

• 胸部影像学 •

三维 CT 定量及定性参数与纯磨玻璃结节样肺腺癌 TOP2A、BASP1、FAM72 蛋白表达的相关性研究

许双燕, 冯涛, 曹宏伟, 曹振东

【摘要】目的:探讨纯磨玻璃结节(pGGN)样肺腺癌的三维 CT 定量及定性参数与拓扑异构酶 2 α (TOP2A)、脑酸溶性蛋白 1(BASP1)、序列相似家族 72 成员(FAM72)蛋白表达间的相关性。**方法:**纳入行手术治疗的 164 例 pGGN 样肺腺癌患者作为研究对象,所有患者均行胸部 CT 扫描,记录结节最长径、结节体积、平均 CT 值及是否出现分叶征、空泡征、血管集束征、充气支气管征、胸膜牵拉征和瘤肺界面模糊征。肺腺癌组织中的 TOP2A、BASP1、FAM72 蛋白表达水平采用免疫组织化学法进行测定。**结果:**164 例肺腺癌患者中, TOP2A 高表达 94 例(57.3%),低表达 70 例(42.7%);BASP1 高表达 88 例(53.7%),低表达 76 例(46.3%);FAM72 高表达 96 例(58.5%),低表达 68 例(41.5%)。单因素分析结果显示, TOP2A 的表达水平与三维 CT 定量指标中的结节最长径、结节体积和结节平均 CT 值相关($P < 0.05$),与定性指标中的分叶征、血管集束征和充气支气管征有关($P < 0.05$);BASP1 的表达水平与三维 CT 定量指标中的结节最长径和结节平均 CT 值有关($P < 0.05$),与定性指标中的分叶征、血管集束征、充气支气管征和胸膜牵拉征有关($P < 0.05$);FAM72 的表达水平与三维 CT 定量指标中的结节平均 CT 值有关($P < 0.05$),与定性指标中的血管集束征、充气支气管征和胸膜牵拉征有关($P < 0.05$)。多因素二元 Logistic 分析结果显示,结节最长径、结节平均 CT 值和血管集束征是肺腺癌 TOP2A 高表达的独立预测因子($P < 0.05$),结节最长径、结节平均 CT 值、血管集束征和胸膜牵拉征是 BASP1 高表达的独立预测因子($P < 0.05$),结节平均 CT 值、血管集束征和充气支气管征是肺腺癌 FAM72 高表达的独立预测因子($P < 0.05$)。**结论:**三维 CT 定量及定性参数与 pGGN 肺腺癌 TOP2A、BASP1、FAM72 蛋白表达水平相关,有助于预测患者预后和制定临床治疗方案。

【关键词】 肺腺癌; 磨玻璃结节; 体层摄影术, X 线计算机; TOP2A; BASP1; FAM72

【中图分类号】 R734.2; R814.42 **【文献标识码】** A **【文章编号】** 1000-0313(2022)05-0543-07

DOI: 10.13609/j.cnki.1000-0313.2022.05.002

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



Correlation between quantitative and qualitative parameters of three-dimensional CT and protein expression of TOP2A, BASP1 and FAM72 in lung adenocarcinoma presented as pure ground glass nodular XU Shuang-yan, FENG Tao, CAO Hong-wei, et al. Department of Radiology, Affiliated Hospital of Chengde Medical College, Hebei 067000, China

【Abstract】 Objective: To investigate the correlation between the quantitative and qualitative parameters of three-dimensional (3D) CT and the protein expression of topoisomerase 2 α (TOP2A), brain acid-soluble protein 1 (BASP1) and 72 members of sequence similar family (FAM72) in lung adenocarcinoma presented as pure ground glass nodules (pGGN). **Methods:** A total of 164 patients with lung adenocarcinoma presented as pGGN who received surgical treatment were included in this study. All patients underwent chest CT scanning, and the longest diameter, volume, average CT value, lobulation sign, vacuole sign, vascular cluster sign, air-filled bronchial sign, pleural traction sign and ambiguous tumor-lung interface sign were recorded. The protein expression levels of TOP2A, BASP1 and FAM72 in lung adenocarcinoma were determined by immunohistochemistry and recorded. **Results:** Among 164 patients, 94 (57.3%) had high expression of TOP2A and 70 (42.7%) had low expression of TOP2A; 88 (53.7%) had high expression of BASP1 and 76 (46.3%) had low expression of BASP1; 96

