

增强 CT 影像组学联合细胞外体积分数的列线图模型预测结直肠癌 P53 突变

全江海,冯俏,岳志斌,刘慧茹,程留慧

【摘要】 目的:探讨基于增强 CT 的影像组学联合细胞外体积分数(ECV)构建的联合模型术前预测结直肠癌(CRC) P53 突变的价值。方法:回顾性搜集 2021 年 6 月—2024 年 12 月经病理证实的 116 例 CRC 患者的术前临床资料及动脉期 CT 增强图像。根据免疫组化结果,分为 P53 突变型组(65 例)和野生型组(51 例)。基于增强 CT 及红细胞压积计算肿瘤的细胞外容积(ECV)。对临床特征进行组间比较并采用 4 种机器学习(ML)算法分别构建模型,基于模型的 AUC 选出最佳 ML 算法。使用 Pyradiomics 软件基于动脉期图像提取肿瘤的影像组学特征,剔除组内相关系数(ICC) ≥ 0.75 的特征,然后依次采用独立样本 t 检验、Pearson 相关性分析及 LASSO 回归进行特征降维和筛选。随后将降维后的影像组学特征。使用 Pyradiomics 软件基于动脉期图像提取肿瘤的影像组学特征,剔除组内相关系数(ICC) ≥ 0.75 的特征,然后依次采用独立样本 t 检验、Pearson 相关性分析及 LASSO 回归进行特征降维和筛选,得到最优影像组学特征后,同样基于上述 4 种 ML 算法构建模型,选出最佳 ML 算法。最后,联合筛选后的临床特征和影像组学特征采用最佳 ML 算法构建联合模型,并绘制其列线图,采用 ROC 曲线及临床决策曲线等指标进行综合评估,得出最佳预测模型。结果:临床特征统计结果显示,突变组的 ECV 显著高于野生组(36.5% vs. 30.0%, $P=0.006$)。构建的四个机器学习模型中,以 SVM 模型的表现最佳,其在训练集和验证集中的 AUC 分别为 0.837(95%CI:0.754~0.919)和 0.808(95%CI:0.638~0.979)。影像组学方面,基于 SVM 算法的组学模型诊断效能最优,其在训练集和验证集中的 AUC 分别为 0.880(95%CI:0.812~0.949)和 0.839(95%CI:0.680~0.998)。最终,将 ECV 联合影像组学特征采用 SVM 算法构建联合模型,在训练集和验证集的 AUC 为 0.924(95%CI:0.871~0.976)和 0.944(95%CI:0.857~1.000),显著优于单一的临床或影像组学模型($P<0.05$)。结论:基于增强 CT 的影像组学特征联合 ECV 构建的列线图模型对 CRC 的 P53 突变状态具有较好的术前预测效能,可为个体化治疗决策提供可靠依据。

【关键词】 结直肠肿瘤;P53 突变;影像组学;细胞外体积分数;体层摄影术,X 线计算机

【中图分类号】 R814.42;R735.3 **【文献标志码】** A **【文章编号】** 1000-0313(2026)04-0441-07

DOI:10.13609/j.cnki.1000-0313.2026.04.014

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



A nomogram model based on extracellular volume fraction combined with CT radiomics for predicting P53 mutation in colorectal cancer QUAN Jiang-hai, FENG Qiao, YUE Zhi-bin, et al. Department of Radiology, the First Affiliated Hospital, Henan University of Chinese Medicine, Zhengzhou 450099, China

【Abstract】 **Objective:** The purpose of this study was to investigate the value of a combined model based on contrast-enhanced CT radiomics and extracellular volume fraction (ECV) for the preoperative prediction of P53 mutation in colorectal cancer (CRC). **Methods:** A total of 116 patients with pathologically confirmed CRC from June 2021 to December 2024 were retrospectively enrolled. Preoperative clinical data and arterial-phase contrast-enhanced CT images were collected. According to immunohistochemical results, patients were divided into a P53 mutation group ($n=65$) and a wild-type group ($n=51$). The extracellular volume fraction (ECV) of tumors was calculated based on contrast-enhanced CT and hematocrit values. Clinical features were screened, and four machine learning algorithms were used to construct predictive models, with the optimal algorithm selected according to the area under the receiver operating characteristic curve (AUC). Radiomics features were extracted from arterial-phase CT images using Pyradiomics. Features with an intraclass correlation coefficient (ICC) ≥ 0.75 were excluded, followed by dimensionality reduction and feature selection using independent-sample t -test, Pearson correlation analysis, and least absolute shrinkage and selection operator (LASSO) regression. The selected radiomics features were then used to construct radiomics models based on the same four machine learning algorithms, and the best-performing algorithm was determined. Finally, the selected clinical features and radiomics features were integrated using the optimal machine learning algorithm to construct a combined model, and a nomogram was established. The predictive performance of the models was comprehensively evaluated using the ROC curve and decision curve analysis (DCA) to de-

作者单位:450099 河南郑州,河南中医药大学第一附属医院放射科(全江海、冯俏、岳志斌、刘慧茹、程留慧);450099 河南郑州,河南中医药大学第一临床医学院(全江海、冯俏、刘慧茹)

