doi:10.11659/jjssx.11E021172

·临床研究·

基于常规 MRI 的影像组学预测脑胶质瘤 IDH 突变的效果分析

杨 靖[1],李 可[1],敬 洋[2],王 芳[2],陈 伟[1] [1.陆军军医大学第一附属医院放射科,重庆 400038;2.慧影医疗科技(北京)股份有限公司科研组,北京 100192]

[摘 要] **目的** 探讨基于常规 MRI 的影像组学分析预测脑胶质瘤 IDH 突变的效果。**方法** 回顾性分析经术后病理证实的 172 例脑胶质瘤患者(82 例突变型和 90 例野生型)的临床资料。所有患者术前均行增强 MRI 检查,术后病理对 IDH 进行分子检测。由 2 名神经影像医师在 FLAIR 和 T1 加权对比增强(CE-T1WI)序列上逐层勾画肿瘤实体及周围水肿病灶,采用组内相关系数(ICC)评价 2 名医师分别勾画的感兴趣区域组学特征一致性,然后提取影像特征。分别使用方差阈值法、单变量特征选择法、最小绝对收缩和选择算子(LASSO)对组学特征进行筛选和降维。采用 χ^2 检验或 *Fisher* 精确检验评价 2 组胶质瘤影像学特征的统计学差异。采用五折交叉验证法的分类方式,通过 *Logistic* 回归分析建立放射组学模型,采用诺莫图展示模型结果,采用校准曲线验证模型的可靠性。**结果** 在 CE-T1WI 序列筛选出 13 个组学特征,在 FLAIR 序列筛选出 7 个组学特征。癫痫、WHO 分级、影像所见强化和水肿对于 IDH 突变状态预测具有统计学意义($P<0.05$)。影像组学模型在训练集中的 *AUC* 为 0.833(95% *CI*:0.778~0.889),在测试集中的 *AUC* 为 0.753(95% *CI*:0.628~0.895)。**结论** 影像组学在预测脑胶质瘤 IDH 突变方面具有较好的性能。

[关键词] 脑胶质瘤;IDH 突变;影像组学;MRI

[中图分类号] R739.41 [文献标识码] A [收稿日期] 2021-11-29

Effect of radiomics based on conventional MRI in predicting IDH mutation in glioma

YANG Jing[1], LI Ke[1], JING Yang[2], WANG Fang[2], CHEN Wei[1] (1 Department of Radiology, First Affiliated Hospital of Army Medical University, Chongqing 400038, China; 2. Scientific Research Group of Huiying Medical Technology (Beijing) Co., Ltd., Beijing 100192, China)

Abstract: Objective To evaluate the effect of radiomics based on conventional MRI in predicting IDH mutation in glioma. **Methods** The clinical data of 172 glioma patients (82 cases of IDH-mutant type and 90 cases of IDH-wild type) confirmed by postoperative pathology were analyzed retrospectively. All patients underwent preoperative enhanced MRI examination and postoperative pathology for molecular detection of IDH. The tumor entity and the surrounding edema lesions were delineated layer by layer by two neuroimaging physicians on FLAIR and T1-weighted contrast-enhanced (CE-T1WI) sequences, and the intra-group correlation coefficient (ICC) was used to evaluate the consistency of radiomics features of the regions of interest delineated by the two physicians respectively, and then the image features were extracted. The variance threshold method, univariate feature selection, and least absolute shrinkage and selection operator (LASSO) were used to screen and reduce the dimension of the radiomics features, respectively. The χ^2 test or *Fisher* exact test was used to evaluate the statistical differences in the imaging features of glioma between the two groups. The radiomics model was established by *Logistic* regression analysis using the classification method of five-fold cross-validation, the results of the model were displayed by Nomogram, and the reliability of the model was verified by calibration curve. **Results** A total of 13 radiomics features were screened from the CE-T1WI sequence and 7 radiomics features were screened from the FLAIR sequence. Epilepsy, WHO grade, image enhancement and edema had statistically significance for IDH mutation status prediction ($P<0.05$). The *area under the curve* (*AUC*) of the radiomics model was 0.833(95% *CI*:0.778 to 0.889) in the training set and 0.753(95% *CI*:0.628 to 0.895) in the test set. **Conclusion** Radiomics has good performance in predicting the IDH mutation in glioma.

Keywords: glioma; IDH mutation; radiomics; MRI

脑胶质瘤是最常见的原发性颅内肿瘤,占成人恶性原发性脑肿瘤的 75%,发病率及病死率较高[1-3]。2016 年 WHO 中枢神经系统指南表明,胶质瘤的诊断应主要基于分子生物标志物[4]。IDH 突变在脑胶质瘤的分型中尤为重要,2021 版 WHO 分型更强调了 IDH 突变在分型中的重要性[5]。有研究表明,IDH 突变型脑胶质瘤患者的预后优于 IDH 野生型患者[6-7]。因此,研究 IDH 突变对于临床具有重要意义,术前准确识别脑胶质瘤患者的 IDH 突变状态对于预测其预后和设计个性化治疗策略至关重要。

[基金项目] 重庆市社会事业与民生保障科技创新专项重点研发项目(cstc2017shms-zdyfX0015)

