

基于超声影像组学和临床资料的列线图预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的临床价值

陈宇翔¹, 杨晓辉¹, 孙岩², 贺松³

摘要 **目的** 基于超声影像组学和临床资料构建列线图模型,探讨其预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的临床价值。**方法** 选取我院经手术病理证实的乳腺癌患者227例,按照7:3的比例随机分为训练集159例和验证集68例,进一步根据有无腋窝淋巴结转移将训练集分为转移组66例和非转移组93例,验证集分为转移组28例,非转移组40例,比较训练集中两组临床资料及超声图像特征的差异。采用多因素 Logistic 回归分析筛选预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的独立影响因素。提取训练集超声影像组学特征,采用最大相关最小冗余(mRMR)算法及最小绝对收缩和选择算子(LASSO)回归分析筛选最优特征,计算训练集和验证集中转移组、非转移组影像组学评分(Rad-score),并比较其差异。基于临床资料、超声图像特征和 Rad-score 构建预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的列线图模型;绘制受试者工作特征(ROC)曲线、校准曲线、临床决策曲线分别评估列线图模型的区分度、校准度及临床适用性。**结果** 训练集中转移组与非转移组组织学分级、人表皮生长因子受体2(HER-2)、Ki-67、脉管浸润、肿瘤最大径、肿瘤形态、血流分级比较差异均有统计学意义(均 $P<0.05$)。多因素 Logistic 回归分析显示,组织学分级、HER-2、脉管浸润、肿瘤最大径、肿瘤形态、血流分级均为预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的独立影响因素($OR=0.431, 2.264, 2.719, 3.594, 4.065, 3.756$,均 $P<0.05$)。mRMR算法和LASSO回归共筛选出4个最优特征,计算训练集和验证集中转移组、非转移组 Rad-score 分别为 (0.56 ± 0.18) 分、 (0.25 ± 0.09) 分和 (0.62 ± 0.19) 分、 (0.36 ± 0.12) 分,差异均有统计学意义(均 $P<0.05$)。基于独立影响因素(组织学分级、HER-2、脉管浸润、肿瘤最大径、肿瘤形态、血流分级)和 Rad-score 构建列线图模型;ROC曲线分析显示,列线图模型在训练集和验证集中预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的曲线下面积分别为0.925(95%可信区间:0.891~0.959)和0.932(95%可信区间:0.898~0.966);校准曲线分析显示,列线图模型的预测概率与实际概率基本一致;临床决策曲线分析显示,概率阈值为2%~94%时,列线图模型预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的净获益值较高。**结论** 基于超声影像组学和临床资料的列线图模型在预测乳腺癌腋窝淋巴结转移中具有良好的临床价值。

关键词 超声检查;超声影像组学;乳腺癌;腋窝淋巴结转移;列线图

[中图分类号]R445.1;R737.9

[文献标识码]A

Clinical value of a nomogram based on ultrasound radiomics and clinical data for predicting axillary lymph node metastasis in breast cancer

CHEN Yuxiang¹, YANG Xiaohui¹, SUN Yan², HE Song³

1.Department of Ultrasound Medicine, 2.Department of Breast Surgery, the First Hospital of Zhangjiakou City, Zhangjiakou 075000, China. 3.Department of Radiology, the First Affiliated Hospital of Hebei North University, Zhangjiakou 075031, China

ABSTRACT Objective To construct a nomogram model based on ultrasound radiomics and clinical data, and to explore its clinical value in predicting lymph node metastasis in breast cancer. **Methods** A total of 227 breast cancer patients diagnosed by surgical pathology in our hospital were selected and randomly divided into a training set of 159 cases and a validation set of 68 cases at a ratio of 7:3. Among them, the training set was further divided into a metastasis group of 66 cases and a non-metastasis group of 93 cases, the validation set was divided into a metastasis group of 28 cases and a non-metastasis group of 40 cases based on the presence or absence of lymph node metastasis. The differences in clinical data and ultrasonographic characteristics between the two groups in the training set were compared. Multivariate Logistic regression

基金项目:河北省2021年度医学科学研究课题计划(20210136)