作者单位:067000 河北,河北省承德市承德医学院附属医院放射科

作者简介:许双燕(1983—),女,河北承德人,硕士,主治医师,主要从事胸部疾病影像诊断工作。

通讯作者:曹振东,E-mail:czdcsh891@163.com

(58.5%) had high expression of FAM72 and 68 (41.5%) had low expression of FAM72. Univariate analysis showed that the expression level of TOP2A was correlated with the longest diameter, volume and average CT value of the nodules in the quantitative indicators of 3D CT ($P < 0.05$), and was correlated with the lobulation sign, vascular cluster sign and air-filled bronchial sign in the qualitative indicators ($P < 0.05$). The expression level of BASP1 was correlated with the longest diameter and average CT value of the nodules in the quantitative indicators of 3D CT ($P < 0.05$), and was correlated with the lobulation sign, vascular cluster sign, air-filled bronchial sign and pleural traction sign in the qualitative indicators ($P < 0.05$). The expression level of FAM72 was correlated with the average CT value of nodules in the quantitative indicators of 3D CT ($P < 0.05$), and was correlated with the vascular cluster sign, air-filled bronchial sign and pleural traction sign in the qualitative indicators ($P < 0.05$). Multivariate binary logistic analysis showed that the longest diameter of nodules, average CT value of nodules and vascular cluster sign were independent predictors of the high expression of TOP2A in lung adenocarcinoma ($P < 0.05$), while the longest diameter of nodules, average CT value of nodules, vascular cluster sign and pleural traction sign were independent predictors of the high expression of BASP1 ($P < 0.05$). In addition, the average CT value of nodules, vascular cluster sign and air-filled bronchial sign were independent predictors of the high expression of FAM72 in lung adenocarcinoma ($P < 0.05$). **Conclusions:** The quantitative and qualitative parameters of 3D CT are correlated with the protein expression levels of TOP2A, BASP1 and Fam72 in lung adenocarcinoma presented as pGGN, which is helpful to predict the prognosis of patients and make clinical treatment plans.

【Key words】 Lung adenocarcinoma; Ground glass nodules; Tomography, X-ray computed; TOP2A; BASP1; FAM72

肺癌在我国的发病率和病死率呈逐年升高趋势^[1,2],近年来,随着人们对健康的重视程度逐渐增高及低剂量CT的广泛开展,肺磨玻璃结节(ground-glass opacity nodules, GGN)的检出率也不断升高^[3]。肺腺癌是肺癌病理类型中最常见的一种,相关研究显示,GGN术后病理学检测多表现为腺癌,并遵守一种循序渐进的恶变发展方式^[4]。根据GGN内是否含有实性成分,分为纯磨玻璃密度结节(pure ground-glass nodule, pGGN)和混杂磨玻璃密度结节(mixed ground-glass nodule, mGGN)。由于pGGN不含有实性成分,所以相较于mGGN,对于其恶性程度的评价具有一定难度。多项研究表明,基于计算机辅助诊断系统的薄层三维CT定量及定性参数在鉴别诊断pGGN的侵袭性中具有重要价值^[5]。随着分子生物学的迅速发展,近年来许多与肺腺癌病理和预后有关的分子标志物成为众多学者关注的重点,如拓扑异构酶2α(Topoisomerase II Alpha, TOP2A)^[6]、脑酸溶性蛋白1(brain acid soluble protein 1, BASP1)^[7]和序列相似家族72成员(sequence similarity 72, FAM72)^[8]。因此,通过对这些分子标志物的表达进行研究,有助于患者预后评估及临床治疗方案的制定。然而,目前需通过获得活体组织标本,结合病理诊断结果才能完成对这些分子标志物的检测,具有一定的滞后性和有创性。影像学检查具有方便、快速、无创等优点^[9],然而目前

