

基于 CT 影像组学的非小细胞肺癌预后分析方法

王 旭,段辉宏,聂生东

(上海理工大学医学影像工程研究所,上海 200093)

摘 要: 为了辅助医生规划非小细胞肺癌(Non-Small Cell Lung Cancer, NSCLC)患者治疗和复查方案,提出了一种基于 CT 影像组学的 NSCLC 预后分析方法. 首先,对患者肺部 CT 影像中的肿瘤区域进行分割;然后,对肿瘤区域进行影像组学特征提取、优化;最后,将优化后的特征数据与患者的预后生存情况作为输入,利用机器学习的方法构建预后分析模型,预测患者的预后生存时间范围. 选用 124 例 NSCLC 患者数据进行实验,以具有临床意义的 3 年生存期为预测界限,对患者预后生存时间范围进行预测. 实验结果表明,预后分析模型的预测准确率达到 91.9%,可以有效地辅助医生对非小细胞肺癌患者的预后情况进行更加精准的评估,制定出更具个性化的治疗与复查方案.

关键词: 计算机断层扫描; 非小细胞肺癌; 影像组学特征; 预后分析

中图分类号: TP391 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2020)04-0637-06

电子学报 URL: <http://www.ejournal.org.cn> **DOI:** 10.3969/j.issn.0372-2112.2020.04.003

Prognostic Analysis Method for Non-small Cell Lung Cancer Based on CT Radiomics

WANG Xu, DUAN Hui-hong, NIE Sheng-dong

(Institute of Medical Imaging Engineering, University of Shanghai for Science and Technology, Shanghai 200093, China)

Abstract: In order to assist doctors in planning treatment and review programs for non-small cell lung cancer (NSCLC) patients, a prognostic survival analysis method based on CT radiomics was proposed. First, we segmented the tumor areas in the lung CT images. Then, we extracted and optimized the radiomics features. Finally, the optimized features and the patients' prognosis survival were taken as input, and the prognostic analysis model was constructed by using machine learning method to predict the prognosis survival time range of the patients. The data of 124 NSCLC patients were selected and the clinical significance of 3-year survival was used as the predictive limit to predict the prognosis survival time range. The experimental results showed the prediction accuracy of the model reached 91.9%, which could effectively assist doctors to carry out more accurate assessment and develop more personalized treatment and review programs for NSCLC patients.

Key words: computed tomography; non-small cell lung cancer; radiomics features; prognostic analysis

1 引言

肺癌已经成为全世界发病率和死亡率最高的恶性肿瘤,预计 2018 年将造成 180 万人死亡,占预计癌症死亡总人数的 18.4%^[1]. 其中,非小细胞肺癌(Non-Small Cell Lung Cancer, NSCLC)占肺癌患病总人数的 80% ~ 85%,包括鳞癌、腺癌和大细胞癌. 流行病学统计表明,大量的 NSCLC 患者由于未得到准确的病情发展预测而未能及时接受合适的治疗,使得该类肺癌患者的死亡率高达 75%^[2]. 因此,急需有效的患者预后分析模型来对治疗和复查方案的选择进行辅助,以提高 NSCLC 的

治疗效果,进而提高患者的治愈率和存活率.

近年来,针对 NSCLC 预后分析的研究受到了国内外研究者的广泛关注. Park C 等^[3]通过对 171 例 NSCLC 患者的临床病理特征和复发情况进行单、多因素分析后发现:T 分期、N 分期、病理分期以及淋巴管浸润是患者术后出现复发的独立危险因素. 邓鹏等^[4]通过对 200 例晚期肺腺癌患者进行预后分析,发现 ECOG 评分、是否有脑转移、转移部位数目及体重下降百分比是影响晚期肺腺癌患者预后的因素. Wang H 等^[5]提取了 79 例 NSCLC I 期患者 CT 图像的毛刺征、分叶征、磨玻璃结节、空洞征、支气管充气征、胸膜凹陷征和胸膜黏连征,

并对其进行生存分析发现:胸膜黏连征是 I 期 NSCLC 的独立预后因素。

虽然上述方法有效地探究临床特征与 NSCLC 预后的相关性,筛选出预后相关因素,但同时也存在着不足:(1)无法具体量化肿瘤组织在医学成像中表现出的差异,只能进行主观或定性的判断;(2)得到的预后因素只能探究出其与患者预后的相关性,但无法切实地帮助医生对 NSCLC 患者的预后情况进行预测。