作者简介:全江海(2000—),男,河南南阳人,硕士研究生,主要从事人工智能预测结直肠癌分化程度及预后的研究工作。

通讯作者:程留慧, E-mail:chengliuhui2006@sina.com

termine the optimal predictive model. **Results:** Statistical analysis of clinical features showed that the ECV value in the mutation group was significantly higher than that in the wild-type group (36.5% vs. 30.0%, $P=0.006$). Among the four machine learning models, the support vector machine (SVM) model achieved the best performance, with AUCs of 0.837 (95% CI: 0.754~0.919) and 0.808 (95% CI: 0.638~0.979) in the training and validation sets, respectively. For the radiomics model, the SVM-based model also showed the best diagnostic performance, with AUCs of 0.880 (95% CI: 0.812~0.949) and 0.839 (95% CI: 0.680~0.998) in the training and validation sets, respectively. The combined model integrating ECV and radiomics features using the SVM algorithm achieved AUCs of 0.924 (95% CI: 0.871~0.976) and 0.944 (95% CI: 0.857~1.000) in the training and validation sets, respectively, which were significantly higher than those of the single clinical or radiomics models ($P<0.05$). **Conclusion:** The nomogram model based on contrast-enhanced CT radiomics combined with ECV demonstrates good preoperative predictive performance for P53 mutation status in CRC and may provide a reliable basis for individualized treatment decision-making.

【Key words】 Extracellular volume fraction; Colorectal cancer; P53 mutation; Radiomics; Tomography, X-ray computed

结直肠癌(colorectal cancer, CRC)是全球第三大常见恶性肿瘤,在癌症相关死亡率中位居第二,严重威胁人类健康^[1]。2020年中国CRC的发病率和死亡率分别为 1.73×10^{-4} 和 0.78×10^{-4} ^[2]。CRC的预后与肿瘤微环境分子特征密切相关,其中P53基因突变是关键因素之一;野生型P53作为重要抑癌基因,突变后可通过促癌作用加速肿瘤进展,并影响新辅助化疗及预后评估^[3-5]。因此,术前精准预测P53突变状态对优化治疗策略至关重要。增强CT是CRC常规影像检查手段。既往有研究者基于增强CT衍生的细胞外体积分数(extracellular volume fraction, ECV)预测P53突变,虽然结果表明ECV在一定程度上能够预测结直肠癌P53突变状态,但未对病灶异质性进行评估。影像组学可深度挖掘CT图像特征,从而可全面量化肿瘤的生物特性,为术前分子分型提供新思路。不同的机器学习算法也给模型构建提供了更多可能。本研究中联合增强CT动脉期影像组学特征和ECV等CT定量指标,通过机器学习算法构建列线图模型,旨在实现CRC患者P53突变状态的术前无创精准预测。

材料与方法

1. 研究对象

回顾性搜集2021年6月—2024年12月在本院经术后病理证实的116例CRC患者的临床和CT资料。根据免疫组织化学(immunohistochemistry, IHC)检查结果,突变型65例,野生型51例。按照4:1的比将患者随机分层抽样划分为训练集92例、验证集24例。搜集患者的临床病理信息,主要包括年龄、性别、CEA和AFP;分析肿瘤的常规CT征象,主要包括位置、最大纵径、最大横径、周围神经侵犯、脉管浸润和淋巴结转移情况等,并根据CT平扫及增强图像计算肿瘤的ECV。

纳入标准:①经病理诊断为结直肠腺癌;②有IHC检查资料和术前CT平扫及增强图像;③术前一周内接受全腹增强CT检查;④术前未进行抗肿瘤治疗。排除标准:①合并其它部位原发肿瘤;②CT检查前或术前发现有远处转;③图像质量差,不能满足诊断要求。

本研究已通过本院医学伦理委员会审批(2025HL-126-01)。

2. CT检查方法

使用Siemens Somatom Definition双源CT机及联影uCT960 CT机。常规行腹部CT平扫和三期增强扫描,扫描范围自膈肌上缘至盆底下缘,扫描参数:120 kV,矩阵 512×512 ,扫描层厚5 mm,重建层厚1 mm,管电流采用实时自动调节技术。患者先行常规平扫,随后经肘静脉以3.5 mL/s的流率及1.0 mL/kg的剂量注射碘海醇(350 mg I/mL)及40 mL生理盐水。采用对比剂追踪技术,监测ROI放置于腹主动脉管腔内,触发阈值设为120 HU,分别进行动脉期、静脉期和延迟期扫描。

3. ECV的测量

ECV的测量和计算基于联影科研平台,由两位分别具有5和10年工作经验的放射科医师(A和B)首先在动脉期图像上确定原发肿瘤和同层面腹主动脉(直肠癌及部分乙状结肠癌选择髂外动脉)ROI,然后分别复制至平扫期及延迟期图像上,测量肿瘤及血管ROI的CT值,并分别计算肿瘤和血管ROI在平扫期和延迟期的CT值的差值,记作 ΔHU 。ECV计算公式: $\text{ECV}(\%) = (1 - \text{红细胞压积}) \times (\Delta\text{HU}_{\text{肿瘤}} / \Delta\text{HU}_{\text{血管}})$ 。所有测量数据取两位医师的平均值作为最终结果。

