

• 肿瘤影像学 •

联合 CT 影像组学与深度学习特征建立列线图预测食管鳞癌放疗近期疗效

朱正群, 巩萍, 黄标有, 徐兰, 章龙珍

【摘要】 目的:探讨基于 CT 影像组学特征与深度学习特征建立列线图对食管癌放疗近期疗效的预测价值。**方法:**回顾性分析 137 例食管鳞癌患者的临床及影像资料。从 CT 图像中提取影像组学特征和深度学习特征。通过最小绝对收缩和选择算子方法分别对影像组学特征和深度学习特征进行降维并计算得到影像组学得分(Radscore)和深度学习得分(Deepscore)。采用多因素 logistic 回归分析建立预测模型,并绘制列线图。对列线图的校准度、诊断效能和临床价值进行评价。**结果:**筛选得到 6 个影像组学特征参与计算 Radscore,6 个深度学习特征参与计算 Deepscore。多因素 logistic 回归结果显示 Radscore、Deepscore、TNM 分期为联合模型的独立预测因子。联合预测模型在训练集中预测食管鳞癌患者放疗近期疗效的曲线下面积(AUC)为 0.904,高于临床模型(AUC=0.662)和影像组学模型(AUC=0.814),且 AUC 差异均有统计学意义($P<0.001$ 、 $P=0.004$)。验证集中联合模型的 AUC 为 0.938,高于临床模型(AUC=0.644)和影像组学模型(AUC=0.852),联合模型与临床模型间 AUC 差异有统计学意义($P<0.001$),与影像组学模型间 AUC 差异无统计学意义($P=0.091$)。决策曲线分析发现联合预测列线图在 0.1~0.9 和 0.97~0.99 的阈值范围内表现出较好的临床实用性。**结论:**CT 影像组学特征联合深度学习特征能较好地预测食管癌放疗近期疗效。

【关键词】 食管癌;放射治疗;影像组学;深度学习;体层摄影术,X 线计算机;近期疗效

【中图分类号】 R735.1; R814.42 **【文献标识码】** A **【文章编号】** 1000-0313(2024)02-0233-06

DOI:10.13609/j.cnki.1000-0313.2024.02.015

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



To predict the short-term efficacy of radiotherapy for esophageal squamous cell cancer by nomogram based on CT radiomics and deep learning features ZHU Zheng-qun, GONG Ping, HUANG Li-you, et al. The First Clinical School of Medicine, Xuzhou Medical University, Jiangsu 221006, China

【Abstract】 Objective: To explore the predictive value of nomogram based on CT radiomics and deep learning features for the short-term efficacy of radiotherapy in oesophageal cancer. **Methods:** The clinical and imaging data of 137 patients with esophageal squamous carcinoma were retrospectively analyzed. Radiomics and deep learning features were extracted from CT images. The least absolute shrinkage and selection operator methods were used to reduce the dimension of radiomics features and deep learning features, respectively, and the radiomics score (Radscore) and deep learning score (Deepscore) were calculated. Multivariate logistic regression analysis was used to establish a prediction model and draw a nomogram. The calibration, diagnostic efficiency and clinical value of the nomogram were evaluated. **Results:** Six radiomics features were selected to calculate the Radscore, and six deep learning features were selected to calculate the Deepscore. The results of multivariate logistic regression showed that Radscore, Deepscore and TNM staging were independent predictors of the combined model. The area under the curve (AUC) of the combined prediction model in the training set was 0.904, which was higher than that of the clinical model (AUC=0.662) and the radiomics model (AUC=0.814), and the differences in the AUCs were statistically significant ($P<0.001$ and $P=0.004$). In the validation set, the AUC of the combined model was 0.938, which was higher than that of the clinical

作者单位: 221006 江苏,徐州医科大学第一临床学院(朱正群); 224400 江苏,阜宁县人民医院肿瘤科(朱正群、徐兰); 221006 江苏,徐州医科大学医学影像学院(巩萍、黄标有); 221006 江苏,徐州医科大学附属医院放疗科(章龙珍)
作者简介: 朱正群(1986-)男,江苏盐城人,硕士研究生,主治医师,主要从事肿瘤放射治疗工作。
通讯作者: 章龙珍, E-mail: zlz1159@163.com
基金项目: 江苏省卫生健康委员会医学科科研项目(Z2022023)

cal model ($AUC=0.644$) and radiomics model ($AUC=0.852$). The difference in AUC between the combined model and the clinical model was statistically significant ($P<0.001$), while the difference in AUC between the combined model and the radiomics model was not statistically significant ($P=0.091$). Decision curve analysis showed that the combined prediction nomogram had good clinical practicability within the threshold ranges of $0.1\sim 0.9$ and $0.97\sim 0.99$. **Conclusion:** CT radiomics combined with deep learning features can better predict the short-term efficacy of radiotherapy for esophageal cancer.