还未有研究探讨三维CT定量及定性参数在预测TOP2A、BASP1、FAM72蛋白表达中的作用。本研究旨在通过探究pGGN样肺腺癌的三维CT定量及定性参数与TOP2A、BASP1、FAM72蛋白表达间的相关性,以期为术前非侵袭性预测肺腺癌预后以及制定疾病治疗方案提供影像学思路。

材料与方法

1. 病例资料

纳入2019年1月—2021年1月在本院初诊并行手术治疗的肺腺癌患者作为研究对象。病例纳入标准:①术前薄层CT扫描结果表现为pGGN,且为单个结节;②术前未行放化疗或其他抗肿瘤治疗;③经两位以上病理学专家确诊为肺腺癌;④未发生纵隔淋巴结转移或远处器官转移。病例排除标准:①薄层CT扫描结果显示实性结节;②合并其他部位恶性肿瘤;③合并其他肺部疾患或有胸廓手术史;④临床病理学或影像学资料不完整。最终,本研究共纳入164例患者,其中男95例,女69例,年龄范围27~81岁,平均年龄(59.41±7.21)岁。本研究获得了医院伦理委员会的支持,所有患者均自愿参与研究并签署了书面知情同意书。

2. 检查方法

采用德国Siemens SOMATOM Definition AS+

螺旋 CT 机对患者进行胸部 CT 扫描。胸部 CT 扫描范围为肺尖至膈底,扫描参数:管电压 120 kV,管电流 100~200 mA,矩阵 512×512,螺距 1.2,层厚 7 mm,标准重建层厚 1 mm。将所有重建图像传至 Siemens 后处理工作站(SyngoMMWP VE40A),应用 Siemens 三维后处理 MM Reading 及分析软件 Oncology 对发现的结节进行处理。在 Oncology 上找到相应结节并在结节出现的每层横断面中勾画结节的边界,随后由软件自动获取以下定量参数:结节最长径、体积和平均 CT 值。定量参数的最终值取 2 位肺结节诊断经验丰富的影像学医师测量的平均值。此外,在 MM Reading 上采用多平面重建、最大密度投影、容积再现技术观察结节的形态,得到定性指标,包括分叶征、空泡征、血管集束征、充气支气管征、胸膜牵拉征和瘤肺界面模糊征等。由 2 位医师共同阅片评估,当结果出现不一致时,通过商讨达成一致。

3. 免疫组化方法及判定标准

取术后病理组织标本,采用免疫组织化学检测 TOP2A、BASP1、FAM72 蛋白的表达水平,试剂盒由福州迈新生物技术开发有限公司提供。TOP2A 主要定位于细胞核,BASP1 主要定位于细胞质,FAM72 主要定位于细胞质。阳性细胞呈棕黄色,染色程度越深则得分越高,无色计为 0 分,淡黄色计为 1 分,棕黄色计为 2 分,棕褐色计为 3 分;染色细胞所占比例越高得分越高,阴性计 0 分,1%~10% 计 1 分,11%~50% 计 2 分,51%~75% 计 3 分,>75% 计 4 分,最终分值为染色程度得分与染色细胞比例得分相乘得到,<3 分认为是低表达水平,≥3 分认为高表达水平。

4. 统计学处理

采用 SPSS 22.0 软件进行统计学分析。定量资料以均值±标准差表示,组间比较采用 t 检验;定性资料以频数和百分比表示,组间比较采用 χ^2 检验。对单因素分析结果中有统计学意义的因素进一步行多因素二元 Logistic 分析。以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1. 病理及免疫组化结果

