

¹⁸F-FDG PET/CT 瘤内及瘤周影像组学 对滤泡性淋巴瘤患者基线 $\beta 2$ 微球 蛋白升高的预测价值

赵宏飞¹ 李艳梅² 孙建¹ 陈杰³ 王浩¹ 温泽迎¹

¹河南中医药大学第一附属医院核医学科, 郑州 450000; ²河南省肿瘤医院 PET/CT 中心, 郑州 450003; ³河南中医药大学第一附属医院超声科, 郑州 450000

通信作者: 温泽迎, Email: 15981890106@163.com; 李艳梅, Email: liyanmeijob@163.com

【摘要】 目的 探究¹⁸F-FDG PET/CT 瘤内及瘤周影像组学在预测滤泡性淋巴瘤 (FL) 患者基线 $\beta 2$ 微球蛋白 ($\beta 2$ -MG) 升高中的价值。**方法** 该研究为回顾性队列研究, 纳入 2012 年 7 月至 2024 年 12 月在河南省肿瘤医院确诊的 140 例 FL 患者[男 65 例、女 75 例, 年龄(49.1±12.6)岁], 根据 $\beta 2$ -MG 水平分为阳性组和阴性组。采用分层抽样法将患者分为训练集(112 例)与测试集(28 例)。通过 LIFEx 7.8.0 软件和 uAI Research Portal (uPR) 平台进行图像分割、特征提取与筛选, 采用单因素 logistic 回归 (LR) 分析筛选临床资料及代谢参数组成临床特征, 采用 5 种机器学习算法构建影像组学模型(瘤周、瘤内、瘤内+瘤周)、临床模型及联合模型(影像组学+临床资料及代谢参数特征)。模型主要评估指标为 AUC 和 Brier 评分 (BS), 采用 Delong 检验比较 AUC 的组间差异, 使用适形加法解释 (SHAP) 对模型进行可解释性分析。**结果** $\beta 2$ -MG 阳性组 32 例, 阴性组 108 例。单因素 LR 分析显示, 血红蛋白、乳酸脱氢酶 (LDH)、Ann Arbor 分期、FL 国际预后指数 (FLIPI)、病灶糖酵解总量 (TLG)、肿瘤代谢体积 (MTV) 和 2 个病灶之间最远距离 ($D_{\max}$) 与 $\beta 2$ -MG 升高有关[比值比 (OR): 0.654 (95% CI: 0.437~0.978)~3.232 (95% CI: 1.600~6.529), 均 $P<0.05$]。利用 5 种机器学习算法共构建 30 个模型, 最终 LR 算法构建的联合模型性能最优, 其训练集和测试集平均 AUC 分别为 0.918 和 0.815, BS 值分别为 0.089 和 0.138, 预测效能明显优于其他模型 (Z 值: -7.79~-3.88, 均 $P<0.001$)。SHAP 分析显示瘤周 4 mm 特征在模型中的重要性最高。**结论** ¹⁸F-FDG PET/CT 瘤内及瘤周影像组学特征可有效预测 FL 患者基线 $\beta 2$ -MG 升高, 联合模型能进一步提升预测性能。

【关键词】 淋巴瘤, 滤泡性; $\beta 2$ 微球蛋白; 影像组学; 正电子发射断层显像术; 体层摄影术, X 线计算机; 氟脱氧葡萄糖 F18; 预测

基金项目: 河南省科技攻关项目 (242102310246)

DOI: 10.3760/cma.j.cn321828-20250915-00328

Predictive value of ¹⁸F-FDG PET/CT intratumoral and peritumoral radiomics for elevation of baseline $\beta 2$ -microglobulin in patients with follicular lymphoma

Zhao Hongfei¹, Li Yanmei², Sun Jian¹, Chen Jie³, Wang Hao¹, Wen Zeying¹

¹Department of Nuclear Medicine, the First Affiliated Hospital of Henan University of Chinese Medicine, Zhengzhou 450000, China; ²PET/CT Center, Henan Cancer Hospital, Zhengzhou 450003, China;

³Department of Medical Ultrasound, the First Affiliated Hospital of Henan University of Chinese Medicine, Zhengzhou 450000, China

Corresponding authors: Wen Zeying, Email: 15981890106@163.com; Li Yanmei, Email: liyanmeijob@163.com

