

分类号：
学号：20222114125

密级：公开
单位代码：10759

石河子大学

硕士学位论文



基于瘤内及瘤周磁共振影像组学预测脑胶质瘤 生物学特性

学位申请人	潘洁
指导教师	彭少华
申请学位类别	专业硕士
专业名称	放射影像学
研究领域	中枢神经系统肿瘤影像诊断
所在学院	医学院

中国·新疆·石河子
2025年5月

分类号：
学号：20222114125

密级：公开
单位代码：10759

石河子大学

硕士学位论文

基于瘤内及瘤周磁共振影像组学预测脑胶质瘤 生物学特性

学位申请人	潘洁
指导教师	彭少华
申请学位类别	专业硕士
专业名称	放射影像学
研究领域	中枢神经系统肿瘤影像诊断
所在学院	医学院

中国·新疆·石河子
2025年5月

**Based on Intratumoral and Peritumoral MRI Radiomics to Predict the
Biological Characteristics of Brain Glioma**

A Dissertation Submitted to

Shihezi University

In Partial Fulfillment of the Requirements

for the Degree of

Master of Clinical Medicine

By

Pan Jie

(Radiological Imaging)

Dissertation Supervisor: Peng Shaohua

May,2025

石河子大学学位论文独创性声明及使用授权声明

学位论文独创性声明

本人所提交的学位论文是在我导师的指导下进行的研究工作及取得的研究成果。据我所知，除文中已经注明引用的内容外，本论文不包含其他个人已经发表或撰写过的研究成果。对本文的研究做出重要贡献的个人和集体，均已在文中作了明确的说明并表示谢意。

研究生签名： 潘洁

时间： 2025 年 05 月 22 日

使用授权声明

本人完全了解石河子大学有关保留、使用学位论文的规定，学校有权保留学位论文并向国家主管部门或指定机构送交论文的电子版和纸质版。有权将学位论文在学校图书馆保存并允许被查阅。有权自行或许可他人将学位论文编入有关数据库提供检索服务。有权将学位论文的标题和摘要汇编出版。保密的学位论文在解密后适用本规定。

研究生签名： 潘洁

时间： 2025 年 05 月 22 日

导师签名： 彭少峰

时间： 2025 年 05 月 22 日

摘要

第一部分 瘤周水肿以外区域影像组学特征对胶质瘤分级的预测价值

目的：基于多参数磁共振成像（Multiparametric Magnetic Resonance Imaging, mpMRI）影像组学探讨瘤周水肿以外区域对胶质瘤的术前分级预测价值。

方法：回顾性分析来自癌症影像存档库（The Cancer Imaging Archive, TCIA）的 180 例成人型弥漫性脑胶质瘤患者的术前 mpMRI 数据，并按照分层随机原则以 7: 3 的比例划分为训练集（126 例）和测试集（54 例）。将肿瘤核心及瘤周水肿区定义为瘤内区域（the Tumor VOI, VOI_T），并以此为基准自动外扩生成 7 个不同扩展距离（1~5 mm、10 mm 和 15 mm）的带状瘤周感兴趣区（the Peritumoral VOI, VOI_P）。使用 PyRadiomics 从每个 VOI 中提取影像组学特征。先用 Levene 检验和 T 检验对数据进行初步分析，并通过 Pearson 相关性分析剔除相关系数绝对值大于 0.9 的特征。随后采用最小冗余最大相关（Minimum Redundancy Maximum Relevance, mRMR）算法筛选与分级任务最相关的 10 个特征。最后使用最小绝对收缩和选择算子（Least Absolute Shrinkage and Selection Operator, LASSO）进一步降维，并构建瘤内影像组学模型（VOI_T 模型）、瘤周影像组学模型（VOI_P 模型）以及瘤内-瘤周联合影像组学模型（联合组学模型，Combined Omics Model）。采用受试者工作特征（Receiver Operating Characteristic, ROC）曲线和曲线下面积（Area Under the Curve, AUC）、准确率、灵敏度、特异度和 F1 分数评估各模型的效能，并使用 DeLong 检验比较不同模型之间的效能差异。对训练集和测试集中患者的临床特征使用卡方检验、独立样本 t 检验或 Mann-Whitney U 检验比较组内和组间差异，随后将具有统计学差异的临床特征联合最优影像组学模型构建临床-组学联合模型（Clinical-Omics Combined Model）并评估模型效能。

