



· 专题论著 ·



杨晓棠，教授，医学博士、主任医师、博士研究生导师、博士后导师。山西省肿瘤医院副院长，山西省学术技术带头人，享受国务院特殊津贴。兼任中国抗癌协会肿瘤影像专业委员会副主委、中华放射学会乳腺专业委员会委员等。主要聚焦胃肠道、乳腺肿瘤医工交叉研究。发表论文100余篇，SCI收录期刊上发表论文30余篇；主持国家自然科学基金联合基金项目、面上项目等17项；获省部级科技奖3项。



宋瑞瑞，主治医师，医学硕士，主要从事胃肠道肿瘤影像诊断及相关科研工作。国内外杂志发表学术论文10篇，其中以第一（共一）作者身份在SCI收录期刊上发表论文4篇。主持山西省科技厅青年项目1项，省卫健委项目1项，省教育厅项目1项。

基于多参数MRI生境成像的机器学习模型预测胃癌脉管浸润

武亚楠¹，马韶卿²，崔艳芬²，宋瑞瑞³，杨晓棠²

1. 山西省肿瘤医院 / 中国医学科学院肿瘤医院山西医院 / 山西医科大学附属肿瘤医院信息管理科，山西 太原 030013；
2. 山西省肿瘤医院 / 中国医学科学院肿瘤医院山西医院 / 山西医科大学附属肿瘤医院影像科，山西 太原 030013；
3. 山西医科大学研究生院，山西 太原 030000

[摘要] **目的：**探讨基于多参数磁共振成像（magnetic resonance imaging, MRI）生境影像组学结合机器学习模型在预测胃癌患者脉管浸润（lymphovascular invasion, LVI）的潜在价值。**方法：**回顾并收集2012年10月—2024年5月山西省肿瘤医院经病理学检查证实的胃癌患者，按7:3的比例随机分为训练集和验证集。对多参数MRI，包括轴位T2加权成像、表观弥散系数（apparent diffusion coefficient, ADC）图和增强T1加权成像预处理并手动分割肿瘤，基于模糊c-means聚类算法将肿瘤划分子区域，分别提取并筛选生境子区域及全肿瘤区域影像组学特征。分别采用随机森林（random forests, RF）、逻辑回归（logistic regression, LR）和支持向量机（support vector machine, SVM）3种不同的机器学习算法构建生境成像的影像组学模型预测LVI状态，筛选出最优的机器学习算法构建全瘤影像组学模型。绘制受试者工作特征（receiver operating characteristic, ROC）曲线和决策分析曲线（decision curve analysis, DCA），评估各模型对胃癌患者LVI预测性能及其临床获益。**结果：**共纳入446例胃癌患者，包括训练集313例和验证集133例。在3种机器学习模型中，基于SVM的生境影像组学模型表现出最佳的预测效能，在训练集及验证集曲线下面

基金项目：国家自然科学基金项目（U24A20757, 82371952）；山西省科技创新人才团队青年项目（202304051001047）；山西省基础研究计划（202403021212233）。

利益冲突：作者声明无利益冲突。

伦理批件：KY2024112。

知情同意：豁免。

引用本文：武亚楠, 马韶卿, 崔艳芬, 等. 基于多参数MRI生境成像的机器学习模型预测胃癌脉管浸润 [J]. 肿瘤影像学, 2025, 34(6): 587-595.

Funding: National Natural Science Foundation of China (U24A20757, 82371952); Youth Talent Team Project for Scientific and Technological Innovation in Shanxi Province (202304051001047); Shanxi Provincial Basic Research Program (202403021212233).

Conflicts of interest: authors declare no conflicts of interest.

Ethical approval: KY2024112.

Informed consent: exemption.

Cite this article: WU Y N, MA S Q, SONG R R, et al. Prediction of lymphovascular invasion using multiparametric MRI habitat radiomics based on machine learning algorithms in gastric cancer [J]. Oncoradiology, 2025, 34(6): 587-595.

积 (area under curve, AUC) 分别为0.803和0.751, 该模型明显优于全瘤影像组学模型 (DeLong检验, $P < 0.05$)。结论: 基于多参数MRI生境成像的机器学习模型能够无创、准确地预测胃癌患者LVI状态, 为临床个体化治疗决策提供理论依据。

[关键词] 胃癌; 脉管浸润; 磁共振成像; 生境分析; 机器学习

中图分类号: R445.1 文献标志码: A

DOI: 10.19732/j.cnki.2096-6210.2025.06.004

Prediction of lymphovascular invasion using multiparametric MRI habitat radiomics based on machine learning algorithms in gastric cancer

WU Yanan¹, MA Shaoqing², CUI Yanfen², SONG Ruirui³, YANG Xiaotang²
(1. Department of Information Management, Shanxi Province Cancer Hospital / Shanxi Hospital Affiliated to Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences / Cancer Hospital Affiliated to Shanxi Medical University, Taiyuan 030000, Shanxi Province, China; 2. Department of Imaging, Shanxi Province Cancer Hospital / Shanxi Hospital Affiliated to Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences / Cancer Hospital Affiliated to Shanxi Medical University, Taiyuan 030000, Shanxi Province, China; 3. Shanxi Medical University Graduate School, Taiyuan 030000, Shanxi Province, China)

Correspondence to: YANG Xiaotang E-mail: yangxt210@126.com; SONG Ruirui E-mail: songrr1991@163.com.