【Abstract】 Objective To explore the value of ¹⁸F-FDG PET/CT intratumoral and peritumoral radiomics in predicting the elevation of baseline $\beta 2$ -microglobulin ($\beta 2$ -MG) in patients with follicular lymphoma (FL). **Methods** This retrospective cohort study enrolled 140 patients (65 males and 75 females, age (49.1±12.6) years) with FL diagnosed at Henan Cancer Hospital from July 2012 to December 2024. Patients were divided into a positive group and a negative group based on $\beta 2$ -MG levels. Stratified sampling was used to divide patients into a training set ($n=112$) and a test set ($n=28$). Image segmentation, feature extraction, and screening were performed using LIFEx 7.8.0 software and the uAI Research Portal (uPR) platform. Univariate logistic regression (LR) analysis was performed to screen clinical data and metabolic parameters to form clinical features. Five machine learning algorithms were employed to construct radiomics

models (peritumoral, intratumoral, intratumoral + peritumoral), a clinical model, and a combined (radiomics + clinical data and metabolic parameters) model. The main indicators of model performance were AUC and Brier score (BS), and Delong test was used to compare the differences in AUCs. Shapley additive explanations (SHAP) was used to conduct interpretability analysis of models. **Results** There were 32 cases in $\beta 2$ -MG positive group, and 108 cases in negative group. Univariate LR analysis showed hemoglobin, lactate dehydrogenase (LDH), Ann Arbor stage, FL international prognostic index (FLIPI), total lesion glycolysis (TLG), metabolic tumor volume (MTV), and maximum distance between two lesions ($D_{\max}$) were associated with elevated $\beta 2$ -MG (odds ratio (OR)s: 0.654(95% CI: 0.437–0.978)–3.232(95% CI: 1.600–6.529), all $P < 0.05$). A total of 30 models were constructed using five machine learning algorithms, among which the combined model constructed by LR was the optimal, with mean AUC values of 0.918 and 0.815 in the training set and test set, respectively, and BS values of 0.089 and 0.138. The predictive efficacy of the combined model was significantly better than that of other single models (Z values: from -7.79 to -3.88 , all $P < 0.001$). SHAP analysis showed that the peritumoral 4 mm feature had the highest importance in the model. **Conclusions** ^{18}F -FDG PET/CT intratumoral and peritumoral radiomic features can effectively predict baseline $\beta 2$ -MG elevation in FL patients. The combined model can further improve the predictive performance.

【Key words】 Lymphoma, follicular; beta 2-microglobulin; Radiomics; Positron-emission tomography; Tomography, X-ray computed; Fluorodeoxyglucose F18; Forecasting

Fund program: Henan Provincial Science and Technology Research Project (242102310246)

DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20250915-00328

滤泡性淋巴瘤 (follicular lymphoma, FL) 约占 B 细胞非霍奇金淋巴瘤的 8%~23%, 存在早期或晚期复发及组织学转化的风险, 患者预后差异显著^[1]。 $\beta 2$ 微球蛋白 ($\beta 2$ -microglobulin, $\beta 2$ -MG) 作为主要组织相容性复合体 I 类分子的重要亚单位, 在肿瘤的发生和免疫调控中发挥重要的生物学作用^[2], 是反映肿瘤负荷和疾病进展的重要标志物, 也是 FL 预后和治疗评估的指标之一。目前 $\beta 2$ -MG 主要依赖血清学检查, 其结果易受非肿瘤因素的影响^[3]。PET/CT 因无创、多模态及功能显像的特点已成为淋巴瘤诊疗过程中不可或缺的部分, 与影像组学结合能进一步挖掘大量潜在信息, 进而辅助临床决策^[4]。先前研究多聚焦于瘤内区域及 FL 的分级、预后、诊断等^[5], 而对单一预后因素及瘤周区域的研究较少, 基于此, 本研究采用 PET/CT 瘤内及瘤周影像组学对 FL 患者基线 $\beta 2$ -MG 升高的预测价值进行验证及探讨。

资料与方法

1. 研究对象。本研究为回顾性队列研究, 纳入河南省肿瘤医院 2012 年 7 月至 2024 年 12 月接受 ^{18}F -FDG PET/CT 检查的 FL 患者 140 例 [男 65 例、女 75 例, 年龄 $27 \sim 76$ (49.1 ± 12.6) 岁]。纳入标准: (1) 病理诊断为 FL; (2) 治疗前接受 PET/CT 检查; (3) 病灶最大径 ≥ 1 cm; (4) 年龄 ≥ 18 岁。排除标准: (1) 图像不清晰; (2) 有其他恶性肿瘤或严重的系统性疾病; (3) 临床资料缺失。根据 FL 治疗指征将患者分为阳性组 ($\beta 2$ -MG ≥ 3.0 mg/L) 和阴性组 ($\beta 2$ -MG < 3.0 mg/L)^[1]。采用分层抽样法将患者分为训练集 112 例, 测试集 28 例。本研究经河南省肿瘤医院医