[通信作者] 陈 伟,E-mail:landcw@hotmail.com

免疫组织化学和基因组序列分析可以检测术后 IDH 突变状态[8],但目前尚无术前检测 IDH 突变状态的标准。多种常规和定量 MRI 方法已被纳入放射组学用于预测 IDH 突变状态[9-10],这类方法具有较高的可靠性,但需要先进的成像技术、复杂的操作方法和后处理技术,不利于临床应用。因此,本研究提取常规 MRI 特征,利用影像组学建立术前预测模型,评估基于常规 MRI 的影像组学分析预测脑胶质瘤 IDH 突变的效果,以期实现术前准确、无创地预测 IDH 突变状态。

1 资料与方法

1.1 临床资料

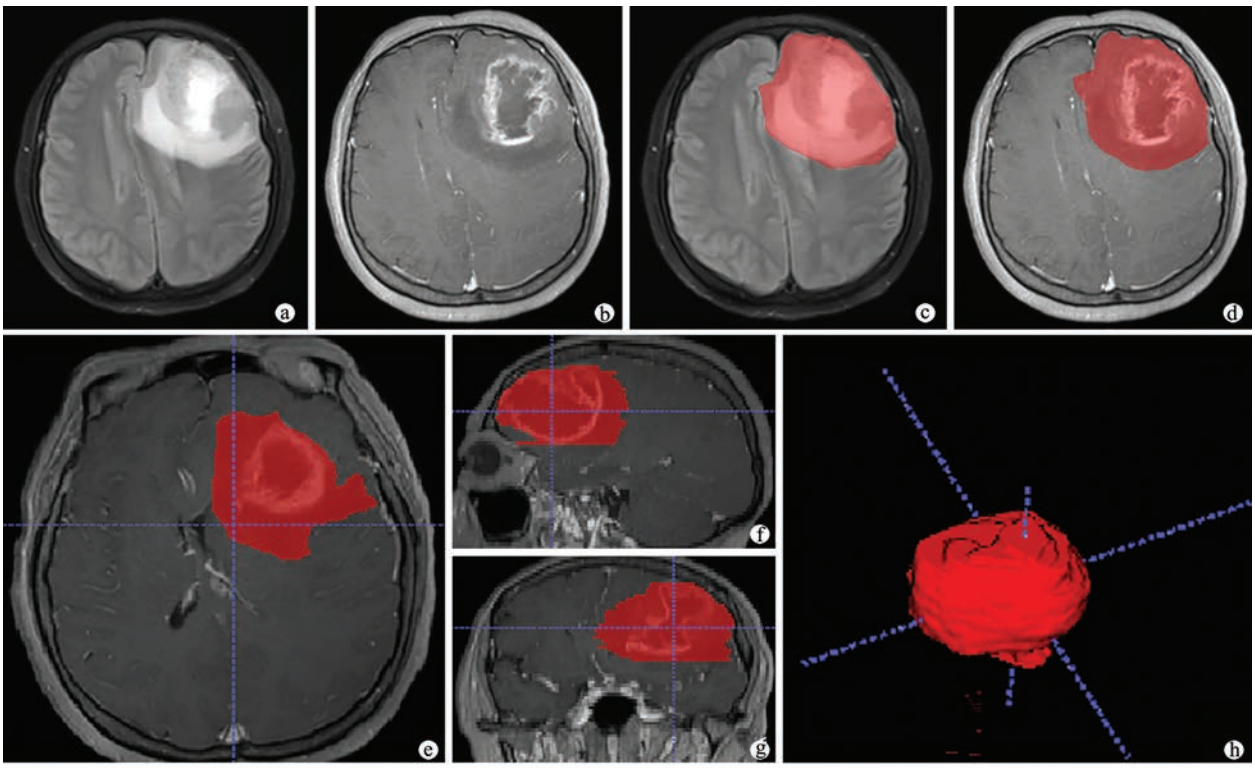
回顾性分析 2016 年 1 月至 2019 年 12 月陆军军医大学第一附属医院 259 例脑胶质瘤患者的临床资料。纳入标准:①经术后病理证实为脑胶质瘤;②术前 1 周行增强 MRI 扫描;③患者病理报告包含 IDH 基因型信息,IDH 基因突变信息由分子检测确定。排除标准:①伴有其他全身性疾病;②MRI 序列中缺少 FLAIR 或 CE-T1WI 序列;③图像质量欠佳,影响观察及勾画。最终共 172 例患者纳入本研究(82 例 IDH 突变型和 90 例 IDH 野生型)。本研究获得了陆军军医大学第一附属医院伦理委员会的批准(批准号:KY2020038),并免除了患者知情同意要求。

1.2 MRI 图像采集

所有患者都经 3T TrioTim 磁共振成像系统(德国,西门子)8 通道头矩阵线圈扫描,磁共振成像包括以下序列:T1WI、T2WI、FLAIR 和 CE-T1WI。分割或标记的顺序如下:轴向 FLAIR(TE = 76 ms/2 680 ms,TR = 7 800 ms,采集矩阵 = 256 × 192,视场 = 240 × 240,切片厚度 5 mm);CE-T1WI(TE = 3 ms,TR = 459 ms,采集矩阵 = 320 × 218,视场 = 216 × 218,切片厚度 2 mm)。