[Abstract] **Objective:** To explore the value of the multiparametric magnetic resonance imaging (MRI) habitat radiomics combined with machine learning models for preoperatively predicting lymphovascular invasion (LVI) in patients with gastric cancer. **Methods:** Patients with pathologically confirmed gastric cancer from a retrospective cohort at Shanxi Provincial Cancer Hospital were included between October 2012 and May 2024, and the patients were then randomly divided into a training set and a validation set at a ratio of 7 : 3. Following preprocessing of multiparametric MRI sequences (including axial T2-weighted imaging, apparent diffusion coefficient maps, and contrast-enhanced T1-weighted imaging), manual tumor segmentation was performed. Subsequently, the fuzzy c-means clustering algorithm was applied to partition each tumor into distinct subregions. Radiomic features were extracted and screened on both the defined subregions and the whole tumor region. Three machine learning algorithms, including random forest (RF), logistic regression (LR), and support vector machine (SVM), were employed to construct habitat-based radiomic models for predicting LVI. The optimal algorithm identified from habitat analysis was subsequently applied to build the whole tumor radiomics model. The predictive efficacy and clinical benefits of each model were assessed using receiver operating characteristic (ROC) curves and decision curve analysis (DCA). **Results:** This study enrolled 446 patients, who were allocated to a training set ($n=313$) and a validation set ($n=133$). The habitat radiomics model on SVM yielded the highest area under curve (AUC) among all machine learning models, with AUCs of 0.803 in the training set and 0.751 in the validation set. Furthermore, it exhibited significantly superior performance compared to the whole-tumor radiomics model (DeLong test, $P < 0.05$). **Conclusion:** The multiparametric MRI habitat-based machine learning model serves as a non-invasive and accurate tool for predicting LVI status in gastric cancer patients, providing a valuable rationale for informing personalized clinical treatment.

[Key words] Gastric cancer; Lymphovascular invasion; Magnetic resonance imaging; Habitat analysis; Machine learning

胃癌在世界范围内的发病率及死亡率均高居第五位, 其5年生存率低于40%^[1]。脉管浸润 (lymphovascular invasion, LVI) 是胃癌患者预后不良的独立危险因素, 同时伴有较高的淋巴结转移和术后复发风险^[2-3]。由于胃癌具有高度的肿瘤内异质性, 对于LVI阳性患者需要更积极的联合治疗方式以降低局部复发的风险^[4]。目前术后病理学检查作为LVI状态唯一可靠的诊断方法, 滞后于临床决策。因此, 迫切需要一种无创、可重复的方法来术前评估胃癌患者的LVI状态。

多参数磁共振成像 (magnetic resonance imaging, MRI) 可提供肿瘤形态和微循环信息, 但该传统的影像学检查方法依赖于形态学特征等经验性判断, 肉眼图像识别存在较大的主观性。基于MRI的影像组学可从常规影像数据中定量地捕获复杂的微观特征, 然而既往研究^[5-6]多聚焦于全肿瘤分析。生境分析通过对传统影像组学延伸, 可有效地识别区分与特定功能相关的相似肿瘤子区域, 进而提供额外的信息来表征肿瘤内部的异质性并量化分析。既往研究^[7-8]已证实, 生境在乳腺癌和肝癌中对生物学特征具有预测价

值。因此，本研究旨在利用胃癌患者的多参数MRI，构建并验证基于生境成像的影像组学模型预测LVI状态，并比较不同机器学习算法的预测效能。

1 资料和方法

1.1 临床资料

连续性收集2012年10月—2024年5月山西省肿瘤医院收治的胃癌患者。纳入标准：①经病理学检查证实为胃癌；②术前2周内有无平扫+增强MRI检查；③临床病理学信息完整。排除标准：①术前接受过其他抗肿瘤治疗；②MRI图像伪影严重；③MRI病灶无法识别。纳入的患者按7:3的比例随机分为训练集和验证集（图1）。

通过病历系统收集基线临床资料，包括年龄、性别、癌胚抗原（carcinoembryonic antigen, CEA）、糖类抗原（carbohydrate antigen, CA）19-9、CA125、患者术后病理学T分期、N分期、分化程度、LVI。根据术后病理学检查结果，将患者分为LVI阳性组和LVI阴性组。

本研究为回顾性临床研究，已获得山西省肿瘤医院伦理委员会批准（批准号：KY2024112），并豁免书面知情同意。

1.2 MRI检查及图像配准

采用荷兰Philips公司的Achieva 3.0 T MRI机器，32通道相控阵线圈进行腹部扫描。患者禁食4~6 h，在MRI扫描前饮水500~1 000 mL。患者取仰卧位，在检查前进行屏气训练，避免呼吸运动伪影。使用高压注射器以3.0 mL/s的流速经肘静脉注射0.2 mmol/kg的钆双胺注射液后，分别在22 s、45 s和120 s获取脂肪抑制快速场回波序列的动脉期、门静脉期和延迟期图像。从影像归档与通信系统（picture archiving and communication system, PACS）调取轴位T2加权成像（T2-weighted imaging, T2WI）、弥散加权成像（diffusion-weighted imaging, DWI）和门静脉期增强T1加权成像（contrast-enhanced T1-weighted imaging, cT1WI），扫描参数见表1，并自动生成相应的表观弥散系数（apparent diffusion

coefficient, ADC）图。随后，使用高级标准化工具（ANT，版本2.5.4，<https://github.com/ANTsX/ANTs>）将T2WI和ADC配准到cT1WI，并用N4偏移场进行校正。

