·直肠癌影像学专题·

基于增强 CT 影像组学结合机器学习预测结直肠癌肿瘤出芽等级的价值

孙世超，索龙龙，张伍杰，许永杰，谢亚玎

【摘要】 **目的**：探讨基于增强 CT 影像组学结合机器学习对结直肠癌肿瘤出芽（TB）等级的预测价值。**方法**：回顾性收集两个中心经术后病理证实的结直肠癌患者。中心 1 纳入 467 例患者，按 7∶3 随机分为训练集（327 例）和内部验证集（140 例）；中心 2 纳入 209 例患者，均用作外部验证集。根据术后病理结果分为中低 TB 组和高 TB 组。在增强三期图像上逐层勾画肿瘤轮廓，并提取其影像组学特征。使用多层感知器、支持向量机（SVM）、逻辑回归和朴素贝叶斯构建预测模型。同时，利用单因素和多因素 Logistic 回归分析选取临床影像学特征中的独立预测因素，并作为额外的特征输入至最优影像组学模型中构建列线图模型。**结果**：SVM 表现出良好的预测性能，在训练集、内部验证集和外部验证集的 AUC 分别为 0.918、0.863、0.835。分化程度、强化方式和 CT-N 分期是结直肠癌 TB 等级的独立预测因素，将其输入至 SVM 模型中构建的列线图模型具有最高的预测性能，在训练集、内部验证集和外部验证集中的 AUC 分别为 0.951、0.904、0.858。**结论**：基于增强 CT 影像组学和机器学习的预测模型可在术前较好地预测结直肠癌 TB 等级，纳入临床影像学特征构建的列线图模型可进一步提升性能。

【关键词】 结直肠癌；肿瘤出芽；体层摄影术，X 线计算机；影像组学；列线图

【中图分类号】R735.3；R814.42 【文献标志码】A 【文章编号】1000-0313（2026）09-1006-07

DOI：10.13609/j.cnki.1000-0313.2026.09.005 开放科学（资源服务）标识码（OSID）：

Preoperative prediction of tumor budding grade in colorectal cancer based on enhanced CT radiomics combined with machine learning SUN Shi-chao, SUO Long-long, ZHANG Wu-jie, et al. Second Department of Hepatobiliary Surgery, Handan First Hospital, Hebei 056000, China

【**Abstract**】 **Objective**: To explore the predictive value of enhanced CT-based radiomics combined with machine learning for the grade of tumor budding (TB) in colorectal cancer. **Methods**: Retrospective collection of colorectal cancer patients confirmed by postoperative pathology from two centers was conducted. A total of 467 patients were enrolled from Center 1, who were randomly divided into a training cohort (n=327) and an internal validation cohort (n=140) in a 7:3 ratio. Center 2 contributed 209 patients, all of whom were assigned to the external validation cohort. Based on postoperative pathological assessment, patients were categorized into either a low-to-moderate tumor budding (TB) group or a high TB group. The tumor contours were outlined layer by layer on the three-phase contrast-enhanced CT images, and their radiomics features were extracted. Prediction models were built using multi-layer perceptron, support vector machine (SVM), logistic regression, and naive Bayes. At the same time, univariate and multivariate logistic regression analyses were used to select independent predictive factors from clinical imaging features, and these factors were input as additional features into the optimal radiomics model to construct a nomogram model. **Results**: Robust predictive performance was observed with the SVM model, as evidenced by AUCs of 0.918 in the training cohort, 0.863 in the internal validation cohort, and 0.835 in the external validation cohort, respectively. In colorectal cancer, the differentiation degree, enhancement mode, and CT-N staging were identified as independent predictors of TB grade. When these variables were incorporated into a SVM-based nomogram, the model demonstrated superior predictive accuracy. The model achieved AUC values of 0.951 in the training cohort, 0.904 in the internal validation cohort, and 0.858 in the external validation cohort, respectively. **Conclusion**: The predictive model based on enhanced CT radiomics and machine learning can better predict the TB grade of colorectal cancer before surgery, and the nomogram model established by incorporating clinical imaging features can further improve performance.

【**Key words**】 Colorectal cancer; Tumor budding; Tomography, X-ray computer; Radiomics; Nomogram

结直肠癌是消化系统最常见的恶性肿瘤之一，严重威胁人类健康。2024 年癌症报告显示，中国结直肠癌的年新发病例和死亡病例分别为 57.8 万和 24 万，其发病率和死亡率在全部恶性肿瘤中分别居第 2 和第 4 位[1]。肿瘤出芽（tumor budding，TB）是实体瘤特有的病理特征，在肿瘤的侵袭和转移过程中发挥着重要