【Key words】 Esophageal cancer; Radiotherapy; Radiomics; Deep learning; Tomography, X-ray compute; Short-term efficacy

世界卫生组织报告显示食管癌的全球发病率排名七位^[1],我国食管癌患者中约 90% 为鳞状细胞癌^[2]。大部分食管癌患者在确诊时已处于中晚期,难以接受手术治疗。对于不能手术的食管癌患者,放疗是主要治疗手段之一^[3]。有研究表明患者接受放疗后的近期疗效存在明显差异^[4],而近期疗效与食管癌患者预后关系密切^[5]。因此,准确预测患者放疗近期疗效,能够帮助临床为患者制定个性化的治疗方案,对提高食管癌患者的治疗效果,延长生存时间意义重大。

CT 作为一种无创性影像学检查,被临床广泛应用于食管癌检查中,但传统 CT 无法对食管癌患者放疗近期疗效进行准确预测。影像组学通过提取并分析图像的高通量特征,能够反映肿瘤整体的异质性,已有研究发现影像组学能够较好地预测食管鳞癌放疗近期疗效^[6]。深度学习技术通过自主提取特征在多种疾病中表现出了优异的诊断性能^[7-8]。本研究通过提取并分析 CT 影像组学特征和深度学习特征建立联合预测模型,旨在探讨其对食管鳞癌患者放疗近期疗效的预测价值。

材料与方法

1. 病例资料

回顾性分析 2018 年 1 月—2021 年 1 月徐州医科大学附属医院 137 例接受放疗的食管鳞癌患者的 CT 影像和临床病理资料。病例纳入标准:①内镜活检病理结果为食管鳞癌;②患者接受根治性放疗;③治疗前行 CT 扫描及食管钡餐检查。病例排除标准:①合并有远处转移和患有其他恶性肿瘤;②缺少临床和复查影像资料;③CT 图像质量不能满足影像组学分析。

患者放疗结束后 3 个月行胸部 CT 和食管钡餐检查,与治疗前的影像资料进行比较。根据实体瘤疗效评价标准(response evaluation criteria in solid tumours, RECIST) 1.1 版将治疗效果分为完全缓解(complete response, CR)、部分缓解(partial response, PR)、病变稳定(stable disease, SD)和病变进展(progressive disease, PD),其中 PR 与 CR 患者被定为治

疗有效组,SD 与 PD 患者被定为治疗无效组。

2. 检查方法

CT 检查采用飞利浦 BigBore 大孔径 CT,扫描参数:管电压 120 kV,管电流 120 mA,螺距 0.2,扫描层厚 5 mm,矩阵 512×512 ,重建层厚 5 mm。增强扫描通过高压注射器注射对比剂碘克沙醇,剂量 $1.5\sim 2.0$ mL/kg,流率 3.0 mL/s,注射对比剂 25 s 后进行扫描,获得动脉期图像。

3. 图像分割和特征提取

以 DICOM 格式下载患者动脉期 CT 图像,由 1 位有 5 年 CT 诊断经验的医师在勾画软件中对食管癌肿瘤区域进行独立人工感兴趣区(region of interest, ROI)勾画,勾画时避开食管空腔和其他组织结构(图 1)。通过 MRIcroGL 图像处理软件对 CT 图像与 ROI 进行重采样,对 CT 图像三维方向的像素变化进行校正。重采样后的 CT 图像与 ROI 层厚设置为 $1\text{ mm}\times 1\text{ mm}\times 1\text{ mm}$,保持像素在 3 维方向的各项同性。基于 Pyradiomics 1.2.0 软件包利用一阶统计量、灰度共生矩阵、灰度游程矩阵、小波变换等方法从每例患者 CT 图像中提取影像组学特征 395 个。

通过 pytorch1.04 框架建立 ResNet18 深度学习网络,通过迁移学习技术将由 128 万张图像训练得到的 ImageNet 数据集预训练模型参数迁移到 ResNet18 深度学习网络中。在预训练模型参数基础上通过训练

