

^{18}F -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

高晓贺¹ 李艳梅² 陈杰³ 孙建¹ 温泽迎⁴

¹河南中医药大学第一临床医学院, 郑州 450046; 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; ⁴河南中医药大学第一附属医院核医学科, 郑州 450000

通信作者: 温泽迎, Email: 15981890106@163.com

【摘要】目的 探究 ^{18}F -FDG PET/CT 影像组学在预测滤泡性淋巴瘤 (FL) 患者 B 细胞淋巴瘤-2 (BCL-2)/免疫球蛋白重链 (IgH) 融合基因表达状态的临床应用价值。**方法** 回顾性分析河南省肿瘤医院 2016 年 1 月至 2023 年 8 月接受 ^{18}F -FDG PET/CT 检查的 90 例 FL 患者 [男 46 例、女 44 例, 年龄 (48.7±10.5) 岁] 的临床和影像学资料。根据 BCL-2/IgH 表达状态分为阳性组和阴性组。将患者以 7:3 的比例随机分为训练集 ($n=62$) 和验证集 ($n=28$), 使用 LIFEx 7.3.11 软件提取 PET 和 CT 影像组学特征, 采用最小绝对收缩和选择算子 (LASSO) 算法和十折交叉验证进行特征筛选, 并构建 PET 组学模型、CT 组学模型。通过单因素和多因素分析筛选临床特征, 构建临床模型。最后将影像组学特征与临床特征结合建立联合模型。使用 ROC 曲线及 AUC 评估模型的预测性能, 采用 Delong 检验比较 AUC 的差异。**结果** 经特征选择, 共选出 3 个 PET 组学特征、3 个 CT 组学特征及 2 个临床特征, 分别进行模型的构建。临床资料多因素分析显示, 病理分级 [比值比 (OR) = 0.201, 95% CI: 0.052~0.699, $P=0.014$] 和最大病灶最大径 (D_{\max}) (OR = 1.033, 95% CI: 1.009~1.065, $P=0.017$) 与 BCL-2/IgH 表达状态有关。在训练集中, 临床模型、PET 组学模型、CT 组学模型和联合模型的 AUC 分别为 0.84、0.80、0.80 和 0.91; 在验证集中, 4 种模型的 AUC 分别为 0.55、0.61、0.66 和 0.71。联合模型在训练集、验证集中的 AUC 有高于其他 3 种模型的趋势 (z 值: 0.50~1.71, P 值: 0.087~0.620)。**结论** 基于 PET/CT 影像组学联合临床特征预测 BCL-2/IgH 融合基因表达状态具有一定的价值。

【关键词】 淋巴瘤, 滤泡性; 基因, bcl-2; 基因, 免疫球蛋白重链; 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

DOI: 10.3760/cma.j.cn321828-20240109-00011

Predictive value of ^{18}F -FDG PET/CT radiomics for BCL-2/IgH fusion gene expression status in follicular lymphoma

Gao Xiaohu¹, Li Yanmei², Chen Jie³, Sun Jian¹, Wen Zeying⁴

¹The First Clinical Medical College of Henan University of Chinese Medicine, Zhengzhou 450046, 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;

⁴Department of Nuclear Medicine, the First Affiliated Hospital of Henan University of Chinese Medicine, Zhengzhou 450000, China

Corresponding author: Wen Zeying, Email: 15981890106@163.com

【Abstract】Objective To explore the clinical application value of ^{18}F -FDG PET/CT radiomics in predicting B-cell lymphoma-2 (BCL-2)/immunoglobulin heavy chain (IgH) fusion gene expression status in follicular lymphoma (FL) patients. **Methods** A retrospective analysis was conducted on the clinical and imaging data of 90 FL patients (46 males and 44 females, age (48.7±10.5) years) who underwent ^{18}F -FDG PET/CT examinations at Henan Cancer Hospital from January 2016 to August 2023. According to the expression status, patients were divided into positive group and negative group. Patients were randomly divided into training set ($n=62$) and validation set ($n=28$) at a ratio of 7:3. PET and CT radiomics features were extracted by LIFEx 7.3.11 software. After using least absolute shrinkage and selection operator (LASSO) regression and ten-fold cross-validation for feature selection, PET and CT radiomics models were constructed. Univariate and multivariate analyses were used to select important clinical features and construct clinical model. Finally, a combined model was established by combining the radiomics features with clinical features. ROC curve and AUC were used to evaluate the predictive performance of models, and Delong test was used to compare the differences in AUCs. **Results** After features selection, a total of 3 PET radiomics fea-

