

· 论著 ·

DOI: 10.12464/j.issn.0253-9802.2025-0098

常规 MRI 影像组学在预测胶质瘤 IDH 分型中的应用

胡文鐘¹, 康晓伟¹, 李艳¹, 吴旭莎¹, 印弘¹, 李陈², 席一斌¹✉

(1. 西安市人民医院(西安市第四医院)医学影像部, 陕西 西安 710004; 2. 空军军医大学西京医院放射科, 陕西 西安 710000)

【摘要】 目的 应用影像组学构建模型, 预测胶质瘤异柠檬酸脱氢酶(IDH)的突变状态。方法 回顾性分析336例胶质瘤患者的术前磁共振成像(MRI)资料, 提取影像特征后构建影像组学模型, 采用受试者工作特征曲线对模型预测IDH突变状态的效能进行评估。结果 对每个序列的影像组学特征进行压缩和选择, 其中T₁WI得到26个影像组学特征, T₂WI得到24个影像组学特征, 增强T₁WI得到12个影像组学特征, 3个序列合并后得到27个影像组学特征。单独序列模型中, T₁WI训练组曲线下面积(AUC)为0.780(95%CI 0.724~0.836), 测试组为0.763(95%CI 0.650~0.876); T₂WI训练组AUC为0.790(95%CI 0.736~0.845), 测试组为0.785(95%CI 0.677~0.893); 增强T₁WI训练组AUC为0.815(95%CI 0.762~0.867), 测试组为0.810(95%CI 0.702~0.918)。而预测效能最好的是基于3个序列联合构建的影像组学模型, 训练组的曲线下面积为0.877(95%CI 0.837~0.917), 测试组的曲线下面积为0.862(95%CI 0.773~0.952)。结论 基于常规MRI的影像组学特征模型可以有效预测胶质瘤IDH基因型, 从而进一步指导临床诊断和治疗, 评估患者预后。

【关键词】 磁共振成像; 影像组学; 异柠檬酸脱氢酶; 胶质瘤

Application of conventional MRI radiomics in predicting glioma IDH classification

HU Wenzhong¹, KANG Xiaowei¹, LI Yan¹, WU Xusha¹, YIN Hong¹, LI Chen², XI Yibin¹✉

(1. Department of Radiology, Xi'an People's Hospital (Xi'an Fourth Hospital), Xi'an 710004, China; 2. Department of Radiology, Xijing Hospital, Air Force Medical University, Xi'an 710000, China)

Corresponding author: XI Yibin, E-mail: xyb1113@qq.com

【Abstract】 **Objective** To construct a model using radiomics to predict the mutation status of isocitrate dehydrogenase (IDH) in gliomas. **Methods** A retrospective analysis was conducted on preoperative magnetic resonance imaging (MRI) images of 336 glioma patients, and imaging features were extracted to construct a radiomics model. Receiver operating characteristic curve was used to evaluate the effectiveness of the model in predicting IDH mutation status. **Results** The radiomics features of each sequence were compressed and selected, of which 26 radiomics features were obtained from T₁WI, 24 radiomics features were obtained from T₂WI, 12 radiomics features were obtained from enhanced T₁WI, and 27 radiomics features were obtained from the three sequences combined. In the single sequence model, the area under the curve (AUC) of T₁WI was 0.780 (95%CI 0.724-0.836) in the training set and 0.763 (95%CI 0.650-0.876) in the test set. The AUC of T₂WI was 0.790 (95%CI 0.736-0.845) in training group and 0.785 (95%CI 0.677-0.893) in test group. The AUC of enhanced T₁WI was 0.815 (95%CI 0.762-0.867) in the training group and 0.810 (95%CI 0.702-0.918) in the test group. The radiomics model based on three sequences (T₁WI, T₂WI and enhanced T₁WI) combined had the best prediction performance. The area under the curve of the training group was 0.877 (95%CI 0.837-0.917), and the area under the curve of the test group was 0.862 (95%CI 0.773-0.952). **Conclusion** The radiomics feature model based on conventional MRI can effectively predict the IDH genotype of gliomas, thereby further guiding clinical diagnosis and treatment, and evaluating patient prognosis.

【Key words】 Magnetic resonance imaging; Radiomics; Isocitrate dehydrogenase; Glioma研究发现, 我国中枢神经系统肿瘤发病率呈逐年上升趋势^[1]。而成人恶性脑肿瘤中, 约80%~

收稿日期: 2025-03-19

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(82371936); 陕西省自然科学基金基础研究重点项目(2023-JC-ZD-58); 2024年西安英才计划菁英创新人才项目(XAYC240062)

作者简介: 胡文鐘, 主治医师, 研究方向: 神经系统影像学, E-mail: 17868881065@163.com; 席一斌, 通信作者, 主任医师, 研究方向: 神经及精神影像诊断, E-mail: xyb1113@qq.com