1.3 图像分割和特征提取

所有 MRI 数据均上传至 RadCloud 平台[慧影医疗科技(北京)股份有限公司]进行感兴趣区域勾画,选择 FLAIR 和 CE-T1WI 图像进行图像分割。FLAIR 可显示肿瘤水肿及病灶范围[11],CE-T1WI 可显示肿瘤实质及坏死改变[12]。根据勾画标准[13]并结合实际操作可能性,本研究选择对脑胶质瘤整个病灶(包括水肿)进行勾画。由 2 名神经影像医师采用盲法(不知道患者临床信息及病理结果)对病灶进行半自动勾画,并直观比较勾画结果,如果有差异则由这 2 名医师讨论后得出最终感兴趣区域勾画结果。采用组内相关系数(intra-group correlation coefficient,ICC)评价 2 名医师分别勾画的感兴趣区域组学特征的一致性,将比较讨论后得出的最终勾画数据进行特征提取及组学分析。感兴趣区域勾画的示例见图 1。



a:原始 FLAIR 图像;b:原始 CE-T1WI 图像;c:在 FLAIR 上勾画病灶;d:在 CE-T1W 上勾画病灶;e~h:将勾画的图像进行三维重建,证明最终勾画的是感兴趣区域的三维立体图像

图 1 FLAIR 和 CE-T1WI 中的感兴趣区域勾画示例

1.4 放射特征选择和模型构建

为了避免模型过拟合和多重共线性的问题,采用以下三种方法对提取的 MRI 特征进行降维:首先,采用方差阈值法进行特征降维,留下阈值大于 0.8 的特征;其次,利用单变量特征选择法,筛选不显著的特征($P>0.05$ 则删除);最后,通过最小绝对收缩和选择算子(least absolute shrinkage and selection operator, LASSO)选出与 IDH 突变状态最相关的指标,并得到这些指标的权重。上述降维方法集中执行 5 次,采用五折交叉验证法进行统计分析。使用以下公式计算每例患者的放射评分,放射评分作为影像组学特征的综合体现,纳入后续模型构建。放射评分的计算公式为:放射评分 = 截距 + 特征 1 × 相关系数 1 + … + 特征n × 相关系数 n。

诺莫图可以反映各影响因素在脑胶质瘤 IDH 突变预测中的价值,根据诺莫图结果可以证明放射组学特征在预测脑胶质瘤 IDH 突变上起最主要作用。在模型验证过程中,构建模型的诺莫图,并通过接收机工作特性分析评估每个模型的预测能力。此外,绘制校准曲线以评估模型预测的 IDH 突变状态和实际的 IDH 突变状态之间的一致性。

1.5 统计学分析

用 R 软件 3.6.5 对放射组学特征进行统计分析。年龄经正态分布检验为非正态分布数据,采用 *K-W* 检验,其余分类变量采用 χ^2 检验或 *Fisher* 精确检验。采用受试者工作特征(*receiver operating characteristic*, *ROC*)曲线分析计算曲线下面积(*area under the curve*, *AUC*)、精确度、灵敏度、特异度、F1 评分等指标,评价模型的预测效果。$P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 临床特征

IDH 突变型患者和 IDH 野生型患者癫痫、WHO 分级、影像所见强化及水肿比较差异有统计学意义($P<0.05$),而其他临床变量差异无统计学意义($P>0.05$),见表 1。将具有统计学意义的 4 个临床因素纳入临床高危因素,进入后续模型构建。感兴趣区域组学特征的一致性结果显示,CE-T1WI 的 ICC 为 0.78 ~ 1.00,FLAIR 的 ICC 为 0.63 ~ 1.00,一致性较高,勾画结果可以用于后续特征选择分析。

表 1 IDH 野生型与 IDH 突变型患者的临床特征

临床特征		IDH 野生型 (n = 90)	IDH 突变型 (n = 82)	*P*	*SMD*
年龄/岁		41.0 (18.3,55.0)	36.5 (24.0,44.0)	0.184	0.254
性别/例(%)	女	40(44.4)	23(28.0)	0.058	0.346
	男	50(55.6)	59(72.0)		
WHO 分级/例(%)	Ⅰ级	3(3.3)	0(0)	<0.001	1.162
	Ⅱ级	16(17.8)	41(50.0)		
	Ⅲ级	19(21.1)	30(36.6)		
	Ⅳ级	52(57.8)	11(13.4)		
癫痫/例(%)	无	78(86.7)	57(69.5)	0.011	0.424
	有	12(13.3)	25(30.5)		
头痛头晕/例(%)	无	26(28.9)	33(40.2)	0.160	0.240
	有	64(71.1)	49(59.8)		
呕吐/例(%)	无	73(81.1)	74(90.2)	0.139	0.263
	有	17(18.9)	8(9.8)		
认知障碍/例(%)	无	78(86.7)	63(76.8)	0.139	0.257
	有	12(13.3)	19(23.2)		
视力障碍/例(%)	无	79(87.8)	73(89.0)	0.987	0.039
	有	11(12.2)	9(11.0)		
嗅觉障碍/例(%)	无	82(91.1)	80(97.6)	0.139	0.282
	有	8(8.9)	2(2.4)		
运动障碍/例(%)	无	70(77.8)	67(81.7)	0.653	0.098
	有	20(22.2)	15(18.3)		
语言障碍/例(%)	无	78(86.7)	76(92.7)	0.299	0.199
	有	12(13.3)	6(7.3)		
水肿/例(%)	无	20(22.2)	33(40.2)	0.017	0.396
	有	70(77.8)	49(59.8)		
占位效应/例(%)	无	15(16.7)	23(28.0)	0.107	0.276
	有	75(83.3)	59(72.0)		
强化/例(%)	无	9(10.0)	49(59.8)	<0.001	1.224
	有	81(90.0)	33(40.2)		