tures, 3 CT radiomics features and 2 clinical features were selected for the construction of radiomics model and clinical model respectively. Multivariate analysis of clinical data showed that pathological grade (odds ratio (OR) = 0.201, 95% CI : 0.052–0.699, P = 0.014) and maximum diameter of the maximum lesion (D_{max}) (OR = 1.033, 95% CI : 1.009–1.065, P = 0.017) were associated with BCL-2/IgH expression status. In the training set, the AUCs of clinical model, PET radiomics model, CT radiomics model and combined model were 0.84, 0.80, 0.80 and 0.91 respectively. In the validation set, the AUCs of the four models were 0.55, 0.61, 0.66 and 0.71 respectively. The combined model exhibited a trend toward higher in AUC than other three models in both the training and validation sets (z values: 0.50–1.71, P values: 0.087–0.620). **Conclusion** It is valuable to predict BCL-2/IgH fusion gene expression status based on PET/CT radiomics combined with clinical features.

【Key words】 Lymphoma, follicular; Genes, bcl-2; Genes, immunoglobulin heavy chain; Radiomics; Positron-emission tomography; Tomography, X-ray computed; Fluorodeoxyglucose F18

DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20240109-00011

滤泡性淋巴瘤(follicular lymphoma, FL)是惰性非霍奇金淋巴瘤中最常见的亚型^[1],起源于滤泡生发中心,属于恶性 B 淋巴细胞增殖性疾病^[2-3]。FL 在分子水平上具有多种遗传异质性,B 细胞淋巴瘤-2(B-cell lymphoma-2, BCL-2)/免疫球蛋白重链(immunoglobulin heavy chain, IgH)融合基因是其重要的遗传异常之一,特征性分子改变为 t(14;18)(q32;21)染色体易位^[4]。该融合基因在 FL 中高频率表达^[5],对肿瘤细胞的不受控制增殖和治疗反应具有重要影响。

目前,常采用荧光原位杂交(fluorescence in situ hybridization, FISH)确定 BCL-2/IgH 的表达状态,但该方法存在假阴性和有创性检查等问题。PET/CT 作为功能性、多模态无创的显像方式,能准确反映肿瘤的生物特性,将 PET/CT 与影像组学结合,可以提取丰富的特征,量化疾病并提供更准确的分子信息^[6]。近年来,PET/CT 影像组学已在其他肿瘤特异性分子的突变靶点预测中取得了较好的准确性^[7-8],但在 FL 的 BCL-2/IgH 融合基因表达还研究甚少。本研究拟采用 PET/CT 影像组学方法对 FL 的 BCL-2/IgH 融合基因表达的预测价值进行初步探讨。

资料与方法

1.研究对象。回顾性分析河南省肿瘤医院 2016 年 1 月至 2023 年 8 月接受¹⁸F-FDG PET/CT 检查的 FL 患者 90 例[男 46 例、女 44 例,年龄 29~74(48.7±10.5)岁],均接受 BCL-2/IgH 基因检测。纳入标准:(1)经病理组织学证实为 FL;(2) PET/CT 图像上具有可测量的病灶(最大径≥1 cm);(3)临床资料完整;(4)年龄≥18 岁。排除标准:(1)有其他恶性肿瘤病史;(2) PET/CT 检查前接受淋巴瘤相关治疗;(3)临床资料不完整,图像质量不清晰;(4)合并有严重心、肝肾功能不全。90 例患者中,BCL-2/

IgH 阴性者 35 例,阳性者 55 例,将患者以 7:3 随机分为训练集(62 例)和验证集(28 例)。本研究经河南省肿瘤医院医学伦理委员会批准[批件号:2023-KY-0150-001]。