4. 影像组学特征提取及筛选

影像组学分析方面,首先由医师A进行图像分割工作,分割及特征提取流程如下:①从影像数据库中以

DICOM 格式导出图像;②在 3D-Slicer 5.8.0 软件中,在动脉期图像上沿病灶边缘逐层勾画 ROI,避开肠道气体和粪块等干扰因素,最后生成肿瘤的容积 VOI;③采用 Python 平台的 Pyradiomics 软件包(<https://pyradiomics.readthedocs.io>)提取肿瘤 ROI 的影像组学特征。每例 CRC 患者共提取 1967 种影像组学特征,其中一阶特征 18 个、形状特征 14 个和纹理特征 75 个。对提取的影像组学特征首先进行独立样本 t 检验,进一步对 $P < 0.05$ 的组学特征进行 Pearson 相关系数分析,筛选出 $r > 0.90$ 的组学特征。最后,通过最小绝对收缩和选择算子 (least absolute shrinkage and selection operator, LASSO) 进行降维和筛选,具体方法是通过 10 折交叉验证来确定使交叉验证误差最小的 λ 值,作为最优正则化参数 λ ,保留在该 λ 值下系数非零的特征。当 $\lambda = 0.0391$ 时筛选出 11 个系数非 0 的最有价值的影像组学特征,特征名称及其权重系数见图 1。

由医师 B 于 2 周后盲法抽取 25 例患者的动脉期图像,按照同样流程进行肿瘤 ROI 的勾画和影像组学特征的提取。两位医师进行 ROI 的勾画和测量工作前对患者 P53 突变状态均不知情。采用组间相关系数 (intraclass correlation coefficient, ICC) 评估两位医生提取特征的一致性,特征之间的相关性热图见图 2, $ICC \geq 0.75$ 为一致性良好。

5. 模型构建及评估

首先,对临床危险因素采用 4 种机器学习 (machine learning, ML) 算法,即支持向量机 (support vector machines, SVM)、逻辑回归 (logistic regression, LR)、K-临近分类器 (K-nearest neighbor classification, KNN) 及轻量级梯度提升机 (light gradient boosting machine, LightGBM), 分别构建临床模型。采用

ROC 曲线分析这 4 种模型的预测效能,以 AUC 最大者作为最佳 ML 临床模型。随后,将降维筛选后的 11 个影像组学特征同样基于上述 4 种 ML 算法构建模型,并选出最佳 ML 组学模型。最后,将筛选后的临床特征以及影像组学特征采用最佳机器学习算法共同构建联合模型,随后绘制其列线图,最后通过 ROC 曲线及临床决策曲线等方法综合评估模型的预测性能,确定最佳预测模型。

6. 统计学分析

使用 SPSS 26.0 软件以及 R4.1.1 软件进行统计分析。计量资料以均数 \pm 标准差或中位数 (P25, P75) 表示,肿瘤部位、性别等计数资料以例数 (百分比) 表示。首先对计量资料进行正态性检验,其中符合正态分布者组间比较采用独立样本 t 检验,偏态分布者则采用 Mann-Whitney U 检验;计数资料使用卡方检验或 Fisher 精确检验。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

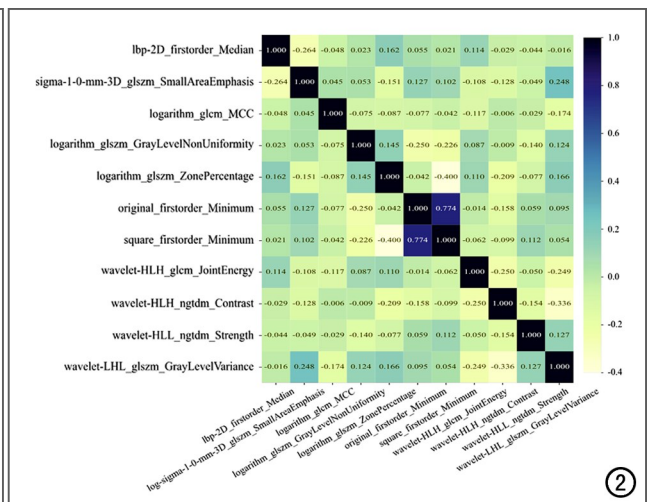
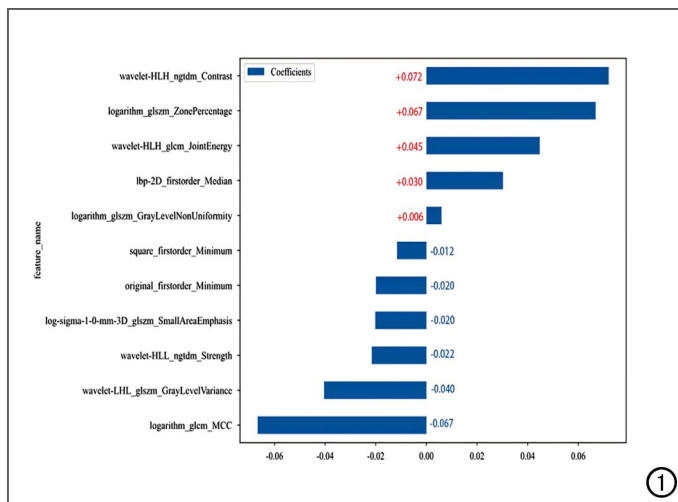
结果