164 例 pGGN 患者中,浸润性腺癌 62 例,微浸润腺癌 68 例,原位腺癌 21 例,不典型腺瘤样增生 13 例。其中 TOP2A 高表达 94 例(57.3%),低表达 70 例(42.7%);BASP1 高表达 88 例(53.7%),低表达 76 例(46.3%);FAM72 高表达 96 例(58.5%),低表达 68 例(41.5%)。

2. TOP2A、BASP1、FAM72 蛋白不同表达水平的三维 CT 指标比较

TOP2A 的表达水平与三维 CT 定量指标中的结

节最长径、结节体积和结节平均 CT 值均显著相关,与定性指标中的分叶征、血管集束征和充气支气管征显著关联。TOP2A 高表达者的结节最长径、结节体积均显著高于低表达者,结节平均 CT 值与低表达者相比显著降低,差异有统计学意义($P<0.05$);TOP2A 高表达者中出现分叶征、血管集束征和充气支气管征的比例与低表达者相比显著升高,差异有统计学意义($P<0.05$,表 1)。

BASP1 的表达水平与三维 CT 定量指标中的结节最长径和结节平均 CT 值相关,与定性指标中的分叶征、血管集束征、充气支气管征和胸膜牵拉征相关。BASP1 高表达者的结节最长径显著高于低表达者,结节平均 CT 值与低表达者相比显著降低,差异有统计学意义($P<0.05$);BASP1 高表达者中出现分叶征、血管集束征、充气支气管征和胸膜牵拉征的比例与低表达者相比显著升高,差异有统计学意义($P<0.05$,表 2)。

FAM72 的表达水平与三维 CT 定量指标中的结节平均 CT 值相关,与定性指标中的血管集束征、充气支气管征和胸膜牵拉征相关。FAM72 高表达者的结节平均 CT 值与低表达者相比显著降低,差异有统计学意义($P<0.05$);FAM72 高表达者中出现血管集束征、充气支气管征和胸膜牵拉征的比例显著高于低表达者,差异有统计学意义($P<0.05$,表 3)。

3. TOP2A、BASP1、FAM72 蛋白不同表达水平的多因素二元 Logistic 回归分析

对三维 CT 各定性指标(分叶征、空泡征、血管集束征、充气支气管征、胸膜牵拉征)进行变量赋值(无赋值为 0,有赋值为 1)。分别以 TOP2A、BASP1、FAM72 蛋白的表达水平为因变量(低表达赋值为 0,高表达赋值为 1),以各自单因素分析结果中有统计学意义的变量作为自变量进行多因素二元 Logistic 分析。结果显示,结节最长径、结节平均 CT 值和血管集束征是肺腺癌 TOP2A 高表达的独立预测因子($P<0.05$),结节最长径、结节平均 CT 值、血管集束征和胸膜牵拉征是 BASP1 高表达的独立预测因子($P<0.05$),结节平均 CT 值、血管集束征和充气支气管征是肺腺癌 FAM72 高表达的独立预测因子($P<0.05$,表 4、图 1~3)。

4. 三维 CT 定量指标对 TOP2A、BASP1 和 FAM72 表达的预测价值分析

对多因素 Logistic 回归中有统计学意义的 CT 定量指标进行预后分子标志物的 ROC 曲线分析,结果显示均有统计学意义($P<0.05$,表 5、图 4)。

表 1 TOP2A 蛋白不同表达水平间的三维 CT 指标比较

指标	n	TOP2A		t/χ ² 值	P 值
		高表达 (n=94)	低表达 (n=70)		
结节最长径(mm)		23.38±4.95	16.91±3.47	9.823	<0.001
结节体积(cm ³)		3.39±0.55	2.95±0.41	5.717	<0.001
结节平均 CT 值(HU)		-413.32±53.14	-488.94±61.42	8.431	<0.001
分叶征(例)				8.817	0.003
无	50	20	30		
有	114	74	40		
空泡征(例)				2.017	0.156
无	122	66	56		
有	42	28	14		
血管集束征(例)				12.515	<0.001
无	57	22	35		
有	107	72	35		
充气支气管征(例)				5.095	0.024
无	84	41	43		
有	80	53	27		
胸膜牵拉征(例)				3.255	0.071
无	78	39	39		
有	86	55	31		
瘤肺界面模糊征(例)				0.643	0.423
无	102	56	46		
有	62	38	24		