表1 MRI序列及主要参数

Tab.1 MRI sequences and parameters

序列	TR/TE	视野	矩阵	层厚/层间隔/ mm	mm
T2WI	1 230 ms /75 ms	30 cm × 37 cm	309 × 244	5	1
DWI	2 750 ms /60 ms	37 cm × 31 cm	124 × 101	5	1
cT1WI (门静脉期)	3.0 ms /1.4 ms	37 cm × 30 cm	236 × 186	5	1

TR: 重复时间; TE: 回波时间。

1.3 肿瘤分割和子区域生成

将cT1WI序列导入ITK-SNAP软件（版本3.8.0），由2名具有7年以上腹部影像诊断经验的放射科医师逐层手动勾画感兴趣区（region of interest, ROI），以T2WI和DWI、ADC作为参照。然后使用组内相关系数（intra-class correlation coefficient, ICC）来评估提取特征的一致性。以上病灶分割均在2名医师不知晓患者病理学检查结果的前提下进行。

对ROI内的像素进行Z-score归一化处理后，采用模糊c-means算法同时对3个序列基于体素值的子区域进行聚类，模糊分区系数（fuzzy partition coefficient, FPC）是用于验证模糊聚类算法，结果的度量指标范围从0到1，FPC值越高表明分区效果更优，进而确定每种情况下的最佳子区域数。我们将FPC方法应用于每例患者，均确定两个子区域（ $c=2$ ）为最佳区域数。

1.4 影像组学特征提取

首先对cT1WI与T2WI图像体素重采样为1 mm × 1 mm × 1 mm，ADC图像重采样为1.5 mm × 1.5 mm × 1.5 mm，同时进行Z-score标准化；图像灰度离散化，箱宽为5。然后使用Pyradiomics软件包（<https://PyRadiomics.readthedocs.io/en/latest/>）^[18]分别从全域肿瘤、子区域1和子区域2中提取影像组学特征。对于两个子区域影像组学特征，进一步计算子区域比率特征 $f_{ratio} = \frac{f_{sub1}}{f_{sub2}}$ ，且 $f_{sub2} \neq 0$ ，表征其相对差异。

最终, 基于每例患者的图像提取不同影像组学特征, 包括形态学特征、一阶统计特征、纹理特征和高阶特征。

1.5 特征筛选与模型构建

在训练集中对生境及全瘤特征均按以下过程筛选: ① 剔除稳定性差的特征, $ICC < 0.8$; ② 使用单因素Wilcoxon秩和检验, 保留 $P < 0.01$ 的特征; ③ 采用相关分析过滤高度冗余 ($r > 0.8$) 特征; ④ 采用Boruta算法保留剩余特征, 对于超过10个剩余特征, 则进一步通过模拟退火法筛选。

在采用不同的分类机器学习算法构建生境影像组学模型, 包括随机森林 (random forest, RF)、逻辑回归 (logistic regression, LR) 和支持向量机 (support vector machine, SVM)。通过受试者工作特征 (receiver operating characteristic, ROC) 曲线的曲线下面积 (area under curve, AUC) 评估以上模型的预测效能, 并计算其对应的准确度、灵敏度、特异度、阳性预测值和阴性预测值。

筛选出最优的生境模型, 并用相应的机器学习算法构建全瘤影像组学模型, 进一步评估并比较其预测效能。不同模型效能的比较采用DeLong检验。

1.6 统计学处理

应用R 4.1.0版本软件包 (<http://www.rproject.org>) 进行数据统计分析。分类变量以 n (%) 表示, 采用Fisher精确概率检验或 χ^2 检验。符合正态分布的连续变量以 $\bar{x} \pm s$ 表示, 不符合正态分布则以 $M (P_{25}, P_{75})$ 表示, 采用独立样本 t 检验或Mann-Whitney U 检验。采用DeLong检验评估各模型的效能差异是否有统计学意义。采用决策曲线分析 (decision curve analysis, DCA) 和校准曲线, 以评估临床效用和校准性能。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 一般资料

最终纳入446例患者, 按照7:3的比例随机

分为训练集 ($n=313$) 和验证集 ($n=133$)。训练集中, LVI阳性164例 (52.4%); 验证集中, LVI阳性70例 (52.6%) (图1)。除CA19-9外, LVI阳性组和LVI阴性组之间的临床数据差异无统计学意义 ($P > 0.05$, 表2)。

2.2 影像组学特征筛选

经过子区域分割后均确定两个子区域为最佳区域数 (图2), 在每例患者全瘤、生境成像中分别获取了5 064个影像组学特征, 特征筛选后, 分别保留了4个和8个关键的影像组学特征, 其中全瘤ROI包括2个cT1WI特征和2个ADC特征 (图3A), 生境包括1个cT1WI特征、2个T2WI特征和5个ADC特征, 各特征在LVI阳性组和LVI阴性组间有显著差异 (图3B)。

2.3 LVI预测模型的效能评价

基于以上关键特征, 通过RF、LR和SVM共3种机器学习算法分别构建不同的生境影像组学模型, 在训练集中预测LVI的AUC分别为0.636 (95% CI 0.575~0.698)、0.758 (95% CI 0.705~0.811) 和0.803 (95% CI 0.754~0.852), 验证集中分别是0.531 (95% CI 0.430~0.632)、0.688 (95% CI 0.596~0.781) 和0.751 (95% CI 0.666~0.835), 相应的准确度、灵敏度和特异度等见表3和表4。其中基于SVM的生境模型的预测性能最优 (图4)。