2.显像方法。所有患者遵循标准的临床方案。采用德国 Siemens Biograph Vision 型和美国 GE Discovery MI 型 PET/CT 仪进行扫描,范围从颅顶至大腿中部。¹⁸F-FDG 由北京派特生物技术有限公司提供,放化纯>95%。显像前禁食 4~6 h,血糖<11.1 mmol/L,按照患者体重注射 3.75~5.50 MBq/kg ¹⁸F-FDG。注射后安静休息 60 min 后进行显像。CT 扫描参数:PET/CT 仪管电压为 120~140 kV,自动毫安秒,层厚 3.75 mm,层间距 3.25 mm,螺距 0.8,矩阵为 512×512。使用相同的扫描范围进行 PET 扫描,采集 6~7 个床位,每个床位采集 3 min。采用 CT 数据对 PET 图像进行衰减校正。

3.基因融合的检测。本研究采用 FISH 法检测 BCL-2/IgH 的表达状态。通过手术切除或穿刺活检组织检查获得用于检测 BCL-2/IgH 的组织学样本。在荧光显微镜下观察细胞核中的荧光信号,如果观察到超过 5% 以上的细胞核携带融合信号,即发生基因重排,判断为阳性。

4.图像处理、病灶分割与影像组学特征提取。进行图像预处理:PET 图像 SUV 的转换,PET、CT 图像的重采样和强度离散化。图像以医学数字成像和通信(digital imaging and communications in medicine, DICOM)格式导入 LIFEx 软件,使用三维绘图工具在图像横断面上逐层勾画 ROI,以 41% SUV_{max} 作为优化阈值,通过软件程序自动进行计算和提取特征。最终提取 179 个影像组学特征,包括 99 个 PET 特征和 80 个 CT 特征,均符合图像生物标志物标准化倡议(image biomarker standardization initiative, IBSI)所描述的特征定义。

5.特征筛选、模型构建及评估。特征选择在训

练集中进行。首先对临床特征进行单因素分析,筛选出差异有统计学意义的特征后进行多因素分析,最终构建临床 logistic 回归模型。再进行影像组学特征筛选及模型构建,首先使用 Wilcoxon 秩和检验筛选出差异有统计学意义的特征,然后使用最小绝对收缩和选择算子(least absolute shrinkage and selection operator, LASSO)和十折交叉验证对特征进一步筛选,并建立影像组学 logistic 回归模型。最后将临床特征与影像组学特征结合,构建联合模型。采用 ROC 曲线及 AUC 评价不同模型在训练集和验证集中的预测性能。

6. 统计学处理。采用 R 软件(4.3.2)进行数据分析。符合正态分布的定量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,并通过两独立样本 t 检验分析数据;不符合正态分布的定量资料以 $M(Q_1, Q_3)$ 表示,采用 Wilcoxon 秩和检验分析 PET/CT 参数在 BCL-2/IgH 不同表达组之间的分布是否存在差异。定性资料以频数表示,并采用 χ^2 检验比较。AUC 的比较采用 Delong 检验。 $P <$

0.05 为差异有统计学意义。

结 果

1. 患者临床资料(表 1)。90 例 FL 患者中,训练集 62 例(BCL-2/IgH 阴性 25 例,阳性 37 例),验证集 28 例(BCL-2/IgH 阴性 10 例,阳性 18 例)。训练集中,患者 BCL-2/IgH 表达状态间病理分级、Ann Arbor 分期、最大病灶最大径(maximum diameter of the maximum lesion, D_{max})以及验证集 Ann Arbor 分期间的差异有统计学意义(χ^2 值:8.35~9.11, $z = -3.90$; 均 $P < 0.05$),余指标间差异均无统计学意义(t 值:-0.88、1.05, z 值:-1.28~0.67, χ^2 值:0.01~9.56;均 $P > 0.05$)。

2. 临床特征筛选。共收集 19 个相关的临床特征。临床资料单因素分析结果见表 2。进一步多因素分析显示,病理分级、 D_{max} 与 FL 患者 BCL-2/IgH 表达状态有关[比值比(odds ratio, OR; 95% CI): 0.201(0.052~0.699), 1.033(1.009~1.065), P 值: 0.014 和 0.017]。

表 1 训练集和验证集 FL 患者不同 BCL-2/IgH 表达状态临床资料的比较[$\bar{x} \pm s$ 或 $M(Q_1, Q_3)$]