表 2 BASP1 蛋白不同表达水平间的三维 CT 指标比较

指标	n	BASP1		t/χ ² 值	P 值
		高表达 (n=88)	低表达 (n=76)		
结节最长径(mm)		22.68±3.59	17.86±3.74	8.407	<0.001
结节体积(cm ³)		3.18±0.48	3.22±0.53	-0.585	0.559
结节平均 CT 值(HU)		-424.30±54.21	-472.71±62.88	5.294	<0.001
分叶征(例)				9.020	0.003
无	50	18	32		
有	114	70	44		
空泡征(例)				0.781	0.377
无	122	63	59		
有	42	25	17		
血管集束征(例)				19.958	<0.001
无	57	17	40		
有	107	71	36		
充气支气管征(例)				8.079	0.004
无	84	36	48		
有	80	52	28		
胸膜牵拉征(例)				11.582	0.001
无	78	31	47		
有	86	57	29		
瘤肺界面模糊征(例)				0.313	0.576
无	102	53	49		
有	62	35	27		

讨 论

近年来,肺癌在我国的发病率居高不下,肺癌的早发现、早诊断及早治疗对提高患者生存率,改善患者预后具有重要意义^[10]。迄今为止,肺腺癌的发生、发展机制还未完全明确,近年来,随着分子生物学的迅速发展,许多与肺腺癌病理和预后有关的分子标志物受到了众多研究者的关注^[11]。TOP2A 通过放松正负 DNA 超螺旋来调节拓扑结构,并解决 DNA 复制和转

录过程中的染色体凝聚和染色单体分离,此外, TOP2A 在快速分裂的细胞中大量积累,与多种癌症的细胞增殖有关。最近的一项研究显示, TOP2A 在肺腺癌组织中表达显著上升,可预测肺腺癌的恶性进展,并且预示着患者预后不良^[6]。BASP1 是一种膜结合蛋白,相关研究表明 BASP1 可促进肺腺癌的发生和发展,并且是肺腺癌的潜在治疗靶点,与疾病的预后不良有关^[7]。FAM72 是一种神经干细胞特异性蛋白质,可能导致有丝分裂后神经元死亡,并可能促进神

表 3 FAM72 蛋白不同表达水平间的三维 CT 指标比较

指标	n	FAM72		t/χ ² 值	P 值
		高表达 (n=96)	低表达 (n=68)		
结节最长径(mm)		20.44±3.88	19.37±3.96	1.728	0.086
结节体积(cm ³)		3.36±0.44	3.29±0.38	1.030	0.304
结节平均 CT 值(HU)		-410.03±49.52	-492.12±64.34	9.227	<0.001
分叶征(例)				1.266	0.260
无	50	26	24		
有	114	70	44		
空泡征(例)				0.331	0.565
无	122	73	4923		
有	42	23	19		
血管集束征(例)				9.718	0.002
无	57	24	33		
有	107	72	35		
充气支气管征(例)				12.547	<0.001
无	84	38	46		
有	80	58	22		
胸膜牵拉征(例)				5.908	0.015
无	78	38	40		
有	86	58	28		
瘤肺界面模糊征(例)				1.158	0.282
无	102	63	39		
有	62	33	29		

表 4 Logistic 回归分析结果

指标/特征	回归系数	P	OR	95% 可信区间
TOP2A				
结节最长径	0.380	<0.001	1.463	1.269~1.685
结节平均 CT 值	0.024	<0.001	1.024	1.014~1.035
血管集束征	2.011	0.001	7.468	2.405~23.191
BASP1				
结节最长径	0.209	<0.001	1.233	1.106~1.375
结节平均 CT 值	0.019	<0.001	1.019	1.011~1.028
血管集束征	1.891	<0.001	6.627	2.503~17.544
胸膜牵拉征	1.989	<0.001	7.306	2.591~20.603
FAM72				
结节平均 CT 值	0.025	<0.001	1.025	1.016~1.034
血管集束征	1.594	0.001	4.922	1.993~12.159
充气支气管征	1.641	0.001	5.162	2.020~13.190