作者单位：056000 河北，邯郸市第一医院肝胆外二科（孙世超、张伍杰、谢亚玎），CT 室（许永杰）；056000 河北，邯郸市中心医院普外七科（索龙龙）

作者简介：孙世超（1987－），男，河北邯郸市人，硕士，主治医师，主要从事普通外科工作。

通信作者：谢亚玎，E-mail：13171861606@163.com

作用[2]。相关研究表明,TB 是导致结直肠癌患者预后不良的独立危险因素之一[3-5]。此外,TB 等级较高的患者可能无法从新辅助治疗中获益[6-8]。然而,目前 TB 等级的判断主要基于术后切除标本的病理学检查[9],存在有创、诊断延迟等局限,难以满足术前精准分层管理的需求。因此,亟需探索一种安全、有效且无创的术前评估手段,以实现对 TB 等级的准确预测。增强 CT 是结直肠癌术前诊断与分期的重要影像学检查,并已广泛用于临床。然而,传统的评估方式主要提供病变的定性诊断,且在很大程度上依赖于影像科医师的主观经验。影像组学通过提取医学图像中肉眼无法识别的潜在定量特征,并结合机器学习方法构建相关的预测模型,能够有效指导临床决策[10]。近年来,增强 CT 影像组学在结直肠癌中的应用不断拓展[11],但有关 TB 等级的相关研究仍较为匮乏。此外,国内外尚无学者将增强 CT 影像组学和机器学习方法相结合用于评估结直肠癌的 TB 等级。本研究旨在探讨增强 CT 影像组学结合机器学习术前预测结直肠癌 TB 等级的价值。

材料与方法

1.病例资料

回顾性收集 2017 年 1 月至 2025 年 2 月于邯郸市第一医院(中心 1)和 2019 年 1 月至 2025 年 2 月于邯郸市中心医院(中心 2)接受手术治疗的结直肠癌患者。病例纳入标准:①经术后病理证实的结肠或直肠腺癌患者,并有明确的 TB 信息;②术前 2 周内完成全腹部增强 CT 扫描。病例排除标准:①CT 检查前接受任何抗肿瘤治疗;②临床资料缺失;③图像存在伪影或病灶显示不清。最终中心 1 纳入 467 例患者,按 7:3 随机分为训练集(327 例)和内部验证集(140 例)。中心 2 纳入 209 例患者,均用作外部验证集。

2.检查方法

采用 GE Revolution CT 或 Aquilion ONE 扫描仪行全腹部增强 CT 检查。扫描参数:管电压120 kV,管电流 200～500 mA,层厚 1.00～1.25 mm,旋转时间 0.5 s/r,螺距 0.800～0.984。增强扫描经肘静脉注射碘对比剂(浓度 350 mg I/mL),注射流率 2.5～3.0 mL/s,剂量 80 mL,注射后分别延迟 30 s、70 s 及 120 s 采集动脉期、静脉期和延迟期图像。

3.临床、影像学特征收集及评估

收集患者的临床资料,包括年龄、性别、吸烟史、饮酒史、糖尿病、高血压、肿瘤家族史、癌胚抗原、糖类抗原 125、糖类抗原 199 和分化程度(基于术前穿刺获取)。由两位有 10 年以上腹部影像诊断经验的放射科医师独立评估肿瘤的影像学特征,包括肿瘤最长径、边界、形态、强化方式、坏死、位置、CT-T 分期和 CT-N 分期。当两位医师意见出现分歧时,通过协商达成一致。

4.病理学评估

首先,在低倍镜下全面观察 HE 切片,选取肿瘤出芽最为密集的区域。随后,在高倍镜下挑选 10 个代表性视野,对出芽情况进行详细计数分析。根据国际肿瘤出芽共识会议提出的标准化方法[5],分为 TB 1(0～4 个芽)、TB 2(5～9 个芽)、TB 3(≥10 个芽)。参考既往文献[12-13],将患者分为两组,即中低 TB 组(TB 1+TB 2)和高 TB 组(TB 3)。

5.图像预处理和肿瘤分割

将所有图像导入 ITK-SNAP(http://www.itk-snap.org)软件。首先,对图像进行重采样及 Z-score 标准化,以减少不同设备的固有差异。随后,由上述两位放射科医师在动脉期、静脉期和延迟期图像上分别沿肿瘤边缘逐层勾画 ROI,并生成感兴趣区容积(图 1)。勾画时尽量避开肠道内容物、空气及正常组织等。两位医师均对患者分组情况不知情。

6.影像组学特征提取和筛选

根据影像生物标志物标准化倡议,使用 pyradiomics3.0.1 工具包从动脉期、静脉期和延迟期图像中分别提取 1746 个影像组学特征,类型包括形状、一阶、纹理和小波特征。在训练集中筛选特征,具体步骤如下:①对两位医师提取的影像组学特征进行组内相关系数(intra class correlation coefficient,ICC)检验,保留一致性较高(ICC≥0.75)的特征;②根据 Pearson 相关系数剔除系数绝对值＞0.8 的特征;③使用最小绝对收缩和选择算子(least absolute shrinkage and selection operator,LASSO)结合十折交叉验证进一步筛选,以获得最佳特征子集。

7.模型构建

采用 4 种机器学习方法,包括多层感知机(multilayer perceptron,MLP)、支持向量机(support vector machines,SVM)、逻辑回归(logistic regression,LR)和朴素贝叶斯(naive bayes,NB)基于影像组学特征构建预测模型。同时,利用单因素和多因素 Logistic 回归分析选取临床影像学特征中的独立预测因素,用于构建临床模型。最后,将独立预测因素作为额外的输入特征连接到最优影像组学模型中构建联合模型,并绘制列线图进行可视化。

