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 | 低级别癌组（GS≤3+4） | 59 |
| 2 | 高级别癌组（GS≥4+3） | 116 |

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：瘤周兴趣区（P）、瘤内兴趣区（C）及瘤体兴趣区（M）数据

3.3 所有病例分成2个组：低级别癌组（Label 1），高级别癌组（Label 2）

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并比较模型之间的分级能力。

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