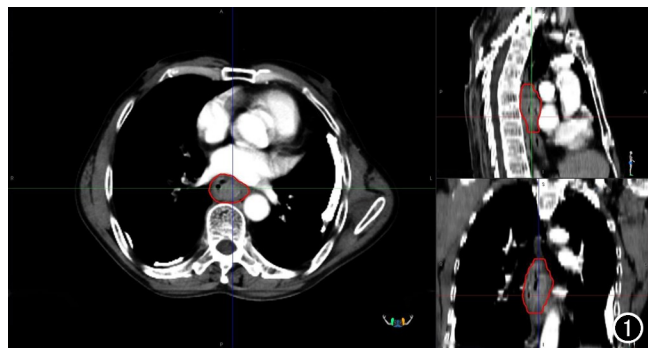


图 1 胸中段食管癌患者,男,75 岁。手动勾画 ROI 三方向观,红色区域为 ROI。

集数据对模型参数进行微调并冻结深度学习网络的参数权重,使模型各层的参数不再进行更新。由于 Res-Net18 采用的是二维卷积核,只能对二维图像进行深度特征提取。因此,研究选取每例患者肿瘤直径最大的层面 ROI 作为深度特征提取图像,将图像调整成 $224\times224\times3$ 像素输入到网络中对图像进行多次卷积。输入图像经过 17 层卷积层后得到 $7\times7\times512$ 维张量,对提取到的张量进行自适应平均池化处理,最终得到 512 个深度特征。

为了保证提取特征的一致性,研究随机选取 20 例患者,由另一位有 7 年 CT 诊断经验的医师进行 2 次独立勾画 ROI 并通过相同方法进行影像组学特征和深度学习特征的提取。采用组内相关系数(intraclass correlation coefficient, ICC)比较 2 位医生提取特征的一致性,选取 $ICC>0.75$ 的特征进行后续分析。

4.模型建立

所有患者依照 7:3 的比例被随机划分为训练集和验证集。通过最小绝对收缩和选择算子(least absolute shrinkage and selection operator, LASSO)方法对训练集中的影像组学特征和深度学习特征分别进行降维筛选。被筛选出的影像组学特征和深度学习特征依照各自特征回归系数进行线性加权,最终分别计算得到影像组学得分(Radscore)和深度学习得分(Deep-score)。分别纳入临床指标(年龄、性别、T 分期、N 分期、TNM 分期、放疗剂量、是否化疗)、影像组学得分和深度学习得分三方面参数,根据纳入参数不同分别建立临床模型(临床参数)、影像组学模型(临床参数+影像组学得分)以及联合模型(临床参数+影像组学得分+深度学习得分)。通过单因素与多因素分析得到影响食管癌放疗近期疗效的独立预测因子。基于多因素逻辑回归建立预测模型,应用似然比统计量,利用赤池信息量准则(akaike information criterion, AIC)为停止规则,在 AIC 最小时停止后向逐步选择。利用列线图对逻辑规模模型进行可视化,并通过校准曲线评价模型的校准度。利用 Hosmer-Lemeshow 检验评价预测模型的拟合度。分别绘制 3 种预测模型的受试者工作特征(receiver operating characteristic curve, ROC)曲线,并计算其曲线下面积(area under curve, AUC)。采用 Delong 法比较临床模型、影像组学模型以及联合预测模型间的 AUC 差异。在此基础上,采用决策曲线分析(decision curve analysis, DCA)对模型的临床净获益进行量化,比较 3 种模型在不同阈值概率下的临床应用价值。

5.统计学分析

采用 R 语言(Version3.5.1)进行统计学分析。对连续变量行正态性检验,符合正态分布的连续变量以

均值±标准差表示,采用独立样本 *t* 检验进行组间比较;不符合正态分布的连续变量以中位数(上、下四分位数)表示,采用 Mann-Whitney *U* 检验进行组间比较。分类变量采用皮尔逊 χ^2 检验进行组间比较。采用 glmnet 进行 Lasso 回归分析,rms 包进行列线图绘制,pROC 包进行 ROC 曲线绘制,ResourceSelection 包进行拟合度检验,rmda 包进行 DCA 分析。以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1.临床资料分析结果

本研究共纳入 137 患者,其中有效组患者 65 例,无效组患者 72 例。统计学分析结果显示,有效组中 T4 期患者所占比例明显低于无效组($P=0.021$),接受化疗患者所占比例明显高于无效组($P=0.017$,表 1)。训练集与验证集两组患者的临床指标之间差异均无统计学意义(P 均 >0.05)。