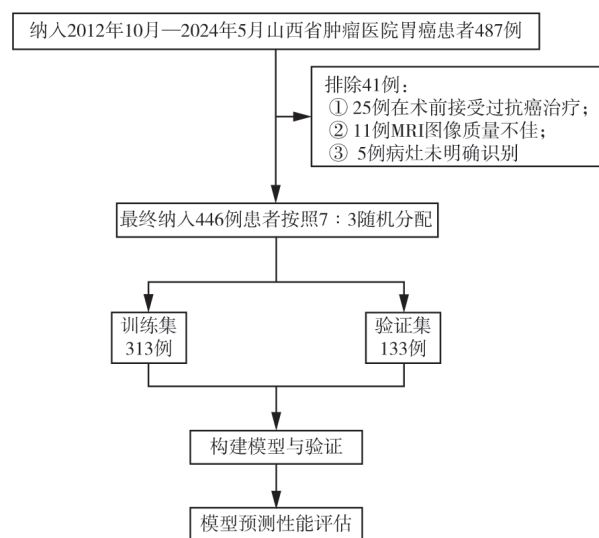


图1 胃癌患者纳入流程图

Fig.1 Enrollment flow chart of gastric cancer patients

表2 LVI阳性组与LVI阴性组分别在训练集及验证集中临床病理学特征比较

Tab.2 Comparison of clinicopathological features between LVI-positive and LVI-negative groups

特征	训练集		P值	验证集		P值
	LVI阴性 (n=149)	LVI阳性 (n=164)		LVI阴性 (n=63)	LVI阳性 (n=70)	
性别			0.892			0.810
女性	21 (14.1)	24 (14.6)		9 (14.3)	9 (12.9)	
男性	128 (85.9)	140 (85.4)		54 (85.7)	61 (87.1)	
年龄/岁	62.0 (56.0, 67.0)	61.0 (56.0, 68.0)	0.816	63.0 (59.0, 69.0)	61.5 (53.0, 67.0)	0.145
CEA/ (U·mL ⁻¹)			0.401			0.146
≤3.0	109 (74.7)	114 (70.4)		45 (73.8)	42 (61.8)	
>3.0	37 (25.3)	48 (29.6)		16 (26.2)	26 (38.2)	
CA19-9/ (U·mL ⁻¹)			0.013			0.019
≤37	127 (87.0)	123 (75.9)		56 (91.8)	52 (76.5)	
>37	19 (13.0)	39 (24.1)		5 (8.2)	16 (23.5)	
CA125/ (U·mL ⁻¹)			0.755			0.241
≤30	80 (93.0)	81 (94.2)		42 (95.5)	33 (86.8)	
>30	6 (7.0)	5 (5.8)		2 (4.5)	5 (13.2)	
病灶部位			0.831			0.609
贲门	68 (45.6)	73 (44.5)		30 (47.6)	27 (38.6)	
胃体	45 (30.2)	45 (27.4)		14 (22.2)	18 (25.7)	
胃窦	35 (23.5)	44 (26.8)		19 (30.2)	24 (34.3)	
≥2/3~1全胃	1 (0.7)	2 (1.2)		0 (0)	1 (1.4)	
分化程度			<0.001			0.008
低	82 (55.8)	134 (82.2)		34 (55.7)	55 (78.6)	
中	64 (43.5)	27 (16.6)		27 (44.3)	15 (21.4)	
高	1 (0.7)	2 (1.2)		0 (0)	0 (0)	
pT			<0.001			<0.001
1	32 (21.5)	1 (0.6)		17 (27.0)	1 (1.4)	
2	18 (12.1)	10 (6.1)		12 (19.0)	2 (2.9)	
3	72 (48.3)	98 (59.8)		27 (42.9)	41 (58.6)	
4	27 (18.1)	55 (33.5)		7 (11.1)	26 (37.1)	
pN			<0.001			<0.001
0	81 (54.4)	15 (9.1)		38 (60.3)	5 (7.1)	
1	23 (15.4)	20 (12.2)		16 (25.4)	9 (12.9)	
2	24 (16.1)	37 (22.6)		2 (3.2)	15 (21.4)	
3a	17 (11.4)	67 (40.9)		6 (9.5)	24 (34.3)	
3b	4 (2.7)	25 (15.2)		1 (1.6)	17 (24.3)	

CEA: 癌胚抗原; pT: 病理T分期; pN: 病理N分期。CEA、CA19-9、CA125部分数据因患者未检测而获取缺失, 表中为有效数据。各指标缺失例数: CEA训练集5例, 验证集4例; CA19-9训练集5例, 验证集4例; CA125训练集141例, 验证集51例。