作者单位:1. 张家口市第一医院超声医学科, 2. 乳腺外科, 河北 张家口 075000; 3. 河北北方学院附属第一医院放射科, 河北 张家口 075031

analysis was used to screen the independent influencing factors for predicting lymph node metastasis of breast cancer. The radiomics characteristics of the training set were collected and extracted. The maximum relevance minimum redundancy (mRMR) algorithm and minimum absolute contraction selection operator (LASSO) were used to screen the optimal characteristics, the radiomics score (Rad-score) was calculated and compared between the metastasis group and the non-metastasis group in the training set and validation set. A nomogram model was constructed based on clinical data, ultrasonographic characteristics and RS. Receiver operating characteristic (ROC) curve, calibration curve and clinical decision curve were drawn to evaluate the discrimination, calibration and clinical applicability of the model, respectively. **Results** In the training set, there were statistically significant differences in histological grade, HER-2, Ki-67, vascular invasion, maximum tumor diameter, tumor shape and blood flow grade between the metastasis group and the non-metastasis group (all $P < 0.05$). Multivariate Logistic regression analysis showed that the histological grade, HER-2, vascular invasion, maximum tumor diameter, tumor shape and blood flow grade were all independent influencing factors for predicting lymph node metastasis in breast cancer ($OR = 0.431, 2.264, 2.719, 3.594, 4.065, 3.756$, all $P < 0.05$). Four optimal radiomics characteristics were obtained by mRMR algorithm and LASSO regression analysis, the Rad-score of the metastasis group and the non-metastasis group in the training set and validation set were (0.56 ± 0.18) points, (0.25 ± 0.09) points and (0.62 ± 0.19) points, (0.36 ± 0.12) points, respectively, the differences were statistically significant (both $P < 0.05$). Nomogram model was constructed based on independent influencing factors (histological grade, HER-2, vascular invasion, maximum tumor diameter, tumor shape, blood flow grade) and Rad-score. ROC curve analysis showed that the areas under the curve of the model for predicting lymph node metastasis in breast cancer in the training set and the validation set were 0.925 (95% confidence interval: 0.891~0.959) and 0.932 (95% confidence interval: 0.898~0.966), respectively. Calibration curve analysis showed that the predicted value of the nomogram model was basically consistent with the actual value. Clinical decision curve analysis showed that when the threshold probability was 2%~94%, the net benefit value of nomogram in predicting lymph node metastasis in breast cancer was high. **Conclusion** The nomogram constructed based on ultrasound radiomics and clinical data has good application value in predicting lymph node metastasis in breast cancer.

KEY WORDS Ultrasonography; Ultrasound radiomics; Breast cancer; Lymph node metastasis; Nomogram

乳腺癌是临床常见的恶性肿瘤之一,亦是女性群体的常见病和多发病。文献^[1-2]报道,我国乳腺癌发病率约占女性新发癌症病例的30%,死亡率则居恶性肿瘤第7位。在乳腺癌发病因素中,仅5%~10%的患者与遗传因素相关,其余90%~95%的患者均与生活方式和环境因素相关^[3]。淋巴结转移是影响乳腺癌患者预后的关键因素,患者5年生存率与淋巴结转移状态密切相关,因此早期准确评估乳腺癌患者腋窝淋巴结转移状态尤为重要。腋窝淋巴结清扫或前哨淋巴结活检虽然是评估淋巴结转移状态的金标准,但其均为侵入性检查,易增加血管损伤、神经损伤及感染等相关并发症的发生风险^[4]。此外,有研究^[5]显示高达50%的乳腺癌患者并未发生腋窝淋巴结转移。为避免过度诊治,目前亟需探寻一种无创检测方式以准确预测乳腺癌腋窝淋巴结转移状态。影像组学通过高通量提取医学影像中的定量特征,结合机器学习算法进行深度数据分析,可以从患者多模态影像(如CT、MRI、PET及超声)中自动提取肿瘤的形态学特征和纹理特征,进而构建预测模型,为疾病的精准诊断、病理分型及临床评估提供客观依据^[6]。本研究基于超声影像组学和临床资料构建列线图模型,探讨其预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的临床价值。