8.统计学分析

采用 SPSS 26.0 软件进行统计学分析。定量数据以均值±标准差($\bar{x}\pm s$)表示,采用独立样本 t 检验比较两组间差异。定性数据以频数(百分比)表示,采用 χ^2 检验比较两组间差异。使用Kappa系数评估两位

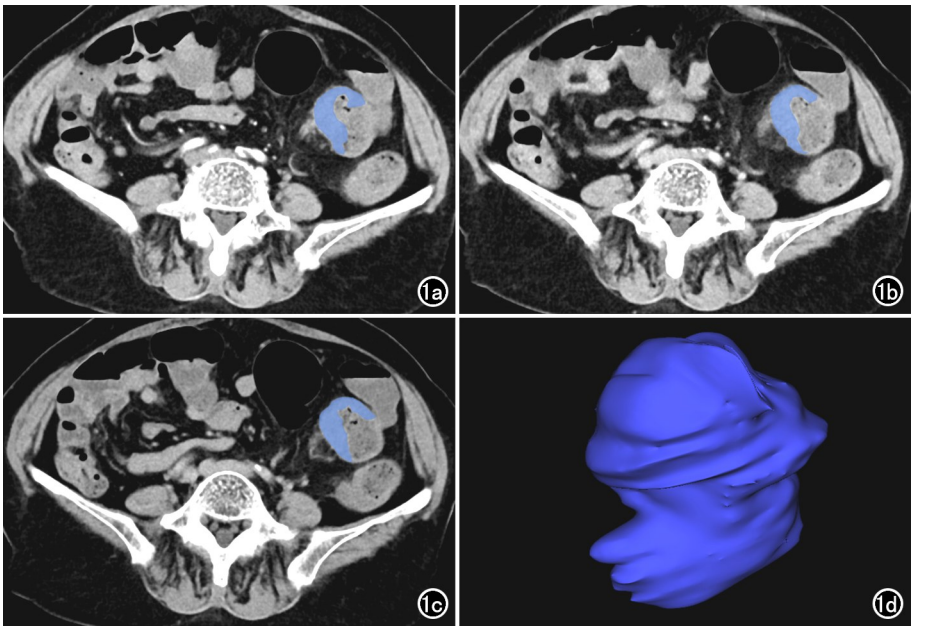

图 1 肿瘤勾画示意图。a）动脉期勾画图像；b）静脉期勾画图像；c）延迟期勾画图像；d）肿瘤感兴趣体积。

放射科医师对 CT-T 分期和 CT-N 分期的一致性。采用受试者工作特征（receiver operating characteristic，ROC）曲线评估模型的预测性能。校正曲线和决策曲线分别用于评价校准度、临床净获益。以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1.临床及影像学特征比较

在训练集中，中低 TB 组与高 TB 组患者在分化程度、强化方式、CT-T 分期和 CT-N 分期之间差异均有统计学意义（P 均＜0.05）；在内部验证集和外部验证集中，仅分化程度、强化方式和 CT-N 分期在两组之间差异有统计学意义（P 均＜0.05，表 1、2）。一致性分析结果显示，两位医师在评估 CT-T 分期和 CT-N 分期时，评估结果之间具有较高的一致性（Kappa 值＝0.857、0.891，P＜0.001）。多因素 Logistic 回归分析结果显示，分化程度（OR＝3.345，P＜0.001）、强化方式（OR＝1.958，P＝0.015）和 CT-N 分期（OR＝2.533，P＜0.001）是结直肠癌 TB 等级的独立预测因素，构建的临床模型在训练集、内部验证集和外部验证集的 AUC 分别为 0.722、0.694、0.661。

2.特征筛选和机器学习

每例患者提取 5238 个影像组学特征。首先，筛选出 ICC≥0.75 的特征共 4839 个；其次，经 Pearson 相关分析保留 725 个特征；最终，利用 LASSO 结合十折交叉验证筛选出 11 个最佳特征。其中，动脉期有 2 个

表 1 两组患者的临床特征比较 [n(%)]

