AllDirection_offset4_SD	1.294	-0.618
RadScore	-8.197	3.083
total points	13	32
probability	0.38	0.68

注：RadScore 为逻辑回归模型计算的组学标签；total points 为列线图中通过 RadScore 所得到的总评分；probability 为列线图中通过总评分得到的患淋巴瘤的风险概率。

#### 讨 论

木村病发病率低，国内外报道多为个案报道，其影像表现文献报道较少<sup>[11,12]</sup>。头颈部木村病在 CT 上有以下 3 种表现：(1)多发结节型，表现为多发结节，边界清晰，增强扫描呈明显均匀强化；(2)弥漫肿块型，常位于颌面部皮下脂肪间隙内，表现为皮下弥漫性肿块，边

界模糊，邻近皮肤增厚，增强扫描呈轻中度不均匀强化；(3)混合型，同时具有结节及肿块特点。多数患者伴有颈部淋巴结肿大，由于该病表现为皮下肿瘤样结节且伴大涎腺和局部淋巴结受累，故易误诊为恶性肿瘤，尤其是以多发无痛性肿大淋巴结为体征的淋巴瘤，即使是 CT、MRI 也不能很好的将两者鉴别<sup>[13]</sup>。木村病的治疗方法与恶性肿瘤不同，不需根治性手术切除，所以术前明确诊断非常必要<sup>[14]</sup>。虽然有国内外学者总结出一些头颈部木村病的影像学特点，但其表现还是缺乏特征性，且准确率不高，需结合临床及实验室检查综合判断来提高诊断准确率。

2012 年，Lambin 等<sup>[15]</sup>首次提出影像组学的概念，即从影像图像中提取大量影像学特征，通过高通量定量分析，将影像图像转化为具有高分辨率的、可发掘的空间数据。通过获得的高保真目标信息综合评价病变，尤其是利用图像中不被肉眼识别的纹理特征来揭示组织内在异质性，反映不同组织间的细微差别，亦可与 CT 图像表现相结合，进一步提高对病变的鉴别诊断能力<sup>[16]</sup>。本研究采用的影像组学分析软件(AK 软件)，已应用于多项国内外研究报道中<sup>[17-19]</sup>。

由于木村病是一种少见病，但病例中受累的肿大淋巴结常为多发，因此本研究选取病变淋巴结作为研究对象，使用 AK 软件进行特征提取和降维。共提取 396 个影像组学特征，筛选出 5 个纹理特征对木村病和淋巴瘤进行鉴别，并以此建立逻辑回归模型，对模型进行 5 折交叉验证以评估模型算法的精度，避免模型过度拟合，5 折交叉验证的准确度平均值为 0.945。本研究中，训练组数据模型鉴别的 AUC 为 0.987，敏感

度为 0.966,特异度为 0.958;验证组 AUC 为 0.938,敏感度为 1,特异度为 0.786,结果表明该模型具有较高的鉴别效能,且训练组和验证组的 AUC 无统计学差异。对 5 种特征在木村病和淋巴瘤间的分布进行差异性检验,结果显示 5 种特征值在组间分布显著不同,在特征重要性图中,以 Inertia\_angle135\_offset1 对模型分类的贡献度最大。Inertia\_angle135\_offset1 属于高阶的灰度共生矩阵特征,是一种惯性特征,反映图像的清晰度和纹理沟纹深浅的程度,值越大表示图像分布越不均匀<sup>[20]</sup>。最终筛选的 5 个特征在两种 CT 图像间分布的非参数检验结果提示,不同 CT 机型图像的特征差异性程度以及这种差异对影像组学模型的影响还需要进一步的研究。模型的决策曲线和临床影响曲线表明,在特定的阈值概率范围内(0~1),使用模型作为决策依据,净收益大于对所有患者进行治疗和所有患者均不进行治疗的标准净收益。列线图是模型的重要应用之一,通过列线图可对每一位患者的患病风险进行预测<sup>[21-22]</sup>。本研究采用训练组的 Radscore 值作为评分建立列线图,以 Radscore 值中位数将患者分为高 Radscore 组和低 Radscore 组,结果发现低 Radscore 组患淋巴结病变的比例(59.46%,22/37)明显高于高 Radscore 组(39.47%,15/38),表明 Radscore 值可作为鉴别木村病和淋巴瘤的可靠因子。

本研究存在局限性。①由于木村病较罕见,可获得的影像资料样本量较小。②本研究没有将临床特征、基因数据或免疫组化的数据纳入研究,因此获得的模型可靠性存在很大的提升空间。③本研究没有进行外部验证。后续研究可开展多中心、多序列或图像转换、加入免疫组化数据、开展影像基因组学等研究以增加样本量或特征量,获得更加可靠的模型。