资料与方法

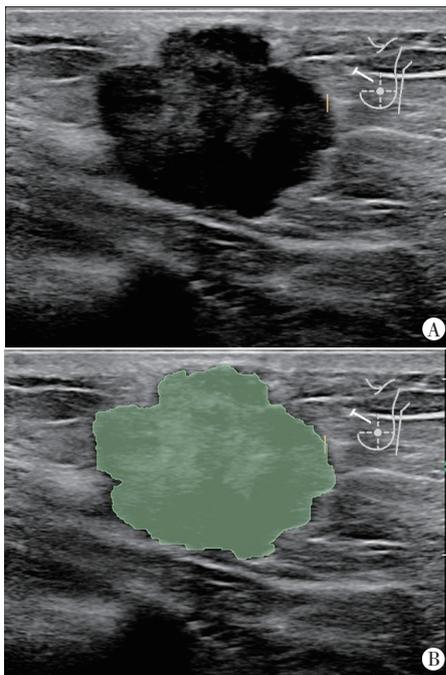
一、研究对象

选取2020年3月至2023年8月我院经手术病理证实的女性乳腺癌患者227例,按照7:3的比例随机分为训练集159例和验证集68例,进一步根据有无腋窝淋巴结转移将训练集分为转移组66例和非转移组93例,验证集分为转移组28例,非转移组40例。纳入标准:①符合《中国晚期乳腺癌规范诊疗指南(2024版)》^[7]中相关诊断标准;②原发性乳腺癌并行手术治疗,病理结果明确;③均为单发病灶;④术前行超声检查,临床资料完整。排除标准:①超声图像质量欠佳;②合并其他恶性肿瘤;③伴有精神类疾病或传染性疾病;④乳腺癌复发转移。本研究经我院医学伦理会批准,为回顾性研究故免除患者知情同意。

二、仪器与方法

1. 超声检查:使用三星HERA W10彩色多普勒超声诊断仪,探头频率5~12 MHz。患者取仰卧位,双手上举并置于头部两侧,充分暴露双侧乳房及腋窝区域,行常规超声获取肿瘤最大径、肿瘤回声、肿瘤边缘、后方回声、钙化、肿瘤形态、血流分级(依据Adler分级标准^[8])。

2. 超声影像组学特征提取:由2名具有10年以上工作经验的超声医师对超声图像进行分析,应用3D Slicer 4.13.0软件沿肿瘤边缘进行手动分割,勾画感兴趣区(ROI),再由另1名具有15年以上工作经验的超声主任医师对图像进行二次复核,如存在分歧,则协商一致并重新勾画ROI(图1)。然后使用Pyradiomics软件提取超声影像组学特征,并对特征进行预处理和筛选。通过最大相关最小冗余(mRMR)算法优化特征选择,减少特征间冗余,并结合最小绝对收缩和选择算子(LASSO)回归通过调整惩罚系数(λ)筛选最优特征,最后通过各特征的系数加权计算影像组学评分(Rad-score)。



A:灰阶图;B:ROI勾画图
图1 乳腺肿瘤灰阶图及ROI勾画图

3. 临床资料获取:通过电子病历系统收集乳腺癌患者年龄、糖尿病史、肿瘤家族史、病程、组织学分级、人表皮生长因子受体2(HER-2)、Ki-67、孕激素受体(PR)、雌激素受体(ER)及脉管浸润情况。ER或PR阳性定义为阳性细胞占比 $\geq 1\%$,HER-2阳性定义为表达+++或FISH检测显示基因扩增++^[9],Ki-67高表达定义为阳性指数 $\geq 20\%$ ^[10]。

三、统计学处理

应用SPSS 24.0统计软件和R 4.3.2语言进行数据分析。计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,采用 t 检验;计数资料以频数或率表示,采用 χ^2 检验。采用多因素Logistic回归分析筛选预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的独立影响因素。绘制受试者工作特征(ROC)曲线、校准曲线、临床

决策曲线分别评估列线图模型的区分度、校准度及临床适用性。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

一、训练集与验证集临床资料及超声检查结果比较
训练集与验证集临床资料及超声检查结果比较差异均无统计学意义。见表1。

二、训练集中转移组与非转移组临床资料及超声检查结果比较

训练集中转移组与非转移组组织学分级、HER-2、Ki-67、脉管浸润、肿瘤最大径、肿瘤形态、血流分级比较差异均有统计学意义(均 $P < 0.05$);两组其余临床资料及超声检查结果比较差异均无统计学意义。见表2。

三、多因素 Logistic 回归分析

以组织学分级、HER-2、Ki-67、脉管浸润、肿瘤最大径、肿瘤形态、血流分级为自变量,以乳腺癌患者是否发生腋窝淋巴结转移为因变量进行多因素Logistic回归分析,赋值情况见表3。结果显示,组织学分级、HER-2、脉管浸润、肿瘤最大径、肿瘤形态、血流分级均为预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的独立影响因素(均 $P < 0.05$)。见表4。