2.2 特征提取结果

在特征提取中,从每例患者的 FLAIR 和 CE-T1WI 序列上各提取 1 409 个定量放射组学特征,包括 270 个一阶特征、14 个形状特征、360 个灰度共生矩阵特征、210 个灰度相关矩阵(GLDM)特征、240 个灰度游程矩阵(GLRLM)特征、75 个邻域灰度差矩阵(NGTDM)特征和 240 个灰度大小区域矩阵(GLSZM)特征。采用方差阈值法、单变量特征选择法和 LASSO 对图像特征进行降维,最终共选出 20 个最显著特征。最终选出的 20 个特征见表 2,特征选择采用的 LASSO 方法见图 2。

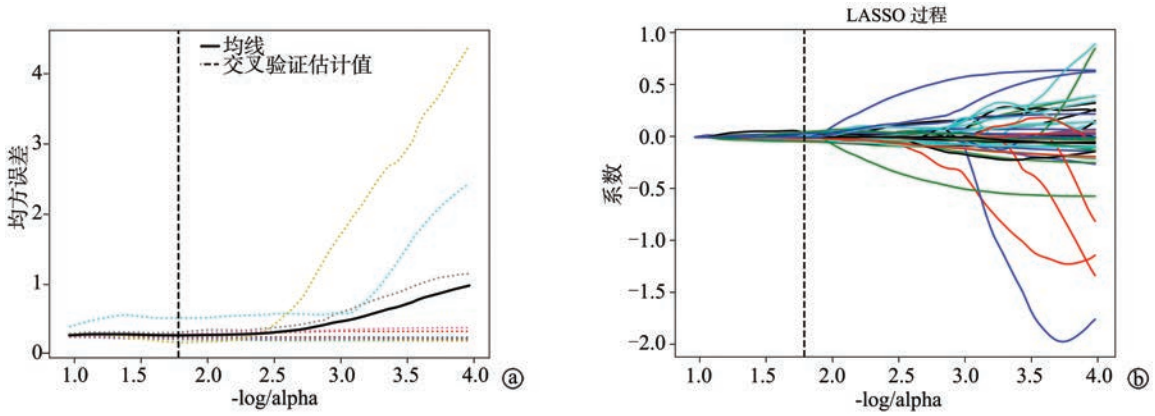
2.3 模型的建立及评估

基于筛选得到的 2 个序列的组学特征以及 4 个临

床高危因素建立多因素 *Logistic* 回归模型,基于 2 个序列筛选得到的组学特征建立单因素 *Logistic* 回归模型,分别是单因素(FLAIR)组学特征 *Logistic* 回归模型、单因素(CE-T1WI)组学特征 *Logistic* 回归模型。结果显示影像组学特征联合临床高危因素的多因素 *Logistic* 回归模型拥有更好的诊断效能。多因素 *Logistic* 回归模型的诺莫图见图 3,模型的具体参数见表 3。多因素 *Logistic* 回归模型在训练集中的 *AUC* 为 0.833(95% *CI*:0.778 ~ 0.889),在测试集中的 *AUC* 为 0.753(95% *CI*:0.628 ~ 0.895),见图 4、表 4。结果表明,放射评分、WHO 分级、影像所见强化及水肿皆与 IDH 突变相关,从训练集与测试集的诺莫图可以看出,放射评分与 IDH 突变密切相关;基于 FLAIR 与 T1 增强的多因素 *Logistic* 回归结果优于单因素 *Logistic* 回归模型,同时也表明基于常规 MRI 序列的影像组学模型对 IDH 突变状态的预测效果较好。