针对目前研究存在的不足,本文从影像组学角度出发,通过提取高通量的影像组学特征来量化肿瘤组织在医学影像中表现出的细微差异,反映出同一种肿瘤在不同个体中的特性差异,可以有效地解决了肿瘤异质性难以定量评估的问题;实验得到预后分析模型能对 NSCLC 患者的预后生存时间范围进行预测,可以辅助医生对患者的预后情况进行更加精准的评估,制定出更具个性化的治疗与复查方案。

2 本文方法

2.1 实验设计

由临床研究表明,肺癌患者预后生存时间超过 3

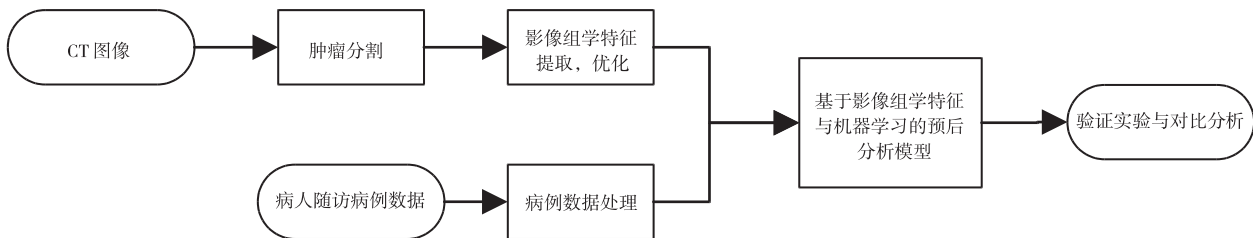


图1 方法流程图

2.2 肿瘤分割

肿瘤分割的精度将直接影响后续的肿瘤影像组学特征提取的质量. 针对分割要求,本文使用了一种半自动的分割方法,先通过交互式医学影像控制系统 RadiAntViewer 从 CT 影像中找到肿瘤并框选出其大致区域,得到肿瘤序列图像,再运用半自动分割方法分割出肿瘤,对不同类型的肿瘤采取不同的分割方案:(1)孤立型肿瘤,取灰度阈值分割算法和三维区域生长算法分割结果的交集;(2)粘连肺壁型肿瘤,首先,基于链码法与“滚球法”对肺区边缘进行修补^[7],然后,参照孤立型肿瘤分割方法进一步分割,最后,检查上述分割结果,对过分割或欠分割情况进行人工修补;(3)粘连血管型肿瘤,首先,运用孤立型肿瘤分割方法得到肿瘤区域图像,然后,采用“吹球法”与模糊 C 均值聚类的方法对血管粘连区域进行去除^[8]. 最终分割结果来自多次分割结果的平均值,以减少因为人工修补造成的分割错误. 分割结果如图 2 所示。

年,复发几率将大大降低;生存时间超过 5 年,则基本可认定为痊愈,这类生存时间节点对临床医生设计患者治疗和复查方案的指导意义重大^[6]. 故本文根据数据集中患者的预后生存时间的长短、截至存活情况,选择将具有临床意义的 3 年生存期作为预测界限值,将入组的实验数据分为“长生存期组”和“短生存期组”,其中“长生存期组”的病例预后生存时间超过 1100 天(生存时间范围为 1141 到 1926 天,平均生存时间为 1378 天)，“短生存期组”的病例预后生存时间不足 900 天(生存时间范围为 10 到 896 天,平均生存时间为 301 天)。

本文基于 CT 影像组学特征与机器学习分类器构建预后分析模型,对 NSCLC 患者的预后生存时间范围进行预测. 具体分为以下 4 个步骤:首先,对入组的 NSCLC 患者的 CT 影像中的肿瘤区域进行精确分割;然后,对分割出来的肿瘤进行影像组学特征提取、优化;最后,利用优化后的特征数据对多种分类模型进行训练,构建 NSCLC 预后分析模型,预测 NSCLC 患者的预后生存时间范围. 实验方法流程如图 1 所示。