四、超声影像组学特征筛选结果

共提取18个超声影像组学特征,mRMR算法和LASSD回归筛选出4个最优特征,见图2。对4个最优特征进行回归系数加权后计算Rad-score,其公式为:
Rad-score = $0.19243 \times \text{waveletHLH_Glszm_ZoneEntropy} + 0.15791 \times \text{waveletHHH_Glszm_ZoneEntropy} + 0.18412 \times \text{Gray LevelNon_UniformityNormalized} + 0.16712 \times \text{Neighbouring_GrayToneDifference_Matrix}$ 。根据上述公式计算训练集和验证集中转移组、非转移组Rad-score分别为(0.56 \pm 0.18)分、(0.25 \pm 0.09)分和(0.62 \pm 0.19)分、(0.36 \pm 0.12)分,差异均有统计学意义(均 $P < 0.05$)。

五、列线图模型的构建及评估

1. 基于独立影响因素(组织学分级、HER-2、脉管浸润、肿瘤最大径、肿瘤形态、血流分级)和Rad-score构建列线图模型。见图3。

2. ROC曲线分析显示,列线图模型预测训练集和验证集中乳腺癌腋窝淋巴结转移的曲线下面积分别为0.925(95%可信区间:0.891~0.959)和0.932(95%可信区间:0.898~0.966);校准曲线分析显示,列线图模型的预测概率与实际概率基本一致;临床决策曲线分析显示,当概率阈值为2%~94%时,列线图模型预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的净获益值较高,表明其具有较好的临床适用性。见图4~6。

表1 训练集与验证集临床资料及超声检查结果比较

项目	训练集(159)	验证集(68)	t/χ^2 值	P 值	项目	训练集(159)	验证集(68)	t/χ^2 值	P 值
年龄(岁)	49.92±8.61	48.58±8.32	1.085	0.279	脉管浸润(例)				
糖尿病史(例)					有	87	33	0.732	0.392
有	37	15	0.040	0.842	无	72	35		
无	122	53			肿瘤最大径(例)				
肿瘤家族史(例)					≥2 cm	62	26	0.012	0.914
有	18	9	0.167	0.683	<2 cm	97	42		
无	141	59			肿瘤回声(例)				
病程(例)					低回声	102	34	3.972	0.137
≥1年	27	17	1.960	0.162	等回声	25	15		
<1年	132	51			混合回声	32	19		
组织学分级(例)					肿瘤边缘(例)				
I级	19	9	0.093	0.954	模糊	68	36	3.190	0.363
II级	68	28			成角	30	14		
III级	72	31			小分叶	31	10		
HER-2(例)					毛刺	30	8		
阳性	75	30	0.178	0.673	后方回声(例)				
阴性	84	38			增强	54	26	0.862	0.650
Ki-67(例)					减弱	66	30		
低表达	104	44	0.010	0.919	无回声	39	12		
高表达	55	24			钙化(例)				
PR(例)					有	87	39	0.134	0.714
阳性	89	36	0.177	0.674	无	72	29		
阴性	70	32			肿瘤形态(例)				
ER(例)					圆形/椭圆形	67	27	0.116	0.733
阳性	91	38	0.035	0.851	不规则	92	41		
阴性	68	30			血流分级(例)				
					0~I级	52	22	0.003	0.959
					II~III级	107	46		

讨 论

近年来,随着乳腺癌早期筛查体系的完善和诊断技术的进步,乳腺癌新增病例数持续上升,且发病年龄呈显著年轻化趋势。腋窝淋巴结转移是乳腺癌最常见的转移途径,其受累状态不仅是TNM分期的重要依据,更是指导临床决策(包括手术范围选择及辅助治疗方案制定)的关键,与患者远期预后密切相关^[11]。目前前哨淋巴结活检和腋窝淋巴结清扫已成为临床评估腋窝淋巴结转移状态的标准外科术式,但其诊断准确性均依赖术后病理学检查,且有23%~38%的患者术后可能出现上肢淋巴水肿、感觉异常及肩关节功能障碍等并发症^[12]。本研究中乳腺癌患者腋窝淋巴结转移发生率达41.41%(94/221),与既往研究^[13]结果(46.46%)相近,进一步印证了腋窝淋巴结转移在乳腺癌患者中的高发性,亟需引起临床工作者的高度警惕。

目前乳腺癌腋窝淋巴结主要依赖影像学检查,超声影像组学可从图像中提取肉眼无法识别的高通量信息,将图像转化为具有高分辨率、可挖掘性的定量数据。本研究基于超声影像组学和临床资料构建列线图模型,探讨其在预测乳腺癌腋窝淋巴结转移中的临床价值。