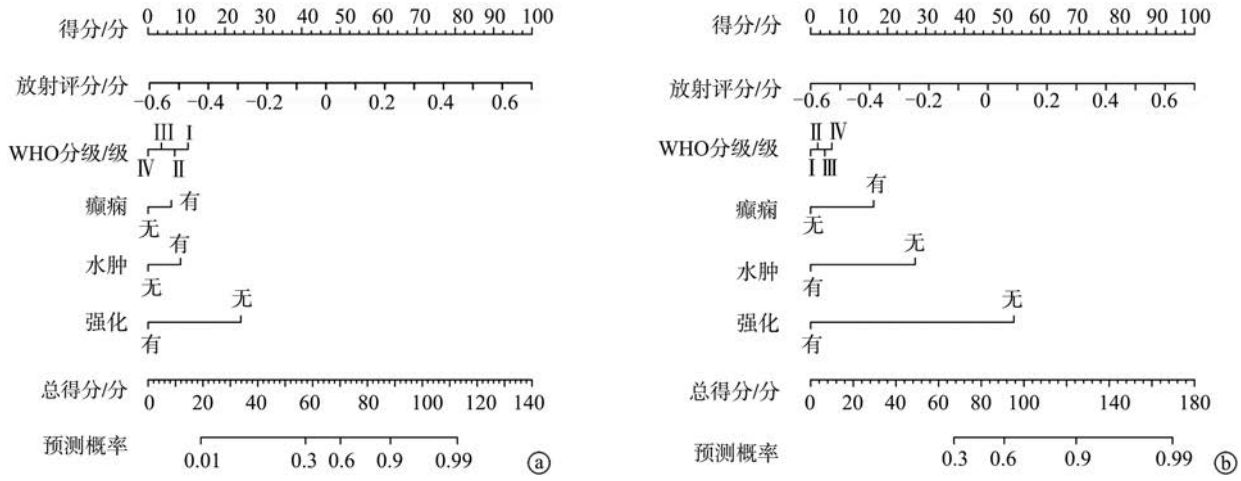
表 2 最终选出的最显著特征

	特征名称	系数
1	wavelet-LHH_gldm_DependenceVariance_tumor_T1	-0.031 804 512
2	wavelet-HLL_firstorder_Kurtosis_tumor_T1	0.010 067 633
3	gradient_firstorder_Skewness_tumor_T1	0.022 392 519
4	wavelet-LLH_firstorder_Kurtosis_tumor_T1	-0.039 690 517
5	wavelet-LHL_firstorder_Median_tumor_Flair	-0.041 526 584
6	exponential_gldm_LowGrayLevelEmphasis_tumor_T1	0.045 364 992
7	exponential_glcm_InverseVariance_tumor_T1	-0.034 736 814
8	original_firstorder_Skewness_tumor_Flair	-0.044 511 818
9	wavelet-LHH_glrlm_RunEntropy_tumor_T1	0.017 121 623
10	wavelet-HLH_glcm_Correlation_tumor_T1	-0.007 920 622
11	wavelet-LHL_firstorder_Skewness_tumor_Flair	0.036 416 477
12	wavelet-HHH_glcm_Correlation_tumor_T1	-0.020 010 370
13	exponential_glrlm_LowGrayLevelRunEmphasis_tumor_T1	0.021 902 901
14	lbp-2D_glrlm_RunLengthNonUniformity_tumor_T1	0.037 737 788
15	lbp-2D_glrlm_ShortRunLowGrayLevelEmphasis_tumor_Flair	0.037 106 673
16	lbp-2D_glrlm_ShortRunHighGrayLevelEmphasis_tumor_Flair	0.000 000 001
17	lbp-2D_firstorder_RobustMeanAbsoluteDeviation_tumor_Flair	-0.001 390 923
18	wavelet-LHL_firstorder_Kurtosis_tumor_T1	0.037 260 200
19	original_gldm_DependenceVariance_tumor_T1	0.050 395 016
20	wavelet-HLL_firstorder_Median_tumor_Flair	-0.009 895 303



a:LASSO 回归模型中采用 10 倍交叉验证选择最佳调优参数(λ);b:利用 λ 获得 20 个非零系数影像组学特征(每条彩线代表其系数的变化情况)

图 2 特征提取 LASSO 回归图



a:训练集;b:测试集

图 3 多因素 *Logistic* 回归模型的诺莫图

表3 多因素 *Logistic* 回归模型的具体参数

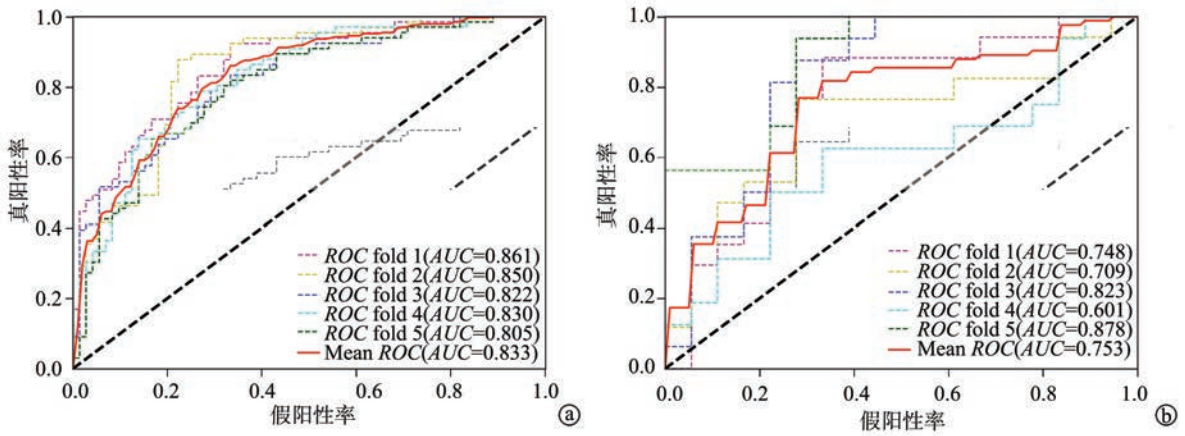
数据集	变量	相关系数	标准误	*Z*	*P*
训练集	截距	1.783	0.935	1.910	0.056
	放射评分	7.558	1.928	3.920	<0.001
	癫痫	0.594	0.566	1.050	0.294
	WHO 分级	−0.340	0.292	−1.160	0.244
	水肿	0.835	0.628	1.320	0.186
	强化	−2.375	0.593	−4.010	<0.001
测试集	截距	2.196	1.616	1.360	0.174
	放射评分	4.084	3.164	1.290	<0.001
	癫痫	0.871	1.471	0.590	0.554
	WHO 分级	0.098	0.641	0.150	0.879
	水肿	−1.445	1.016	−1.420	0.155
	强化	−2.811	1.230	−2.290	0.022