特征	训练集(n=327)				内部验证集(n=140)				外部验证集(n=209)			
	中低 TB 组(n=185)	高 TB 组(n=142)	统计值	P 值	中低 TB 组(n=79)	高 TB 组(n=61)	统计值	P 值	中低 TB 组(n=127)	高 TB 组(n=82)	统计值	P 值
年龄(岁)	64.41±10.62	64.28±8.57	−0.122	0.903	65.10±9.76	66.16±10.23	0.626	0.533	64.87±10.34	67.11±9.30	1.592	0.113
性别			1.112	0.292			2.305	0.129			0.975	0.323
男	116(62.7)	97(68.3)			53(67.1)	48(78.7)			75(59.1)	54(65.9)		
女	69(37.3)	45(31.7)			26(32.9)	13(21.3)			52(40.9)	28(34.1)		
吸烟史			2.605	0.106			0.121	0.728			2.203	0.138
是	31(16.8)	34(23.9)			12(15.2)	8(13.1)			14(11.0)	15(18.3)		
否	154(83.2)	108(76.1)			67(84.8)	53(86.9)			113(89.0)	67(81.7)		
饮酒史			1.653	0.199			0.271	0.603			0.037	0.848
是	39(21.1)	22(15.5)			10(12.7)	6(9.8)			23(18.1)	14(17.1)		
否	146(78.9)	120(84.5)			69(87.3)	55(90.2)			104(81.9)	68(82.9)		
糖尿病			1.283	0.257			0.043	0.836			0.050	0.823
有	13(7.0)	15(10.6)			14(17.7)	10(16.4)			7(5.5)	12(14.6)		
无	172(93.0)	127(89.4)			65(82.3)	51(83.6)			75(94.5)	115(85.4)		
高血压			1.766	0.184			1.292	0.256			1.414	0.234
有	84(45.4)	75(52.8)			30(38.0)	29(47.5)			68(53.5)	37(45.1)		
无	101(54.6)	67(47.2)			49(62.0)	32(52.5)			59(46.5)	45(54.9)		
肿瘤家族史			0.022	0.883			0.027	0.869			0.417	0.519
有	11(5.9)	9(6.3)			3(3.8)	2(3.3)			9(7.1)	4(4.9)		
无	174(94.1)	133(93.7)			76(96.2)	59(96.7)			118(92.9)	78(95.1)		
癌胚抗原(ng/mL)			1.930	0.165			2.975	0.085			0.996	0.318
≤5	122(65.9)	83(58.5)			61(77.2)	39(63.9)			86(67.7)	50(61.0)		
＞5	63(34.1)	59(41.5)			18(22.8)	22(36.1)			41(32.3)	32(39.0)		
糖类抗原 125(U/mL)			1.320	0.251			0.129	0.720			0.121	0.728
≤35	171(92.4)	126(88.7)			69(87.3)	52(85.2)			116(91.3)	76(92.7)		
＞35	14(7.6)	16(11.3)			10(12.7)	9(14.8)			11(8.7)	6(7.3)		
糖类抗原 199(U/mL)			0.100	0.752			0.376	0.540			0.406	0.524
≤30	146(78.9)	110(77.5)			63(79.7)	46(75.4)			108(85.0)	67(81.7)		
＞30	39(21.1)	32(22.5)			16(20.3)	15(24.6)			19(15.0)	15(18.3)		
分化程度			32.644	＜0.001			14.476	＜0.001			15.168	＜0.001
中高分化	149(80.5)	72(50.7)			67(84.8)	34(55.7)			98(77.2)	42(51.2)		
低分化	36(19.5)	70(49.3)			12(15.2)	27(44.3)			29(22.8)	40(48.8)		

表 2 两组患者的影像学特征比较 [n(%)]

特征	训练集(n=327)				内部验证集(n=140)				外部验证集(n=209)			
	中低 TB 组(n=185)	高 TB 组(n=142)	统计值	P 值	中低 TB 组(n=79)	高 TB 组(n=61)	统计值	P 值	中低 TB 组(n=127)	高 TB 组(n=82)	统计值	P 值
肿瘤最长径(cm)	4.16±1.17	4.36±1.19	1.551	0.122	4.43±1.29	4.65±1.33	0.995	0.322	4.27±1.23	4.49±1.24	1.247	0.214
边界			1.972	0.160			0.879	0.349			0.276	0.599
清晰	82(44.3)	52(36.6)			32(40.5)	20(32.8)			45(35.4)	32(39.0)		
模糊	103(55.7)	90(63.4)			47(59.5)	41(67.2)			82(64.6)	50(61.0)		
形态			2.044	0.153			0.710	0.400			3.228	0.072
规则	49(26.5)	28(19.7)			16(20.3)	9(14.8)			46(36.2)	20(24.4)		
不规则	136(73.5)	114(80.3)			63(79.7)	52(85.2)			81(63.8)	62(75.6)		
强化方式			7.059	0.008			3.971	0.046			5.881	0.015
均匀	141(76.2)	89(62.7)			58(73.4)	35(57.4)			96(75.6)	49(59.8)		
不均匀	44(23.8)	53(37.3)			21(26.6)	26(42.6)			31(24.4)	33(40.2)		
坏死			1.053	0.305			0.087	0.768			0.690	0.406
有	54(29.2)	49(34.5)			19(24.1)	16(26.2)			22(17.3)	18(22.0)		
无	131(70.8)	93(65.5)			60(75.9)	45(73.8)			105(82.7)	64(78.0)		
位置			3.255	0.196			1.040	0.595			1.550	0.461
右侧结肠	61(33.0)	41(28.9)			27(34.2)	16(26.2)			32(25.2)	27(32.9)		
左侧结肠	33(17.8)	37(26.0)			18(22.8)	15(24.6)			28(22.0)	15(18.3)		
直肠	91(49.2)	64(45.1)			34(43.0)	30(49.2)			67(52.8)	40(48.8)		
CT-T 分期			4.114	0.043			1.302	0.254			2.002	0.157
T1～T2	62(33.5)	33(23.2)			32(40.5)	19(31.1)			46(36.2)	22(26.8)		
T3～T4	123(66.5)	109(76.8)			47(59.5)	42(68.9)			81(63.8)	60(73.2)		
CT-N 分期			36.610	<0.001			7.151	0.007			11.110	0.001
N0	131(70.8)	53(37.3)			54(68.4)	28(45.9)			95(74.8)	43(52.4)		
N1～N2	54(29.2)	89(62.7)			25(31.6)	33(54.1)			32(25.2)	39(47.6)		