本研究结果显示,训练集中转移组与非转移组组织学分级、HER-2、Ki-67、脉管浸润、肿瘤最大径、肿瘤形态、血流分级比较差异均有统计学意义(均 $P<0.05$),与既往研究^[14]结果一致,表明上述临床及超声图像特征可能与乳腺癌腋窝淋巴结转移有关。多因素 Logistic 回归分析显示,组织学分级、HER-2、脉管浸润、肿瘤最大径、肿瘤形态、血流分级均为预测乳腺癌腋窝淋巴结发生的独立影响因素(均 $P<0.05$),与既往研究^[15]结果一致。乳腺癌患者组织学分级与其腋窝淋巴结转移状态密切相关,分级越高越易发生腋窝淋巴结转移,这是因为组织学分级反映了肿瘤的恶

表2 训练集中转移组与非转移组临床资料及超声检查结果比较

项目	转移组(66)	非转移组(93)	χ^2 值	P值	项目	转移组(66)	非转移组(93)	χ^2 值	P值
年龄(岁)	49.62±8.31	50.14±8.94	0.372	0.710	脉管浸润(例)				
糖尿病史(例)					有	46	41	10.219	0.001
有	16	21	0.060	0.807	无	20	52		
无	50	72			肿瘤最大径(例)				
肿瘤家族史(例)					≥2 cm	36	26	11.472	0.001
有	7	11	0.057	0.811	<2 cm	30	67		
无	59	82			肿瘤回声(例)				
病程(例)					低回声	42	60	0.094	0.954
≥1年	10	17	0.268	0.605	等回声	10	15		
<1年	56	76			混合回声	14	18		
组织学分级(例)							肿瘤边缘(例)		
I级	6	13	15.500	<0.001	模糊	22	46	3.431	0.330
II级	18	50			成角	13	17		
III级	42	30			小分叶	15	16		
HER-2(例)							毛刺		
阳性	41	34	10.122	0.001	后方回声(例)				
阴性	25	59			增强	24	30	0.670	0.715
Ki-67(例)					减弱	26	40		
低表达	49	55	3.892	0.049	无回声	16	23		
高表达	17	38			钙化(例)				
PR(例)					有	38	49	0.372	0.542
阳性	38	51	0.117	0.732	无	28	44		
阴性	28	42			肿瘤形态				
ER(例)					圆形/椭圆形	17	50	12.418	<0.001
阳性	33	58	2.412	0.120	不规则	49	43		
阴性	33	35			血流分级(例)				
					0~I级	12	40	10.813	0.001
					II~III级	54	53		

表3 多因素 Logistic 回归分析变量赋值表

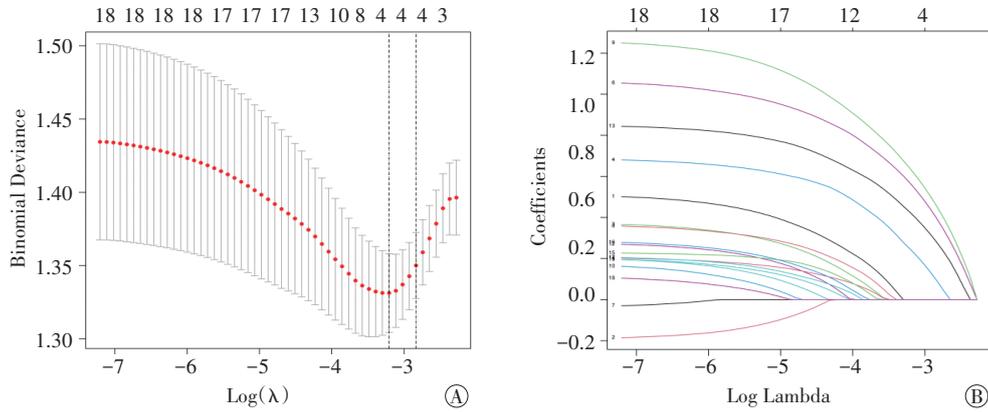
变量	赋值
乳腺癌腋窝淋巴结转移	否=0;是=1
组织学分级	III级=1; II级=2; I级=3
HER-2	阴性=0;阳性=1
Ki-67	低表达=0;高表达=1
脉管浸润	无=0;有=1
肿瘤最大径	<2 cm=0;≥2 cm=1
肿瘤形态	圆形/椭圆形=0;不规则=1
血流分级	0~I级=0; II~III级=1

性程度和侵袭性,分级越高则提示癌细胞的分化程度越低,导致形态和结构出现异常,更易脱离原发灶并通过淋巴管等途径发生转移。于水和王伟^[16]研究结果显示,肿瘤体积越大癌细胞数量越多,且侵袭性更强,导致癌细胞更易突破乳腺组织进入淋巴管,从而增加转移风险。此外,肿瘤形态不规则的乳腺癌患者更易发生腋窝淋巴结转移,与谢熠^[17]研究结果一致。