组别	BCL-2/IgH 表达	例数	年龄(岁)	性别(例)		病理分级(例)		Ann Arbor 分期(例)		Ki-67(例)		BCL-2(例)		FLIPI 评分(例)		
				男	女	I~II 级	III 级	I~II 期	III~IV 期	≥30%	<30%	+	-	0~1 分	2 分	3~5 分
训练集	BCL-2/IgH(-)	25	51.1±10.3	15	10	6	19	7	18	20	5	20	5	7	8	10
	BCL-2/IgH(+)	37	48.4±10.0	17	20	24	13	2	35	23	14	35	2	4	14	19
	检验值		1.05 ^a	0.68	8.41	8.35	1.47	1.88	6.71							
	P 值		0.298	0.408	0.004	0.015	0.225	0.170	0.243							
验证集	BCL-2/IgH(-)	10	44.7±8.8	6	4	5	5	3	7	7	3	8	2	4	4	2
	BCL-2/IgH(+)	18	48.2±12.4	8	10	12	6	0	18	13	5	16	2	1	6	11
	检验值		-0.88 ^a	0.16	0.21	9.11	3.33	0.01	9.56							
	P 值		0.390	0.693	0.644	0.028	0.927	0.936	0.089							
组别	BCL-2/IgH 表达	例数	SUV _{max}		SUV _{mean}		SUV _{peak}									
训练集	BCL-2/IgH(-)	25	11.82(9.41, 15.74)		7.26(5.51, 10.06)		9.11(6.27, 12.47)									
	BCL-2/IgH(+)	37	11.51(8.85, 15.58)		6.80(5.35, 9.00)		8.62(5.91, 10.68)									
	检验值		0.40 ^b		0.67 ^b		0.67 ^b									
	P 值		0.689		0.509		0.509									
验证集	BCL-2/IgH(-)	10	10.57(8.07, 13.08)		6.30(5.31, 7.85)		8.42(6.21, 10.31)									
	BCL-2/IgH(+)	18	9.60(7.87, 12.78)		6.02(4.65, 7.80)		7.84(6.18, 9.79)									
	检验值		0.52 ^b		0.48 ^b		0.38 ^b									
	P 值		0.610		0.639		0.707									
组别	BCL-2/IgH 表达	例数	MTV(cm ³)		TLG(g)		D _{max} (cm)									
训练集	BCL-2/IgH(-)	25	5.28(2.93, 14.89)		53.15(16.14, 135.07)		32.97(22.24, 38.16)									
	BCL-2/IgH(+)	37	10.07(3.22, 46.89)		70.87(19.10, 341.59)		60.19(39.62, 88.22)									
	检验值		-1.28 ^b		-1.07 ^b		-3.90 ^b									
	P 值		0.204		0.288		<0.001									
验证集	BCL-2/IgH(-)	10	4.45(2.30, 28.82)		41.33(17.25, 127.58)		50.44(46.09, 90.49)									
	BCL-2/IgH(+)	18	6.16(3.28, 11.17)		41.03(19.94, 87.40)		44.91(33.96, 83.10)									
	检验值		-0.29 ^b		0.00 ^b		0.24 ^b									
	P 值		0.792		1.000		0.829									

注: BCL-2 为 B 细胞淋巴瘤-2, D_{max} 为最大病灶最大径, FL 为滤泡性淋巴瘤, FLIPI 为 FL 国际预后指数, IgH 为免疫球蛋白重链, Ki-67 为细胞增殖核抗原, MTV 为肿瘤代谢体积, SUV_{peak} 为 SUV 峰值, TLG 为病灶糖酵解总量; ^a 为 t 值, ^b 为 z 值, 余为 χ^2 值

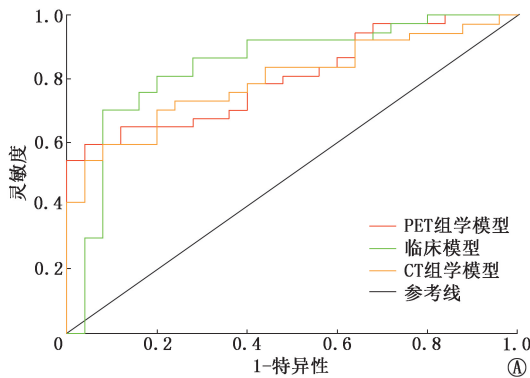
表 2 FL 患者 BCL-2/IgH 表达状态的临床资料单因素分析结果

临床特征	单因素分析		
	OR	95% CI	P 值
Ann Arbor 分期	3.889	0.714~30.960	0.142
病理分级	0.171	0.051~0.511	0.002
LMR	1.114	1.015~1.308	0.094
MTV	1.012	0.999~1.034	0.125
TLG	1.002	0.999~1.004	0.171
D _{max}	1.039	1.017~1.069	0.002