学伦理委员会批准 (审查编号: 2023-KY-0150-001)。

2. 显像方法。采用德国 Siemens Biograph Vision (33 例) 和美国 GE Discovery MI (107 例) PET/CT 仪, 扫描范围为颅顶至大腿中部。显像前禁食 4~6 h, 血糖 < 11.1 mmol/L, ^{18}F -FDG 由北京派特生物技术有限公司提供, 放化纯 $> 95\%$, 注射剂量按照患者体质量进行计算, 范围为 $3.75 \sim 5.50$ MBq/kg, 注射后休息 60 min 再显像。CT 扫描参数: 管电压 120~140 kV, 管电流采用自动毫安秒, 扫描层厚 3.76 mm, 层间距 3.25 mm, 螺距 0.8, 矩阵为 512×512 ; PET 扫描参数: 采集 6~7 个床位, 每个床位采集 3 min。图像采用有序子集最大期望值迭代法重建, 采用同机 CT 数据对其进行衰减校正。

3. 图像分割。将 PET 和 CT 图像导入 LIFE_x 7.8.0 软件, 以 $41\% \text{SUV}_{\max}$ 为阈值分割病灶, 去除生理代谢后选择 SUV 最高的病灶复制到对应 CT 图像, 结合 CT 图像的解剖信息手动调整 ROI 以减小误差。分割完成后, 将 PET 和 CT 图像及 ROI 上传至上海联影智能医疗科技有限公司 uAI Research Portal (uPR) 平台, 经 ROI 膨胀算法生成 2 mm 与 4 mm 的瘤周 ROI。

4. 特征提取和筛选。使用 uPR 平台进行图像预处理和特征提取。为减少机型造成的图像潜在差异, 特征提取前将所有图像经 B 样条插值重采样到 $2 \text{ mm} \times 2 \text{ mm} \times 2 \text{ mm}$ 体素, 并进行强度离散化和均值方差归一化。使用 15 个滤波器分别对瘤内及瘤周 ROI 进行特征提取, 均提取 2 269 个特征, 其中包含一阶、形状、纹理以及高阶特征。

特征提取后先进行 Z 分数归一化处理, 再利用

最小冗余最大相关性 (minimum redundancy maximum relevance, mRMR) 算法和最小绝对收缩和选择算子 (least absolute shrinkage and selection operator, LASSO) 算法进行筛选, 通过 5 折交叉验证选取最优特征集。不同 ROI 或模态组合时重新筛选特征。

5. 临床资料和 PET 代谢参数。本研究共收集年龄、性别、Ann Arbor 分期、病理分级、FL 国际预后指数 (FL international prognostic index, FLIPI)、细胞增殖核抗原 Ki-67、B 细胞淋巴瘤 (B-cell lymphoma, BCL)-2、BCL-6、乳酸脱氢酶 (lactate dehydrogenase, LDH) 以及血红蛋白、淋巴细胞、中性粒细胞和单核细胞计数 13 项临床基线资料。此外, 测量并计算 PET 相关代谢参数, 包括 SUV_{max} 、2 个病灶之间最远距离 (maximum distance between two lesions, D_{max})、肿瘤代谢体积 (metabolic tumor volume, MTV)、病灶糖酵解总量 (total lesion glycolysis, TLG)。对以上进行单因素分析以选取最优临床资料及代谢参数特征。

6. 模型构建与评估。本研究模型构建使用 5 折交叉验证减少模型过拟合。共纳入 PET 和 CT 2 种图像的瘤内、瘤周 2 mm、瘤周 4 mm ROI, 分别进行特征提取, 并使用决策树、高斯过程、logistic 回归 (logistic regression, LR)、随机森林、支持向量机 5 种算法分别构建影像组学模型 (包括瘤周 2 mm、瘤周 4 mm、瘤内、最佳瘤周+瘤内)、临床模型 (临床资料及代谢参数特征) 以及联合模型 (影像组学+临床资料及代谢参数特征), 共 30 个。通过评判各模型的交叉验证平均 AUC 及泛化能力来选择最佳算法及模型。