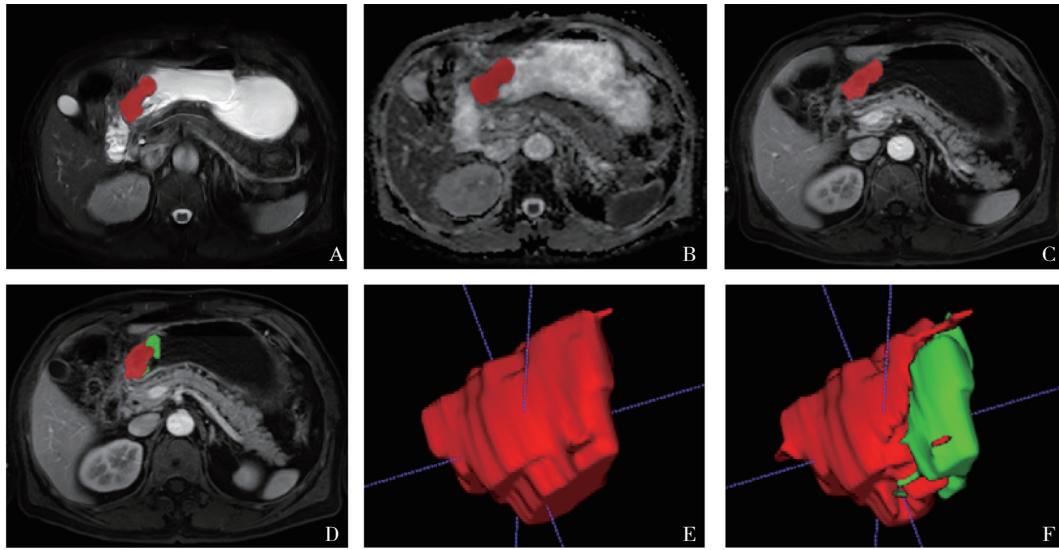


图2 多参数MRI全瘤分割及生境成像示意图

Fig.2 Schematic diagram of whole-tumor segmentation and habitat mapping on MRI

A: 轴位T2WI; B: ADC图; C: 增强T1WI及全ROI; D: 增强T1WI及生境子区域 (红色为子区域1, 绿色为子区域2); E: 全瘤3D图; F: 生境3D图。