85%为胶质瘤^[2]。不同的胶质瘤具有不同的分子遗传学背景以及生物学标志物,通过基因型结合表观型的新分型方法增加了诊断准确性,可以更好地判断预后,精准地指导治疗^[3]。异柠檬酸脱氢酶(isocitrate dehydrogenase, IDH)突变型患者在总生存期及无进展生存期方面均展现出明显优势,整体预后状况更佳^[4]。然而,目前的基因检测手段面临着有创检查、成本高、可及性差以及抽样偏差等相关问题^[5]。影像组学可以高通量地从影像图像中提取大量高维的定量影像特征,还可以有效反映肿瘤的遗传学特征,对疾病早期诊断、分级、治疗及预后评估等方面具有重要的提示作用^[6-8]。同时,基于传统磁共振成像(magnetic resonance imaging, MRI)的影像组学能有效反映胶质瘤的IDH分子亚型,对于胶质瘤的分级诊断具有重要意义^[9-10]。尽管已有诸多研究取得了一定成果,但仍存在局限性。多数研究仅基于单一序列影像组学特征构建模型,未能充分整合多序列信息,导致模型预测效能有待进一步提升。此外,现有研究多聚焦于肿瘤实体本身,未将瘤周水肿纳入研究范围,而已有研究证明瘤周水肿区与肿瘤分子病理特征存在关联,水肿区的影像信息能补充肿瘤核心区特征的不足^[11]。本研究旨在基于多序列MRI[T_1 加权成像(T_1 -weighted imaging, T_1WI)、 T_2 加权成像(T_2 -weighted imaging, T_2WI)及增强 T_1WI],同时将瘤周水肿也纳入研究范围,系统地提取影像组学特征,构建并验证联合模型,以提高对胶质瘤IDH突变状态预测的准确性,为临床精准诊疗提供更可靠的无创性影像依据。

1 对象与方法

1.1 研究对象

回顾性分析2012年1月至2024年6月在空军军医大学西京医院及西安市人民医院(西安市第四医院)住院并经病理证实的547例胶质瘤患者的术前MRI资料。纳入标准:①患者均为首发,并且在MRI检查之前未接受其他治疗;②所有患者均在术前2周内完成相应MRI检查;③所有患者均行免疫组化分析,均有IDH信息。排除标准:①图像质量欠佳,影响测量结果;②图像序列不全。最终,共纳入336例胶质瘤患者。本研究经空军军医大学西京医院药物临床试验伦理委员会(批件号:KY20193180)以及西北大学医学伦理委

员会(批件号:230306039)批准,并豁免了患者的知情同意。

1.2 检查方法

西京医院患者使用GE公司Discovery 750 3.0T MRI成像仪,8通道相控阵头颅线圈。受试者头部用海绵衬垫固定,仰卧于检查床。扫描序列包括① T_1WI :视野(field of view, FOV)=24 cm×24 cm、重复时间(repetition time, TR)/回波时间(echo time, TE)=1 750 ms/24 ms、反转时间(inversion time, TI)=780 ms、矩阵=320×256、激励次数(number of excitation, NEX)=1、层厚=5 mm、层间距=1.5 mm;② T_2WI :FOV=24 cm×24 cm、TR/TE=3 976 ms/92 ms、矩阵=512×512、NEX=1、层厚=5 mm、层间距=1.5 mm;③MRI增强:常规注射钆喷酸葡胺(gadopentetic acid, Gd-DTPA)0.1 mmol/kg后行增强轴、矢、冠状位增强扫描,注射流率为2.0 mL/s。

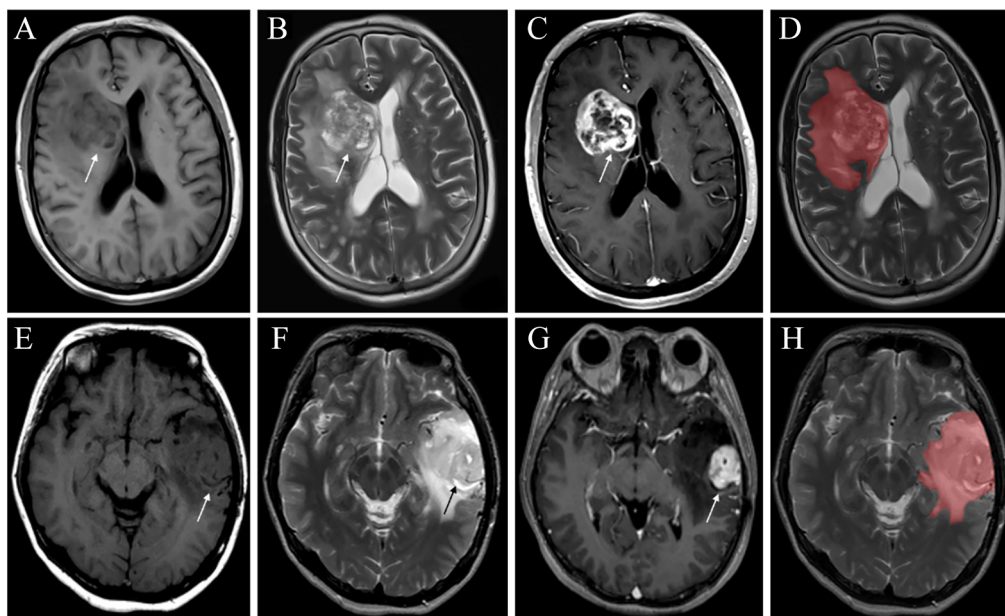
西安市人民医院患者使用西门子公司Prisma 3.0T MRI成像仪,20通道相控阵头颅线圈。受试者头部用海绵衬垫固定,仰卧于检查床。扫描序列:①轴位 T_1WI :FOV=23 cm×23 cm、TR/TE=2 000 ms/19 ms、TI=800 ms、矩阵=284×256、NEX=1、层厚=5 mm、层间距=1 mm;②轴位 T_2WI :FOV=23 cm×23 cm、TR/TE=5 000 ms/95 ms、矩阵=292×384、NEX=1、层厚=5 mm、层间距=1 mm;③MRI增强:常规注射Gd-DTPA 0.1 mmol/kg后行增强轴、矢、冠状位增强扫描,注射流率为2.0 mL/s。