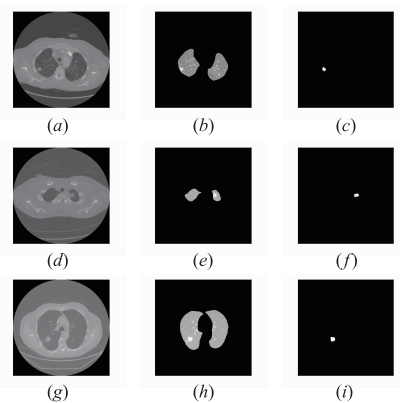


图2 分割结果 (a)、(d)和(g)为原始CT图像 (b)、(e)和(h)为肺实质分割结果 (c)、(f)和(i)分别为孤立型、胸膜粘连型和血管粘连型肿瘤分割结果

2.3 特征提取

图像特征的提取是计算和量化分析图像信息的重要方法. 为了探究 CT 影像组学特征与患者预后生

存情况的相关性联系,必须尽可能多种类、多尺度地提取出肿瘤的定量指标,以提高后续预测模型的准确性. 本文基于灰度,形态,纹理等影像信息,共提取了 258 个影像组学特征. 提取的特征名称如表 1 所示.

表 1 实验中所提取的特征

特征类型	子类型	特征统计量
灰度特征		均值、标准差、极大值、极小值、最大值、最小值、中值、信息熵、峭度、斜度、对比度、能量、对比度、密度
形态特征	2D or 3D	体积、表面积、球形度、三维最长直径、表面积体积比、中间层区域似圆度、中间层区域矩形度、中间层区域伸长度、中间层区域紧凑度、中间层区域轮廓大小比率、中间层区域周长、中间层区域凹凸性、中间层区域 2、3、4 阶不变矩、中间层区域边界不规则度、中间层区域边界傅里叶描绘子
	灰度共生矩阵	和均值、方差、和方差、差分方差、逆差矩、对比度、非相似性、熵、和熵、差熵、相关性、角二阶矩、相关信息度量
	灰度游程矩阵	强调短游程、强调长游程、灰度不均匀性、游程长度不均匀性、游程长度分布、游程比例、强调低灰度级游程、强调高灰度级游程、强调短游程低灰度级、强调短游程高灰度级、强调长游程低灰度级、强调长游程高灰度级、均值、均方差、能量、熵
纹理特征	邻域灰度差别矩阵	稀疏度、繁忙度、复杂度、对比度、纹理力度
	Gabor 小波特征	Gabor 纹理均值、Gabor 纹理方差
	SIFT 特征	72 个特征统计量
医学征象		分叶征、毛刺征、瘤体密度的均匀性、空泡征、星芒征、斑片状影及泡性气肿、切迹的识别

2.4 特征优化

在对肿瘤区域进行特征提取的过程中,提取的特征中可能存在冗余特征和无关特征,会影响后续预测模型的性能. 因此,需要对原始特征数据进行过滤,将具有类特异性的特征保留下来^[9]. 故本文采用 Principal Component Analysis (PCA) 主成分分析的方法对提取到的特征数据进行降维、优化,减少无关信息所造成的干扰.

PCA 算法是一种无参数的特征降维算法^[10],其主要思想是将原始高维空间数据投影到低维空间上,对数据主成分(包含信息量较大的维度)进行保留,忽略掉对数据描述不重要的成分. 算法流程如下.

给定一特征数据集 $\{X\}_{M \times N}$, 其中, M 代表样本量, N 代表每个样本所含的特征数量,将其组合成一个 $M \times N$ 的矩阵 X :

$$X = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \cdots & x_{1N} \\ x_{21} & x_{22} & \cdots & x_{2N} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{M1} & x_{M2} & \cdots & x_{MN} \end{bmatrix} = (x_1, x_2, \cdots, x_N) \quad (1)$$

为了避免特征之间因为度量单位不同造成的影响,首先对特征数据 X 进行标准化处理,并使每个列维度减去该维度的平均值,得到新的特征矩阵 X' ;

然后计算 X' 的协方差矩阵 X'' :

$$X'' = \text{conv}(X') = \frac{1}{M-1} \begin{bmatrix} \text{conv}(x_1, x_1) & \text{conv}(x_1, x_2) & \cdots & \text{conv}(x_1, x_N) \\ \text{conv}(x_2, x_1) & \text{conv}(x_2, x_2) & \cdots & \text{conv}(x_2, x_N) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \text{conv}(x_M, x_1) & \text{conv}(x_M, x_2) & \cdots & \text{conv}(x_M, x_N) \end{bmatrix} \quad (2)$$