表 1 有效组与无效组患者的临床指标比较 (n,%)

指标	无效组 (n=72)	有效组 (n=65)	Z/ χ^2 值	P 值
年龄(岁)	70.00 (65.00,77.00)	68.00 (63.00,74.00)	-0.736	0.460
放疗剂量(Gy)	54.00 (50.00,60.00)	54.00 (50.00,60.00)	-0.528	0.596
性别			0.143	0.706
男	53(73.61%)	45(69.23%)		
女	19(26.39%)	20(30.77%)		
肿瘤位置			3.673	0.299
颈段	4(5.56%)	1(1.54%)		
胸上段	18(25.%)	20(30.77%)		
胸中段	41(56.94%)	31(47.69%)		
胸下段	9(12.50%)	13(20.00%)		
T 分期			5.299	0.021
T1-3	36(50.00%)	46(70.77%)		
T4	36(50.00%)	19(29.23%)		
N 分期			2.764	0.251
N0	8(11.11%)	14(21.54%)		
N1	51(70.83%)	41(63.08%)		
N2	13(18.06%)	10(15.38%)		
TNM 分期			7.887	0.005
I~Ⅲ期	47(65.28%)	53(81.54%)		
Ⅳ期	25(34.72%)	12(18.46%)		
是否化疗			5.738	0.017
是	25(34.72%)	10(15.38%)		
否	47(65.28%)	55(84.62%)		

2.特征筛选结果

在特征选择过程中,共纳入 306 个 $ICC>0.75$ 的影像组学特征。通过 LASSO 回归分析,经过 5 折交叉验证后,当 λ 值为 0.1011002 时得到 6 个系数非零最佳影像组学特征(图 2)。对 6 个特征进行回归系数加权后得到影像组学得分为 $Radscore=-0.08396648+original_glm_ClusterProminence\times0.18517479-wavelet_HHH_glm_Correlation\times0.08976676+\log_sigma_1mm_3D_glm_ClusterShade\times0.07762019+\log_sigma_2mm_3D_glm_ClusterShade\times0.05812535-\log_sigma_5mm_3D_glm_Cluster-$

Shade $\times 0.07351695 - \log_sigma_5mm_3D_glm_InverseVariance \times 0.01466633$ 。训练集中有效组的 Radscore $[0.03(-0.12, 0.21)]$ 明显高于无效组 $[-0.24(-0.36, -0.06)]$, 差异有统计学意义($Z = -4.572, P < 0.001$)。验证集中有效组的 Radscore $[-0.03(-0.15, 0.15)]$ 明显高于无效组 $[-0.19(-0.30, -0.08)]$, 差异亦有统计学意义($Z = -3.216, P < 0.001$)。

深度学习特征依据 f1 到 f512 依次命名, 纳入 413 个 $ICC > 0.75$ 的深度学习特征。经过 LASSO 回归分析, 当 λ 值为 0.1371363 时得到 6 个系数非零最佳深度学习特征(图 3)。对 6 个特征进行回归系数加权后得到深度学习得分为 $Deepscore = -0.08449667 - 0.01013450 \times f61 - 0.08460169 \times f324 - 0.00107008 \times f348 + 0.16836871 \times f369 - 0.04141898 \times f404 - 0.08245554 \times f409$ 。训练集中有效组的 Deepscore $[0.08(-0.13, 0.24)]$ 显著高于无效组 $[-0.25(-0.39, -0.14)]$, 差异有统计学意义($Z = -5.071, P < 0.001$)。验证集中有效组的 Deepscore $[0.02(-0.15, 0.16)]$ 显著高于无效组 $[-0.22(-0.42, -0.07)]$, 差异亦有统计学意义($Z = -3.041, P = 0.003$)。

3. 预测模型建立

对患者临床资料、Radscore、Deepscore 分别行单因素分析, 结果显示 TNM 分期(Ⅳ期)、是否化疗(是)、Radscore 及 Deepscore 有统计学意义($P < 0.05$, 表 2)。

表 2 单因素分析结果

指标	OR(95%CI)	P
年龄	0.98(0.93, 1.03)	0.427
性别(女)	1.25 (0.50, 3.11)	0.635
肿瘤位置(胸上段)	3.55 (0.32, 39.14)	0.302
肿瘤位置(胸中段)	2.38 (0.23, 24.42)	0.466
肿瘤位置(胸下段)	3.86 (0.33, 45.57)	0.284
T 分期(T4)	0.46 (0.20, 1.08)	0.075
N 分期(N1)	0.31 (0.10, 0.98)	0.056
N 分期(N2)	0.34(0.09, 1.34)	0.122
TNM 分期(Ⅳ期)	0.35 (0.15, 0.83)	0.018
放疗剂量	0.96(0.89, 1.03)	0.254
是否化疗(是)	3.34(1.22, 9.7)	0.020
Radscore	97.48(10.51, 904.26)	<0.001
Deepscore	113.76 (14.68, 881.44)	<0.001