注: BCL-2 为 B 细胞淋巴瘤-2, D_{max} 为最大病灶最大径, FL 为滤泡性淋巴瘤, IgH 为免疫球蛋白重链, LMR 为淋巴细胞/单核细胞比值, MTV 为肿瘤代谢体积, OR 为比值比, TLG 为病灶糖酵解总量

3.影像组学特征选择。在训练集中,筛选出 24 个 CT 候选组学特征和 7 个 PET 候选组学特征,最终选中贡献最大的 6 个特征(3 个 CT 组学特征和 3 个 PET 组学特征)作为构建影像组学模型的最佳子集。最终选择的 CT 组学特征分别为强度直方图范围(IntensityHistogramRange, IBSI: 5Z3W)、强度方差(IntensityVariance, IBSI: ECT3)、强度峰度(IntensityKurtosis, IBSI: IPH6);PET 组学特征分别为表面积(SurfaceArea, IBSI: COJK)、球形度(Sphericity, IBSI: QCFX)、非球形度(Asphericity, IBSI: 25C7)。除 ECT3 为一阶特征外,其余均为形态特征。

4.模型的构建及评估。利用筛选出的临床特征、PET 组学特征、CT 组学特征分别构建临床模型、PET 组学模型、CT 组学模型。3 种模型在训练集中的 AUC 分别为 0.84、0.80、0.80,在验证集中的 AUC 分别为 0.55、0.61、0.66。3 种模型在训练集和验证集中的 ROC 曲线见图 1。Delong 检验结果显示,在训练集中,临床模型与 CT 组学模型($z = -0.57, P = 0.567$)、临床模型与 PET 组学模型($z = -0.57, P = 0.566$)、PET 组学模型与 CT 组学模型($z = -0.14, P = 0.887$);在验证集中,临床模型与 CT 组学模型($z = 0.90, P =$



0.367)、临床模型与 PET 组学模型($z = 0.26, P = 0.798$)、PET 组学模型与 CT 组学模型($z = 0.25, P = 0.801$)的 AUC 差异均无统计学意义。

5.联合模型及性能评估。将临床特征、CT 组学特征、PET 组学特征结合,构建临床和影像组学的联合模型。该模型在训练集和验证集中的 AUC 分别为 0.91 和 0.71。联合模型在训练集中的准确性、灵敏度、特异性、F1 分数(精确率和召回率的调和平均数)均最佳,分别为 0.82、0.84、0.80、0.82;其在验证集中的准确性、灵敏度亦最佳,分别为 0.64、0.78,临床、PET 组学、CT 组学、联合模型的特异性分别为 0.50、0.20、0.46、0.40, F1 分数分别为 0.58、0.56、0.57、0.53。Delong 检验示,在训练集、验证集中,联合模型 AUC 有高于以上 3 种模型的趋势(z 值:0.50~1.71, P 值:0.087~0.620)。联合模型在训练集和验证集中的 ROC 曲线见图 2。

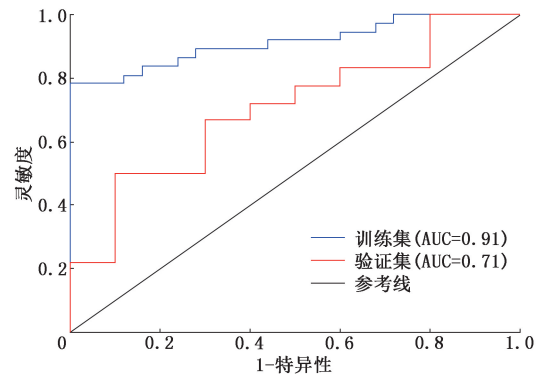


图 2 联合模型预测训练集(62 例)和验证集(28 例)滤泡性淋巴瘤患者 BCL-2/IgH 表达状态的 ROC 曲线

讨论

BCL-2/IgH 的异常表达与 FL 的发病和进展密切相关^[9],促进 FL 细胞的存活和增殖,有助于肿瘤的发展和持续,因此,对 BCL-2/IgH 表达状态的检