表4 乳腺癌腋窝淋巴结转移的多因素 Logistic 回归分析

变量	回归系数	标准误	Wald χ^2 值	P值	OR值及其95%可信区间
组织学分级	-0.841	0.306	7.535	0.006	0.431(0.237~0.786)
HER-2	0.817	0.397	4.231	0.040	2.264(1.039~4.932)
脉管浸润	1.000	0.419	5.711	0.017	2.719(1.197~6.176)
肿瘤最大径	1.279	0.411	9.700	0.002	3.594(1.607~8.037)
肿瘤形态	1.402	0.420	11.154	0.001	4.065(1.785~9.258)
血流分级	1.323	0.457	8.397	0.004	3.756(1.535~9.193)
常数项	-2.275	0.798	8.127	0.004	0.103(-)

分析原因为肿瘤形态不规则反映了其内部异质性和生长方式更为复杂,可能导致癌细胞在生长过程中更容易突破乳腺组织,形成浸润性生长,从而增加转移风险。本研究发现HER-2阳性的乳腺癌患者更易发生腋窝淋巴结转移,与胡田^[18]研究结果一致,分析原因为HER-2的过度表达可增加癌细胞的侵袭性和转移性。同时脉管浸润也增加了肿瘤细胞与淋巴系统



A: LASSO系数的路径图; B: LASSO正则化路径图

图2 超声影像组学特征筛选过程图

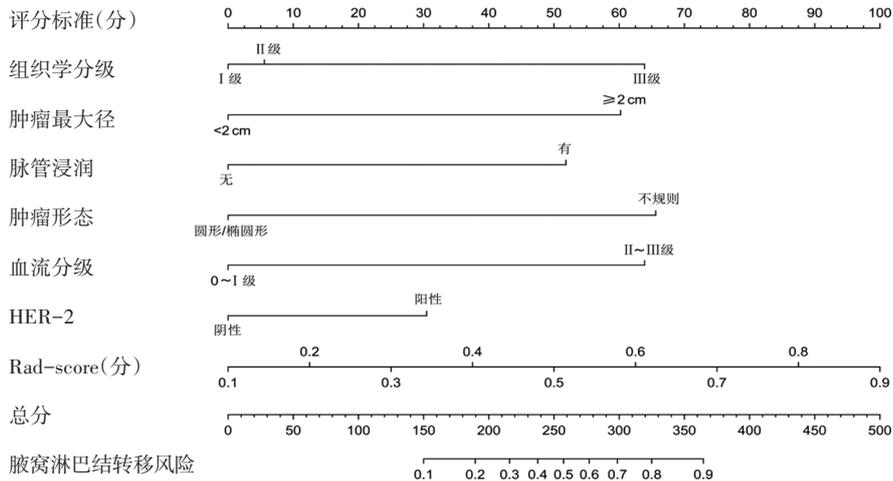
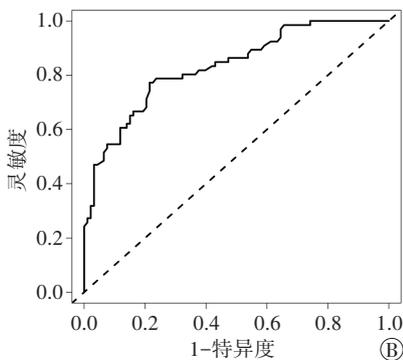
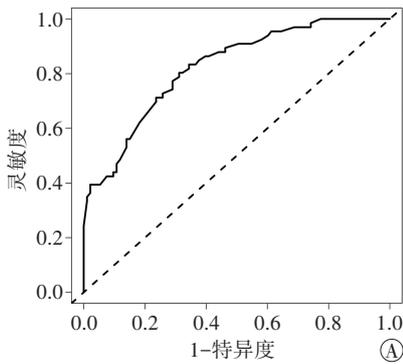
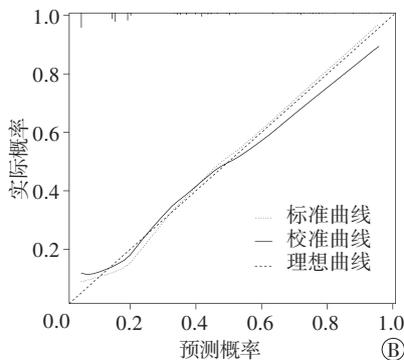
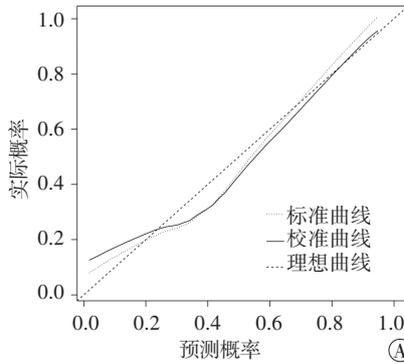