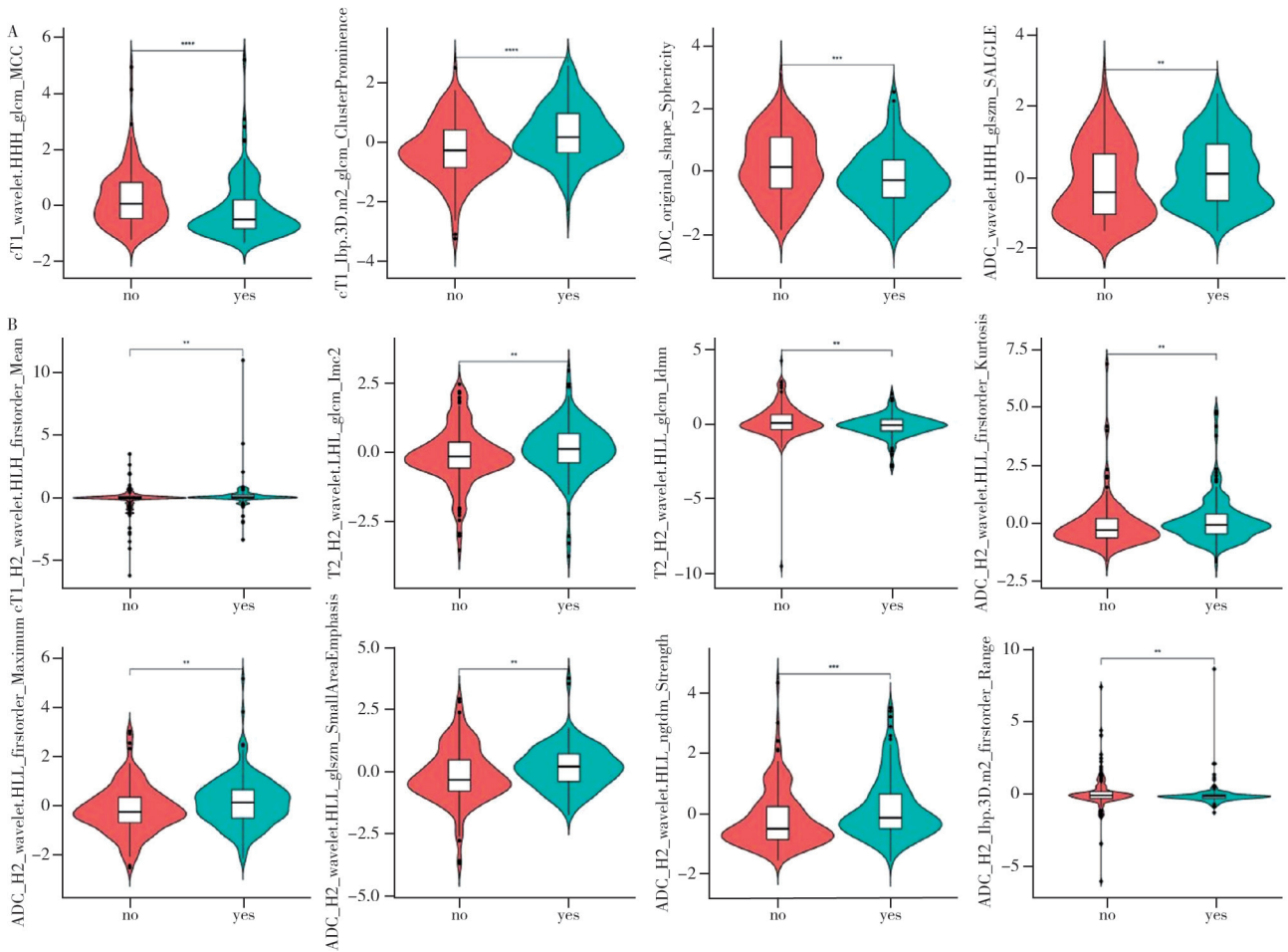


图3 筛选后的影像组学关键特征小提琴图

Fig.3 Violin plot of key radiomics features

表3 模型在训练集预测LVI方面的表现

Tab.3 Performance of the model in predicting LVI in the training set

模型	AUC (95% CI)	准确度 (95% CI)	灵敏度 (95% CI)	特异度 (95% CI)	阳性预测值 (95% CI)	阴性预测值 (95% CI)
生境						
LR	0.636 (0.575~0.698)	0.642 (0.586~0.695)	0.921 (0.755~0.957)	0.336 (0.208~0.409)	0.604 (0.556~0.613)	0.794 (0.705~0.824)
RF	0.758 (0.705~0.811)	0.709 (0.656~0.759)	0.756 (0.628~0.841)	0.658 (0.544~0.732)	0.709 (0.669~0.730)	0.710 (0.669~0.732)
SVM	0.803 (0.754~0.852)	0.741 (0.689~0.789)	0.756 (0.640~0.829)	0.725 (0.584~0.812)	0.752 (0.719~0.768)	0.730 (0.685~0.752)
全瘤	0.679 (0.620~0.738)	0.658 (0.603~0.711)	0.841 (0.719~0.902)	0.456 (0.342~0.537)	0.630 (0.593~0.646)	0.723 (0.662~0.755)

表4 模型在验证集预测LVI方面的表现

Tab.4 Performance of the model in predicting LVI in the validation set

模型	AUC (95% CI)	准确度 (95% CI)	灵敏度 (95% CI)	特异度 (95% CI)	阳性预测值 (95% CI)	阴性预测值 (95% CI)
生境						
LR	0.531 (0.430~0.632)	0.602 (0.513~0.685)	0.914 (0.556~1.000)	0.254 (0.143~0.365)	0.577 (0.453~0.598)	0.727 (0.600~0.793)
RF	0.688 (0.596~0.781)	0.654 (0.567~0.734)	0.843 (0.695~0.929)	0.444 (0.254~0.619)	0.628 (0.581~0.650)	0.718 (0.592~0.780)
SVM	0.751 (0.666~0.835)	0.677 (0.590~0.755)	0.729 (0.600~0.872)	0.619 (0.444~0.794)	0.680 (0.636~0.718)	0.672 (0.596~0.725)
全瘤	0.691 (0.601~0.781)	0.632 (0.544~0.714)	0.786 (0.685~0.900)	0.460 (0.254~0.651)	0.618 (0.585~0.650)	0.659 (0.516~0.732)

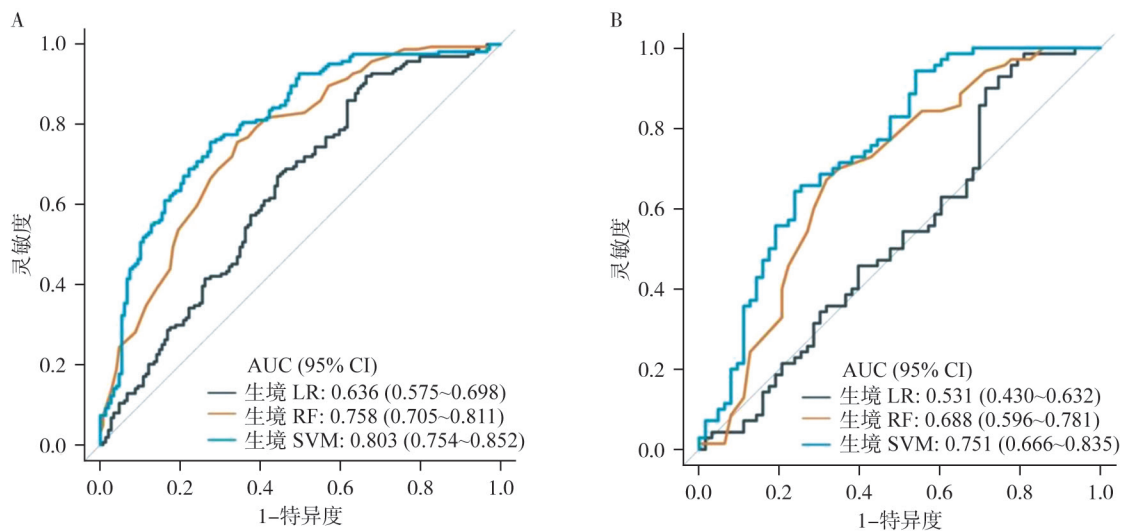


图4 基于不同机器学习模型构建的生境影像组学模型的ROC曲线

Fig.4 ROC curves of habitat radiomics models on three machine learning algorithms

A: 训练集; B: 验证集。

我们进一步通过SVM机器学习算法构建全瘤影像组学模型，其AUC分别为0.679（95% CI 0.620~0.738）和0.691（95% CI 0.601~0.781）