通过协方差矩阵计算特征其特征值 $D = (d_1, d_2, \cdots, d_n)$ 及其对应的特征向量 $V = (v_1, v_2, \cdots, v_n)$, 将特征值按从大到小的顺序进行排列,并将与之对应的特征向量的排序做相应的调整,利用特征值计算出每个特征的贡献度与成分累计值的大小. 根据选取的贡献度,将上述所得特征向量前 k 个特征向量进行保留,组成特征向量矩阵 P .

最后,将原始特征数据 X 与上述特征向量矩阵 P 相乘即可得到在低维空间下的特征矩阵 Y ,即为优化后的新特征数据:

$$Y = X * P = (y_1, y_2, \cdots, y_k) \quad (3)$$

在进行 PCA 主成分分析的过程中,要保证所提取的前 k 个特征的累计贡献率达到一个较高值,这样才能尽可能完整地反映原始数据的全部信息,同时去除掉冗余的干扰信息,实现特征优化. 这里我们选择累计贡献超过 95% 的前几个特征向量,在尽可能保留原始数据的全貌信息的同时,降低特征的维度. 实验结果所示,原始的 258 维特征进行降维处理后,仅保留了表征能力较强的前 15 个特征向量,在特征数据信息尽可能不丢失的前提下,大幅度降低特征维度,去除了无用的冗余信息,为后续分类预测模型的建立奠定基础.

2.5 数据平衡

由于入组的 124 个病例样本中,“长生存期组”样本与“短生存期组”样本的数据量存在较大差异,比率为 3.13 (94/30),数据不平衡会导致训练出的模型对少数类样本的分类性能下降.因此,选用 SMOTE (Synthetic Minority Over-sampling Technique) 算法对数据集中“长生存期组”样本的特征数据进行过采样使两类样本数量达到平衡.

SMOTE 算法是基于插值来合成少数类新样本的数据合成算法^[11],算法流程如下.

给定一少数类样本集合 $X = \{x_i | i = 1, 2, \dots, M\}$, 对于其中任一样本 x_i , 以欧式距离为计算标准得到它到少数类样本集中所有样本的距离, 得到其 k 近邻. 根据样本不平衡比例设置一个过采样倍率 N , 则在其 k 近邻中随机选取 N 个近邻 $\{x_n | n = 1, 2, \dots, N\}$, 对于每一个随机选出的近邻 x_n , 分别与原样本 X 之间按照如下的公式进行随机线性插值, 构建新的样本 x' :

$$x' = x + \text{rand}(0, 1) \times (x_n - x_i) \quad (4)$$

式中: $n = 1, 2, \dots, N; i = 1, 2, \dots, M; \text{rand}(0, 1)$ 表示 $0 \sim 1$ 之间的随机数.

选择 $N = 2$ 的过采样倍率, 使原始数据集中“长生存期组”样本的数量由 30 增加到 90. 在训练和测试过程中, SMOTE 算法也融入到后续的验证过程中. 由于利用 SMOTE 算法增加的“长生存期组”样本并非真实的数据, 因此, 该部分数据仅参与模型的训练过程, 并不对其进行测试. 在模型训练和测试过程中, 我们仅获得原始数据中 124 个真实样本的预测结果.

2.6 预后分类模型的建立

为了构建一个性能最优的分类模型, 本文通过大量的研究和测试, 最终挑选了以下 5 种泛化能力强、可用于小样本数据集训练的代表性分类器, 分别为决策树 (Decision Tree, DT)、支持向量机 (Support Vector Machine, SVM)、K 近邻分类器 (k-Nearest Neighbor, KNN)、集合分类器 (Ensemble Classifiers, EC)、随机森林分类器 (Random Forest, RF) 对优化后的数据进行分类和测试. 根据实验结果选择性能最佳的分类模型, 作为预后分析模型来预测患者的预后生存状况.

3 结果与讨论

3.1 实验数据

实验所用数据来自于 TCIA NSCLC-Radiomics 项目的 lung1 数据集. 根据 CT 图像质量, 肿瘤数量, 肿瘤病理类型, 患者截至存活状态和截至生存时间等筛选条件, 入组了 124 例 NSCLC 患者数据. 其中, 患者的影像序列平均包含 110 幅 CT 影像, 影像尺寸为 512 像素 \times 512 像素, 影像层厚为 3 mm. 数据基本信息如表 2 所示.