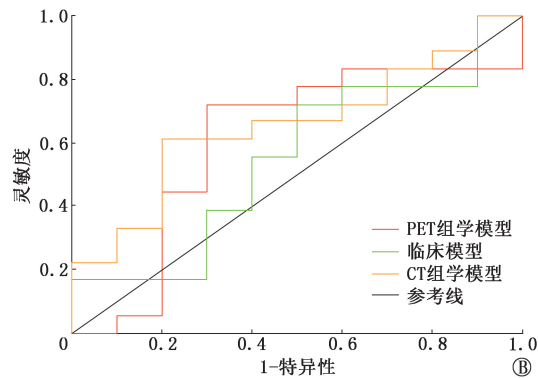


图 1 3 种模型预测滤泡性淋巴瘤患者 B 细胞淋巴瘤-2(BCL-2)/免疫球蛋白重链(IgH)表达状态的 ROC 曲线。A.训练集(62 例);B.验证集(28 例)

测尤为重要。本研究采用 PET/CT 影像组学对预测 BCL-2/IgH 表达状态进行了初步探讨,结果显示:联合模型在预测 FL 患者 BCL-2/IgH 融合基因表达状态中具有较好的预测效能,该模型结果也在验证集中得到了验证,表明该模型具有一定的可靠性和重复性。

本研究使用多种特征选择方法,以保证特征选择的稳定性,最终选出了 3 个 CT 组学特征和 3 个 PET 组学特征。3 个 CT 组学特征均与强度有关,反映肿瘤内不同区域的强度变化^[10]。3 个 PET 组学特征均为形态特征^[11],可帮助了解肿瘤的形态学特性。以上组学特征对图像进行分析,提取了与肿瘤组织学、异质性和内部结构相关的信息,有助于评估肿瘤的形态学特点、生物学行为以及可能对临床结果产生的影响^[12]。需注意的是,在本研究中未证实 PET/CT 常规代谢参数[SUV_{max}、肿瘤代谢体积(metabolic tumor volume, MTV)、病灶糖酵解总量等]与 BCL-2/IgH 基因表达的关系,这可能因为 SUV 为半定量分析参数,测量易受多种因素影响^[13],如检测时间、血糖水平等;MTV 的测量方法多种多样^[14],且目前尚无统一标准,因此,测量结果可能不统一;同时,作为常规代谢参数,不能充分反映疾病内部异质性方面的信息。后期会通过继续增加样本量及多中心的合作进行该方面的深入研究。

本研究发现,病理分级和 D_{max} 与预测 FL 患者 BCL-2/IgH 表达状态有关。高级别的 FL 通常预后较差且疾病进展较迅速^[15],对常规治疗方案的反应较差。Ⅲ级及以上 FL 具有明显的侵袭性^[16],临床预后欠佳。D_{max} 与肿瘤的扩散有关^[17]。存在较大病灶的患者扩散程度较大,肿瘤负荷重且治疗难度大,易发生进展^[18]。本研究对临床特征分析中,尚未发现 C 反应蛋白、淋巴细胞/单核细胞比值(lymphocyte to monocyte ratio, LMR)、中性粒细胞/淋巴细胞比值(neutrophil to lymphocyte ratio, NLR)等与该融合基因表达有关,可能由于患者个体差异、检测时间、肿瘤微环境等多种因素的影响。

本研究共构建了 4 种模型,尽管一些模型在验证集中的 AUC 较低,但其仍具有一定的预测价值。由临床特征和组学特征构成的联合模型,在训练集和验证集中都表现出更高的性能(AUC 分别为 0.91 和 0.71),在预测基因表达状态方面相较于单一模型更具优势。先前的研究多集中肺癌表皮生长因子受体(epidermal growth factor receptor, EGFR)、程序性细胞死亡蛋白配体 1(programmed death-ligand 1,