结果：瘤内联合瘤周 1 mm 所建立的影像组学模型（VOI1 模型）实现了最佳预测效能，在训练集和测试集中 AUC 值分别为 0.903（准确率 0.880；灵敏度 0.905；特异度 0.855；F1 分数 0.884）和 0.904（准确率 0.852；灵敏度 0.778；特异度 0.926；F1 分数 0.840），显著优于 VOI_T 模型（训练集和测试集中 AUC 值分别为 0.815、0.672，均 $P < 0.05$ ）。此外，VOI1~5 各模型之间 AUC 值无统计学差异（均 $P < 0.05$ ），且不论是在训练集还是测试集中预测效能均显著高于 VOI10 模型和 VOI15 模型（均 $P < 0.05$ ）。临床-组学联合模型在训练集和测试集中 AUC 值分别为 0.908 和 0.920，但与 VOI1 模型之间的效能无统计学差异（ P 值分别为 0.961 和 0.929）。

结论：成人型弥漫性脑胶质瘤瘤周水肿以外 1~5 mm 范围内的影像组学特征可以为胶质瘤的术前无创分级提供附加预测价值，所建立联合组学模型具有良好的预测效能。

关键词：影像组学；胶质瘤；分级；瘤周

第二部分 瘤周水肿以外区域影像组学特征对胶质母细胞瘤 MGMT 甲基化状态的预测价值

目的: 基于多参数 MRI 影像组学探讨瘤周水肿以外区域对胶质母细胞瘤的 O6-甲基鸟嘌呤-DNA 甲基转移酶 (O6-methylguanine-DNA Methyltransferase, MGMT) 甲基化状态的术前预测价值。

方法: 回顾性分析自 TCIA 数据库收集的 242 例胶质母细胞瘤患者的 mpMRI 数据, 按照分层随机原则以 8: 2 的比例划分为训练集 (193 例) 和测试集 (49 例)。将肿瘤核心及瘤周水肿区定义为瘤内区域 (VOI_T), 并以此为基准, 向外扩展 1~5 mm 生成 5 个不同扩展距离的带状瘤周感兴趣区 (VOI_P)。使用 PyRadiomics 从各个 VOI 分别提取影像组学特征。先用 LASSO 进行初步特征筛选和降维, 保留特征系数不为零者。接着使用 Pearson 相关系数进一步剔除相关系数绝对值大于 0.85 的特征, 建立瘤内组学模型 (VOI_T 模型)、瘤周组学模型 (VOI_P 模型) 及联合组学模型。采用 ROC 曲线和 AUC 值、准确率、灵敏度、特异度和 F1 分数评估各模型的效能, 并使用 DeLong 检验比较不同模型之间的效能差异。

结果: 瘤内联合瘤周 1~4 mm 范围所建立的联合组学模型 (VOI1~4 模型) 的预测效能显著优于 VOI_T 模型 (训练集和测试集中 AUC 值分别为 0.672、0.616, $P < 0.05$), 在训练集和测试集的 AUC 值分别为 0.859~0.883 和 0.784~0.825。VOI1~4 模型间 AUC 值在训练集和测试集中均无统计学差异 (均 $P > 0.05$), 而 VOI5 模型效能显著下降 (训练集和测试集中 AUC 值分别为 0.693、0.556)。

结论: 瘤内联合瘤周水肿以外 1~4 mm 范围的影像组学特征可有效提升模型预测胶质母细胞瘤 MGMT 甲基化状态的效能, 超过此范围可因正常组织干扰导致预测效能降低。

关键词: 影像组学; 胶质母细胞瘤; MGMT 甲基化; 瘤周

Abstract

Part I Predictive Value of Radiomic Features in the Regions Beyond Peritumoral Edema for the Grading of Glioma

Objective: To investigate the predictive value of radiomics features extracted from regions beyond peritumoral edema for preoperative grading of adult-type diffuse gliomas using multiparametric MRI (mpMRI).