7. 统计学处理。采用 IBM SPSS Statistics 26.0、Python 3.13 和 uRP 平台分析数据, 符合正态分布的定量资料用 $\bar{x} \pm s$ 表示, 不符合正态分布的定量资料用 $M(Q_1, Q_3)$ 表示, 采用两独立样本 t 检验、Mann-Whitney U 检验进行组间比较。定性资料用频数表示, 采用 Fisher 确切概率法、Mann-Whitney U 检验以及 χ^2 检验进行组间比较。AUC 的比较采用 Delong 检验。采用 Brier 评分 (Brier score, BS) 和校准曲线评价预测准确性。采用适形加法解释 (shapely additive explanation, SHAP) 分析特征重要性。 $P < 0.05$ 表示差异具有统计学意义 (双侧检验)。

结 果

1. 临床基线资料 (表 1)。140 例 FL 患者中, β_2 -MG 阳性组 (32 例) 和阴性组 (108 例) 间 Ann Arbor 分期、FLIPI、LDH、血红蛋白、单核细胞计数、MTV、

TLG 及 D_{max} 的差异有统计学意义 (Z 值: $-3.69 \sim 2.10$, 均 $P < 0.05$), 余指标组间差异无统计学意义 (t 值: $1.31, -0.45, \chi^2$ 值: $0.01 \sim 0.21, Z$ 值: $-1.45, 0.15$, 均 $P > 0.05$)。

对临床基线资料及代谢参数进行单因素 LR 分析, 筛选出 $P < 0.05$ 的 7 个关键特征, 分别为血红蛋白 [比值比 (odds ratio, OR) = 0.654 (95% CI: $0.437 \sim 0.978$)]、LDH [OR = 1.578 (95% CI: $1.076 \sim 2.312$)]、Ann Arbor 分期 [OR = 3.232 (95% CI: $1.600 \sim 6.529$)]、FLIPI [OR = 2.341 (95% CI: $1.473 \sim 3.720$)]、TLG [OR = 2.329 (95% CI: $1.471 \sim 3.687$)]、MTV [OR = 2.517 (95% CI: $1.587 \sim 3.989$)] 和 D_{max} [OR = 1.747 (95% CI: $1.147 \sim 2.661$)] , 以此为特征构建临床模型。

2. 模型性能及评估。本研究采用 5 种算法, 共构建了 30 个预测模型, LR 算法的模型性能最佳。瘤周模型中, LR 算法的瘤周 4 mm 模型训练集及测试集 AUC 分别为 0.780 和 0.736, 训练-测试差距为 0.044, 选择其为瘤周模型代表。LR 算法的临床、瘤内、瘤周 4 mm+瘤内模型及联合模型的训练集及测试集 AUC 分别为 0.803、0.776、0.848、0.918 和 0.726、0.726、0.755、0.815, 差距分别为 0.077、0.050、0.093、0.103。与其他模型相比, 联合模型性能最佳 (Z 值: $-7.79 \sim -3.88, P < 0.001$)。

校正曲线 (图 1) 示联合模型在训练集和测试集上的预测结果与真实标签的一致性优于其他模型。训练集和测试集 BS 值分别为 0.089 和 0.138, 进一步证明联合模型的预测能力最佳。

3. 联合模型的特征 SHAP 分析 (图 2)。联合模型共纳入 15 个特征, SHAP 分析结果显示对预测贡献最大的前 5 个特征依次为: CT 瘤周 4 mm 区域伸长性特征 (CT4 mm-original-shape-Elongation, C4-O-Elongation)、CT 瘤周 4 mm 区域小依赖低灰度强调特征 (CT4 mm-binomialblurimage-gldm-SmallDependenceLowGrayLevelEmphasis, C4-Bin-SDLGLE)、PET 瘤周 4 mm 区域扁平度特征 (PET4 mm-original-shape-Flatness, P4-O-Flatness)、FLIPI 以及 Ann Arbor 分期。

讨 论

本研究整合瘤内及瘤周影像组学、临床资料和代谢参数, 构建了 FL 患者基线 β_2 -MG 升高的预测模型, 结果显示瘤周 4 mm 模型的预测性能优于瘤内模型, 且联合模型的预测性能明显高于单一模型, 并且 SHAP 分析结果提示将瘤周微环境纳入预测体系可提升模型效能, 为 FL 的预后预测提供了新思路。

表 1 140 例滤泡性淋巴瘤 (FL) 患者 $\beta 2$ -MG 阳性组和阴性组间临床基线资料对比

组别	例数	年龄 (岁; $\bar{x}\pm s$)	性别(例)		Ann Arbor 分期(例)				病理分级(例)	
			男	女	I 期	II 期	III 期	IV 期	I ~ II 级	III 级
阳性组	32	45.6±10.4	16	16	0	0	6	26	14	18
阴性组	108	52.3±10.1	49	59	5	17	36	50	46	62
检验值		1.31 ^a	0.21 ^b		-3.69				0.01 ^b	
P 值		0.193	0.645		<0.001				0.907	