图3 预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的列线图



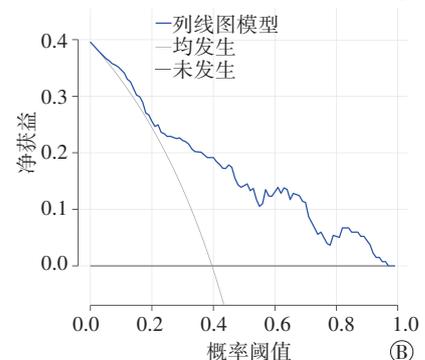
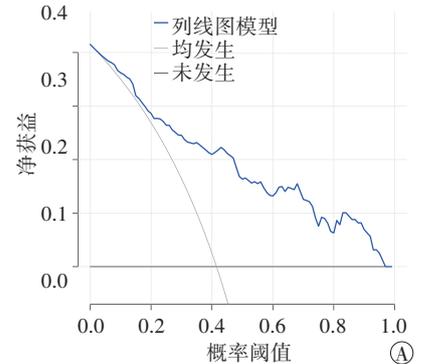
A: 训练集; B: 验证集

图4 列线图模型预测训练集和验证集中乳腺癌腋窝淋巴结转移的ROC曲线图



A: 训练集; B: 验证集

图5 列线图模型预测训练集和验证集中乳腺癌腋窝淋巴结转移的校准曲线图



A: 训练集; B: 验证集

图6 列线图模型预测训练集和验证集中乳腺癌腋窝淋巴结转移的临床决策曲线图

的接触机会,使转移风险增加^[19]。本研究发现血流分级也与乳腺癌腋窝淋巴结转移相关,分析原因可能为血流分级越高说明肿瘤内部血管更为丰富,血管延伸至肿瘤内部可促进其生长,同时血供丰富亦可导致肿瘤细胞易于脱离,增加转移风险。此外,本研究应用多因素 Logistic 回归分析筛选乳腺癌淋巴结转移的独立影响因素时排除了 Ki-67,可能与研究人群的分子分型、检测方法差异等因素有关,后续需进一步验证。

近年来,随着超声影像组学的不断发展,其在乳腺癌研究领域展现出显著优势,通过提取和分析医学影像中的高通量定量特征,并结合临床数据构建预测模型,可实现对肿瘤侵袭性和淋巴结转移风险的无创评估。陈思辰等^[20]基于超声影像组学构建的甲状腺癌淋巴结转移预测模型展现出良好的区分度和校准度,这也证实了超声影像组学技术的可行性。本研究共筛选出4个最优超声影像组学特征,据此计算训练集和验证集中转移组、非转移组 Rad-score 分别为(0.56±0.18)分、(0.25±0.09)分和(0.62±0.19)分、(0.36±0.12)分,差异均有统计学意义(均 $P<0.05$)。表明超声影像组学可准确识别乳腺癌腋窝淋巴结转移状态。但由于本研究提取超声影像组学特征时勾画的 ROI 均基于肿瘤最大径切面的超声图像,可能会导致部分特征丢失,因此本研究结合 Rad-score、组织学分级、HER-2、脉管浸润、肿瘤最大径、肿瘤形态、血流分级构建了多参数联合应用的列线图模型,直观展示了其预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的风险概率。ROC 曲线分析显示,列线图模型预测训练集和验证集中乳腺癌腋窝淋巴结转移的曲线下面积分别为 0.925 和 0.932;校准曲线分析显示,列线图模型的实际概率与预测概率基本一致;临床决策曲线分析显示,当概率阈值为 2%~94% 时,列线图模型预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的净获益值较高,提示其具有较好的临床适用性,表明基于超声影像组学和临床资料的列线图模型能够有效预测乳腺癌腋窝淋巴结转移。

本研究的局限性:①样本量较小,未纳入所有乳腺癌病理类型,尤其是在不同临床亚组中的适用性仍需进一步验证;②为回顾性研究,可能受信息偏倚或数据丢失的影响,今后可行前瞻性研究排除混杂因素;③仅纳入了临床和病理学资料,未考虑其他潜在的影响因素如基因表达谱、分子分型等,可能会影响模型的准确性。