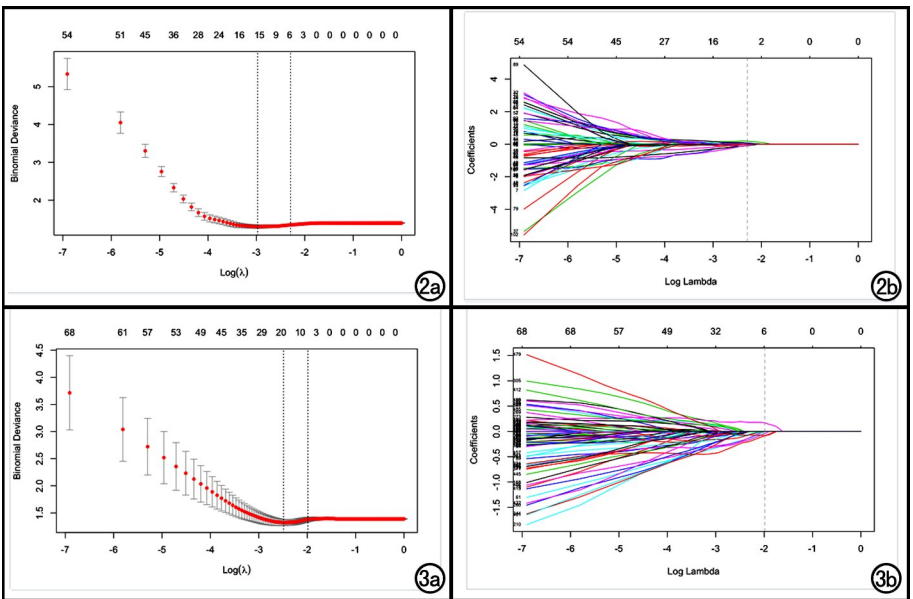


图 2 LASSO 回归参数图。a)5 折交叉验证得到参数 λ 值, 左右两条虚线分别为 LASSO 均方误差最小值对应的 λ 值和最小误差 1 倍标准差对应的 λ 值; b)影像组学特征的 LASSO 系数曲线, 在均方误差最小值 1 倍标准差处绘制虚线得到 6 个影像组学特征。

图 3 LASSO 回归参数图。a)5 折交叉验证得到参数 λ 值, 左右两条虚线分别为 LASSO 均方误差最小值对应的 λ 值和最小误差 1 倍标准差对应的 λ 值; b)深度学习特征的 LASSO 系数曲线, 在均方误差最小值 1 倍标准差处绘制虚线得到 6 个深度学习特征。

基于单因素分析结果, 分别对临床模型、影像组学模型及联合模型进一步行多因素分析, 结果显示 TNM 分期(Ⅳ期)、是否化疗(是)为临床模型的独立预测因子, TNM 分期(Ⅳ期)、Radscore 是影像组学模型的独立预测因子, TNM 分期(Ⅳ期)、Radscore 及 Deepscore 是联合模型的独立预测因子(表 3)。基于上述独立预测因素, 利用赤池信息量准则为停止规则, 对筛选出的变量进行后向逐步选择, 分别建立 3 种 logistic 回归模型。

4. 模型比较

临床模型、影像组学模型以及联合模型在训练集与验证集中的诊断效能见表 4。联合模型在训练集中预测食管鳞癌患者放疗近期疗效的 AUC 值为 0.904, 显著高于影像组学模型($AUC = 0.814, Z = -2.851, P = 0.004$)以及临床模型($AUC = 0.662, Z = -4.865, P < 0.001$, 图 4a)。联合模型在验证集中预测食管鳞癌患者放疗近期疗效的 AUC 值为 0.938, 显著高于临床模型($AUC = 0.644$), 差异有统计学意义($Z = -3.36, P < 0.001$); 高于影像组学模型($AUC = 0.852$), 但差异无统计学意义($Z = -1.692, P = 0.091$, 图 4b)。