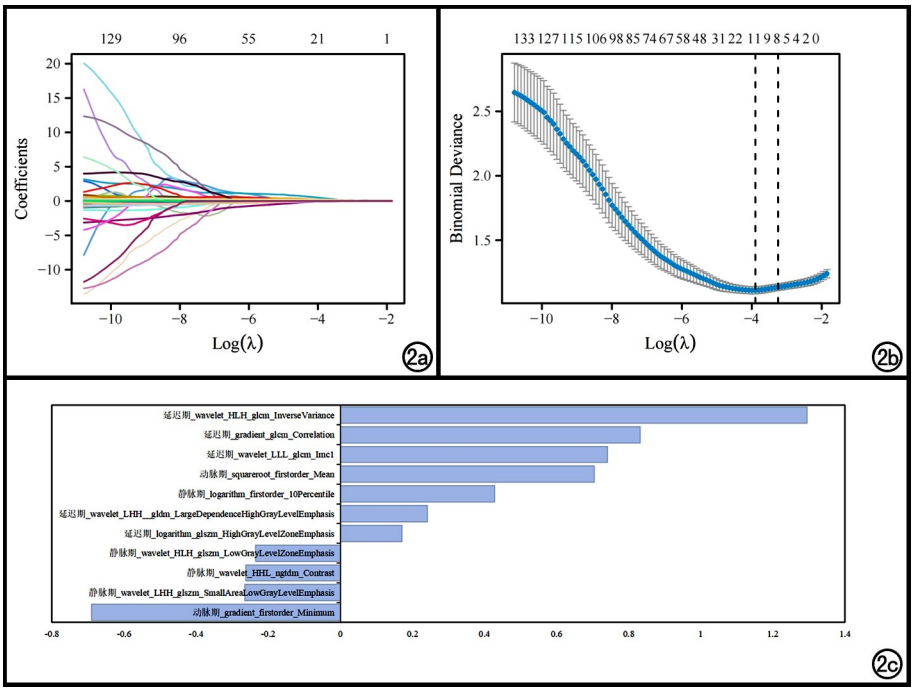

图 2 LASSO 回归筛选特征过程。a) 均方误差图;b) 回归系数图;c) 最佳特征子集。

特征,均为一阶特征;静脉期有 4 个特征,包括 1 个一阶特征和 3 个小波特征;延迟期有 5 个特征,包括 2 个纹理特征和 3 个小波特征(图 2)。将上述特征与 4 种机器学习方法结合构建影像组学模型,通过比较认为 SVM 模型的性能最优,其在训练集、内部验证集和外部验证集的 AUC 均为最高,分别为 0.918、0.863、0.835。

3.联合模型构建与评价

将分化程度、强化方式和 CT-N 分期作为额外的特征输入 SVM 模型中构建列线图模型(图 3)。通过 ROC 曲线及多项指标评价各个模型的性能(表 3、图 4)。其中,列线图模型的预测性能优于其他模型(训练集 AUC:0.947;内部验证集 AUC:0.897;外部验证集 AUC:0.846)。DeLong 检验结果显示,在训练集、内部验证集和外部验证集中,列线图模型的 AUC 显著高于临床模型(Z=4.327、3.541、3.282,P 均<0.05)。校准曲线显示,列线图模型具有较好的拟合效果(图 5)。决策曲线显示,列线图模型在临床上的净获益更高(图 6)。

讨 论

早期识别结直肠癌的 TB 等级对于临床决策和预后改善具有重要的临床意义,然而目前尚无有效的术前评估方法获取 TB 等级信息。鉴于此,本研究提取并筛选了结直肠癌患者术前增强 CT 的多期影像组学特征,采用多种常见的机器学习方法来构建模型并进行比较;然后将最优影像组学评分与临床影像学特征相结合构建结直肠癌术前 TB 等级的预测模型,并以列线图的形式展示。本研究结果显示,列线图显示出优异的预测性能(训练集 AUC:0.951;内部验证集 AUC:0.904;外部验证集 AUC:0.858)。临床医师在进行决策时可参考列线图模型的预测结果,从而制定出更适合患者的治疗方案。

本研究结果显示,分化程度、强化方式和 CT-N 分期是结直肠癌TB等级的独立预测因素,这与此前多

表 3 不同模型的预测效能比较

模型	AUC(95% CI)	灵敏度(%)	特异度(%)	准确度(%)
训练集				
MLP	0.826 (0.780～0.873)	78.87	81.08	80.12
SVM	0.918 (0.888～0.948)	90.85	86.49	88.38
LR	0.855 (0.815～0.895)	85.92	75.14	79.82
NB	0.872 (0.833～0.912)	84.51	82.16	83.18
临床模型	0.722 (0.665～0.780)	63.38	81.62	73.70
列线图模型	0.951 (0.928～0.973)	92.25	88.65	90.21
内部验证集				
MLP	0.679 (0.588～0.770)	73.77	65.82	69.29
SVM	0.863 (0.802～0.924)	86.89	83.54	85.00
LR	0.784 (0.702～0.866)	80.33	77.22	78.57
NB	0.795 (0.716～0.873)	85.25	79.75	82.14
临床模型	0.694 (0.608～0.781)	70.49	65.82	67.86
列线图模型	0.904 (0.855～0.952)	88.52	82.28	85.00
外部验证集				
MLP	0.706 (0.632～0.780)	63.41	77.17	71.77
SVM	0.835 (0.776～0.894)	81.71	83.46	82.78
LR	0.751 (0.681～0.820)	71.95	70.87	71.29
NB	0.683 (0.606～0.760)	64.63	67.72	66.51
临床模型	0.661 (0.592～0.731)	60.98	70.87	66.99
列线图模型	0.858 (0.799～0.917)	86.59	84.25	85.17