表 5 三维 CT 定量指标对 TOP2A、BASP1 和 FAM72 表达的预测价值

指标/特征	AUC	95%CI	P	敏感度	特异度
TOP2A					
结节最长径	0.856	0.799~0.912	<0.001	70.2%	84.3%
结节平均 CT 值	0.822	0.758~0.886	<0.001	72.3%	78.6%
BASP1					
结节最长径	0.828	0.766~0.891	<0.001	75.0%	78.9%
结节平均 CT 值	0.717	0.638~0.795	<0.001	63.6%	68.4%
FAM72					
结节平均 CT 值	0.847	0.787~0.908	<0.001	75.0%	73.5%

经元组织以外其他组织癌症的发生和发展。相关研究显示, FAM72 肺腺癌细胞的分裂、增殖和分化有关, FAM72 水平升高可影响肺腺癌的预后^[8]。因此, TOP2A、BASP1、FAM72 都是与肺腺癌预后有关的分子标志物, 术前通过无创性的三维 CT 检查, 探讨 CT 征象及定量参数与 pGGN 样肺腺癌预后分子标志物表达间的相关性, 有助于术前无创性评估肺腺癌预后及选择临床治疗方案。

本研究单因素分析结果显示, TOP2A 的表达水平与结节最长径、结节体积、结节平均 CT 值、分叶征、血管集束征和充气支气管征相关; BASP1 的表达水平与结节最长径、结节平均 CT 值、分叶征、血管集束征、充气支气管征和胸膜牵拉征相关; FAM72 的表达水平与结节平均 CT 值、血管集束征、充气支气管征和胸膜牵拉征相关。进一步的多因素 Logistic 分析结果显示, 结节最长径、结节平均 CT 值和血管集束征是肺腺



图 1 浸润性肺腺癌患者,女,63岁, TOP2A 高表达, 左肺上叶结节(箭), MSCT 表现为分叶征、毛刺征。结节大小约 $2.7\text{cm} \times 2.3\text{cm}$, CT 值约 -560HU 。 图 2 浸润性肺腺癌患者,男,52岁, BASP1 高表达, 左肺下叶结节(箭), MSCT 表现为分叶征、毛刺征。结节大小约 $1.4\text{cm} \times 1.9\text{cm}$, CT 值约 -320HU 。 图 3 浸润性肺腺癌患者,女,68岁, FAM72 高表达, 右肺上叶结节(箭), MSCT 表现为分叶征、毛刺征、胸膜凹陷征。结节大小约 $3.1\text{cm} \times 2.2\text{cm}$, CT 值约 -320HU 。

癌 TOP2A 高表达的独立预测因子, 结节最长径、结节平均 CT 值、血管集束征和胸膜牵拉征是 BASP1 高表达的独立预测因子, 结节平均 CT 值、血管集束征和充气支气管征是肺腺癌 FAM72 高表达的独立预测因子。以上结果表明, 三维 CT 定量和定性参数对肺腺癌预后分子标志物的预测具有重要意义。

之前的研究表明, pGGN 的最长径和平均 CT 值是肺腺癌浸润性的独立预测因素, 而肺腺癌的浸润程度越严重, 其预后可能越差^[12]。传统的二维平均 CT 值只能单一反映某个层面而难以显示出整个病灶的情况, 本研究中采用的三维平均 CT 值能更全面反映病灶整体情况, 并减少偏差。之前的研究显示, 血管集束征与 pGGN 的浸润性有关, pGGN 的浸润性越强, 癌细胞释放的血管内皮生长因子(vascular endothelial growth factor, VEGF)等多种刺激因子促血管生成作用则越强, 引起血管构形改变, 最终导致血管壁因牵拉而出现血管集束现象^[13]。相关研究还显示, VEGF 等刺激因子与肺腺癌的临床分期及恶性程度有关, VEGF 表达升高预示着患者预后不良^[13], 因此血管集