对表现最好的联合模型绘制列线图(图 5)。联合预测列线图在训练集和验证集中的校正曲线见图 6,

列线图在训练集和验证集中的预测结果和观察结果均显示出良好的一致性。Hosmer-Lemeshow 检验结果显示联合预测列线图在训练集和验证集中拟合优度检验结果差异均无统计学意义($X=8.628, 5.836, P=0.375, 0.666$),表明列线图预测结果没有偏离完美拟合。决策曲线分析结果显示在 0.1~0.9 和 0.97~0.99 的阈值范围内使用联合预测列线图获得的临床受益要高于临床模型和影像组学模型(图 7)。

讨 论

随着食管癌患者人数的逐年递增,临床迫切需要一种便捷、可靠的诊断方法来预测食管癌放疗的近期疗效。本研究基于临床指标、影像组学特征及深度学习特征开发并建立了联合模型,用于食管鳞癌放疗近期疗效的预测。联合模型中包含 TNM 分期、Rad-

score 和 Deepscore 等 3 个指标,结果显示联合模型在训练集与验证集中的 AUC 分别达到 0.904 和 0.938,表明联合模型能够准确预测食管鳞癌患者放疗的近期疗效,有助于食管鳞癌患者个体化治疗方案的制定。

目前,已有研究通过影像组学对食管癌放化疗疗效进行预测^[9-11]。Luo 等^[9]从 CT 图像中基于 7 个影像组学特征建立 Radscore,并发现 TNM 分期和 Radscore 是预测食管癌放化疗疗效的独立预测因子。本研究筛选出 6 个影像组学特征计算得到 Radscore,并发现 TNM 分期(Ⅳ期)和 Radscore 是影像组学模型的独立预测因子,结果与既往研究相似。TNM 分期是临床医生判断食管癌患者预后的一项重要指标。TNM Ⅳ期表示病变浸润到外膜以外的组织,有淋巴结转移,且存在远处器官转移,意味着患者已处于食管癌晚期,其治疗效果往往较差。相关研究显示对 Rad-

表 3 3 种模型多因素分析结果

指标	临床模型		影像组学模型		联合模型	
	OR(95%CI)	P	OR(95%CI)	P	OR(95%CI)	P
TNM 分期(Ⅳ期)	0.35(0.14,0.85)	0.021	0.29(0.10,0.82)	0.020	0.22(0.06,0.78)	0.020
是否化疗(是)	3.45 (1.19,10.02)	0.023	2.64(0.81,8.61)	0.106	1.86(0.47,7.37)	0.376
Radscore	NA	NA	95.15 (9.42,961.03)	<0.001	168.74 (9.4,3030.58)	0.001
Deepscore	NA	NA	NA	NA	179.36(13.43,2396.21)	<0.001

表 4 3 种模型在训练集与验证集中的诊断效能

模型	训练集				验证集			
	AUC	95%CI	敏感度	特异度	AUC	95%CI	敏感度	特异度
临床模型	0.662	0.562~0.762	0.609	0.640	0.644	0.482~0.805	1.000	0.227
影像组学模型	0.814	0.731~0.898	0.696	0.800	0.852	0.728~0.976	0.895	0.773
联合模型	0.904	0.842~0.965	0.913	0.800	0.938	0.864~1.000	0.842	0.955