1.3 图像分析

为控制不同设备差异带来的影响,对所有图像进行重采样,统一层厚5 mm、层间距1 mm,以消除空间分辨率差异。将各序列像素值进行标准差标准化(z-score标准化),以平衡不同设备间信号强度偏差。随后,将 T_1WI 、 T_2WI 和 T_1WI 增强图像以DICOM格式导入医学图像工具包ITK-SNAP(version 3.8.0)中进行肿瘤分割,手动勾画感兴趣区域(region of interest, ROI)。首先,在轴向 T_2WI 图像上的每个层面勾画ROI,水肿区的影像组学特征可能与肿瘤异质性及分子分型相关,所以ROI的范围覆盖整个肿瘤(包含病灶内的坏死、囊变区)及其瘤周水肿区域。随后以在 T_2WI 上勾画的ROI为基础,通过配准技术将ROI映射至对应序列,在 T_1WI 和增强 T_1WI 上勾画ROI,见图1。所有病灶的手动分割均由2名分别有8年、10年经验的放

射科主治医师在不知道患者临床和病理数据的情况下进行, 意见不一致时, 由第三位有着 25 年经验的神经影像专科主任医师仲裁确定最终 ROI。在本研究中, 观察者间及观察者内一致性通过组内相关系数 (intraclass correlation coefficient, ICC) 进行评估, 2 名医师间隔 2 周后对同一批图像重新

进行 ROI 勾画。采用单向随机效应模型计算组内 ICC 值, 分别为 0.92 (95%CI 0.87~0.96) 和 0.90 (95%CI 0.85~0.94); 采用双向随机效应模型对两名医生首次勾画结果的一致性进行评估, ICC 为 0.89 (95%CI 0.82~0.93), ICC 大于 0.80 则认为具有良好一致性。



注: A~D 为胶质母细胞瘤, IDH 野生型, 患者男, 68 岁。A~C 分别为 T₁WI、T₂WI 及 T₁WI 增强, 病灶位于右侧侧脑室旁, 呈长 T₁WI 长 T₂WI 混杂信号, 边界欠清, 周围脑实质水肿明显, 增强扫描可见明显环形强化。D 为以轴向 T₂WI 图像为基础, 在每个层面上勾画 ROI, 覆盖整个肿瘤 (包括坏死、囊变区) 及其瘤周水肿区域。E~H 为弥漫性星形细胞瘤, IDH 突变型, 患者男, 72 岁。E~G 分别为 T₁WI、T₂WI 及 T₁WI 增强, 病灶位于左侧颞叶, 与胶质母细胞瘤表现相似, 肉眼难以区分。H 为 ROI 勾画方法, 与 D 一致。

图 1 一例胶质母细胞瘤及弥漫性星形细胞瘤患者的 MRI 图像及 ROI 勾画

Figure 1 MRI images and ROI delineation of a patient with glioblastoma and diffuse astrocytoma

1.4 特征提取及筛选

在提取特征前, 为了避免不同参数和影像层厚对计算影像组学特征的影响, 对所有图像进行重采样和 z-score 标准化。使用特征提取包 “pyradiomics” (pyradiomics.readthedocs.io) 从每个图像中提取特征。为了能够更全面的量化肿瘤异质性, 不仅从原始图像中提取影像组学特征, 还将图像进行了小波变换。最后, 在每个序列上提取了 806 个影像组学特征。大范围筛选采用 Pearson 相关系数, 小范围精确筛选采用 Lasso-Logistic 回归模型。使用 Lasso 回归对影像组学特征进行降维, 筛选非零系数关键特征。对于单序列, Pearson 相关系数保留 5% 的特征。多参数模

型是 3 序列特征结合, 因此仅保留 3% 的特征。以上均用 Python (3.7.6) 实现。

1.5 模型建立及评估

采取分层随机抽样策略, 以 IDH 突变状态作为分层依据, 将 336 例患者按 4 : 1 划分为训练组 (268 例, IDH 突变型 97 例, IDH 野生型 171 例) 与测试组 (68 例, IDH 突变型 33 例, IDH 野生型 35 例), 确保 2 组中 IDH 野生型和突变型患者分布均衡, 见图 2。首先分析基于单序列的特征分析, 其次将 3 序列特征联合构建了基于多参数 MRI 的多因素逻辑回归影像组学模型, 因此共建立了 4 个模型, 每个模型均采用 Lasso 回归结合逻辑回归进行构建。采用受试者操作特征 (receiver

operating characteristic, ROC) 曲线分析曲线下面积 (area under the curve, AUC), 对模型预测 IDH 突变状态的效能进行评估。AUC 值 <0.5 时, 说明没有诊断价值; 在 $0.5\sim 0.7$, 说明有较低的准确性; $0.7\sim 0.9$ 说明诊断效能良好; ≥ 0.9 则说明诊断效能较高。为评估模型的临床实用性, 采用决策曲线分析 (decision curve analysis, DCA), 比较模型在不同风险阈值下的净获益。

1.6 统计学方法

采用 SPSS 23.0 对所有数据进行处理, 对 IDH 突变组与 IDH 野生组之间的年龄和性别特征进行比较。采用 Shapiro-Wilk 检验对 2 组间年龄数据进行正态性检验, 若符合正态分布, 采用 $\bar{x} \pm s$ 表示, 组间比较采用独立样本 t 检验。采用 χ^2 检验对 2 组

间的计数资料进行比较, 双侧 $P < 0.05$ 时认为差异有统计学意义。采用 DeLong 检验对不同模型之间的 AUC 进行比较, 并采用 Bonferroni 行多重比较, 将显著性阈值调整为 $\alpha=0.05/6 \approx 0.008$ 。