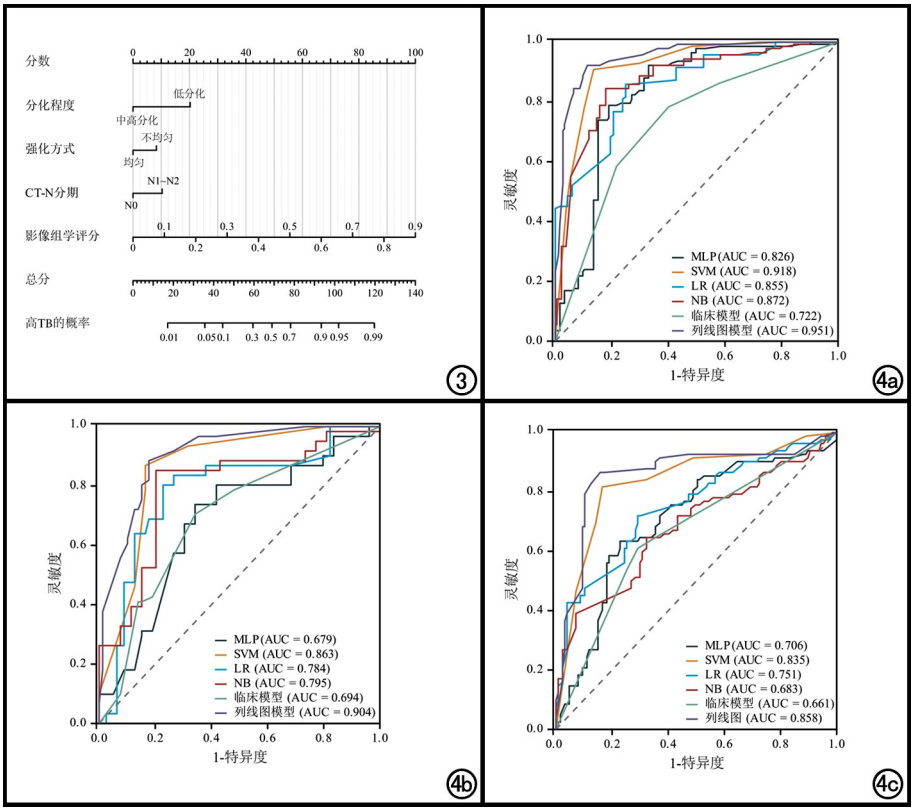

图 3 基于分化程度、强化方式、CT-N 分期及影像组学评分构建的列线图。

图 4 不同模型的 ROC 曲线。a)训练集;b)内部验证集;c)外部验证集。

项研究[14-16]结论相仿。在本研究中,高 TB 组肿瘤低分化的比例(70/142,49.3%)高于中低 TB 组(36/185,19.5%),提示较高的 TB 等级可能与更具侵袭性的病理学特征有关[15]。同时,高 TB 组肿瘤更常表现为不均匀强化,可能反映了肿瘤内部血供分布不均及组织异质性增加,这些影像学表现往往与肿瘤侵袭性增强相关。此外,与中低 TB 组相比,高 TB 组的 CT-N 分期更高。TB 是恶性肿瘤发生浸润转移的一个先兆,具体作用机制可能与上皮-间充质转化、逃避缺氧和炎症浸润有关[17]。然而,CT 对 N 分期的判断主要依据淋巴结的增强和边缘状态等指标,具有一定的主观依赖性。进一步基于这两个因素建立的临床模型仅取得了较低的预测性能,在训练集、内部验证集和外部验证集中的 AUC 分别为 0.722、0.694、0.661。因此,仅依靠常规特征可能难以准确评估 TB 等级,对病变微观结构或内部特征进行分析,或许可以提供更加全面的信息。

影像组学通过将医学图像转化为可量化的特征,并借助机器学习提取其中关键信息,可为临床决策提供重要支持[18]。本研究应用了包括 MLP、SVM、LR 和 NB 在内的 4 种机器学习方法,并通过内部和外部数据集的双重验证,旨在更准确地评估模型的稳定性和泛化能力。本研究结果显示,SVM 模型对结直肠癌 TB 等级的预测性能最好,内部验证集和外部验证集的 AUC 分别为 0.863、0.835。SVM 是一种基于统计学习理论的分类算法,其通过寻找最优的超