综上所述,基于超声影像组学和临床资料的列线图模型在预测乳腺癌腋窝淋巴结转移中具有良好的临床价值,可为临床诊治提供参考。

参考文献

[1] Britt KL, Cuzick J, Phillips KA. Key steps for effective breast cancer

- prevention[J]. Nat Rev Cancer, 2020, 20(8):417-436.
- [2] Xiong X, Zheng LW, Ding Y, et al. Breast cancer: pathogenesis and treatments[J]. Signal Transduct Target Ther, 2025, 10(1):49.
- [3] Roy M, Fowler AM, Ulaner GA, et al. Molecular classification of breast cancer[J]. PET Clin, 2023, 18(4):441-458.
- [4] 孙丽, 岂怀华, 赵亚婷. 乳腺镜与常规腋窝淋巴结清扫术在乳腺癌保乳术中的效果比较[J]. 中国综合临床, 2023, 39(2):91-96.
- [5] Fong W, Tan L, Tan C, et al. Predicting the risk of axillary lymph node metastasis in early breast cancer patients based on ultrasonographic-clinicopathologic features and the use of nomograms: a prospective single-center observational study[J]. Eur Radiol, 2022, 32(12):8200-8212.
- [6] Miranda J, Horvat N, Araujo-Filho JAB, et al. The role of radiomics in rectal cancer[J]. J Gastrointest Cancer, 2023, 54(4):1158-1180.
- [7] 国家肿瘤质控中心乳腺癌专家委员会, 中国抗癌协会乳腺癌专业委员会, 中国抗癌协会肿瘤药物临床研究专业委员会. 中国晚期乳腺癌规范诊疗指南(2024版)[J]. 中华肿瘤杂志, 2024, 46(12):1079-1106.
- [8] Adler DD, Carson PL, Rubin JM, et al. Doppler ultrasound color flow imaging in the study of breast cancer: preliminary findings[J]. Ultrasound Med Biol, 1990, 16(6):553-559.
- [9] Peng Y, Cheng Z, Gong C, et al. Pretreatment DCE-MRI-based deep learning outperforms radiomics analysis in predicting pathologic complete response to neoadjuvant chemotherapy in breast cancer[J]. Front Oncol, 2022, 12:846775.
- [10] Amezcua-Galvez JE, Lopez-Garcia CA, Villarreal-Garza C, et al. Concordance between Ki-67 index in invasive breast cancer and molecular signatures: EndoPredict and MammaPrint[J]. Mol Clin Oncol, 2022, 17(3):132.
- [11] Liang Y, Zhang H, Song X, et al. Metastatic heterogeneity of breast cancer: molecular mechanism and potential therapeutic targets[J]. Semin Cancer Biol, 2020, 60(1):14-27.
- [12] 朱樱, 詹维伟, 贾晓红, 等. 超声联合细针穿刺诊断乳腺癌腋窝淋巴结转移假阴性的多因素分析[J]. 重庆医学, 2022, 51(14):2397-2400.
- [13] 杨志敏, 张丽, 郑蔚. 前哨淋巴结活检与腋窝淋巴结清扫术在乳腺癌手术中的应用效果[J]. 实用癌症杂志, 2024, 39(2):304-307.
- [14] 郭斌. 乳腺癌病人腋窝淋巴结转移相关因素分析[J]. 蚌埠医学院学报, 2021, 46(2):206-209, 213.
- [15] 刘云. 基于超声影像组学联合临床病理特征预测乳腺癌腋窝淋巴结转移的研究[D]. 张家口:河北北方学院, 2023.
- [16] 于水, 王伟. 乳腺癌腋窝淋巴结转移的影响因素分析[J]. 中国当代医药, 2022, 29(12):74-76, 81.
- [17] 谢熠. 乳腺癌腋窝淋巴结转移 nomogram 预测模型的建立[D]. 南昌:南昌大学, 2020.
- [18] 胡田. 乳腺癌腋窝淋巴结转移相关危险因素的回溯性研究[D]. 太原:山西医科大学, 2021.
- [19] Guerrisi A, Miseo L, Falcone I, et al. Quantitative ultrasound radiomics analysis to evaluate lymph nodes in patients with cancer: a systematic review[J]. Ultrascall Med, 2024, 45(6):586-596.
- [20] 陈思辰, 周锋盛, 张雨, 等. 基于超声影像组学的列线图模型预测甲状腺乳头状癌颈侧区淋巴结转移的临床价值[J]. 临床超声医学杂志, 2024, 26(10):806-812.

(收稿日期:2024-09-15)