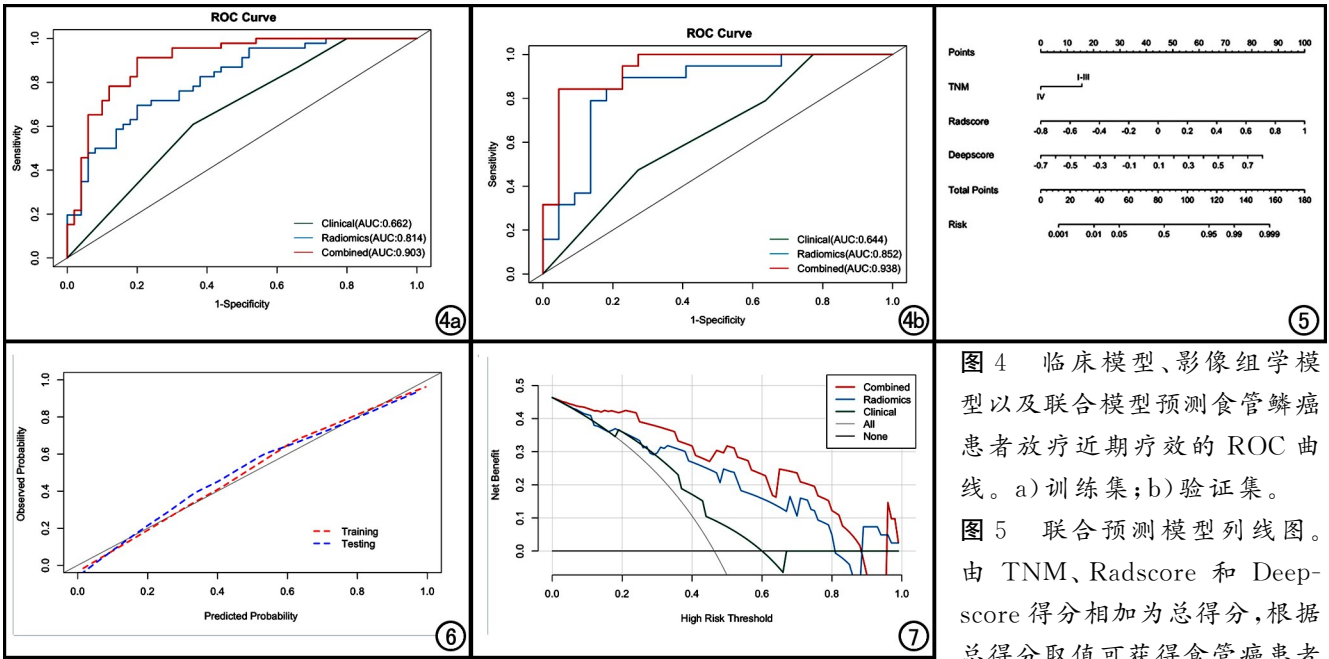


图 4 临床模型、影像组学模型以及联合模型预测食管鳞癌患者放疗近期疗效的 ROC 曲线。a) 训练集; b) 验证集。
图 5 联合预测模型列线图。由 TNM、Radscore 和 Deepscore 得分相加为总得分,根据总得分取值可获得食管癌患者

放疗近期有效的概率。图 6 列线图校准曲线。图 7 3 种模型在验证集上的决策曲线。All 假设所有患者均接受放疗, None 假设所有患者均不接受放疗。

score 有贡献的 6 个影像组学特征均属于灰度共生矩阵,该类特征能够反映肿瘤整体的异质性^[12-13],研究结果提示 2 组患者在肿瘤异质性上存在差异。造成异质性差异的因素可能与肿瘤内血流灌注情况、血管分布情况、细胞增殖和坏死等因素有关^[14-15]。

既往研究大多单纯利用影像组学对食管癌患者近期疗效进行预测,但影像组学特征均由人为定义,其能够反映的图像细节较为有限。这导致影像组学模型的预测准确度难以满足临床需要。深度学习通过数据进行自主学习摆脱了人工定义的限制,并在医学图像分析领域取得巨大成功^[16-17]。已有研究证实深度学习特征能够提高影像组学模型的精确度^[18-19]。目前,尚未有研究利用深度学习特征对食管鳞癌放疗近期疗效进行预测。因此,本研究通过 ResNet18 深度学习网络进行深度特征提取,利用 LASSO 回归筛选出 6 个最佳深度特征计算得到 Deepscore。结果显示训练集和验证集中有效组的 Deepscore 均显著高于无效组。多因素分析结果显示 Deepscore 是食管鳞癌患者放疗近期疗效的独立预测因子。上述结果表明深度特征能够对食管鳞癌放疗近期疗效进行预测。本研究联合 Deepscore、TNM 分期与 Radscore 建立联合模型,结果显示联合模型在训练集中预测食管鳞癌患者放疗近期疗效的 AUC 为 0.904,显著高于影像组学模型(AUC=0.814)。验证集中联合模型的 AUC 为 0.938,高于影像组学模型(0.852),但 AUC 差异无统计学意义($P>0.05$),这可能与验证集样本量较小有关。DCA 曲线分析结果显示联合模型在验证集中的 AUC 要大于临床模型和影像组学模型,在 0.1~0.9 和 0.97~0.99 的阈值范围内联合模型具有更好的临床实用性,表明深度学习特征能够进一步提高预测模型的诊断效能和临床实用性。

本研究存在以下局限性:①本研究仅纳入单中心数据,研究结果需要外部数据验证;②本研究的数据量较小,扩大数据量能够进一步提升模型性能;③本研究中 ROI 为医生手动勾画,特征提取的稳定性受人为因素制约。

综上所述,基于 CT 影像组学和深度学习特征开发的联合预测列线图能够准确地预测食管癌放疗近期疗效,可以为临床提供一种快捷、无创且有效的预测手段。

参考文献:

[1] Bray F, Ferlay J, Soerjomataram I, et al. Global cancer statistics 2018: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries[J]. CA Cancer J Clin, 2018, 68(6):394-424.