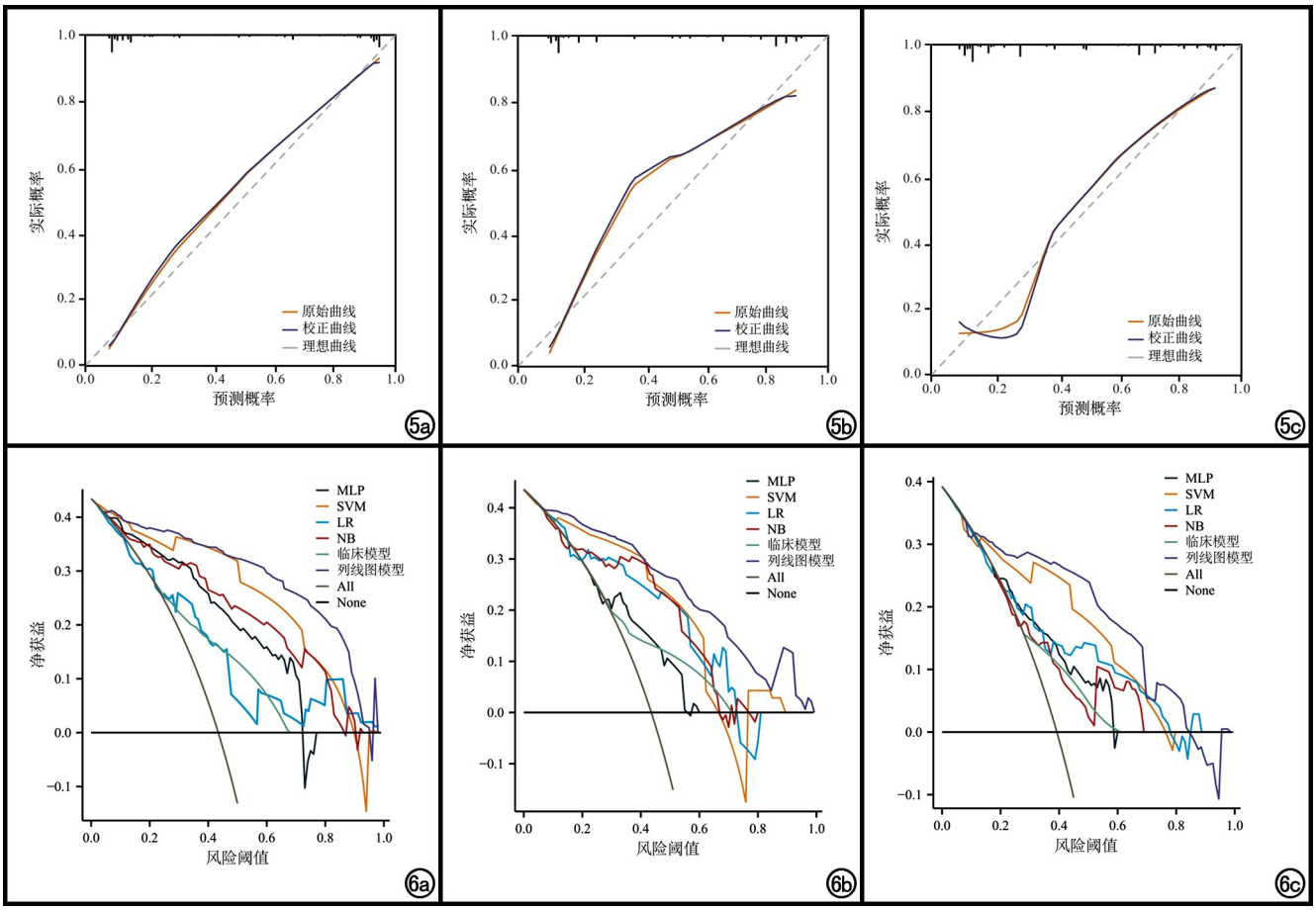

图 5 列线图模型的校准曲线。a)训练集;b)内部验证集;c)外部验证集。 **图 6** 不同模型的决策曲线。a)训练集;b)内部验证集;c)外部验证集。

平面可最大化类别间的间隔。此外,SVM 在处理小样本、高维特征的情况下表现出色,尤其在边界清晰的分类问题中具有较强的鲁棒性[19]。此前 Feng 等[20]利用 SVM 构建了用于预测结直肠癌肿瘤沉积风险的模型,结果也表明该方法具有良好的预测性能。

在筛选出的 11 个最佳特征中,包括了 3 个一阶特征、2 个纹理特征和 6 个小波特征。一阶特征通过对图像中每个像素灰度值的直接分析,反映了图像的整体亮度和对比度,主要捕捉像素灰度的基本统计量,如均值、方差、偏度和峰度。纹理特征则着重分析像素之间的空间关系,通过量化不同位置上灰度值的相对分布及变化,揭示了组织结构的复杂性及不均匀性。小波变换可将图像信息分解为多个尺度与方向的组成部分,进而在时间域与频率域中提供联合信息支持,从而有助于从分子层面对肿瘤免疫微环境进行表征[21]。然而,小波特征与肿瘤异质性之间的相关性及其生物学可解释性仍缺乏充分证据,尚需进一步研究加以验证。

本研究存在以下局限性:①采用回顾性队列,在患者入组时可能存在偏倚,未来应计划收集前瞻性队列,以验证模型性能;②采用手动勾画 ROI 的方法,过程耗时且易受人为因素影响,未来将尝试应用自动分割技术以减少主观因素带来的误差。

综上所述,基于增强 CT 影像组学和机器学习的预测模型可在术前较好地预测结直肠癌 TB 等级,纳入临床影像学特征建立的列线图模型可进一步提升性能。

参考文献:

[1] Filho AM, Laversanne M, Ferlay J, et al. The GLOBOCAN 2022 cancer estimates: Data sources, methods, and a snapshot of the cancer burden worldwide[J]. Int J Cancer, 2025, 156(7): 1336-1346.