2.4 模型的验证

本研究中,校准曲线显示模型在训练集和测试集中的预测情况与实际情况的吻合度高,说明模型预测的脑胶质瘤 IDH 突变与临床实际符合度高,本模型的准确性及可靠性较高。校准曲线见图5。

3 讨论

本研究成功构建了基于常规 MRI 影像组学特征的高性能模型,以预测胶质瘤 IDH 突变状态,达到术前准确、无创预测的目的。在感兴趣区域勾画时,本研究为证明不同医师勾画结果的一致性,采用ICC检验

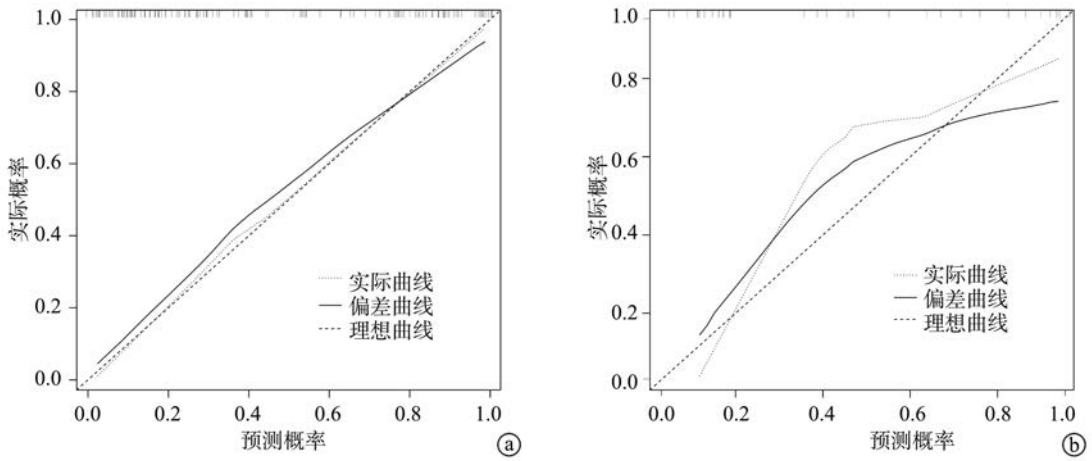


a:训练集;b:测试集

图4 多因素 *Logistic* 回归模型的 *ROC* 曲线

表4 模型结果

数据集	模型	*AUC*	95% *CI*	*ACC*	精确度	灵敏度	特异度	*F*
训练集	FLAIR	0.781	0.712~0.854	0.720	0.711	0.713	0.726	0.712
	CE-T1WI	0.809	0.757~0.869	0.702	0.703	0.650	0.75	0.675
	FLAIR+CE-T1WI	0.833	0.778~0.889	0.746	0.739	0.728	0.767	0.730
测试集	FLAIR	0.709	0.586~0.894	0.626	0.649	0.551	0.696	0.589
	CE-T1WI	0.732	0.590~0.868	0.663	0.664	0.598	0.722	0.627
	FLAIR+CE-T1WI	0.753	0.628~0.895	0.680	0.679	0.621	0.733	0.644



a:训练集;b:测试集

图5 预测模型的校准曲线

评估了不同医师的勾画结果,结果显示一致性良好。在模型构建时,本研究设计了 3 个模型进行对比分析。以上结果表明,影像组学模型在预测脑胶质瘤 IDH 突变状态方面具有较好的诊断效能,通过构建诺莫图发现,影像组学特征在脑胶质瘤 IDH 突变预测中具有重要价值。同时,本研究采用校准曲线来验证模型预测结果与实际结果的吻合程度,结果显示该模型在脑胶质瘤 IDH 预测中的准确性、可靠性较高。

影像组学通过高通量提取图像特征,并使用生物信息学工具将数字图像转换为可挖掘的数据进行分析[14]。有研究显示,放射组学在识别预后、预测生物标志物以及预测分子亚群和通路活动方面具有较大潜力[15-16]。已有许多影像组学方面的研究集中于预测胶质瘤中的 IDH 突变状态。一项荟萃分析显示,在训练集中预测 IDH 突变的敏感性和特异性分别为 0.88 和 0.86,在验证集中则分别为 0.83 和 0.85[17],结果表明影像组学在术前预测胶质瘤 IDH 突变方面具有较高的诊断准确性,证明构建胶质瘤术前预测模型具有可行性。同时,有研究采用 2HG 磁共振波谱进行建模,因为其具有更高的综合灵敏度[18-19]。因 IDH 突变与 2HG 直接相关,突变的 IDH 蛋白会产生假定的肿瘤代谢物 D-2HG[20]。磁共振波谱作为一种预测 IDH 突变的无创方法,因其诊断准确性高而引起了放射科医生的关注。以往的影像组学模型在肿瘤分级、分类和侵袭性测定中显示出较高的诊断性能。然而,这些研究采用的序列复杂,MRI 采集时间长,对技师的要求高,导致此类研究在临床大范围推广受限。考虑到以前研究的局限性,本研究使用 FLAIR 和 CE-T1WI 等常规序列开发了一个多参数磁共振影像组学模型。结果表明,该影像组学模型的精确度、灵敏度和特异度均较高,利于临床推广及应用。