综上所述,影像组学可以对图像信息进行深层次的挖掘获得高通量的特征集,并通过统计分析的方式有效鉴别木村病淋巴结病变和淋巴瘤。

## 参考文献:

- [1] Kimura T, Yoshimura S, Ishikaura E. Unusual granulation combined with hyperplastic changes of lymphatic tissues[J]. Trans Soc Pathol Jpn, 1948, 37(5): 179-180.
- [2] Zhang L, Yao L, Zhou WW, et al. Computerized tomography features and clinicopathological analysis of Kimura disease in head and neck[J]. Exp Ther Med, 2018, 16(3): 2087-2093.
- [3] Malhotra M, Varshney S, Singh N. Kimura disease: a rare case report from himalayan region[J]. Indian J Otolaryngol Head Neck Surg, 2017, 69(4): 571-574.
- [4] 史张,刘崎.影像组学技术方法的研究及挑战[J].放射学实践,2018,33(6):633-636.
- [5] Yip SS, Aerts HJ. Applications and limitations of radiomics[J]. Phys Med Biol, 2016, 61(13): R150-R166.
- [6] Ma W, Zhao Y, Ji Y, et al. Breast cancer molecular subtype prediction by mammographic radiomic features[J]. Acad Radiol, 2019, 26(2): 196-201.
- [7] Kai C, Uchiyama Y, Shiraishi J, et al. Computer-aided diagnosis with radiogenomics: analysis of the relationship between genotype and morphological changes of the brain magnetic resonance images[J]. Radiol Phys Technol, 2018, 11(3): 265-273.
- [8] Kickingereder P, Neuberger U, Bonekamp D, et al. Radiomic subtyping improves disease stratification beyond key molecular, clinical and standard imaging characteristics in patients with glioblastoma[J]. Neuro Oncol, 2018, 20(6): 848-857.
- [9] Xu X, Zhang HL, Liu QP, et al. Radiomic analysis of contrast-enhanced CT predicts microvascular invasion and outcome in hepatocellular carcinoma[J]. J Hepatol, 2019, 70(6): 1133-1144.
- [10] Gregoire V, Ang K, Budach W, et al. Delineation of the neck node levels for head and neck tumors: a 2013 update. DAHANCA, EORTC, HKNPCSG, NCIC CTG, NCRI, RTOG, TROG consensus guidelines[J]. Radiother Oncol, 2014, 110(1): 172-181.
- [11] Li X, Wang J, Li H, et al. Misdiagnosed recurrent multiple Kimura's disease: A case report and review of the literature[J]. Mol Clin Oncol, 2019, 10(3): 352-356.
- [12] 马可燃,程敬亮,张晓楠,等.木村病 MRI 征象分析[J].放射学实践,2019,34(4):422-426.
- [13] 李国,王振平,袁利,等.木村病的影像表现及文献复习[J].实用放射学杂志,2017,33(4):510-512.
- [14] 李安琪,徐坚民.头颈部木村病的 CT 诊断[J].放射学实践,2014,29(2):159-161.
- [15] Lambin P, Rios-Velazquez E, Leijenaar R, et al. Radiomics: extracting more information from medical images using advanced feature analysis[J]. Eur J Cancer, 2012, 48(4): 441-446.
- [16] 史张,李晶,边云,等.影像组学在临床精确诊疗中的研究进展[J].中华放射学杂志,2018,52(10):801-804.
- [17] Hu B, Xu K, Zhang Z, et al. A radiomic nomogram based on an apparent diffusion coefficient map for differential diagnosis of suspicious breast findings[J]. Chin J Cancer Res, 2018, 30(4): 432-438.
- [18] 张加辉,陈峰,薛星,等.基于支持向量机的 MRI 影像组学方法鉴别不同病理分型原发性肝癌的价值[J].中华放射学杂志,2018,52(5):333-337.
- [19] Shu Z, Fang S, Ding Z, et al. MRI-based radiomics nomogram to detect primary rectal cancer with synchronous liver metastases [J]. Sci Rep, 2019, 9(1): 3374.
- [20] Galloway MM. Texture analysis using gray level run lengths[J]. Computer Graphics and Image Processing, 1975, 4(2): 172-179.
- [21] Zhao C, Lou Y, Wang Y, et al. A gene expression signature-based nomogram model in prediction of breast cancer bone metastases [J]. Cancer Med, 2019, 8(1): 200-208.
- [22] Liang W, Yang P, Huang R, et al. A combined nomogram model to preoperatively predict histologic grade in pancreatic neuroendocrine tumors[J]. Clin Cancer Res, 2019, 25(2): 584-594.

(收稿日期:2019-06-26 修回日期:2019-10-31)