组别	FLIPI(例)			Ki-67(例)		BCL-2(例)		BCL-6(例)	
	0~1 分	2 分	3~5 分	≥30%	<30%	阳性	阴性	阳性	阴性
阳性组	3	8	21	24	8	29	3	27	5
阴性组	35	40	33	79	29	94	14	93	15
检验值	-3.62			0.04 ^b		-		-	
P 值	<0.001			0.835		0.762		0.779	

组别	LDH	血红蛋白	单核细胞计数	淋巴细胞计数	中性粒细胞计数
	[U/L; $M(Q_1,Q_3)$]	[g/L; $M(Q_1,Q_3)$]	[10^9 /L; $M(Q_1,Q_3)$]	[10^9 /L; $M(Q_1,Q_3)$]	(10^9 /L; $\bar{x}\pm s$)
阳性组	229.5(181.0,305.5)	124.00(116.25,138.25)	0.38(0.26,0.52)	1.72(1.05,2.85)	4.07±1.35
阴性组	182.0(159.0,215.0)	133.00(120.00,144.75)	0.31(0.23,0.41)	1.43(1.10,1.96)	3.94±1.46
检验值	-3.35	2.10	-2.07	-1.45	-0.45 ^a
P 值	0.001	0.036	0.039	0.146	0.655

组别	SUV _{max} [$M(Q_1,Q_3)$]	MTV[cm^3 ; $M(Q_1,Q_3)$]	TLG[g; $M(Q_1,Q_3)$]	D _{max} [cm; $M(Q_1,Q_3)$]
阳性组	11.25(9.14,18.40)	310.84(66.09,575.75)	1 478.09(304.48,3 854.43)	62.99(34.87,72.69)
阴性组	11.34(8.24,17.78)	76.70(16.21,200.32)	358.91(88.54,1 309.75)	40.61(17.11,59.07)
检验值	0.15	-3.45	-3.18	-3.63
P 值	0.882	<0.001	0.001	<0.001

注:阳性组为 $\beta 2$ 微球蛋白 ($\beta 2$ -MG) ≥ 3.0 mg/L,阴性组为 $\beta 2$ -MG<3.0 mg/L;^a为 t 值,^b为 χ^2 值,-为 Fisher 确切概率法,余检验值为 Z 值;FLIPI 为 FL 国际预后指数,Ki-67 为细胞增殖核抗原,BCL-2 为 B 细胞淋巴瘤-2,BCL-6 为 B 细胞淋巴瘤-6,LDH 为乳酸脱氢酶,MTV 为肿瘤代谢体积,TLG 为病灶糖酵解总量, D_{max} 为 2 个病灶之间最远距离