（图5A、B）。基于SVM的生境模型明显优于全瘤（DeLong检验 $P < 0.001$ ），并提供了更高的净效益（图5C）。

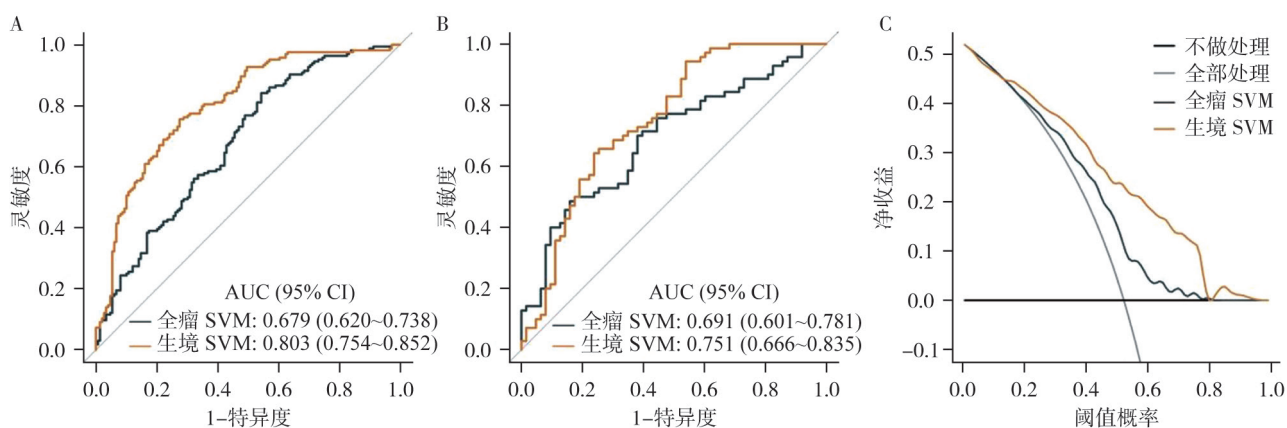


图5 基于SVM构建的生境影像组学模型和全瘤影像组学模型的ROC曲线和决策曲线

Fig.5 ROC curves and decision curves of the habitat and whole-tumor radiomics models based on SVM

A: 训练集; B: 验证集; C: 决策曲线。

3 讨 论

本研究基于T2WI、ADC和cT1WI共3个MRI序列的生境子区域分析,提取影像组学特征表征肿瘤内异质性,运用不同的机器学习算法构建模型,探讨其在术前预测胃癌LVI的价值。结果发现基于SVM机器学习算法的生境模型能有效地预测LVI状态,且优于传统的全瘤影像组学模型的效能,并得到进一步验证。

根治性手术是胃癌的主要治疗方法,其中术后病理学检查是判断LVI与否的金标准。目前尚未有可靠且无创的术前评价方法。本研究中,LVI的发生率为52.5%,高于其他癌种的LVI发生率,与既往研究^[9]相似。临床研究^[4]发现LVI阳性患者的预后较LVI阴性患者更差,对胃癌患者的术式及辅助化疗等方案的选择至关重要。影像组学从传统术前影像图像中提取关键信息,挖掘肉眼不可见的高通量特征^[10]。同时,本研究基于生境子区域进一步提取特征并构建生境模型,作为影像组学的延伸,可以表征肿瘤内不同区域的特征,反映瘤内异质性。本研究基于MRI生境成像构建的模型在训练集中的效能为0.803(95% CI 0.754~0.852),明显优于传统的全肿瘤预测模型0.679(95% CI 0.620~0.738),DeLong检验显示其差异有统计学意义($P < 0.05$),且进一步在验证集得到验证,此结果证实了生境分析预测LVI的优势及表征肿瘤

内异质性的潜力。决策曲线显示生境模型的净收益在大部分阈值概率内均高于全瘤模型,因此生境模型对于临床决策具有更高价值。该结果与既往其他肿瘤研究^[11-12]一致,生境模型能更全面地捕捉肿瘤内部异质性,从而更好地反映恶性肿瘤的生物学特征。

既往有研究通过术前CT预测胃癌LVI,Chen等^[13]纳入160例胃癌患者的动脉期和门静脉期CT图像构建影像组学模型预测LVI,验证集中的AUC达0.792;Guo等^[14]纳入172例胃癌患者构建CT放射组学模型结合临床特征,预测LVI,预测效能高达0.885。随着影像学技术的发展,MRI已经广泛应用于胃肠道肿瘤的诊治中。与传统CT相比,MRI包括常规平扫、弥散加权和对对比增强等序列,可以一定程度上全面反映病灶结构、功能特征。一项对90例患者的研究^[15]表明,体素内不相干运动DWI参数与肿瘤厚度相结合,预测胃癌LVI的AUC为0.876,具有一定的价值。但对MRI的相关研究仍局限在单序列主观评价或简单的定量分析,难以充分反映胃癌的高度肿瘤内异质性。本研究纳入T2WI、ADC和cT1WI 3个序列建构影像组学模型,同时鉴于胃癌病灶在门脉期强化显著的特点,我们采用门脉期cT1WI进一步挖掘微观信息^[16],可以多角度地综合评价其效能。本研究结果也显示,生境分析中提取的影像组学特征,来自ADC的特征占大多数(5/8),提示原发病灶和正常胃壁之间的信号

强度差异在功能成像时更为敏感,我们推测癌细胞及其周围基质较正常组织更为致密进而限制了水分子的弥散和造影剂排出。因此,基于多参数MRI提取的影像组学特征包含更多信息,这与先前的研究^[17-18]结果一致。

本研究具有一定的局限性:①为单中心的回顾性研究,样本量有限,今后需要多中心大样本数据提升模型效能;②逐层手动分割肿瘤相对耗时费力,后续需要利用自动分割方法提升分割效率。

综上所述,本研究构建并验证了基于多参数MRI生境分析的SVM机器学习模型,可作为一种术前无创性预测胃癌患者LVI状态的工具,有助于优化临床胃癌治疗决策。

第一作者:

武亚楠 (ORCID: 0009-0007-1525-7094), 学士, 工程师; 共同第一作者: 马韶卿 (ORCID: 0009-0009-8879-9294), 学士。