1. 基线临床和 CT 资料分析

P53 突变组与野生组基线临床和 CT 资料的比较结果见表 1。本研究共纳入 116 例 CRC 患者,训练集 92 例,男 46 例,女 46 例,平均年龄 (63.39 ± 12.91) 岁;验证集 26 例,男 14 例,女 10 例,平均年龄 (64.92 ± 11.22) 岁。在纳入的临床指标中,仅 ECV 值在两组间的差异具有统计学意义 ($P < 0.05$),其它临床资料的组间差异均无统计学意义 ($P > 0.05$)。

此外,对纳入的临床和 CT 资料进行单因逻辑回归分析,结果见表 2。分析结果显示仅 ECV 为 P53 突变的危险因素 ($P < 0.05$)。

基于临床和 CT 资料分别采用 4 种 ML 算法对构



建临床模型,采用 ROC 曲线评估它们的预测效能,结果显示在训练集和验证集中均以 SVM 临床模型的表现最佳,AUC 分别为 0.837(95%CI:0.754~0.919)和 0.808(95%CI:0.638~0.979),详见图 3。

2.影像组学模型评估

经特征筛选和降维后共得到 11 个最优影像组学特征,基于 4 种 ML 算法分别构建预测模型。通过 ROC 曲线筛选出最佳预测模型为 SVM 组学模型,其

表 1 训练集和验证集中 P53 野生型和突变型之间临床资料和常规 CT 特征的比较

临床指标	训练集		统计量	P 值	验证集		统计量	P 值
	突变型 (n=52)	野生型 (n=40)			突变型 (n=13)	野生型 (n=11)		
年龄/岁	66(54,73.75)	67.5(55.5,71)	-0.063 ^b	0.950	64(52.5,70)	68(60,76)	-1.507 ^b	0.134
性别/例			0.044 ^c	0.833			0.580 ^c	0.446
男	25(48.08)	21(52.50)			9(69.23)	5(45.45)		
女	27(51.92)	19(47.50)			4(30.77)	6(54.55)		
身高/mm	164.83±8.42	165.10±8.13	0.157 ^a	0.876	166.31±7.09	161.09±8.60	-1.631 ^a	0.117
体重/kg/m ²	61.00(52.25,75.75)	60.50(55.00,70.75)	-0.020 ^b	0.984	70.00(63.00,75.50)	60.00(40.00,81.00)	-0.872 ^b	0.392
CEA/ng/mL	4.25(2.53,11.03)	2.95(1.33,11.55)	-1.422 ^b	0.155	5.00(2.90,8.45)	2.50(2.20,6.40)	-1.073 ^b	0.303
AFP/ng/mL	2.85(2.00,3.80)	3.10(2.05,3.90)	-0.721 ^b	0.471	2.80(2.25,3.75)	2.70(2.40,4.20)	-0.290 ^b	0.776
Ki-67/例			0.419 ^c	0.517			0.001 ^c	1.000
<70%	16(30.77)	9(22.5)			3(23.08)	3(27.27)		
≥70%	36(69.23)	31(77.5)			10(76.92)	8(72.73)		
最大纵径/mm	59.27(41.44,73.08)	51.47(35.38,65.59)	-1.315 ^b	0.188	40.6(32.97,62.62)	60.57(40.07,67.74)	-0.724 ^b	0.494
最大横径/mm	18.89(15,25.99)	16.85(13.38,21.28)	-1.646 ^b	0.100	15.20(12.50,19.55)	16.58(15.22,20.07)	-1.130 ^b	0.277
淋巴结转移/例	21(40.38)	13(32.5)	0.312 ^c	0.576	8(61.54)	4(36.36)	0.671 ^c	0.413
HCT/%	35.15(30.63,39.40)	36.35(32.48,39.38)	-0.803 ^b	0.422	37.30(31.25,41.95)	36.00(32.90,36.80)	-0.435 ^b	0.691
CT-T 分期/例			0.001 ^c	1.000			0.056 ^c	0.813
1~2 期	15(28.85)	12(30)			4(30.77)	2(18.18)		
3~4 期	37(71.15)	28(70)			9(69.23)	9(81.82)		
肿瘤部位/例			0.001 ^c	1.000			0.198 ^c	0.656
结肠	23(44.23)	18(45.00)			6(46.15)	7(63.64)		
直肠	29(55.77)	22(55.00)			7(53.85)	4(36.36)		
脉管侵犯/例	21(40.38)	16(40.00)	0.001 ^c	1.000	6(46.15)	3(27.27)	0.280 ^c	0.597
神经侵犯/例	17(32.69)	9(22.50)	0.710 ^c	0.399	5(38.46)	2(18.18)	0.408 ^c	0.523
ECV	36.50(28.25,56.75)	30.00(25.00,38.75)	-2.751 ^b	0.006 *	49.00(34.00,54.00)	31.00(24.00,36.00)	-2.464 ^b	0.013