表 2 数据基本信息表

详细信息		数量	详细信息		数量
性别			N 分期		
	男	82	N0		57
	女	42	N1		6
病理类型			N2		40
	腺癌	16	N3		21
	鳞癌	44	M 分期		
	大细胞癌	41	M0		123
	未知	23	M1		1
位置类型			总体阶段		
	孤立型	8	I		38
	血管粘连型	43	II		10
	胸膜粘连型	73	IIIa		32
T 分期			IIIb		44
	T1	36			
	T2	54			
	T3	9			
	T4	25			

3.2 实验结果

3.2.1 模型预测结果

利用十折交叉验证的方法对实验结果进行验证. 实验结果如表 3 所示, 实验结果评价指标如下: 接收者操作特征曲线 (Receiver Operating Characteristic Curve, ROC) 的曲线下面积 (Area under the ROC curve, AUC)、准确率 (Accuracy, ACC)、敏感性 (Sensitivity, SE) 和特异性 (Specificity, SP). 各分类器模型的最优子类型的 ROC 曲线如图 3 所示.

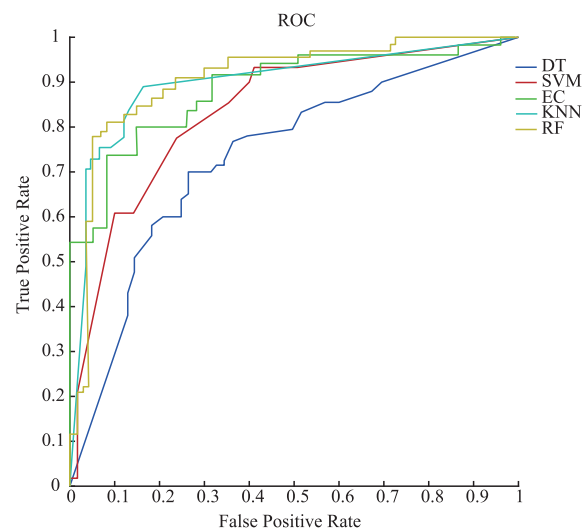


图3 各分类器模型的最优子类型的ROC曲线

表 3 分类实验结果

Classifier	Subtype	ACC(%)	AUC	SE	SP
DT	Deep tree	71.8	0.69	0.667	0.734
	medium tree	72.6	0.73	0.700	0.734
	shallow tree	62.9	0.66	0.633	0.628
SVM	Linear SVM	74.2	0.75	0.667	0.766
	quadratic SVM	78.2	0.84	0.900	0.745
	cubic SVM	68.5	0.77	0.867	0.628
	fine Gaussian SVM	83.9	0.89	0.933	0.801
	medium Gaussian SVM	58.9	0.72	0.967	0.468
	coarse Gaussian SVM	75.8	0.73	0	1
KNN	Fine KNN	89.5	0.92	0.833	0.915
	medium KNN	75.8	0.84	0.967	0.702
	coarse KNN	24.2	0.72	1	0
	cosine KNN	79.0	0.84	0.633	0.840
	cubic KNN	55.6	0.77	0.933	0.436
	weighted KNN	73.4	0.85	0.900	0.681
EC	AdaBoosted trees	76.6	0.81	0.800	0.755
	RusBoosted trees	70.2	0.77	0.800	0.670
	bagged trees	71.7	0.80	0.733	0.713
	subspace KNN	82.3	0.82	0.867	0.809
	subspace discriminant	67.7	0.71	0.700	0.670
RF	low depth	87.1	0.90	0.867	0.872
	high depth	91.9	0.94	0.933	0.915

通常分类模型的选择要在保证准确性与稳定性高的前提下,尽可能地均衡敏感性与特异性,这样的模型才能防止模型训练过拟合情况的发生,更具鲁棒性与有效性.故由实验结果所示,基于 RF 的预测模型为实验所得性能最优的模型,该模型下的 ACC 与 AUC 在所有模型中最高,分别为 91.9% 与 0.94,该模型下的敏感性与特异性也在所有模型中处于较高水平,为 0.933 与 0.915,能够准确地预测出 NSCLC 患者的预后生存时间范围.

