1. 实验目的：

建立基于多参数MRI瘤周、瘤内及瘤体放射组学模型并比较不同模型预测前列腺癌的Gleason分级的效能。

二、实验对象：

重庆医科大学附属第二医院放射科收集的175例前列腺癌病人资料。

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Label | 分组 | 病例数量 |
| 1 | 低级别（GS≤3+4） | 59 |
| 2 | 中级别（GS=4+3） | 44 |
| 3 | 高级别（GS＞7） | 72 |

1. 实验方法：

3.1 175个患者均进行了MR扫描，一共3组扫描序列（图像）：T2WI、ADC、DWI序列。

3.2 分别在T2WI、ADC、DWI序列（图像）上勾画兴趣区：瘤体兴趣区（M）、瘤内兴趣区（C）及瘤周兴趣区（P）并获得特征数据

3.3 所有数据均分成3个组：低级别组（Label 1），中级别组（Label 2）、高级别组（Label 3）

3.4 基于不同序列（T2WI、ADC、DWI）的不同兴趣区数据（瘤体、瘤内、瘤周）分别建立单一序列和多序列的机器学习模型用以分组，并进行模型之间的比较。

3.4.1 选择T2WI序列、ADC序列、DWI序列、T2WI+ADC+DWI序列的瘤体兴趣区（M）数据分别建立机器学习模型计算效能并比较，得出基于瘤体兴趣区的最佳序列模型，并获得ROC曲线。

3.4.2 再以该序列的瘤体兴趣区（M）数据建立多种机器学习模型（支持向量机SVM、K最佳邻分类算法KNN、随机森林RF、贝叶斯Bayes）并比较，最终得出基于瘤周兴趣区的最佳序列和机器学习模型组合，并获得ROC曲线。

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 兴趣区 | 序列/机器学习方法 | SVM | KNN | RF | Bayes |
| 瘤体兴趣区M | T2WI |  |  |  |  |
| DWI |  |  |  |  |
| ADC |  |  |  |  |
| T2WI+DWI+ADC |  |  |  |  |

3.4.3 3.4.1和3.4.2的2个步骤可以合并进行（建模组合汇总成以上表格），通过进行模型之间的比较得出最优序列及学习方法组合，使用以上得出的最优序列及机器学习方法组合分别构建瘤内、瘤周的模型，获得并比较三种模型的ROC曲线及衍生参数（AUC、灵敏度、特异性、阴性似然比、阳性似然比）、DeLong test分析结果。

例如：3.4.1和3.4.2得到瘤体的T2WI+DWI+ADC序列的SVM机器学习模型AUC最高，则3.4.3将会分别构建瘤周、瘤内的T2WI+DWI+ADC序列的SVM机器学习模型，并比较三类模型的效能。

以上为初步思路，可以讨论后调整。

关于数据标签的说明：

基于T2WI序列的三个兴趣区分别标记为：RT-M、RT-C、RT-P

基于ADC序列的分别标记为：RA-M、RA-C、RA-P

基于DWI序列的分别标记为：RD-M、RD-C、RD-P

模型命名：兴趣区（M、C、P）+序列名（ADC、DWI、T2WI、M/多序列）+机器学习方法（如SVM、KNN）,如MA-SVM、CA-KNN