注: ^a 为 *t* 值; ^b 为 *Z* 值; ^c 为 χ^2 值。

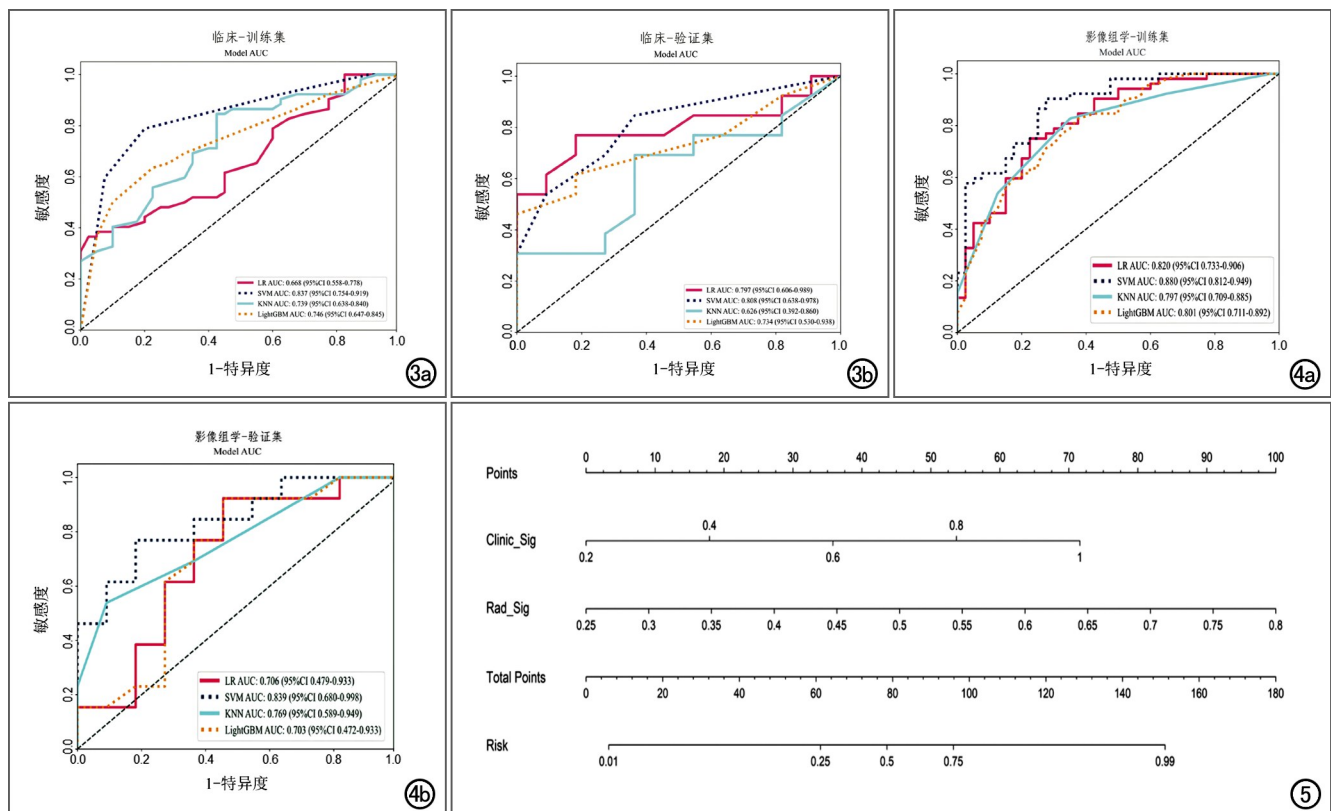


图 3 四种 ML 算法构建的临床模型的 ROC 曲线。其中以 SVM 模型的 AUC 最高,在训练集和验证集中分别为 0.837(95%CI:0.754~0.919)和 0.808(95%CI:0.638~0.979)。a)训练集;b)验证集。图 4 四种 ML 算法构建的影像组学模型的 ROC 曲线,显示基于 SVM 的影像组学模型的 AUC 最大,在训练集和验证集中分别为 0.880(95%CI:0.812~0.949)和 0.839(95%CI:0.680~0.998)。a)训练集;b)验证集。图 5 列线图模型。

表2 临床和CT资料的单因素逻辑回归分析

变量	单因素逻辑回归分析	
	OR(95%CI)	P 值
年龄	1.004(0.998~1.009)	0.245
性别	1.192(0.957~1.484)	0.189
身高	1.002(0.999~1.004)	0.216
体重	1.004(0.999~1.009)	0.215
CEA	1.015(0.996~1.034)	0.191
AFP	1.045(0.948~1.153)	0.455
Ki-67	1.003(0.998~1.008)	0.315
最大纵径	1.006(1.000~1.012)	0.128
最大横径	1.020(1.002~1.038)	0.065
淋巴结转移	1.648(0.939~2.892)	0.144
HCT	1.006(0.997~1.016)	0.280
CT-T 分期	1.100(0.975~1.241)	0.193
肿瘤部位	1.318(0.828~2.098)	0.329
脉管侵犯	1.312(0.760~2.266)	0.413
神经侵犯	1.889(0.959~3.721)	0.123
ECV	1.013(1.004~1.022)	0.018*