[2] Xie CY, Hu YH, Ho JW, et al. Using genomics feature selection method in radiomics pipeline improves prognostication performance in locally advanced esophageal squamous cell carcinoma—a pi-

lot study[J]. Cancers (Basel), 2021, 13(9):2145.

[3] Ajani JA, D'Amico TA, Bentrem DJ, et al. Esophageal and esophagogastric junction cancers, Version 2.2019, NCCN clinical practice guidelines in oncology[J]. J Natl Compr Canc Netw, 2019, 17(7):855-883.

[4] Van Hagen P, Hulshof MC, Van Lanschot JJ, et al. Preoperative chemoradiotherapy for esophageal or junctional cancer[J]. N Engl J Med, 2012, 366(22):2074-2084.

[5] Li S, Liu H, Diao C, et al. Prognosis of surgery combined with different adjuvant therapies in esophageal cancer treatment: a network meta-analysis[J]. Oncotarget, 2017, 8(22):36339-36353.

[6] An D, Cao Q, Su N, et al. Response prediction to concurrent chemoradiotherapy in esophageal squamous cell carcinoma using delta-radiomics based on sequential whole-tumor ADC map[J]. Front Oncol, 2022, 12(3):787489.

[7] 韩英, 何生, 姜增誉, 等. 人工智能在乳腺影像领域的应用现状[J]. 放射学实践, 2019, 34(7):813-816.

[8] Divya D, Ganeshbabu TR. Fitness adaptive deer hunting-based region growing and recurrent neural network for melanoma skin cancer detection[J]. Int J Imaging Syst Technol, 2020, 30(3):731-752.

[9] Luo HS, Huang SF, Xu HY, et al. A nomogram based on pretreatment CT radiomics features for predicting complete response to chemoradiotherapy in patients with esophageal squamous cell cancer[J]. Radiat Oncol, 2020, 15(1):249.

[10] 李定杰, 吴慧, 刘如, 等. 基于诊断 CT 影像组学对食管癌放疗疗效早期评估[J]. 中华放射肿瘤学杂志, 2019, 33(10):731-734.

[11] Cao Q, Li Y, Li Z, et al. Development and validation of a radiomics signature on differentially expressed features of ¹⁸F-FDG PET to predict treatment response of concurrent chemoradiotherapy in thoracic esophagus squamous cell carcinoma[J]. Radiother Oncol, 2020, 146(5):9-15.

[12] 丁治民, 翟建, 陈基明, 等. 基于常规 MRI 纹理分析技术鉴别良恶性软组织肿瘤[J]. 放射学实践, 2020, 35(4):532-537.

[13] 邱钱赛, 冯峰. 孤立性肺结节影像学异质性的研究进展[J]. 放射学实践, 2019, 34(2):212-215.

[14] Yun G, Kim YH, Lee YJ, et al. Tumor heterogeneity of pancreas head cancer assessed by CT texture analysis: association with survival outcomes after curative resection[J]. Sci Rep, 2018, 8(1):7226.

[15] 高先聪, 黄栋有. 基于乳腺 X 线图像不同区域的纹理分析鉴别乳腺肿块良恶性[J]. 放射学实践, 2020, 35(8):1037-1041.

[16] Sun RJ, Fang MJ, Tang L, et al. CT-based deep learning radiomics analysis for evaluation of serosa invasion in advanced gastric cancer[J]. Eur J Radiol, 2020, 132(11):109277.

[17] Ding Y, Sohn JH, Kawczynski MG, et al. A deep learning model to predict a diagnosis of Alzheimer disease by using ¹⁸F-FDG PET of the brain[J]. Radiology, 2019, 290(2):456-464.

[18] Ran J, Cao R, Cai J, et al. Development and validation of a nomogram for preoperative prediction of lymph node metastasis in lung adenocarcinoma based on radiomics signature and deep learning signature[J]. Front Oncol, 2021, 11(4):585942.

[19] 黄栋有, 牛磊, 徐璐, 等. 联合 CT 影像组学与深度学习特征建立列线图预测肺腺癌表皮生长因子受体突变[J]. 实用放射学杂志, 2022, 38(10):1598-1602, 1632.