Methods: Retrospective analysis of preoperative mpMRI data from 180 adult-type diffuse glioma patients in the Cancer Imaging Archive (TCIA). The data were divided into a training set (126 cases) and a test set (54 cases) according to the stratified random principle at a 7:3 ratio. The tumor core and peritumoral edema region were defined as the intratumoral volume of interest (the Tumor VOI, VOI_T), which served as the baseline for automatically generating seven peritumoral band-like volumes of interest (the Peritumoral VOI, VOI_P) at different expansion distances (1-5 mm, 10 mm, and 15 mm). PyRadiomics was used to extract radiomics features from each VOI. Levene's test and Student's t-test were first applied for initial data analysis. Subsequently, features with Pearson's correlation coefficients greater than 0.9 were removed to eliminate redundancy. The minimum Redundancy Maximum Relevance (mRMR) algorithm was then employed to identify the top 10 classification-relevant features. Finally, the Least Absolute Shrinkage and Selection Operator (LASSO) was employed for further dimensionality reduction. Three radiomics models were constructed: the intratumoral radiomics model (VOI_T Model), the peritumoral radiomics model (VOI_P Model), and the combined intratumoral-peritumoral radiomics model (Combined Omics Model). The performance of each model was assessed using the receiver operating characteristic (ROC) curve, area under the curve (AUC), sensitivity, specificity, accuracy, and F1-score. DeLong's test was used to compare the predictive performance of different models and identify the optimal radiomics model. Clinical characteristics (age and gender) of patients in the training and test sets were analyzed using the Chi-square test and Mann-Whitney U test in SPSS to assess intra-group and inter-group differences. Clinically significant variables were then combined with the optimal radiomics model to construct a combined clinical-radiomics model (Clinical-Omics Combined Model), and its predictive performance was evaluated.

Results: The intratumoral and peritumoral 1 mm combined radiomics model (VOI1 Model) achieved the best predictive performance, with AUC values of 0.903 (accuracy 0.880, sensitivity 0.905, specificity

0.855, F1-score 0.884) in the training set and 0.904 (accuracy 0.852, sensitivity 0.778, specificity 0.926, F1-score 0.840) in the test set. This model significantly outperformed the VOI_T Model, which had AUC values of 0.815 in the training set and 0.672 in the test set, with $P < 0.05$. Additionally, although the AUC of the VOI1 Model was higher in the training set than the four Combined Omics Model established within 2-5 mm of the tumor and its peritumoral region, no statistical difference was observed. However, its predictive performance was significantly superior in the training and test sets compared to the Combined Omics Models established within 10 mm and 15 mm of the tumor and its peritumoral region (VOI10 Model and VOI15 Model, all $P < 0.05$). The Clinical-Omics Combined Model achieved AUC values of 0.908 and 0.920 in the training and test sets, respectively, but showed no statistically significant improvement over the VOI1 Model ($P = 0.961$ and 0.929 , respectively).

Conclusions: Radiomic features within 1-5 mm beyond peritumoral edema in adult-type diffuse glioma can provide additional predictive value for preoperative non-invasive glioma grading. The established combined intratumoral-peritumoral radiomics model demonstrates excellent predictive performance.

Key words: Radiomics; Glioma; Grading; Peritumoral regions

Part II Predictive Value of Radiomic Features in the Regions Beyond Peritumoral Edema for the Methylation Status of MGMT in Glioblastoma

Objective: To explore the preoperative predictive value of radiomics features from regions beyond peritumoral edema for O6-methylguanine-DNA methyltransferase (MGMT) methylation status in glioblastoma using multiparametric MRI (mpMRI).

Methods: A retrospective analysis was conducted on mpMRI data from 242 glioblastoma patients in The Cancer Imaging Archive (TCIA) database. The dataset was divided into a training set (126 cases) and a test set (54 cases) through stratified random sampling at an 8:2 ratio. The tumor core and peritumoral edema region were defined as the intratumoral region (VOI_T). Five peritumoral band-like volumes of interest (VOI_P) with expansion distances ranging from 1 mm to 5 mm were automatically generated. Radiomic features were extracted from each VOI using PyRadiomics. Feature selection was performed in two steps: first, LASSO regression was applied to retain features with non-zero coefficients, followed by removal of highly correlated features (Pearson correlation coefficient >0.85). Three models were established: Intratumoral Model (VOI_T Model), Peritumoral Model (VOI_P Model), and Combined

Omics Model. Model performance was evaluated using ROC curves, AUC values, accuracy, sensitivity, specificity, and F1-score. DeLong's test was employed for inter-model comparisons.