3.2.2 生存分析

根据上述性能最优预测模型得到的预测结果,利用 Kaplan-Meier 法对预测后的两组病例进行生存分析来验证实验结果.

Kaplan-Meier 法的原理是结合患者病例信息中截止的存活时间以及存活状态两组信息,利用条件概率和概率乘法的原理进行生存率的计算^[12].在 SPSS 软件中,使用 Kaplan-Meier 生存分析模型,将患者的生存时间,截止生存状态,原始分组标签,患者预后预测结果作为输入,可以生成患者的生存曲线图,如图 4 所示,其中横坐标为生存时间,纵坐标为累计生存分析(即生

存时间大于该时间点的概率).从图中可以看出随着生存时间的增加,患者的累积生存率迅速下降,且预测的两组患者生存率组间存在较大差异.对预测结果进一步进行卡方检验,得到 $p = 0.0092 < 0.05$.由此可知,此预测模型中预测的两个类别存在显著性差异,验证了本实验方法的可行性与有效性.

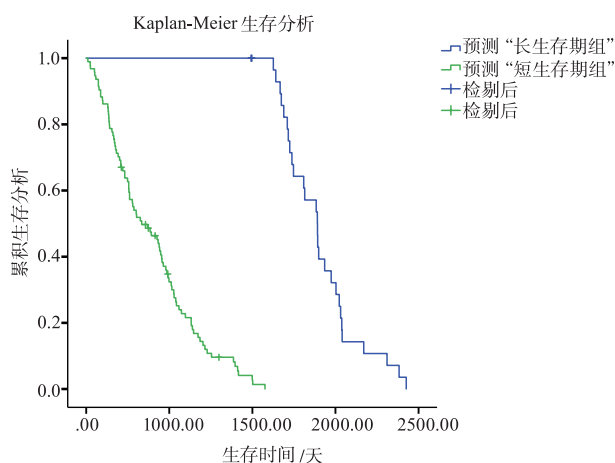


图 4 生存曲线图

3.3 讨论

本研究通过对肿瘤 CT 影像信息进行深层次的挖掘,探究肿瘤影像组学特征与患者预后的相关性联系,构建稳定有效的预后分析模型,实现对 NSCLC 患者预后生存情况的预测.实验结果证明:肿瘤的影像组学特征能够较好的定量评估肿瘤的异质性,基于肿瘤影像组学的预后分析模型可以有效地预测 NSCLC 患者的预后生存时间范围,能够辅助医生分析、诊断和预测患者的预后生存情况,是影像组学在 NSCLC 的诊断、分析和预测上的重要应用,具有重要的临床价值与意义.

将本文算法与现有文献[13,14]中提到的预后分析模型算法结果进行对比,实验结果均以交叉验证的方法进行验证.以预测模型的准确率(ACC)与 ROC 曲线下面积(AUC)作为算法评价指标,对比结果如表 4 所示.对比可见,利用本文算法得到的预后分析模型的预测准确性与稳定性较之有所提高.

表 4 预后分析模型性能对比结果

Algorithm	Classifier selection	Feature optimization	ACC(%)	ROC
本文	Random forest	PCA	91.9	0.94
于博洋等 ^[13]	Naive Bayes	Relief	88.1	0.93
Hawkins 等 ^[14]	Decision tree	Relief-f	77.5	0.71

但是本研究中仍存在一些不足之处:第一,通过严格的筛选,本研究仅入组了 124 组 NSCLC 患者数据,且数据集中每个样本仅包含 CT 图像和患者截止生存时

间,截止存活状态等预后分析所必要的基本信息,缺少患者肿瘤标记物、基因检测结果等影响肺癌预后发展的重要信息,故仅基于 CT 影像组学信息对患者的预后生存情况进行探究,在今后的研究中需要利用多样化的大样本数据集,对本文算法进一步验证和测试,提高预后分析模型的准确性与鲁棒性;第二,为了提高分类预测模型的性能,本研究采用特征优化算法对原始特征进行降维处理,保留下来的特征仅是较能反映原始数据信息全貌的主成分向量集,而主成分向量是由多个特征的线性组合而成,故无法判断出具体哪些影像组学特征对此预后分析模型的建立起到决定性作用。因此,在未来的研究工作中,需要利用多样的特征优化算法筛选出表征能力强的影像组学特征,在提高预后分析模型性能的同时,寻找出最适合搭建预后分析模型的 CT 影像组学预后因素。