2 结果

2.1 不同分组间患者年龄和性别的比较

采用 Shapiro-Wilk 检验, IDH 突变组 $W = 0.952$, $P = 0.127$; IDH 野生组 $W = 0.936$, $P = 0.084$; 训练组 $W = 0.985$, $P = 0.123$; 测试组 $W = 0.978$, $P = 0.065$ 。2 组患者年龄符合正态分布, 故采用独立样本 t 检验, 年龄间比较差异有统计学意义 ($P < 0.05$), 即 IDH 突变组患者的发病年龄低于 IDH 野生组。2 组间性别比较差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。IDH 突变状态与胶质瘤的 WHO 分级之间差异有统计学意义 ($P < 0.001$), 即 IDH 突变型胶质瘤更倾向于低级别, 而 IDH 野生型胶质瘤更倾向于高级别。见表 1。随后, 对训练组和测试组在年龄、性别、IDH 突变状态及 WHO 分级等方面进行比较, 差异均无统计学意义 (均 $P > 0.05$), 表明 2 组具有良好的可比性, 确保了模型验证结果的可靠性。见表 2。

2.2 特征参数

使用 Pearson 相关系数及 Lasso-Logistic 回归模型对每个序列的 806 个影像组学特征进行压缩和选择, 分别获取 T_1WI 、 T_2WI 、增强 T_1WI 及 3 个序列合并后系数不为零的影像组学特征参数。其中 T_1WI 得到 26 个影像组学特征, T_2WI 得到 24 个影像组学特征, 增强 T_1WI 得到 12 个影像组学特征, 3 个序列合并后得到 27 个影像组学特征 (其中来自 T_1WI 的特征 8 个, T_2WI 的特征 4 个, 增强 T_1WI 的特征 15 个)。见补充表 1。

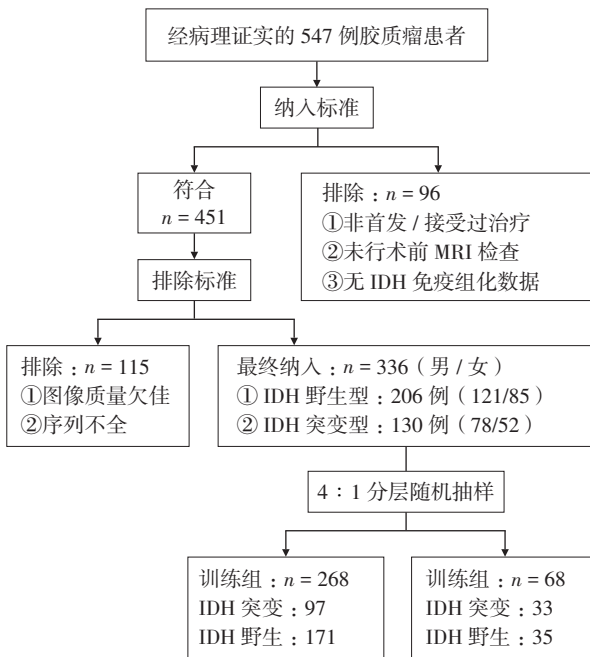


图 2 336 例胶质瘤患者入组流程图

Figure 2 Flowchart of the enrollment process for 336 glioma patients

表 1 IDH 突变组与 IDH 野生组患者基本资料

Table 1 Basic information of patients in the IDH mutant group and the IDH wild-type group

项目	IDH 野生组 (n=206)	IDH 突变组 (n=130)	t/χ^2 值	P 值
年龄 / 岁	49.17 ± 14.28	42.25 ± 10.85	-5.029	<0.001
男性 / n (%)	121 (58.7)	78 (60.0)	0.530	0.819
WHO 分级 / n (%)			72.750	<0.001
低级别	36 (17.5)	82 (63.1)		
高级别	170 (82.5)	48 (36.9)		

表2 训练组与测试组患者基本资料

Table 2 Basic information of patients in the training group and the test group

项目	训练组 (n=268)	测试组 (n=68)	t/ χ^2 值	P 值
年龄 / 岁	45.92 ± 12.60	46.28 ± 13.05	-0.189	0.850
男性 / n (%)	158 (59.0)	41 (60.3)	0.032	0.860
IDH/n (%)			0.015	0.902
野生型	171 (63.8)	35 (51.5)		
突变型	97 (36.2)	33 (48.5)		
WHO 分级 / n (%)			2.789	0.095
低级别	87 (32.5)	31 (45.6)		
高级别	181 (67.5)	37 (54.4)		

2.3 常规 MRI 影像组学模型预测胶质瘤 IDH 突变状态的效能

基于筛选出的影像组学标签特征, 构建逻辑回归模型预测 IDH 突变状态 (二分类任务), 分别评估常规 MRI 单独序列以及多序列联合的影像组学模型预测 IDH 突变状态的能力, 结果显示单独序列的影像组学模型鉴别 IDH 突变状态的 AUC 值

均大于 0.75, 而 3 个序列联合起来的影像组学模型鉴别效能最高, 训练组和测试组的 AUC 均可以达到 0.85 以上。采用 DeLong 检验及 Bonferroni 校正比较各模型 AUC, 结果显示联合模型的预测效能优于 T₁WI 和 T₂WI (均 P < 0.008), 与增强 T₁WI 接近, 各单序列模型间的 AUC 差异均无统计学意义 (均 P > 0.008)。见表 3~5 和图 3。

表3 基于常规 MRI 影像组学模型预测 IDH 突变状态的效能

Table 3 Performance of conventional MRI-based radiomics models in predicting IDH mutation status

序列	AUC (95%CI)		准确率	
	训练组 (n=268)	测试组 (n=68)	训练组 (n=268)	测试组 (n=68)
T ₁ WI	0.780 (0.724, 0.836)	0.763 (0.650, 0.876)	0.798	0.794
T ₂ WI	0.790 (0.736, 0.845)	0.785 (0.677, 0.893)	0.836	0.809
增强	0.815 (0.762, 0.867)	0.810 (0.702, 0.918)	0.847	0.809
联合	0.877 (0.837, 0.917)	0.862 (0.773, 0.952)	0.877	0.853