Results: The Combined Omics Models (VOI1-4 Model) incorporating intratumoral features with peritumoral features within 1-4 mm demonstrated optimal predictive performance. These models achieved AUC values of 0.859-0.883 (training set) and 0.784-0.825 (test set), significantly outperforming the VOI_T Model (training AUC=0.672, test AUC=0.616; $P<0.05$). No significant AUC differences were observed among VOI1-VOI4 models (all $P>0.05$), whereas the VOI5 model exhibited markedly reduced performance (training AUC=0.693, test AUC=0.556).

Conclusion: Incorporating radiomics features from regions 1-4 mm beyond peritumoral edema significantly enhances MGMT methylation status prediction in glioblastoma. The optimal peritumoral expansion range should be limited to 4 mm, as exceeding this threshold may introduce interference from normal tissues.

Key words: Radiomics; Glioblastoma; MGMT Methylation; Peritumoral regions

目录

摘要	I
第一部分 瘤周水肿以外区域影像组学特征对胶质瘤分级的预测价值	I
第二部分 瘤周水肿以外区域影像组学特征对胶质母细胞瘤 MGMT 甲基化状态的预测价值	II
Abstract	III
Part I Predictive Value of Radiomic Features in the Regions Beyond Peritumoral Edema for the Grading of Glioma	III
Part II Predictive Value of Radiomic Features in the Regions Beyond Peritumoral Edema for the Methylation Status of MGMT in Glioblastoma	IV
目录	VI
中英文缩略词表	VIII
前言	1
第一部分 瘤周水肿以外区域影像组学特征对胶质瘤分级的预测价值	3
第 1 章 绪论	3
第 2 章 材料和方法	5
2.1 研究对象	5
2.2 技术路线	6
2.3 影像组学分析	6
2.3.1 图像预处理及肿瘤分割	6
2.3.2 影像组学特征提取	7
2.3.3 特征筛选	8
2.3.4 影像组学模型建立	8
2.3.5 临床-组学联合模型建立	8
2.4 统计分析和模型效能评估	9
第 3 章 结果	10
3.1 临床特征	10
3.2 预测模型效能评估	10
3.2.1 VOI_T 模型和联合组学模型的预测效能评估	10
3.2.2 VOI_P 模型的预测效能评估	15

3.2.3 临床-组学联合模型的预测效能评估	16
第 4 章 讨论	18
第 5 章 结论	21
第二部分 瘤周水肿以外区域影像组学特征对胶质母细胞瘤 MGMT 甲基化状态的预测 价值	22
第 1 章 绪论	22
第 2 章 材料和方法	23
2.1 研究对象	23
2.2 技术路线	23
2.3 影像组学分析	24
2.3.1 图像预处理及肿瘤分割	24
2.3.2 影像组学特征提取	24
2.3.3 特征筛选	24
2.3.4 影像组学模型建立	25
2.4 统计分析和模型效能评估	25
2.4.1 统计分析	25
2.4.2 模型效能评估	25
第 3 章 结果	26
3.1 临床特征	26
3.2 预测模型效能评估	26
3.2.1 VOI_T 模型和联合组学模型的预测效能评估	26
3.2.2 VOI_P 模型的预测效能评估	26
第 4 章 讨论	31
第 5 章 结论	33
综述	34
胶质瘤影像组学研究进展：从影像特征到临床决策的转化	34
参考文献	42
致谢	51
作者简介	52
导师评阅表	53