束征的出现可能与预后分子标志物的高表达有关。胸膜牵拉征的主要病理基础是瘤内纤维化, 相对而言, 新发肿瘤其病灶内的血管结构缺乏完整性, 且血管内皮的间隙较大, 因此血液中的纤维蛋白原更容易渗入组织间隙中, 从而促进纤维母细胞的生成; 此外, 恶性肿瘤细胞增殖旺盛, 组织内缺氧会导致肿瘤病灶产生纤维化收缩, 从而使得牵拉征的发生概率进一步增高^[14]。陈威等^[15]的研究也显示胸膜牵拉征是预测 GGN 浸润性的一个重要指标。充气支气管征的发生机理是肺内炎症渗出导致的肺实变改变, 周围的肺组织含气量减少, 而病变的支气管内含有气体, 形成对照。充气支气管征与肺腺癌的浸润程度密切相关, pGGN 的恶性程度越高, 成纤维细胞对结节内部纤维化反应的刺激越强, 会导致支气管被牵拉扩张, 同时支气管壁因被肿瘤细胞侵犯而走行僵硬、扭曲。之前的研究表明, 肺腺癌组织中 FAM72 表达升高与结节内部的炎症和纤维化有关^[8], 因此充气支气管征的出现可能预示着 FAM72 的高表达。此外, 笔者采用 ROC 曲线分析了三维 CT 定量指标对 TOP2A、BASP1 和

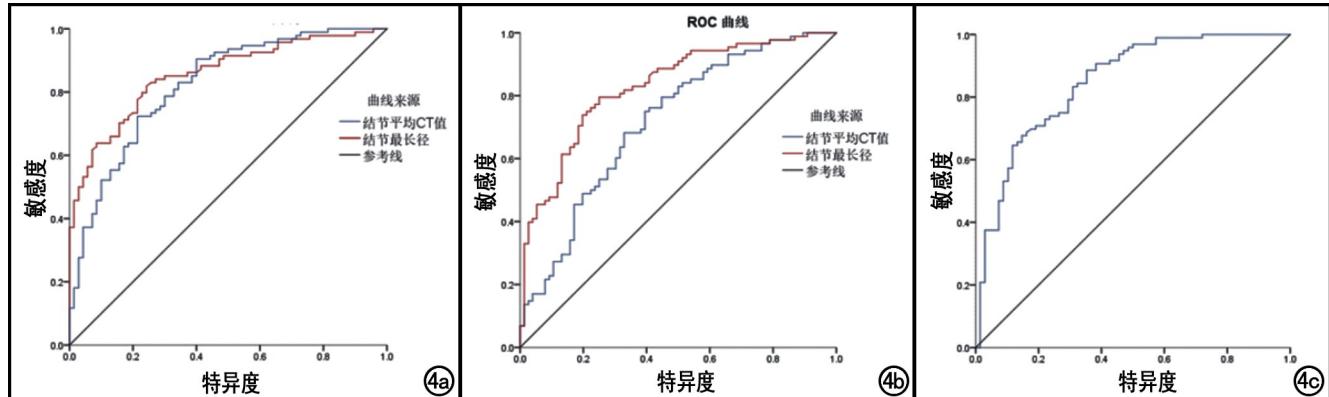


图 4 a) 三维 CT 定量指标预测 TOP2A 表达的 ROC 曲线; b) 三维 CT 定量指标预测 BASP1 表达的 ROC 曲线; c) 三维 CT 定量指标预测 FAM72 表达的 ROC 曲线。