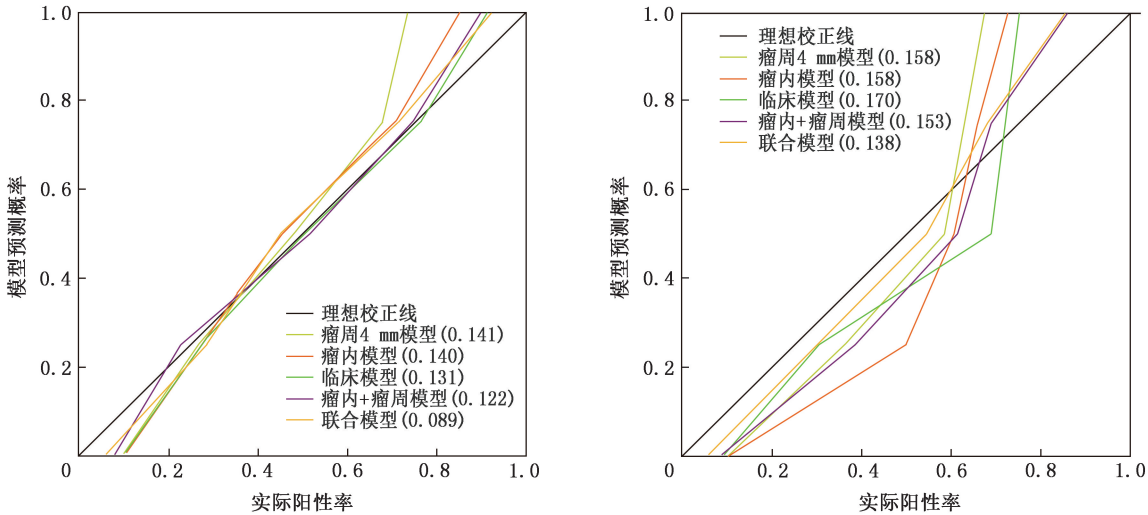


图 1 Logistic 回归 (LR) 算法瘤周 4 mm、瘤内、瘤内+瘤周、临床 (临床资料及代谢参数特征) 以及联合 (影像学+临床资料及代谢参数特征) 模型校正曲线 (左为训练集,112 例;右为测试集,28 例) 括号内为 Brier 评分

本研究采用多重特征筛选与交叉验证,有效减少过拟合。在 5 种算法中 LR 表现最优,可能因其能有效捕捉关键特征的线性关系,且参数量较少,更易控制过拟合程度^[6]。这与 Schmidt-Barbo 等^[7]在淋巴瘤亚型分类的研究中选择一致。另外,在 de Jesus 等^[8]

开展的 FL 与弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的鉴别研究中,LR 的性能略低于梯度提升算法,可能与病灶数量较大以及特征间存在较多非线性关系有关。单因素分析显示, D_{max} 、MTV、TLG、LDH、Ann Arbor 分期及 FLIPI 的高值均与 $\beta 2$ -MG 升高相关,

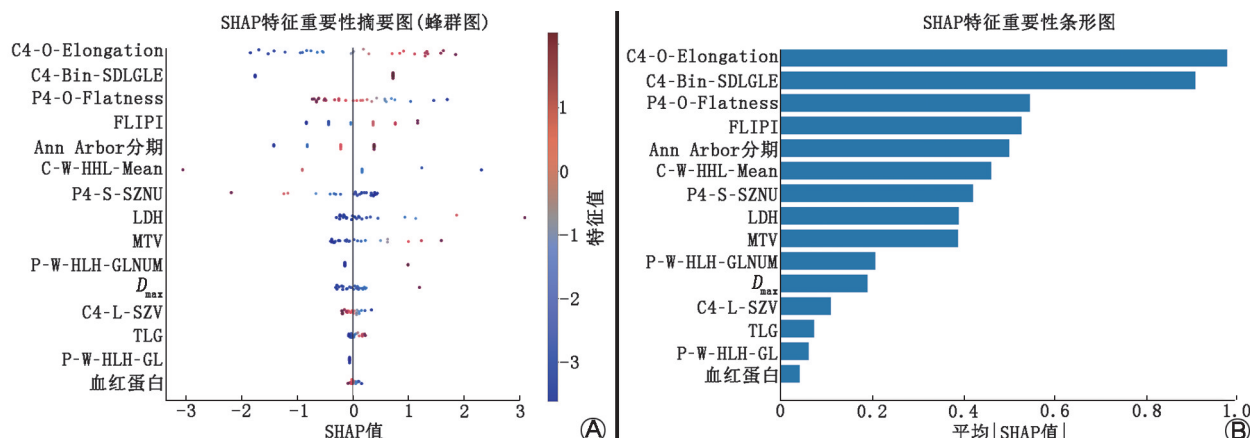


图2 基于140例滤泡性淋巴瘤(FL)患者联合模型(影像组学+临床资料及代谢参数特征)特征的适形加法解释(SHAP)分析图 A. SHAP特征重要性摘要图(蜂群图);SHAP值正值表示增加风险,负值表示降低风险,图中颜色代表对应特征值(红色为高值,蓝色为低值,每个点代表某特征下的1例患者);B. SHAP特征重要性条形图;C4-O-Elongation为CT瘤周4mm区域伸长性特征;C4-Bin-SDLGLE为CT瘤周4mm区域小依赖低灰度级强调特征,P4-O-Flatness为PET瘤周4mm区域扁平度特征,FLIPI为FL国际预后指数,C-W-HHL-Mean为CT瘤内区域小波分解后的均值特征,P4-S-SZNU为PET瘤周4mm区域大小不均匀性特征,LDH为乳酸脱氢酶,MTV为肿瘤代谢体积,P-W-HLH-GLNUM为PET瘤内区域小波分解后的灰度级不均匀性归一化特征, D_{max} 为2个病灶之间最远距离,C4-L-SZV为CT瘤周4mm区域拉普拉斯高斯滤波后的区域大小方差特征,TLG为病灶糖酵解总量,P-W-HLH-GL为PET瘤内区域小波分解后的灰度级方差特征