中英文缩略词表

英文缩写	英文全称	中文全称
CNS	Central Nervous System	中枢神经系统
GBM	Glioblastoma	胶质母细胞瘤
MGMT	O6-methylguanine-DNA Methyltransferase	O6-甲基鸟嘌呤-DNA 甲基转 移酶
MRI	Magnetic Resonance Imaging	磁共振成像
WHO	World Health Organization	世界卫生组织
IDH	Isocitrate Dehydrogenase	异柠檬酸脱氢酶
TMZ	Temozolomide	替莫唑胺
TCIA	The Cancer Imaging Archive	癌症影像存档库
UCSF-PDGM	University of California San Francisco Preoperative Diffuse Glioma MRI	加州大学旧金山分校术前弥 漫性胶质瘤 MRI
mpMRI	Multiparametric Magnetic Resonance Imaging	多参数磁共振成像
T1WI	T1-weighted Imaging	T1 加权成像
T2WI	T2-weighted Imaging	T2 加权成像
T2-FLAIR	T2-Fluid Attenuated Inversion Recovery	T2 液体衰减反转恢复
DWI	Diffusion-weighted Imaging	弥散加权成像
ADC	Apparent Diffusion Coefficient	表观弥散系数
VOI	Volume of Interest	感兴趣体积
VOI_T	the Tumor VOI	瘤内感兴趣区
VOI_P	the Peritumoral VOI	瘤周感兴趣区
GLCM	Gray Level Co-occurrence Matrix	灰度共生矩阵
GLDM	Gray Level Dependence Matrix	灰度依赖矩阵
GLRLM	Gray Level Run Length Matrix	灰度游程矩阵
GLSZM	Gray Level Size Zone Matrix	灰度大小区域矩阵
NGTDM	Neighboring Gray Tone Difference Matrix	相邻灰度差矩阵
mRMR	Minimum Redundancy Maximum Relevance	最小冗余最大相关

LASSO	Least Absolute Shrinkage and Selection Operator	最小绝对收缩和选择算子
ROC	Receiver Operating Characteristic	受试者工作特征
AUC	Area Under the Curve	曲线下面积
CI	Confidence interval	置信区间
CE-T1WI	Contrast Enhanced T1-weighted Imaging	增强 T1 加权成像
LR	Logistic Regression	逻辑回归
SVM	Support Vector Machine	支持向量机
RF	Random Forest	随机森林
α -KG	α -Ketoglutarate	α -酮戊二酸
EGFR	Epidermal Growth Factor Receptor	表皮生长因子受体
CDKN	Cyclin-Dependent Kinase Inhibitor	细胞周期蛋白依赖性激酶抑制剂
DTI	Diffusion Tensor Imaging	弥散张量成像
OR	Odds Ratio	比值比
TERT	Telomerase Reverse Transcriptase	端粒酶逆转录酶

前言

胶质瘤 (Glioma) 为神经胶质细胞起源的最常见的中枢神经系统 (Central Nervous System, CNS) 原发性肿瘤, 常表现为头痛、恶心、呕吐和癫痫发作。据 2021 年美国中枢神经系统肿瘤登记中心 (Central Brain Tumor Registry of the United States, CBTRUS) 统计结果显示, 胶质瘤约占所有 CNS 原发肿瘤的 25%, 占恶性 CNS 肿瘤的 78%^[1,2]。尽管 CNS 肿瘤总体发病率呈下降趋势 (年均降幅约 0.8%), 且恶性肿瘤的总体生存率有所提升, 但胶质瘤仍是导致原发性脑肿瘤患者死亡的主要原因, 尤其是其中的胶质母细胞瘤 (Glioblastoma, GBM) 的 5 年生存率仅约 7%^[2], 其治疗与预后管理仍面临严峻挑战。

胶质瘤是一组具有高度异质性的肿瘤。这种异质性源于同一肿瘤内部或不同瘤灶之间基因突变 (如 IDH、TP53)、表型分化 (如细胞形态、增殖活性) 及微环境特征 (如血管生成、免疫抑制) 的多样性^[3,4], 并通过空间异质性直接驱动生物学特性的差异。例如, 同一瘤灶内可能同时存在不同病理分级的区域, 或出现瘤内和瘤周区域中 O6-甲基鸟嘌呤-DNA 甲基转移酶 (O6-methylguanine-DNA methyltransferase, MGMT) 基因的甲基化状态的不同^[5,6]。这种异质性导致了病理诊断的复杂性和治疗反应及预后的不同, 是肿瘤复杂、难治的重要原因。值得注意的是, 胶质瘤的异质性并不局限于肿瘤核心, 经病理活检结果证实, 瘤周水肿区及其周围在常规磁共振成像 (Magnetic Resonance Imaging, MRI) 序列上显示信号正常的脑白质区域仍存在肿瘤细胞的浸润, 其中 GBM 的侵袭范围可达 MRI 强化肿瘤区域外的 30 mm^[7-9]。这些肿瘤细胞的浸润引起局部微环境异质性的发生, 进而导致与传统影像表现不匹配, 这一现象揭示了传统影像的一大局限性, 即难以捕捉微环境的变化, 同时也是影像组学 (Radiomics) 的突破口。