在训练集和验证集中的 AUC 分别为 0.880(95%CI: 0.812~0.949)和 0.839(95%CI: 0.680~0.998), 详见图 4。

3. 联合模型的评估

将临床危险因素显著性评分(Clinic-sig)及影像组学模型显著性评分(Rad-sig)纳入 SVM 机器学习算法构建联合模型, 并基于联合模型绘制其列线图, 见图 5。采用 ROC 曲线分析基于 SVM 算法的临床模型、影像组学模型以及联合模型的效能评估, 结果显示: 联合模型在训练集和验证集中的 AUC 分别达 0.924(95%CI: 0.871~0.976)和 0.944(95%CI: 0.857~1.000), 效能优于其它 2 种模型(图 6)。

Delong 检验结果显示联合模型的 AUC 与临床模型之间的差异有统计学意义($P=0.009$), 与影像组学模型间的差异无统计学意义($P=0.424$)。DCA 结果显示联合模型预测 P53 突变的临床净收益高于临床模型和影像组学模型(图 7)。

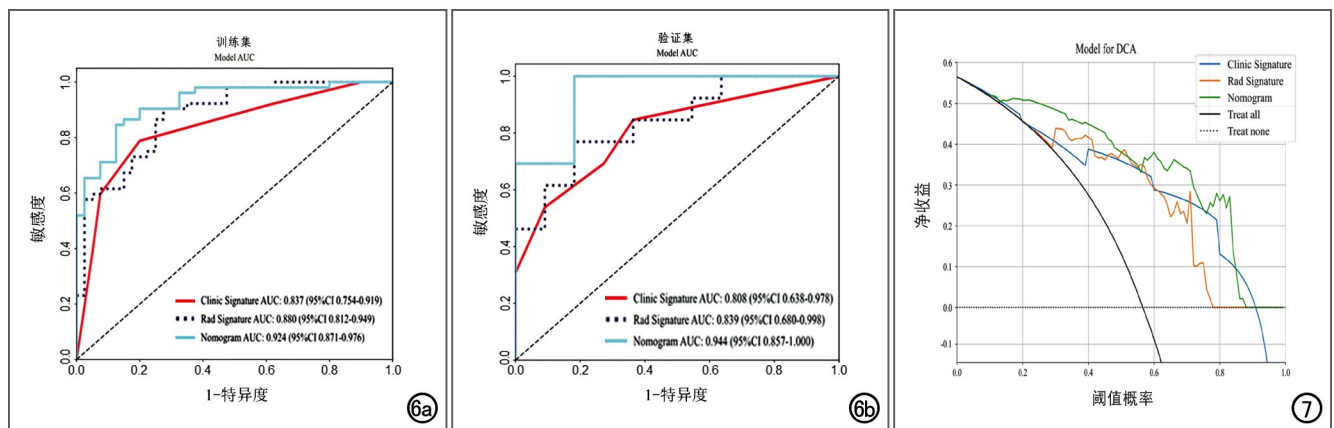


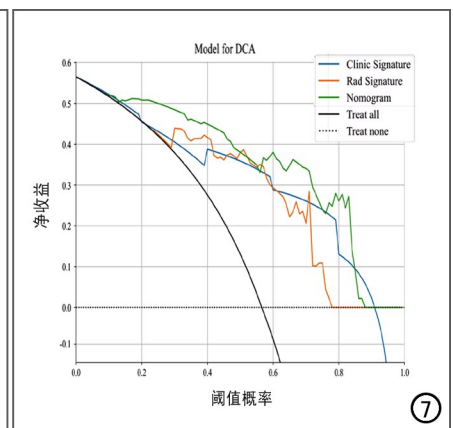
图6 基于 SVM 算法构建的临床模型、影像组学模型和联合模型的 ROC 曲线, 显示联合模型的 AUC 最大, 在训练集和验证集中分别为 0.924(95%CI: 0.871~0.976)和 0.944(95%CI: 0.857~1.000)。a) 训练集; b) 验证集。图7 各模型的决策曲线, 显示联合模型的临床净收益最高。

讨论

结直肠腺癌为富血供肿瘤, 动脉期 CT 图像有助于肿瘤活性区域的显示, 在 ROI 勾画过程中能更清楚地显示肿瘤的边界。因此, 本研究中基于动脉期 CT 图像提取影像组学特征, 联合 ECV 并采用最佳 ML 算法(SVM)构建联合模型来预测 P53 基因突变的状态。结果显示, 联合模型预测 P53 突变的 AUC 在训练集和验证集中分别为 0.924 和 0.944, 显著优于单一的临床模型和影像组学模型。上述结果表明, 联合 ECV 的影像组学模型能够更全面地捕捉肿瘤的异质性, 为术前无创性预测 P53 突变状态提供了新策略。

P53 是 CRC 患者最常见的突变基因之一, 约有 60% 的患者发生突变。当功能正常时, 野生型 P53 作为主要的抑癌基因, 能够促进细胞生长停滞、DNA 修复或程序性细胞死亡。而当该基因发生突变时, 不仅可能损害 P53 蛋白作为肿瘤抑制因子发挥作用的能力甚至会使其具有致癌功能, 导致癌症进展和发展的风险增加^[6]。以往研究表明, CRC 患者中 P53 突变与肿瘤神经侵犯的发生具有密切联系^[7], P53 突变型的 CRC 患者预后较差。因此, 术前精准预测 P53 突变状态不仅有助于评估肿瘤状态, 而且对于判断患者生存期的以及术后抗肿瘤治疗药物方案的制订也有较高的指导价值。