近年来,多参数影像组学模型引起了放射医学研究界的关注。近期的一项研究表明,在 127 例低级别胶质瘤患者中,多参数磁共振影像组学模型在肿瘤分级和 IDH 突变状态的诊断性能方面有所提高[21]。另一项研究显示,多参数磁共振成像的影像组学特征预测胶质瘤 IDH 基因型的准确性为 0.823,*AUC* 为 0.770[22]。与单因素模型相比,多因素模型往往更准确,具有更好的诊断性能。本研究使用常规的磁共振 FLAIR 和 CE-T1WI 两个序列,与其他先进的成像技术相比,这两种序列很常见,对操作技术要求不高,扫描时间短,可重复性高,因此更利于临床推广。

本研究也存在局限:首先,本研究为单中心临床数据,缺乏外部验证,考虑到这一点,在下一步脑胶质瘤研究中我们将纳入多中心数据;其次,作为一项影像组学研究,本研究样本量较小。但本研究在这一百多例患者的基础上就可以达到准确的 *ROC*,校准曲线也验证了模型的准确性及可靠性,所以还是有一定的参考价值。在未来的研究中,我们会增加多中心数据,延长选择研究对象的时间,扩大样本量。

[参考文献]

[1] Ostrom QT, Gittleman H, Fulop J, et al. CBTRUS statistical report: primary brain and central nervous system tumors diagnosed in the United States in 2008 - 2012[J]. Neuro Oncol, 2015, 17 Suppl 4 (Suppl 4): iv1 - iv62. doi: 10.1093/neuonc/nov189.

[2] Lapointe S, Perry A, Butowski NA. Primary brain tumours in adults[J]. Lancet, 2018, 392 (10145): 432 - 446. doi: 10.1016/s0140 - 6736(18)30990 - 5.

[3] 国家卫生健康委员会医政医管局. 脑胶质瘤诊疗规范(2018 年版)[J]. 中华神经外科杂志, 2019, 35(3): 217 - 239. doi: 10.3760/cma.j.issn.1001 - 2346.2019.03.001.

[4] Louis DN, Perry A, Reifenberger G, et al. The 2016 World Health Organization Classification of Tumors of the Central Nervous System: a summary[J]. Acta Neuropathol, 2016, 131(6): 803 - 820. doi: 10.1007/s00401 - 016 - 1545 - 1.

[5] Louis DN, Perry A, Wesseling P, et al. The 2021 WHO Classification of Tumors of the Central Nervous System: a summary[J]. Neuro Oncol, 2021, 23(8): 1231 - 1251. doi: 10.1093/neuonc/noab106.

[6] Miller JJ, Shih HA, Andronesi OC, et al. Isocitrate dehydrogenase-mutant glioma: evolving clinical and therapeutic implications[J]. Cancer, 2017, 123(23): 4535 - 4546. doi: 10.1002/cncr.31039.

[7] Yan H, Parsons DW, Jin G, et al. IDH1 and IDH2 mutations in gliomas[J]. N Engl J Med, 2009, 360(8): 765 - 773. doi: 10.1056/NEJMoa0808710.

[8] Catteau A, Girardi H, Monville F, et al. A new sensitive PCR assay for one-step detection of 12 IDH1/2 mutations in glioma[J]. Acta Neuropathol Commun, 2014, 2: 58. doi: 10.1186/2051 - 5960 - 2 - 58.

[9] 薛彩强, 柯晓艾, 邓 娟, 等. MRI 征象鉴别 IDH-1 突变型与野生型较低级别胶质瘤[J]. 中国医学物理学杂志, 2020, 37(11): 1384 - 1388. doi: 10.3969/j.issn.1005 - 202X.2020.11.008.

[10] 邓凯吉, 郑晴予, 范淑萍, 等. ADC 三维直方图分析对胶质瘤 IDH1 基因突变的预测研究[J]. 临床放射学杂志, 2021, 40(5): 864 - 869. doi: 10.13437/j.cnki.jcr.2021.05.007.

[11] Soltaninejad M, Yang G, Lambrou T, et al. Automated brain tumour detection and segmentation using superpixel-based extremely randomized trees in FLAIR MRI[J]. Int J Comput Assist Radiol Surg, 2017, 12(2): 183 - 203. doi: 10.1007/s11548 - 016 - 1483 - 3.

[12] Kakite S, Dyvorne HA, LeeK M, et al. Hepatocellular carcinoma: IVIM diffusion quantification for prediction of tumor necrosis compared to enhancement ratios[J]. Eur J Radiol Open, 2016, 3: 1 - 7. doi: 10.1016/j.ejro.2015.11.002.