FAM72 表达的预测价值,结果显示均有统计学意义,结节最长径、结节平均 CT 值预测 TOP2A 高表达的敏感度和特异度分别为 70.2%、84.3% 和 72.3%、78.6%,结节最长径、结节平均 CT 值预测 BASP1 高表达的敏感度和特异度分别为 75.0%、78.9% 和 63.6%、68.4%,结节平均 CT 值预测 FAM72 高表达的敏感度和特异度分别为 75.0% 和 73.5%,因此仅应用三维 CT 定量指标预测预后分子标志物表达状态的效能中等。

综上所述,三维 CT 定量及定性参数与纯磨玻璃结节样肺腺癌 TOP2A、BASP1、FAM72 蛋白表达水平相关,有助于预测患者预后和制定临床治疗方案。

参考文献:

- [1] 胡红梅.肺磨玻璃结节 CT 影像组学研究进展[J].放射学实践,2020,35(11):1472-1475.
- [2] 黄早胜,骆柘璜,徐新华,等.单发结节肺结核与周围型肺癌的影像鉴别[J].新发传染病电子杂志,2018,3(4):210-213.
- [3] Hong JH, Park S, Kim H, et al. Volume and mass doubling time of lung adenocarcinoma according to WHO histologic classification [J]. Korean J Radiol, 2021, 22(3):464-475.
- [4] Kawaguchi Y, Nakao M, Omura K, et al. The utility of three-dimensional computed tomography for prediction of tumor invasiveness in clinical stage IA lung adenocarcinoma[J]. J Thorac Dis, 2020, 12(12):7218-7226.
- [5] Saeki Y, Kitazawa S, Yanagihara T, et al. Consolidation volume and integration of computed tomography values on three-dimensional computed tomography may predict pathological invasiveness in early lung adenocarcinoma[J]. Surg Today, 2021, 51(8):1320-1327.
- [6] Du X, Xue Z, Lv J, et al. Expression of the topoisomerase II alpha (TOP2A) gene in lung adenocarcinoma cells and the association with patient outcomes[J]. Med Sci Monit, 2020, 26(12):e929120.
- [7] Wang X, Cao Y, BoPan B, et al. High BASP1 expression is associated with poor prognosis and promotes tumor progression in human lung adenocarcinoma[J]. Cancer Invest, 2021, 39(5):409-422.
- [8] Yu Y, Wang Z, Zheng Q, et al. FAM72 serves as a biomarker of poor prognosis in human lung adenocarcinoma[J]. Aging (Albany NY), 2021, 13(6):8155-8176.
- [9] 黎惠如,方伟军,刘曾维,等.CT 在单发结节或肿块型肺结核和肺癌鉴别中的作用研究[J].新发传染病电子杂志,2021,6(4):323-326.
- [10] 常利名,杨新宇,张志勇.CT 灌注成像参数预测肺腺癌 EGFR 突变[J].影像诊断与介入放射学,2020,29(3):163-166.
- [11] Tan H, Wang X, Yang X, et al. Oncogenic role of epithelial cell transforming sequence 2 in lung adenocarcinoma cells[J]. Exp Ther Med, 2021, 22(1):788.
- [12] 涂文婷,范丽,顾亚峰,等.计算机辅助定量分析对磨玻璃密度型肺腺癌浸润性的诊断价值[J].临床放射学杂志,2018,37(3):497-502.
- [13] 闵旭红,宋奇隆,余永强,等.三维 CT 定量联合定性参数的 logistic 回归模型对纯磨玻璃结节侵袭程度的临床预测价值[J].中华放射学杂志,2021,55(1):34-39.
- [14] 郑宵阳,王余广,李博,等.磨玻璃结节样肺腺癌 MSCT 征象与 Ki-67、PKM2、SPINK1 蛋白表达的相关性研究[J].放射学实践,2021,36(1):76-81.
- [15] 陈威,冯维忠,王刚.肺腺癌 MSCT 征象与 EGFR 突变、Ki-67 表达水平的相关性研究[J].中国 CT 和 MRI 杂志,2020,18(7):45-47.

(收稿日期:2021-06-28 修回日期:2021-10-28)