参考文献

- [1] Freddie B, Jacques F, Isabelle S, et al. Global cancer statistics 2018: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries [J]. *CA-A Cancer Journal for Clinicians*, 2018, 68(6): 394–424.
- [2] Shepherd F A, Rodrigues P J, Ciuleanu T, et al. Erlotinib in previously treated non-small-cell lung cancer [J]. *New England Journal of Medicine*, 2005, 353(2): 123.
- [3] Park C, Lee I J, Jang S H, et al. Factors affecting tumor recurrence after curative surgery for NSCLC: impacts of lymphovascular invasion on early tumor recurrence [J]. *Journal of Thoracic Disease*, 2014, 6(10): 1420–1428.
- [4] 邓鹏. 晚期肺腺癌的预后因素分析 [D]. 大连: 大连医科大学, 2014.
DENG Peng. Analysis of prognosis in patients with advanced lung adenocarcinoma [D]. Dalian: Dalian Medical University, 2014. (in Chinese)
- [5] Wang H. Association between computed tomographic features and Kirsten rat sarcoma viral oncogene mutations in patients with stage I lung adenocarcinoma and their prognostic value [J]. *Clinical Lung Cancer*, 2016, 17(4): 271–278.
- [6] Kurland B F, Gerstner E R, Mountz J M, et al. Promise and pitfalls of quantitative imaging in oncology clinical trials [J]. *Magnetic Resonance Imaging*, 2012, 30(9): 1301–1312.
- [7] Choi W J. Genetic programming-based feature transform and classification for the automatic detection of pulmonary nodules on computed tomography images [J]. *Information Sciences*, 2012, 212(2): 57–78.
- [8] Zhang M, Jiang W, Zhou X, et al. A hybrid biogeography-based optimization and fuzzy C-means algorithm for image segmentation [J]. *Soft Computing*, 2019, 23(6): 2033–2046.
- [9] Lambin P, Riosvelazquez E, Leijenaar R, et al. Radiomics: extracting more information from medical images using advanced feature analysis [J]. *European Journal of Cancer*, 2012, 48(4): 441–446.
- [10] Samala R K, Moreno W A, Song D, et al. Knowledge based optimum feature selection for lung nodule diagnosis on thin section thoracic CT [A]. *Medical Imaging: Computer-aided Diagnosis [C]*. Proceedings of SPIE-The International Society for Optical Engineering, 2009. 7260: 726036-726036-8.
- [11] Yan S, Qian W, Guan Y, et al. Improving lung cancer prognosis assessment by incorporating synthetic minority oversampling technique and score fusion method [J]. *Medical Physics*, 2016, 43(6): 2694–2703.
- [12] Ranstam J, Cook J. Kaplan-Meier curve [J]. *British Journal of Surgery*, 2017, 104(4): 442.
- [13] 于博洋艺. 基于肺癌 CT 影像放射组学预后模型研究 [D]. 西安: 西安电子科技大学, 2017.
Yu Bo-yang-yi. CT-based radiomic features predicts outcomes of lung cancer [D]. Xi'an: Xidian University, 2017. (in Chinese)
- [14] Hawkins S H, Korecki J N, Balagurunathan Y, et al. Predicting outcomes of non-small cell lung cancer using CT image features [J]. *IEEE Access*, 2014, 2: 1418–1426.

作者简介



王旭男, 1993年9月9日出生于安徽省阜阳市。2016年于南方医科大学生物医学工程专业获得学士学位, 现为上海理工大学硕士研究生。主要研究方向为医学图像处理。
E-mail: yzwx_88@163.com



段辉宏男, 1993年5月出生于贵州省都匀市。2015年至今在上海理工大学大学硕博连读, 攻读博士学位。主要研究方向为医学图像处理。
E-mail: usst_duan@163.com



聂生东(通信作者)男, 1962年7月出生于山东泰安。2000年于上海交通大学医学院生物医学工程专业获得博士学位。现为上海理工大学教授, 博士生导师。主要研究方向为医学成像与图像处理。
E-mail: nsd4647@163.com