PD-L1)、胃癌人表皮生长因子受体 2(human epidermal growth factor receptor 2, HER2)等基因表达状态的预测^[19-20],研究结果均表明,PET/CT 影像组学特征预测基因表达有一定的价值,但联合模型仍表现出更高的预测性能。

通过 PET/CT 影像组学特征预测 FL 患者 BCL-2/IgH 基因表达状态的研究尚少,虽然本研究尝试利用 PET/CT 影像组学研究此方向,但也需要注意当前文献中缺乏类似研究。本研究的局限性:(1)回顾性研究,可能存在选择上的偏倚,需更严格的研究设计来减少偏倚的影响;(2)单中心研究且样本量较小,未来需进行大样本和多中心研究以加强预测模型的稳定性;(3)纳入的患者并非在同一台机器进行检查。不同设备之间可能存在差异。未来将通过多中心合作、统一的采集参数和分析标准来提高研究结果的一致性和可靠性。

总之,基于¹⁸F-FDG PET/CT 影像组学特征和临床特征构建的联合模型在预测 FL 患者的 BCL-2/IgH 基因表达中有一定的价值,有利于临床医师准确了解患者的病情、制定个体化的精准治疗方案。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

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

参 考 文 献

- [1] 黄文鹏,孙昕瑶,宋乐乐,等.¹⁸F-FDG PET/CT 在滤泡性淋巴瘤诊断及预后中的研究进展[J].中国医师杂志,2024,26(4):621-626. DOI:10.3760/cma.j.cn431274-20230511-00675. Huang WP, Sun XY, Song LL, et al. Research progress of ¹⁸F-FDG PET/CT in the diagnosis and prognosis of follicular lymphoma [J]. J Chin Physician, 2024, 26(4): 621-626. DOI:10.3760/cma.j.cn431274-20230511-00675.
- [2] Freedman A, Jacobsen E. Follicular lymphoma: 2020 update on diagnosis and management [J]. Am J Hematol, 2020, 95(3): 316-327. DOI:10.1002/ajh.25696.
- [3] Carbone A, Roulland S, Gloghini A, et al. Follicular lymphoma [J]. Nat Rev Dis Primers, 2019, 5(1): 83. DOI:10.1038/s41572-019-0132-x.
- [4] Hamamoto Y, Kukita Y, Kitamura M, et al. Bcl-2-negative IGH-BCL2 translocation-negative follicular lymphoma of the thyroid differs genetically and epigenetically from Bcl-2-positive IGH-BCL2 translocation-positive follicular lymphoma [J]. Histopathology, 2021, 79(4): 521-532. DOI:10.1111/his.14378.
- [5] Verghese C, Li W, Gvazava N, et al. IGH/BCL2 status better predicts clinico-pathological behavior in primary splenic follicular lymphoma than histological grade and other molecular markers [J]. Clin Pathol, 2022, 15: 2632010X221129242. DOI:10.1177/2632010X221129242.
- [6] Hatt M, Cheze Le Rest C, Antonorsi N, et al. Radiomics in PET/CT: current status and future AI-based evolutions [J]. Semin Nucl Med, 2021, 51(2): 126-133. DOI:10.1053/j.semnucmed.2020.