[2] Lugli A, Zlobec I, Berger MD, et al. Tumour budding in solid cancers[J]. Nat Rev Clin Oncol, 2021, 18(2): 101-115.

[3] Van Wyk HC, Park J, Roxburgh C, et al. The role of tumour budding in predicting survival in patients with primary operable colorectal cancer: a systematic review[J]. Cancer Treat Rev, 2015, 41(2): 151-159.

[4] Rogers AC, Winter DC, Heeney A, et al. Systematic review and meta-analysis of the impact of tumour budding in colorectal cancer[J]. Br J Cancer, 2016, 115(7): 831-840.

[5] Lugli A, Kirsch R, Ajioka Y, et al. Recommendations for reporting tumor budding in colorectal cancer based on the International Tumor Budding Consensus Conference (ITBCC) 2016[J]. Mod

Pathol, 2017, 30(9): 1299-1311.

[6] Trotsyuk I, Sparschuh H, Müller AJ, et al. Tumor budding outperforms ypT and ypN classification in predicting outcome of rectal cancer after neoadjuvant chemoradiotherapy[J]. BMC Cancer, 2019, 19(1): 1033.

[7] Kim S, Huh JW, Lee WY, et al. Prognostic impact of lymphatic invasion, venous invasion, perineural invasion, and tumor budding in rectal cancer treated with neoadjuvant chemoradiotherapy followed by total mesorectal excision[J]. Dis Colon Rectum, 2023, 66(7): 905-913.

[8] Jäger T, Neureiter D, Fallaha M, et al. The potential predictive value of tumor budding for neoadjuvant chemoradiotherapy response in locally advanced rectal cancer[J]. Strahlenther Onkol, 2018, 194(11): 991-1006.

[9] 周振, 沈浮, 陆海迪, 等. 动态增强磁共振成像术前评估直肠癌肿瘤出芽等级的价值[J]. 中国医学计算机成像杂志, 2022, 28(4): 379-384.

[10] 郭建峰, 宋鑫洋, 沈天赐, 等. 基于多模态影像组学联合机器学习模型预测甲状腺乳头状癌颈部淋巴结转移的价值[J]. 放射学实践, 2024, 39(9): 1152-1157.

[11] 曹云太, 周俊林. 影像组学在结直肠癌诊断、疗效评估及预后预测中的研究进展[J]. 实用放射学杂志, 2024, 40(4): 663-665, 688.

[12] Xie P, Huang Q, Zheng L, et al. Sub-region based histogram analysis of amide proton transfer-weighted MRI for predicting tumor budding grade in rectal adenocarcinoma: a prospective study[J]. Eur Radiol, 2025, 35(3): 1382-1393.

[13] 杜云霞, 徐文翔, 何雨琪, 等. 酰胺质子转移加权成像与扩散加权成像评价直肠癌肿瘤出芽等级的价值[J]. 磁共振成像, 2025, 16(1): 42-47, 73.

[14] Gao Z, Cao H, Xu X, et al. Prognostic value of lymphovascular invasion in stage II colorectal cancer patients with an inadequate examination of lymph nodes[J]. World J Surg Oncol, 2021, 19(1): 125.

[15] Deb B, Jacob SE. Predictive power of tumour budding for lymph node metastasis in colorectal carcinomas: A retrospective study[J]. Indian J Med Res, 2019, 150(6): 635-639.

[16] Mitrovic B, Handley K, Assarzadegan N, et al. Prognostic and predictive value of tumor budding in colorectal cancer[J]. Clin Colorectal Cancer, 2021, 20(3): 256-264.

[17] Marx AH, Mickler C, Sauter G, et al. High-grade intratumoral tumor budding is a predictor for lymphovascular invasion and adverse outcome in stage II colorectal cancer[J]. Int J Colorectal Dis, 2020, 35(2): 259-268.

[18] Dercle L, Henry T, Carré A, et al. Reinventing radiation therapy with machine learning and imaging bio-markers (radiomics): State-of-the-art, challenges and perspectives[J]. Methods, 2021, 188: 44-60.

[19] 周澜, 郭建峰, 陈进兰, 等. 基于增强 CT 影像组学联合机器学习模型术前预测甲状腺乳头状癌 BRAFV600E 基因突变的价值[J]. 放射学实践, 2025, 40(11): 1396-1402.

[20] Feng FW, Jiang FY, Liu YQ, et al. Radiomics analysis of dual-layer spectral-detector CT-derived iodine maps for predicting tumor deposits in colorectal cancer[J]. Eur Radiol, 2025, 35(1): 105-116.

[21] Moon SH, Kim J, Joung JG, et al. Correlations between metabolic texture features, genetic heterogeneity, and mutation burden in patients with lung cancer[J]. Eur J Nucl Med Mol Imaging, 2019, 46(2): 446-454.

(收稿日期: 2025-11-17 修回日期: 2026-01-28)