注: 增强代表 T₁WI 增强序列; 联合代表 T₁WI、T₂WI 及增强序列。

表4 基于常规 MRI 影像组学模型预测 IDH 突变状态的应用价值

Table 4 Application value of conventional MRI-based radiomics model in predicting IDH mutation status

序列	灵敏度		特异度		阳性预测值		阴性预测值	
	训练组	测试组	训练组	测试组	训练组	测试组	训练组	测试组
T ₁ WI	0.804	0.794	0.795	0.771	0.684	0.771	0.877	0.818
T ₂ WI	0.814	0.818	0.847	0.800	0.755	0.794	0.896	0.824
增强	0.804	0.864	0.825	0.788	0.769	0.813	0.896	0.805
联合	0.877	0.862	0.888	0.857	0.814	0.848	0.916	0.857

注: 增强代表 T₁WI 增强序列; 联合代表 T₁WI、T₂WI 及增强序列。

表5 不同模型之间 AUC 两两比较

Table 5 Pairwise comparison of AUC among different models

模型对比	AUC	Z 值	原始 P 值
T ₁ WI vs. T ₂ WI	0.780 vs. 0.790	0.32	0.749
T ₁ WI vs. 增强	0.780 vs. 0.815	1.15	0.249
T ₂ WI vs. 增强	0.790 vs. 0.815	0.82	0.413
联合 vs. T ₁ WI	0.877 vs. 0.780	3.12	0.002
联合 vs. T ₂ WI	0.877 vs. 0.790	2.89	0.004
联合 vs. 增强	0.877 vs. 0.815	2.35	0.018

采用决策曲线分析 3 序列联合模型的临床实用性, 见图 4。结果显示训练集与测试集在大部分阈值概率均表现出高于“不对任何患者进行干预”与“对所有患者进行干预”策略的净获益, 说明模型在此范围内有较好的临床决策价值。测试集曲线在大部分阈值概率高于训练集, 表明模型存在较好的泛化性, 能够为胶质瘤患者的精准治疗和个体化管理提供有效的辅助支持。

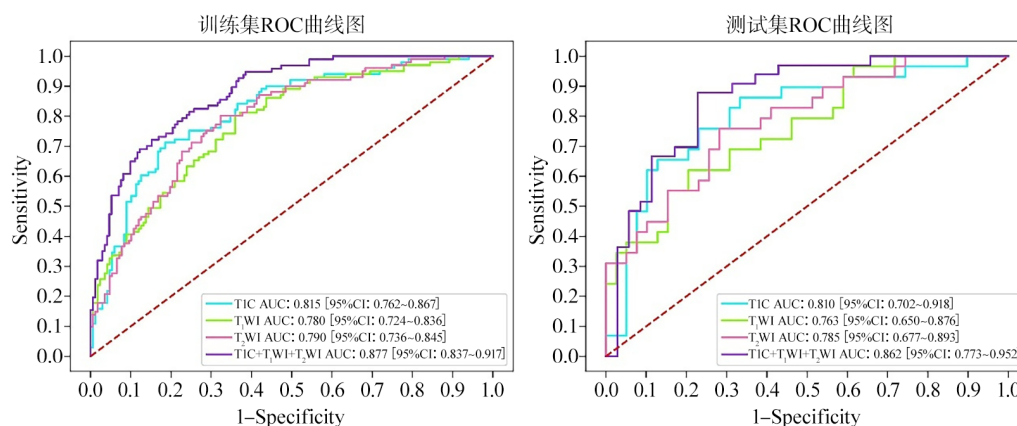


图3 影像组学预测 IDH 突变状态训练集与测试集的 ROC 曲线

Figure 3 ROC curves of the training set and test set for radiomics prediction of IDH mutation status

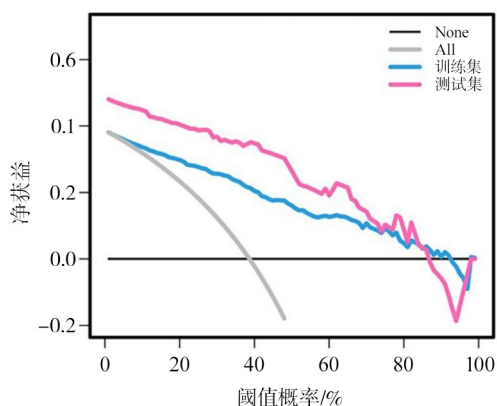


图4 3 序列联合模型决策曲线分析

Figure 4 Decision curve analysis for triple-sequence joint model

3 讨论

低级别胶质瘤 (low-grade gliomas, LGG) 中, 少突胶质细胞瘤 IDH 突变率接近 100%, 而星形细胞瘤更是以 IDH 突变型为主^[12]。缺乏 IDH 突变的弥漫性低级别胶质瘤被归类为 IDH 野生型星形细胞瘤, 其在生物学表现上更像胶质母细胞瘤^[13-14]。多项研究证实, IDH 突变型胶质瘤患者对放化疗的敏感性显著高于野生型, 其中 IDH 突变型星形细胞瘤患者经辅助替莫唑胺治疗后生存期显著延长, 而野生型患者未显示生存获益^[15-17]。既往研究表明, IDH 可以通过代谢、表观遗传及旁分泌等机制抑制胶质瘤免疫原性, 对患者预后的影响虽然复杂, 但整体上偏向有利^[18]。同时, IDH 突变也预示着患者拥有更长的生存期^[19]。近年来, 靶向 IDH 突变的药物研发取得突破性进展, 可使