[13] 胡 斌, 李郁欣. 中枢神经系统肿瘤的 MRI 影像标注专家共识[J]. 国际医学放射学杂志, 2021, 44(4): 378 - 384. doi: 10.19300/j.2021.S19165.

doi:10.11659/jjssx.06E021045

·临床研究·

血清胃泌素-17、胃蛋白酶原联合放大色素内镜诊断早期胃癌的效果分析

索日娜,赵丽萍,李 凤,范 华,郭德煊 (呼和浩特市第一医院消化内科,内蒙古 呼和浩特 010030)

[摘 要] **目的** 探讨血清胃泌素-17(G-17)、胃蛋白酶原(PG)联合放大色素内镜对早期胃癌(EGC)的诊断价值。**方法** 选取行 EGC 筛查的 405 例患者为研究对象,所有患者均行病理活检,根据是否患 EGC 将其分为观察组($n=88$)和对照组($n=317$)。记录所有患者一般资料(年龄、性别、BMI)、血清检测结果(G-17、PGⅠ、PGⅡ)和放大色素内镜检查结果。*Kappa* 系数检验评估放大色素内镜对 EGC 的诊断效能。采用 *Logistic* 回归分析判定 G-17、PGⅠ、PGⅡ、放大色素内镜与 EGC 的关联情况,构建列线图模型,绘制受试者工作特征(*ROC*)曲线评估 PGⅠ、G-17、放大色素内镜及联合 3 种因素构建的列线图模型的诊断能力。**结果** 共有 88 例(21.73%)患者病理检查诊断为 EGC,2 组 G-17、PGⅠ比较,差异具有统计学意义($P<0.05$);放大色素内镜单独诊断 EGC 的灵敏度为 93.22%,特异度为 91.80%,诊断效果较好;多因素 *Logistic* 回归分析显示,PGⅠ $<70\ \mu g\cdot L^{-1}$、G-17 ≥ 12 pmoL·L^{-1}和放大色素内镜诊断为阳性与 EGC 密切相关;基于 3 个因素构建的列线图模型拟合效果良好,*ROC* 曲线下面积(*AUC*)为 0.990(95% *CI*:0.988~0.993),诊断能力显著较高。**结论** 放大色素内镜对 EGC 具有更高的诊断能力,联合 G-17、PGⅠ构建的列线图模型对 EGC 具有更高的诊断能力,可有效提高 EGC 的检出率。

[关键词] 早期胃癌;胃泌素-17;血清胃蛋白酶原;放大色素内镜;列线图模型

[中图分类号] R735.2 [文献标识码] A [收稿日期] 2021-06-10

Effect of serum gastrin-17 and pepsinogen combined with magnifying chromoendoscopy in the diagnosis of early gastric carcinoma

SUO Ri-na, ZHAO Li-ping, LI Feng, FAN Hua, GUO De-xuan (Department of Gastroenterology, Hohhot First Hospital, Hohhot Inner Mongolia 010030, China)

Abstract: Objective To investigate the diagnostic value of serum gastrin-17 (G-17) and pepsinogen (PG) combined with magnifying chromoendoscopy for early gastric carcinoma (EGC). **Methods** A total of 405 patients who underwent EGC screening were selected, and all of them conducted the pathological biopsy. Patients were divided into the observation group ($n=88$) and the control group ($n=317$) according to whether they had EGC. The general information (age, gender, BMI), results of the serum test (G-17, PGⅠ, PGⅡ) and the examination results of magnifying chromoendoscopy of all the patients were recorded. *Kappa* coefficient test was used to evaluate the diagnostic

[基金项目] 呼和浩特市科技计划项目(2018-社-7-2)

[通信作者] 索日娜,E-mail:cfsm@126.com

[14] Gillies RJ, Kinahan PE, Hricak H. Radiomics: images are more than pictures, they are data[J]. Radiology, 2016, 278(2): 563-577. doi: 10.1148/radiol.2015151169.

[15] Kickingereder P, Burth S, Wick A, et al. Radiomic profiling of glioblastoma: identifying an imaging predictor of patient survival with improved performance over established clinical and radiologic risk models[J]. Radiology, 2016, 280(3): 880-889. doi: 10.1148/radiol.2016160845.

[16] 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. doi: 10.1093/neuonc/nox188.

[17] Jian A, Jang K, Manuguerra M, et al. Machine learning for the prediction of molecular markers in glioma on magnetic resonance imaging: a systematic review and meta-analysis[J]. Neurosurgery, 2021, 89(1): 31-44. doi: 10.1093/neuros/nyab103.

[18] Suh CH, Kim HS, Jung SC, et al. 2-Hydroxyglutarate MR spectroscopy for prediction of isocitrate dehydrogenase mutant glioma: a systemic review and meta-analysis using individual patient data[J]. Neuro Oncol, 2018, 20(12): 1573-1583. doi: 10.1093/neuonc/noy113.

[19] 俞梅美,沈慧聪,常天静,等.2-羟基戊二酸联合谷氨酸及谷氨酰胺无创预测低级别胶质瘤异柠檬酸脱氢酶基因突变状态的磁共振波谱研究[J].中华放射学杂志,2021,55(8):823-828. doi:10.3760/cma.j.cn112149-20200930-01129.

[20] Waitkus MS, Diplas BH, Yan H. Biological role and therapeutic potential of IDH mutations in cancer[J]. Cancer Cell, 2018, 34(2): 186-195. doi: 10.1016/j.ccell.2018.04.011.

[21] Kim M, Jung SY, Park JE, et al. Diffusion- and perfusion-weighted MRI radiomics model may predict isocitrate dehydrogenase (IDH) mutation and tumor aggressiveness in diffuse lower grade glioma[J]. Eur Radiol, 2020, 30(4): 2142-2151. doi: 10.1007/s00330-019-06548-3.

[22] Peng H, Huo J, Li B, et al. Predicting isocitrate dehydrogenase (IDH) mutation status in gliomas using multiparameter mri radiomics features[J]. J Magn Reson Imaging, 2021, 53(5): 1399-1407. doi: 10.1002/jmri.27434.

(编辑:贺绍梅)