- 09.002.
- [7] 张建媛, 赵新明, 赵妍, 等. ^{18}F -FDG PET/CT 影像组学预测非小细胞肺癌患者表皮生长因子受体基因突变亚型[J]. 中华核医学与分子影像杂志, 2023, 43(8): 480-485. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20220109-00008.
- Zhang JY, Zhao XM, Zhao Y, et al. Prediction of epidermal growth factor receptor mutation subtypes in patients with non-small cell lung cancer by ^{18}F -FDG PET/CT radiomics[J]. Chin J Nucl Med Mol Imaging, 2023, 43(8): 480-485. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20220109-00008.
- [8] Zhao X, Zhao Y, Zhang J, et al. Predicting PD-L1 expression status in patients with non-small cell lung cancer using [^{18}F] FDG PET/CT radiomics[J]. EJNMMI Res, 2023, 13(1): 4. DOI:10.1186/s13550-023-00956-9.
- [9] Xu J, Yan LX, Zhang KP, et al. Detection and application of bcl-2/IgH gene translocation and immunoglobulin gene rearrangement in follicular lymphoma[J]. Zhonghua Bing Li Xue Za Zhi, 2018, 47(6): 423-426. DOI:10.3760/cma.j.issn.0529-5807.2018.06.007.
- [10] Wiclawek W. Information granules in image histogram analysis [J]. Comput Med Imaging Graph, 2018, 65: 129-141. DOI:10.1016/j.compmedimag.2017.05.003.
- [11] 贾童童, 史津宇, 李继会, 等. 基于 ^{18}F -FDG PET/CT 的影像组学在预测乳腺癌分子分型和 Ki-67 表达中的价值[J]. 中华核医学与分子影像杂志, 2024, 44(2): 86-91. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20230923-00059.
- Jia TT, Shi JY, Li JH, et al. Value of radiomics signatures based on ^{18}F -FDG PET/CT for predicting molecular classification and Ki-67 expression of breast cancer[J]. Chin J Nucl Med Mol Imaging, 2024, 44(2): 86-91. DOI:10.3760/cma.j.cn321828-20230923-00059.
- [12] 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.
- Mou 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.
- [13] Wilson CM, Selwyn RG, Elojeimy S. Comparison of PET/CT SUV metrics across different clinical software platforms [J]. Clin Imaging, 2022, 89: 104-108. DOI:10.1016/j.clinimag.2022.06.005.
- [14] Pacella S. Prognostic role of metabolic parameters (MTV and TLG) of staging PET/CT in the pediatric population with Hodgkin's lymphoma: an open discussion [J]. Eur J Nucl Med Mol Imaging, 2022, 50(1): 12-13. DOI:10.1007/s00259-022-05990-8.
- [15] Kuroki W, Kitadate A, Ishiyama K, et al. High baseline total lesion glycolysis predicts early progression of disease within 24 months in patients with high-tumor-burden follicular lymphoma[J]. Int J Hematol, 2022, 116(5): 712-722. DOI:10.1007/s12185-022-03418-5.
- [16] Li H, Wang M, Zhang Y, et al. Prediction of prognosis and pathologic grade in follicular lymphoma using ^{18}F -FDG PET/CT [J]. Front Oncol, 2022, 12: 943151. DOI:10.3389/fonc.2022.943151.
- [17] Albano D, Treglia G, Dondi F, et al. ^{18}F -FDG PET/CT maximum tumor dissemination (D_{max}) in lymphoma: a new prognostic factor? [J]. Cancers (Basel), 2023, 15(9): 2494. DOI:10.3390/cancers15092494.
- [18] Zhu L, Meng Y, Guo L, et al. Predictive value of baseline ^{18}F -FDG PET/CT and interim treatment response for the prognosis of patients with diffuse large B-cell lymphoma receiving R-CHOP chemotherapy[J]. Oncol Lett, 2021, 21(2): 132. DOI:10.3892/ol.2020.12393.
- [19] Liu Q, Sun D, Li N, et al. Predicting EGFR mutation subtypes in lung adenocarcinoma using ^{18}F -FDG PET/CT radiomic features [J]. Transl Lung Cancer Res, 2020, 9(3): 549-562. DOI:10.21037/tlcr.2020.04.17.
- [20] Liu Q, Li J, Xin B, et al. Preoperative ^{18}F -FDG PET/CT radiomics analysis for predicting HER2 expression and prognosis in gastric cancer[J]. Quant Imaging Med Surg, 2023, 13(3): 1537-1549. DOI:10.21037/qims-22-148.

(收稿日期:2024-01-09)

· 读者 · 作者 · 编者 ·

关于投稿提供伦理委员会批准文件及受试对象知情同意书的通告

根据中华医学会杂志社的相关规定,当论文的主体是以人为研究对象时,作者应该说明其遵循的程序是否符合伦理审核委员会(单位性的、地区性的或国家性的)所制订的伦理学标准,并提供该委员会的批准文件(批准文号著录于论文中)及受试对象或其亲属的知情同意书;当论文主体以动物为研究对象时,需说明是否遵循了国家和国家有关实验动物管理和使用的规定,如获得审查批准,应提交实验动物伦理审查委员会审批文件和批准文号。

本刊编辑部