IDH 突变型胶质瘤患者的无进展生存期显著延长, 且安全性良好^[20-21]。对于形态上难以与“胶质增生”或“炎症改变”区分的超早期 LGG, IDH 可作为区分这类肿瘤与非肿瘤性病变的关键依据, 若 IDH 突变则可诊断为 LGG 并按胶质瘤手术标准进行切除, 从而避免因误诊导致手术不彻底^[22]。以上研究均显示 IDH 的突变状态可以协助临床医师评估患者预后并辅助制定个体化治疗方案, 在精准诊疗中有着不可或缺的地位。本研究证实, 多模态 MRI 整合策略提升了 IDH 突变预测精度, 为无创分子分型提供了新方法。联合模型展现了良好的临床应用前景, 通过无创影像分析可实现 IDH 突变型患者的早期识别, 从而为临床医生制定个体化治疗方案提供重要决策支持。此外, 本研究观察到 IDH 突变组中 LGG 患者的比例 (63.1%) 高于 IDH 野生组 (17.5%), 进一步证实了 IDH 突变与肿瘤恶性程度的负相关性, 模型的预测结果或可作为术前评估肿瘤分级的一个潜在辅助参考依据。另外, 研究发现与 IDH 野生型胶质瘤相比, IDH 突变型胶质瘤患者的年龄更低, WHO 分级也更低, 与既往研究一致^[23-24], 这可能意味着年轻患者发生 IDH 突变型胶质瘤的可能性更大, 但可能会有更好的疾病预后和更长的术后生存期。

本研究发现, 基于影像组学的胶质瘤分类可以对患者 IDH 突变状态进行无创性预测, 这与国内外研究在一定程度上是一致的^[25-27]。影像组学分析通常会生成很多特征, 包括直方图特征 (一阶特征)、形状特征和纹理特征等等。本研究发现, 纹理特征可能是最显著的特征, 其次为一阶特征, 这与既往研究结果一致^[28]。放射科医师无法从视

觉上观察到这些影像特征,但是得到这些信息可以帮助临床医师对疾病做出更可靠的诊断及更适当的治疗。纹理特征和一阶特征主要与肿瘤的异质性有关,而胶质瘤的异质性在常规MRI上表现为病灶信号高低、均匀性以及强化程度等方面的不同,一般来说IDH野生型胶质瘤的强化程度要高于IDH突变型胶质瘤,且IDH野生型胶质瘤更易发生坏死和囊变。据此,可以通过纹理特征和一阶特征对胶质瘤IDH突变状态进行预测。

3个单序列模型中,基于增强T₁WI的影像组学模型具有最高的准确性、灵敏度和特异度,这表明对比增强征像是胶质瘤的重要特征,与之前的研究一致^[29-30]。然而,本研究发现各个单序列模型间AUC无差异,表明单一序列在IDH突变预测中效能相当。这可能与IDH突变的分子特征在多种序列中均间接体现有关,但单一模态难以全面捕捉复杂生物学表型。研究发现基于3个序列联合的影像组学特征所建立的预测模型对IDH突变状态的预测效能最好,优于T₁WI及T₂WI模型,可以从中获得更多的影像信息用以预测IDH突变状态,共筛选出27个系数不为零的影像组学特征,高于单一序列。许多肿瘤呈现出空间异质性模式,这种模式反映了水含量、细胞密度、纤维化及坏死等多种生物组织特性^[31]。来自不同序列的图像代表肿瘤内不同的组织特征。例如,T₁WI序列可以反映病灶的基本形态,T₂WI序列在一定程度上显示病灶的水肿和细胞密度等情况,增强T₁WI可以显示更多信息,如对比剂的灌注和外渗特征等等^[32-33]。目前多数研究仅聚焦肿瘤实质区域的影像组学特征^[31],而本研究将ROI的勾画范围覆盖整个肿瘤及其瘤周水肿区域,可以更好地反应肿瘤的真实情况。研究表明,整合瘤内及瘤周区域特征的放射组学模型在胶质瘤分级预测中的效能显著优于仅基于瘤内特征的模型^[34]。而IDH野生型肿瘤的水肿区大于IDH突变型,提示IDH基因突变可能影响肿瘤对周围组织的渗透能力^[11]。这种全肿瘤-瘤周整合策略提升了模型对IDH突变的识别效能。但在本研究中,联合模型与增强T₁WI模型的AUC无差异,可能因增强T₁WI已包含血管生成等关键特征,与联合模型存在信息重叠。目前多数研究主要聚焦于功能MRI序列如动脉自选标记、动态对比增强等,限制了模型在基层医院的推广应用。相比之下,本研究中的3个MRI序列是大多数临床脑肿瘤影像检查方案中的标准扫

描套餐,操作简单,便于大范围开展实施,提升了该模型在基层医疗机构的适用性。

本研究存在一定局限性。首先,肿瘤在空间和时间上的异质性使其分子特征检测受到限制,侵入性手术后只有一小部分肿瘤组织可用于活检,导致仍然缺乏肿瘤的完整特征。其次,由于ROI分割依赖人工勾画,其结果易受主观偏差影响,Choi等^[25]采用自动分割病灶方法建立模型,其AUC值最高可达0.9以上。再次,本研究未使用独立外部验证数据集,可能导致模型泛化性受限。最后,回顾性研究可能存在样本选择偏倚。未来的研究将探索更多扫描序列的影像组学特征,如弥散加权成像、动态对比增强成像等,探索自动分割病灶技术的应用价值,并进行多中心、更大样本量的前瞻性研究,以期进一步提高模型的泛化性及预测的准确性。

综上所述,基于常规MRI的影像组学特征可以有效预测胶质瘤IDH的突变状态,尤其是3序列联合的模型,预测效能最高。本研究为胶质瘤的影像学特征和IDH突变状态之间的关联提供了进一步的证据,表明影像数据可以用于预测胶质瘤的分子病理学信息,从而进一步指导临床诊断和治疗,评估患者预后。