通信作者:

杨晓棠 (ORCID: 0000-0002-2233-1404), 博士, 主任医师, 山西省肿瘤医院副院长, E-mail: yangxt210@126.com; 共同通信作者: 宋瑞瑞 (ORCID: 0000-0002-3393-2985), 硕士, 主治医师, E-mail: songrr1991@163.com。

作者贡献声明:

武亚楠: 数据整理及病灶勾画, 统计分析; 马韶卿: 磁共振数据及临床资料采集、整理; 宋瑞瑞: 论文撰写, 数据分析, 项目支持; 崔艳芬: 论文最终版本修订, 项目支持; 杨晓棠: 设计论文框架, 参与论文修订、审核, 项目支持。

[参 考 文 献]

- [1] BRAY F, LAVERSANNE M, SUNG H, et al. Global cancer statistics 2022: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries [J]. *CA Cancer J Clin*, 2024, 74(3): 229–263.
- [2] LEE J H, KIM M G, JUNG M S, et al. Prognostic significance of lymphovascular invasion in node-negative gastric cancer [J]. *World J Surg*, 2015, 39(3): 732–739.
- [3] DICKEN B J, GRAHAM K, HAMILTON S M, et al. Lymphovascular invasion is associated with poor survival in gastric cancer: an application of gene-expression and tissue array techniques [J]. *Ann Surg*, 2006, 243(1): 64–73.
- [4] LEE A, CHUNG H. Endoscopic resection of undifferentiated-type early gastric cancer [J]. *J Gastric Cancer*, 2020, 20(4): 345–354.
- [5] LAMBIN P, LEJENAAR R T H, DEIST T M, et al. Radiomics: the bridge between medical imaging and personalized medicine [J]. *Nat Rev Clin Oncol*, 2017, 14(12): 749–762.
- [6] CHEN Q Y, ZHANG L, LIU S Y, et al. Radiomics in precision medicine for gastric cancer: opportunities and challenges [J]. *Eur Radiol*, 2022, 32(9): 5852–5868.
- [7] SHI Z W, HUANG X M, CHENG Z L, et al. MRI-based quantification of intratumoral heterogeneity for predicting treatment response to neoadjuvant chemotherapy in breast cancer [J]. *Radiology*, 2023, 308(1): e222830.
- [8] 刘晓艳, 冯颖, 张小峰. 基于MRI生境成像的可解释性机器学习模型预测乳腺癌患者的肿瘤浸润淋巴细胞水平 [J]. *临床放射学杂志*, 2025, 44(9): 1608–1614.
LIU X Y, FENG Y, ZHANG X F. Interpretable machine learning model based on MRI habitat imaging to predict tumor infiltrating lymphocyte levels in breast cancer [J]. *J Clin Radiol*, 2025, 44(9): 1608–1614.
- [9] REN T Z, DENG L N, LI S L, et al. Spectral CT multi-parameter imaging in preoperatively evaluation the status of lymphovascular and perineural invasion of gastric cancer [J]. *Zhonghua Yi Xue Za Zhi*, 2022, 102(23): 1741–1746.
- [10] CHEN W J, GAO C, HU C, et al. Risk stratification and overall survival prediction in advanced gastric cancer patients based on whole-volume MRI radiomics [J]. *J Magn Reson Imaging*, 2023, 58(4): 1161–1174.
- [11] LI S L, DAI Y M, CHEN J Y, et al. MRI-based habitat imaging in cancer treatment: current technology, applications, and challenges [J]. *Cancer Imaging*, 2024, 24(1): 107.
- [12] GILLIES R J, BALAGURUNATHAN Y. Perfusion MR imaging of breast cancer: Insights using “habitat imaging” [J]. *Radiology*, 2018, 288(1): 36–37.
- [13] CHEN X F, YANG Z Q, YANG J D, et al. Radiomics analysis of contrast-enhanced CT predicts lymphovascular invasion and disease outcome in gastric cancer: a preliminary study [J]. *Cancer Imaging*, 2020, 20(1): 24.
- [14] GUO Q, SUN Q, BIAN X, et al. Development and validation of a multiphase CT radiomics nomogram for the preoperative prediction of lymphovascular invasion in patients with gastric cancer [J]. *Clin Radiol*, 2023, 78(8): e552–e559.
- [15] LI J, YAN L L, ZHANG H K, et al. Application of intravoxel incoherent motion diffusion-weighted imaging for preoperative knowledge of lymphovascular invasion in gastric cancer: a prospective study [J]. *Abdom Radiol*, 2023, 48(7): 2207–2218.
- [16] SONG R R, CHEN W J, ZHANG J J, et al. Multiparametric MRI-based radiomics analysis for prediction of lymph node metastasis and survival outcome in gastric cancer: a dual-center study [J]. *Acad Radiol*, 2024, 31(12): 4900–4911.
- [17] LI J, YIN H K, WANG Y, et al. Multiparametric MRI-based radiomics nomogram for early prediction of pathological response to neoadjuvant chemotherapy in locally advanced gastric cancer [J]. *Eur Radiol*, 2023, 33(4): 2746–2756.
- [18] CUI Y F, YANG X T, SHI Z Q, et al. Radiomics analysis of multiparametric MRI for prediction of pathological complete response to neoadjuvant chemoradiotherapy in locally advanced rectal cancer [J]. *Eur Radiol*, 2019, 29(3): 1211–1220.

(收稿日期: 2025-10-31 修回日期: 2025-12-11)