ECV 是一项用于评估细胞外基质含量的量化指标。CT 增强平衡期时, 细胞外对比剂在血管内和血管外空间之间的分布达到平衡, 因此通过计算 ECV 可以定量反映细胞外基质^[8]。利用影像学手段测量的 ECV 值, 与组织病理学检测所反映的细胞外基质水平具有良好的一致性^[9]。目前已有研究证实, ECV 在结直肠癌术前预测及术后评估方面具有较高的预测价值。Zhang 等^[10]联合多个双能 CT 参数以及 ECV 值



等临床特征构建融合模型,该模型预测结直肠癌淋巴管侵犯和神经周围浸润的 AUC 为 0.857(95%CI: 0.786~0.928),结果表明 ECV 的加入能够显著提升模型预测效能。在另一项研究中, Li 等^[11]探讨了基于增强 CT 计算的 ECV 在术前预测直肠腺癌病理分级中的价值,结果显示,高级别肿瘤的 ECV 显著高于低级别。在本研究中也类似的结果。这可能是由于 ECV 能够量化细胞外基质的重塑,反映微血管密度及基质纤维化程度^[12]。而 P53 基因的突变可以通过上调促进血管增生的内皮生长因子而引起细胞外基质增多和血管通透性增强,使组织细胞外空间扩张、对比剂滞留增加,表现为 ECV 值的升高^[13]。ECV 对病理分级的预测具有较高的敏感度(91.7%)和特异度(83.9%),具有良好的诊断价值 AUC 为 0.892(95%CI:0.757~1.000)。

在以往预测 CRC 患者 P53 突变状态的研究中,周兰妮等^[14]基于肿瘤最大径和中性粒细胞/淋巴细胞比值(neutrophil to lymphocyte ratio, NLR)等临床危险因素联合 ECV 使用 LASSO 算法以及基于性别、肿瘤最大径及 ECV 使用 LR 算法,分别构建列线图模型来预测结直肠癌 P53 基因突变状态,结果显示基于 LASSO 算法的列线图模型预测效能更佳,其 AUC 在训练集和验证集中分别为 0.684(95%CI: 0.579~0.789)和 0.752(95%CI: 0.605~0.899)。该研究结果亦表明不同特征筛选方法所构建的会导致预测模型的效能的不同,研究过程中需要进行比较和筛选。需要指出,仅根据 ECV 及临床危险因素构建的预测模型,其准确性和稳定性均不足以满足临床需求。随着影像组学技术的不断发展,一些学者尝试通过构建影像组学模型来预测结直肠癌 P53 状态。Zhong 等^[15]通过提取 T₂WI 图像上病灶的影像组学特征,联合临床危险因素并基于 SVM 算法构建列线图模型来预测 CRC 患者 P53 突变状态,结果显示该模型的 AUC 达 0.828 和 0.792,然而该研究中并未与其它机器学习算法进行对照研究。而在另一项研究中, Huang 等^[16]基于 MRI 图像通过多个机器学习算法构建临床-影像组学模型来预测 CRC 患者 P53 突变状态,结果显示联合模型在训练集和验证集中的预测效能均为最佳。而与本研究结果不同的是,在该研究中 SVM 算法的表现并不是最佳。一方面,这可能是由于本研究基于增强 CT 图像提取影像组学特征,另一方面是本研究与该研究的预处理方法和特征筛选流程有一定差异。在本研究中, SVM 算法表现最佳,这可能是由于 SVM 算法中的核函数将多维输入参数映射到不同特征空间,能够划分转换后的数据,从而获得更加准确的结果,有效地提高模型的鲁棒性,在训练过程中避免过度拟合。

本研究不仅进一步证明了 ECV 能够有效预测 CRC 患者 P53 突变状态,还联合影像组学特征,弥补了单一参数对于肿瘤内部异质性评估的不足。此外,选择 4 种机器学习算法建模并进行比较,选择最佳算法(SVM)进一步构建联合模型,同时绘制其列线图,可以更加直观地展示关键预测因子的贡献权重,能够更好地为临床决策提供指导价值。

本研究的局限性:①为单中心回顾性研究,且样本量较小,可能影响模型的泛化能力,未来需前瞻性纳入多中心大样本队列进一步验证。②仅分析了动脉期图像,未来可进一步分析静脉期及延迟期图像,捕捉肿瘤血流动力学的时空异质性。③对肿瘤进行手动分割,不可避免的可能存在观察者间的差异,未来需开发自动化分割算法以提高结果的可重复性。

利益冲突:所有作者均声明不存在利益冲突

参考文献:

- [1] Siegel RL, Wagle NS, Cercek A, et al. Colorectal cancer statistics, 2023[J]. CA, 2023, 73(3): 233-254.
- [2] 郭兰伟, 张兴龙, 蔡林, 等. 全球结直肠癌流行和防控现状[J]. 中国肿瘤学杂志, 2024, 46(1): 57-65.
- [3] Wang P, Liang J, Wang Z, et al. The prognostic value of P53 positive in colorectal cancer: a retrospective cohort study[J/OL]. Tumor Biol, 2017, 39(5): e1010428317703651 [2017-05]. DOI: 10.1177/1010428317703651.
- [4] Blandino G, Valenti F, Sacconi A, et al. Wild type-and mutant P53 proteins in mitochondrial dysfunction: emerging insights in cancer disease[C]. Seminars in Cell & Developmental Biology, Academic Press, 2020, 98: 105-117.
- [5] Hou Y, Zhang X, Yao H, et al. METTL14 modulates glycolysis to inhibit colorectal tumorigenesis in P53-wild-type cells[J/OL]. EMBO Reports, 2023, 24(4): e56325 [2023-02-16]. DOI: 10.15252/embr.202256325.
- [6] Ottaiano A, Santorsola M, Capuozzo M, et al. The prognostic role of P53 mutations in metastatic colorectal cancer: a systematic review and meta-analysis[J/OL]. Crit Rev Oncol Hematol, 2023, 186: e104018 [2023-05-05]. DOI: 10.1016/j.critrevonc.2023.104018.
- [7] Chen T, Wang M, Cheng X, et al. The complementary role of lymphovascular invasion and perineural invasion in the TNM staging process of rectal cancer[J/OL]. Medicine, 2022, 101(39): e30687 [2022-09-30]. DOI: 10.1097/MD.0000000000030687.
- [8] 杨鑫, 王文剑, 傅剑雄, 等. 基于 CT 肝细胞外体积分数对门静脉高压术后出血的预测价值[J]. 放射学实践, 2024, 39(7): 907-912.
- [9] Bluemke D A, Kawel-Boehm N. Can a MR imaging scanner accurately measure hematocrit to determine ECV fraction[J]. JACC Cardiovasc Imaging, 2016, 9(1): 64-66.
- [10] Zhang Y, Wen Y, Li S, et al. Combination of single-source dual-energy computed tomography (CT) parameters and extracellular volume fraction for predicting lymphovascular and perineural invasion in colorectal cancer[J/OL]. Quant Imaging Med Surg,

- 2024, 14(10):e7524[2024-10-01].DOI:10.21037/qims-24-76.
- [11] Li Q, Bao J, Zhang Y, et al. Predictive value of CT-based extracellular volume fraction in the preoperative pathologic grading of rectal adenocarcinoma: a preliminary study[J/OL]. Eur J Radiol, 2023, 163: e110811 [2023-04-13]. DOI: 10.1016/j.ejrad.2023.110811.
- [12] 张文军, 张涵, 王明慧, 等. 双层探测器光谱 CT 平衡期细胞外容积分数对增殖型肝癌的预测价值[J]. 放射学实践, 2025, 40(6): 720-724.
- [13] 黄飞, 舒皎洁. 老年乳腺癌患者 CK5/6、p63 和 HER2 蛋白表达及与患者病理特征和预后的关系[J]. 中国老年学杂志, 2024, 44(21): 5172-5175.
- [14] 周兰妮, 欧阳富盛, 郭保亮, 等. 细胞外体积分数联合临床指标构建的列线图预测结直肠癌 P53 表达[J]. 临床放射学杂志, 2024, 43(5): 776-782.
- [15] Zhong X, Peng J, Shu Z, et al. Prediction of P53 mutation status in rectal cancer patients based on magnetic resonance imaging-based nomogram: a study of machine learning[J/OL]. Cancer Imaging, 2023, 23(1): e88 [2023-09-18]. DOI: 10.1186/s40644-023-00607-1.
- [16] Huang Q, Zheng H, Xiong B, et al. Preoperative prediction of multiple biological characteristics in colorectal cancer using MRI and machine learning[J/OL]. Heliyon, 2025, 11(2): e41852 [2025-01-09]. DOI: 10.1016/j.heliyon.2025.e41852.

(收稿日期: 2025-06-27 修回日期: 2025-09-28)

《放射学实践》杂志微信公众平台开通啦!

遵照同行评议、价值导向、等效应用原则,国内各大学会、协会、组织机构通过科技工作者推荐、专家评议、结果公示等规定程序,《放射学实践》杂志入选中国科协发布 10 大领域《我国高质量科技期刊分级目录》业内认可的较高水平期刊。《放射学实践》杂志入选 2023 年版北京大学和北京高校图书馆期刊工作研究会共同主持的国家社会科学基金项目“学术期刊评价及文献计量学研究”研究成果——《中国核心期刊要目总览》。

《放射学实践》杂志微信公众平台立足于准确地传递医学影像领域的最新信息,致力于为关注医学影像领域的广大人士服务。欢迎大家通过微信平台,以文字、图片、音频和视频等形式与我们互动,分享交流最新的医学影像资讯。您还可以通过微信平台免费阅读及搜索本刊所有发表过的论文,投稿作者可以查询稿件状态等。

您可以通过以下方式关注《放射学实践》杂志微信公众平台:

1. 打开微信,通过“添加朋友”,在搜索栏里直接输入“放射学实践”进行搜索。
2. 在“查找微信公众号”栏里输入“放射学实践”即可找到微信公众号,点击“关注”,添加到通讯录。
3. 打开微信,点击“扫一扫”,手机镜头对准下面的二维码,扫出后点击关注即可。



关注有惊喜!