利益冲突声明: 本研究未受到企业、公司等第三方资助,不存在潜在利益冲突。

参 考 文 献

- [1] 徐灵烽,方硕文,任晓晴,等. 2005—2016年中国脑及神经系统肿瘤发病及死亡趋势分析[J]. 现代肿瘤医学, 2023, 31(11): 2105-2110. DOI: 10.3969/j.issn.1672-4992.2023.11.024. XU L F, FANG S W, REN X Q, et al. Trend analysis on incidence and mortality of brain and nervous system tumors in China from 2005 to 2016[J]. J Mod Oncol, 2023, 31(11): 2105-2110. DOI: 10.3969/j.issn.1672-4992.2023.11.024.
- [2] SCHAFF L R, MELLINGHOFF I K. Glioblastoma and other primary brain malignancies in adults: a review[J]. JAMA, 2023, 329(7): 574-587. DOI: 10.1001/jama.2023.0023.
- [3] 申楠茜,张佳璇,甘桐嘉,等. 2021年WHO中枢神经系统肿瘤分类概述[J]. 放射学实践, 2021, 36(7): 818-831. DOI: 10.13609/j.cnki.1000-0313.2021.07.001. SHEN N Q, ZHANG J X, GAN T J, et al. The 2021 WHO classification of tumors of the central nervous system: a summary[J]. Radiol Pract, 2021, 36(7): 818-831. DOI: 10.13609/j.cnki.1000-0313.2021.07.001.
- [4] WELLER M, WEN P Y, CHANG S M, et al. Glioma[J]. Nat

- Rev Dis Primers, 2024, 10 : 33. DOI: 10.1038/s41572-024-00516-y.
- [5] MAJUMDER M A, GUERRINI C J, MCGUIRE A L. Direct-to-consumer genetic testing: value and risk [J]. *Annu Rev Med*, 2021, 72 : 151-166. DOI: 10.1146/annurev-med-070119-114727.
- [6] 解添添, 翁微微, 刘伟, 等. 基于 CT 图像影像组学的机器学习模型预测胰腺癌免疫细胞浸润及预后的初步研究 [J]. *中华放射学杂志*, 2022, 56 (4) : 425-430. DOI: 10.3760/cma.j.cn112149-20211214-01104.
- XIE T S, WENG W W, LIU W, et al. A pilot study of using CT-radiomics based machine learning model in predicting immune cells infiltrating and prognosis of pancreatic cancer [J]. *Chin J Radiol*, 2022, 56 (4) : 425-430. DOI: 10.3760/cma.j.cn112149-20211214-01104.
- [7] FAN H, LUO Y, GU F, et al. Artificial intelligence-based MRI radiomics and radiogenomics in glioma [J]. *Cancer Imaging*, 2024, 24 (1) : 36. DOI: 10.1186/s40644-024-00682-y.
- [8] 王贺真, 边芳, 童玉洁, 等. 基于 MRI 影像组学联合临床特征的机器学习模型预测宫颈鳞癌组织学分级的价值 [J]. *新医学*, 2024, 55 (3) : 176-183. DOI: 10.3969/j.issn.0253-9802.2024.03.005.
- WANG H Z, BIAN F, TONG Y J, et al. Value of machine learning model based on MRI radiomics in predicting histological grade of cervical squamous cell carcinoma [J]. *J New Med*, 2024, 55 (3) : 176-183. DOI: 10.3969/j.issn.0253-9802.2024.03.005.
- [9] CHEN X, LEI J, WANG S, et al. Diagnostic accuracy of a machine learning-based radiomics approach of MR in predicting IDH mutations in glioma patients: a systematic review and meta-analysis [J]. *Front Oncol*, 2024, 14 : 1409760. DOI: 10.3389/fonc.2024.1409760.
- [10] DI SALLE G, TUMMINELLO L, LAINO M E, et al. Accuracy of radiomics in predicting IDH mutation status in diffuse gliomas: a bivariate meta-analysis [J]. *Radiol Artif Intell*, 2024, 6 (1) : e220257. DOI: 10.1148/ryai.220257.
- [11] SUN X, LI S, MA C, et al. Glioma subtype prediction based on radiomics of tumor and peritumoral edema under automatic segmentation [J]. *Sci Rep*, 2024, 14 (1) : 27471. DOI: 10.1038/s41598-024-79344-9.
- [12] DIAZ M, PAN P C. Management of low-grade gliomas [J]. *Cancer J*, 2025, 31 (1) : e0760. DOI: 10.1097/ppo.0000000000000760.
- [13] LOUIS D N, 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.
- [14] LASSMAN A B, VAN DEN BENT M J. What is a glioblastoma? [J]. *Neuro Oncol*, 2023, 25 (6) : 1015-1016. DOI: 10.1093/neuonc/noad044.
- [15] VAN DEN BENT M J, TESILEANU C M S, WICK W, et al. Adjuvant and concurrent temozolomide for 1p/19q non-codeleted anaplastic glioma (CATNON; EORTC study 26053-22054): second interim analysis of a randomised, open-label, phase 3 study [J]. *Lancet Oncol*, 2021, 22 (6) : 813-823. DOI: 10.1016/S1470-2045 (21) 00090-5.
- [16] PIROZZI C J, YAN H. The implications of IDH mutations for cancer development and therapy [J]. *Nat Rev Clin Oncol*, 2021, 18 (10) : 645-661. DOI: 10.1038/s41571-021-00521-0.
- [17] BERGER T R, WEN P Y, LANG-ORSINI M, et al. World health organization 2021 classification of central nervous system tumors and implications for therapy for adult-type gliomas: a review [J]. *JAMA Oncol*, 2022, 8 (10) : 1493-1501. DOI: 10.1001/jamaoncol.2022.2844.
- [18] AHMAD O, AHMAD T, PFISTER S M. IDH mutation, glioma immunogenicity, and therapeutic challenge of primary mismatch repair deficient IDH-mutant astrocytoma PMMRDIA: a systematic review [J]. *Mol Oncol*, 2024, 18 (12) : 2822-2841. DOI: 10.1002/1878-0261.13598.
- [19] VAN DEN BENT M J, FRENCH P J, BRAT D, et al. The biological significance of tumor grade, age, enhancement, and extent of resection in IDH-mutant gliomas: How should they inform treatment decisions in the era of IDH inhibitors [J]. *Neuro Oncol*, 2024, 26 (10) : 1805-1822. DOI: 10.1093/neuonc/noae107.
- [20] MELLINGHOFF I K, VAN DEN BENT M J, BLUMENTHAL D T, et al. Vorasidenib in IDH1- or IDH2-mutant low-grade glioma [J]. *N Engl J Med*, 2023, 389 (7) : 589-601. DOI: 10.1056/NEJMoa2304194.
- [21] RUDÀ R, BRUNO F, PELLERINO A, et al. Low-grade IDH-mutant gliomas: from standard post-surgical treatments to novel IDH inhibitors [J]. *Expert Opin Pharmacother*, 2025, 26 (10) : 1163-1175. DOI: 10.1080/14656566.2025.2516617.
- [22] HAN Z, WANG Q, LI J, et al. Ultra-early stage lower-grade gliomas: How can we define and differentiate these easily misdiagnosed gliomas through intraoperative molecular diagnosis [J]. *CNS Neurosci Ther*, 2024, 30 (10) : e70044. DOI: 10.1111/cns.70044.
- [23] LIM-FAT M J, COTTER J A, TOUAT M, et al. A comparative analysis of IDH-mutant glioma in pediatric, young adult, and older adult patients [J]. *Neuro Oncol*, 2024, 26 (12) : 2364-2376. DOI: 10.1093/neuonc/noae142.
- [24] GUO X, GU L, LI Y, et al. Histological and molecular glioblastoma, IDH-wildtype: a real-world landscape using the 2021 WHO classification of central nervous system tumors [J]. *Front Oncol*, 2023, 13 : 1200815. DOI: 10.3389/fonc.2023.1200815.
- [25] CHOI Y S, BAE S, CHANG J H, et al. Fully automated hybrid approach to predict the IDH mutation status of gliomas via deep learning and radiomics [J]. *Neuro Oncol*, 2021, 23 (2) : 304-313. DOI: 10.1093/neuonc/noaa177.
- [26] CHEN C, DU X, YANG L, et al. Research on application of radiomics in glioma: a bibliometric and visual analysis [J]. *Front Oncol*, 2023, 13 : 1083080. DOI: 10.3389/fonc.2023.1083080.
- [27] 刘娜, 隋庆兰, 刘学军, 等. 增强 MRI 影像组学在高级别胶质瘤 IDH 1 基因型预测方面的价值 [J]. *中华放射学杂志*