提示肿瘤负荷增加及疾病进展是 $\beta 2$ -MG升高的关键驱动因素,与既往研究相符^[9-12]。其中 D_{max} 与 $\beta 2$ -MG升高的关联提示 $\beta 2$ -MG升高可能除局部代谢强度外,还与病灶的空间分布相关^[13]。此外,血红蛋白减低可能与肿瘤负荷及炎症反应抑制造血功能有关^[14],这一结果亦与相关研究相符^[15]。值得注意的是, SUV_{max} 在2组间无明显差异,反映其作为常规代谢参数在捕捉肿瘤异质性方面的局限性,进一步支持采用高维影像组学特征的必要性^[16]。

为解释各特征的重要性,本研究基于联合模型的特征进行了SHAP分析,结果显示瘤周影像组学特征(如C4-O-Elongation、C4-Bin-SDLGLE和P4-O-Flatness)在预测中贡献显著,与FL患者的全身肿瘤负荷及 $\beta 2$ -MG升高密切相关,进而影响患者预后^[17],这与Lin等^[18]在预测非小细胞肺癌的治疗反应以及Kang等^[19]在肝细胞癌早期复发预测中的发现一致,进一步强调瘤周区域在肿瘤研究中的意义。

本研究的局限性:(1)回顾性研究,可能存在选择偏倚;(2)单中心研究,需进行多中心研究以提升模型的泛化能力;(3)仅选取2mm、4mm瘤周区域,应探索更多区域;(4)患者图像来自不同的检查设备,可能存在一定的差异。

综上,¹⁸F-FDG PET/CT瘤内及瘤周影像组学特征能够有效预测FL患者基线 $\beta 2$ -MG升高,联合模型进一步提高了预测性能。未来需进一步探索其临床应用价值,为FL的临床管理提供新的思路和方法。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

作者贡献声明 赵宏飞:研究实施、论文撰写;李艳梅、温泽迎:研究指导、论文修改;孙建、陈杰、王浩:统计学分析、作图

参考文献

- [1] 中国抗癌协会血液肿瘤专业委员会,中华医学会血液学分会淋巴瘤疾病学组,中国滤泡淋巴瘤工作组,等.中国滤泡性淋巴瘤诊断与治疗指南(2023年版)[J].中华血液学杂志,2023,44(7):529-534. DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-2727.2023.07.001. Hematology Oncology Committee of China Anti-Cancer Association; Lymphoid Disease Group, Chinese Society of Hematology, Chinese Medical Association; Chinese Working Group of Follicular Lymphoma, et al. Chinese guidelines for diagnosis and treatment of follicular lymphoma (2023) [J]. Chin J Hematol, 2023, 44(7): 529-534. DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-2727.2023.07.001.
- [2] Wang H, Liu B, Wei J. Beta2-microglobulin(B2M) in cancer immunotherapies: biological function, resistance and remedy [J]. Cancer Lett, 2021, 517: 96-104. DOI:10.1016/j.canlet.2021.06.008.
- [3] Kampmann JD, Hunderup MM, Petersen ERB, et al. High-sensitive troponin T, suPAR and Beta-2-microglobulin changes in concentration during hemodialysis[J]. Scand J Clin Lab Invest, 2024, 84(5): 362-368. DOI:10.1080/00365513.2024.2394794.
- [4] 高晓贺,李艳梅,陈杰,等.¹⁸F-FDG PET/CT影像组学对滤泡性淋巴瘤BCL-2/IgH融合基因表达状态的预测价值[J].中华核医学与分子影像杂志,2024,44(10):577-582. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20240109-00011. Gao XH, Li YM, Chen J, et al. Predictive value of ¹⁸F-FDG PET/CT radiomics for BCL-2/IgH fusion gene expression status in follicular lymphoma[J]. Chin J Nucl Med Mol Imaging, 2024, 44(10): 577-582. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20240109-00011.
- [5] 李卓含,黄新韵,郭睿,等.¹⁸F-FDG PET/CT在滤泡性淋巴瘤诊断和预后评估中的研究进展[J].诊断学理论与实践,2024,23