- 志, 2020, 54 (5): 445-449. DOI: 10.3760/cma.j.cn112149-20190608-00257.
- LIU N, SUI Q L, LIU X J, et al. The value of contrast enhanced MRI radiomics in predicting the IDH 1 genotype in high-grade gliomas [J]. Chin J Radiol, 2020, 54 (5): 445-449. DOI: 10.3760/cma.j.cn112149-20190608-00257.
- [28] VOBUGARI N, RAJA V, SETHI U, et al. Advancements in oncology with artificial intelligence-a review article [J]. Cancers (Basel), 2022, 14 (5): 1349. DOI: 10.3390/cancers14051349.
- [29] ZHOU H, XU R, MEI H, et al. Application of enhanced T1WI of MRI radiomics in glioma grading [J]. Int J Clin Pract, 2022, 2022 : 3252574. DOI: 10.1155/2022/3252574.
- [30] 赵沙沙, 辛永康, 张凯, 等. 影像学联合 T1CE 对 II、III 级胶质瘤 IDH-1 突变状态的预测价值 [J]. 中华全科医学, 2023, 21 (12): 2106-2110. DOI: 10.16766/j.cnki.issn.1674-4152.003301.
- ZHAO S S, XIN Y K, ZHANG K, et al. Prediction of IDH-1 mutation status in WHO grade II and III gliomas by radiomics combined with T1-weighted contrast-enhanced image [J]. Chin J Gen Pract, 2023, 21 (12): 2106-2110. DOI: 10.16766/j.cnki.issn.1674-4152.003301.
- [31] LA GRECA SAINT-ESTEVEN A, VUONG D, TSCHANZ F, et al. Systematic review on the association of radiomics with tumor biological endpoints [J]. Cancers (Basel), 2021, 13 (12): 3015. DOI: 10.3390/cancers13123015.
- [32] WAQAR M, VAN HOUTD P J, HESSEN E, et al. Visualising spatial heterogeneity in glioblastoma using imaging habitats [J]. Front Oncol, 2022, 12 : 1037896. DOI: 10.3389/fonc.2022.1037896.
- [33] ZHOU P, XIAO Y, ZHOU X, et al. Mapping spatiotemporal heterogeneity in multifocal breast tumor progression by noninvasive ultrasound elastography-guided mass spectrometry imaging strategy [J]. JACS Au, 2024, 4 (2): 465-475. DOI: 10.1021/jacsau.3c00589.
- [34] TAN R, SUI C, WANG C, et al. MRI-based intratumoral and peritumoral radiomics for preoperative prediction of glioma grade: a multicenter study [J]. Front Oncol, 2024, 14 : 1401977. DOI: 10.3389/fonc.2024.1401977.
- (责任编辑: 江玉霞 洪悦民)



扫码查看补充表 1