- (4): 439-444. DOI:10.16150/j.1671-2870.2024.04.013.
- Li ZH, Huang XY, Guo R, et al. ^{18}F -FDG PET/CT in the diagnosis and prognosis evaluation of follicular lymphoma[J]. J Diagn Concepts Pract, 2024, 23(4): 439-444. DOI:10.16150/j.1671-2870.2024.04.013.
- [6] Schober P, Vetter TR. Logistic regression in medical research[J]. Anesth Analg, 2021, 132(2): 365-366. DOI:10.1213/ANE.0000000000005247.
- [7] Schmidt-Barbo P, Kalweit G, Naouar M, et al. Detection of disease-specific signatures in B cell repertoires of lymphomas using machine learning [J]. PLoS Comput Biol, 2024, 20(7): e1011570. DOI:10.1371/journal.pcbi.1011570.
- [8] de Jesus FM, Yin Y, Mantzorou-Kyriaki E, et al. Machine learning in the differentiation of follicular lymphoma from diffuse large B-cell lymphoma with radiomic [^{18}F] FDG PET/CT features[J]. Eur J Nucl Med Mol Imaging, 2022, 49(5): 1535-1543. DOI:10.1007/s00259-021-05626-3.
- [9] Zduniak A, Lévêque E, Draye-Carbonnier S, et al. Combining total metabolic tumor volume with beta-2-microglobulin levels predicts outcomes in high-burden follicular lymphoma patients[J]. Hematol Oncol, 2025, 43(1): e70010. DOI:10.1002/hon.70010.
- [10] Mumtaz T, Iqbal MA, Roohi N, et al. Increased turnover of beta 2 microglobulin in circulation serves as diagnostic and prognostic marker for malignant lymphoma; a case control predictive model for lymphoma diagnosis; beta 2 microglobulin as a diagnostic and prognostic marker[J]. Pak J Health Sci, 2023, 4(5): 160-165. DOI:10.54393/pjhs.v4i05.757.
- [11] Xia Y, Wang L, Liang J, et al. Genotyping on circulating tumor DNA improves mutation detection rate in high-risk diffuse large B-cell lymphoma[J]. Genes Dis, 2024, 11(4): 101116. DOI:10.1016/j.gendis.2023.101116.
- [12] Zhao W, Wu X, Huang S, et al. Evaluation of therapeutic effect and prognostic value of ^{18}F -FDG PET/CT in different treatment nodes of DLBCL patients[J]. EJNMMI Res, 2024, 14(1): 20. DOI:10.1186/s13550-024-01074-w.
- [13] Jongvilaikasem S, Sampao S, Kanjanapradit K, et al. Serum β -2 microglobulin levels are associated with distant metastasis in patients with breast cancer[J]. Mol Clin Oncol, 2021, 14(6): 118. DOI:10.3892/mco.2021.2280.
- [14] 李幸蔚,周吉成.肿瘤相关性贫血的研究进展[J].临床血液学杂志, 2024, 37(10): 750-754. DOI:10.13201/j.issn.1004-2806.2024.10.014.
- Li XW, Zhou JC. Research progress on cancer related anemia[J]. J Clin Hematol, 2024, 37(10): 750-754. DOI:10.13201/j.issn.1004-2806.2024.10.014.
- [15] Drees EEE, Driessen J, Zwezerijnen GJC, et al. Blood-circulating EV-miRNAs, serum TARC, and quantitative FDG-PET features in classical Hodgkin lymphoma[J]. EJHaem, 2022, 3(3): 908-912. DOI:10.1002/jha2.432.
- [16] 牟玮,田捷. PET/CT、SPECT/CT 影像组学:沟通宏观影像和微观分子的桥梁[J].中华核医学与分子影像杂志, 2024, 44(2): 65-67. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20231212-00134.
- Mu W, Tian J. Radiomics in PET/CT and SPECT/CT: the bridge between macroscopic images and microscopic molecules[J]. Chin J Nucl Med Mol Imaging, 2024, 44(2): 65-67. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20231212-00134.
- [17] Blanco M, Collazo-Lorduy A, Yanguas-Casás N, et al. Unveiling the role of the tumor microenvironment in the treatment of follicular lymphoma[J]. Cancers (Basel), 2022, 14(9): 2158. DOI:10.3390/cancers14092158.
- [18] Lin X, Liu Z, Zhou K, et al. Intratumoral and peritumoral PET/CT-based radiomics for non-invasively and dynamically predicting immunotherapy response in NSCLC[J]. Br J Cancer, 2025, 132(6): 558-568. DOI:10.1038/s41416-025-02948-z.
- [19] Kang W, Cao X, Luo J. Effect of multiple peritumoral regions of interest ranges based on computed tomography radiomics for the prediction of early recurrence of hepatocellular carcinoma after resection[J]. Quant Imaging Med Surg, 2023, 13(10): 6668-6682. DOI:10.21037/qims-23-226.

(收稿日期:2025-09-15)