2021 年世界卫生组织 (World Health Organization, WHO) 第五版 CNS 分类标准进一步强化了分子标志物在胶质瘤分级与分型中的地位。该标准基于分子发病机制和预后的差异首次将弥漫性胶质瘤分为成人型和儿童型^[10-12]。并将既往宽泛定义的成人型弥漫性胶质瘤精准划分为 3 个类型和 3 个级别, 分别是: (1) 星形细胞瘤, IDH 突变型, 2~4 级; (2) 少突胶质细胞瘤, IDH 突变和 1p/19q 共缺失型, 2、3 级; (3) 胶质母细胞瘤, IDH 野生型, 4 级^[12]。其中 2 级和 3 级胶质瘤因生存期较长 (超过 9 年) 被统称为“较低级别”胶质瘤^[13], 而 4 级胶质瘤因其侵袭力强、复发率高及生存期短被明确归类为高级别胶质瘤。4 级胶质瘤又因异柠檬酸脱氢酶 (Isocitrate Dehydrogenase, IDH) 的突变状态的不同被分为“星形细胞瘤, IDH 突变型”和“胶质母细胞瘤, IDH 野生型”。

其中，“胶质母细胞瘤，IDH 野生型”的一线标准治疗方案包括手术切除、放疗及替莫唑胺（Temozolomide, TMZ, 为烷化剂类化疗药物）化疗，但其疗效高度依赖分子特征^[14]。MGMT 的甲基化状态是 TMZ 化疗敏感性的关键指标：MGMT 基因编码的修复蛋白可通过逆转 TMZ 烷基化对 DNA 的损伤，从而显著降低化疗反应^[15,16]。因此，明确胶质瘤的分级和 GBM 的 MGMT 甲基化状态对其个体化治疗方案的制定、疗效的预测和预后的评估至关重要。

然而，传统病理活检因瘤内异质性和取样误差难以全面反映分子特征，且存在创伤与滞后的局限性，迫切需要通过无创手段实现术前精准评估。近年来，影像组学技术通过高通量提取医学影像的定量特征，并结合机器学习构建预测模型，为胶质瘤分级及 MGMT 甲基化状态的无创分析提供了新思路^[17]。

本研究分为两部分，分别从不同维度探索瘤周水肿以外区域的影像组学价值：

第一部分：基于多参数 MRI 构建影像组学模型，旨在探索瘤周水肿以外不同距离区域的影像组学定量特征对成人型弥漫性脑胶质瘤分级的潜在预测价值，并建立瘤内及瘤周联合组学模型，以优化术前评估方法，并为预后分层提供依据。

第二部分：聚焦 GBM，通过分析瘤周水肿以外不同距离区域的影像组学特征对 GBM 的 MGMT 甲基化状态的预测价值，并建立瘤内及瘤周联合组学模型，以辅助筛选可能受益于烷化剂类化疗药物的患者。

本研究旨在创新性地探索脑胶质瘤瘤周水肿以外区域对胶质瘤术前无创精准分级及 MGMT 甲基化状态的潜在预测价值，并辅助临床制定个体化治疗策略。

第一部分 瘤周水肿以外区域影像组学特征对胶质瘤分级的预测价值

第1章 绪论

脑胶质瘤是颅内最常见的恶性肿瘤，约占原发性中枢神经系统肿瘤的78%^[2]，具有高度的侵袭性、较高的致死率及易复发的特点^[14]。成人型弥漫性脑胶质瘤是脑胶质瘤中最常见的亚型^[18]，其中高级别胶质瘤中的GBM约占成人恶性中枢神经系统肿瘤的54%，其生存率随年龄的增长从仅有的27%下降至3%^[2]。

2021年WHO公布的最新版CNS肿瘤分类标准^[12]结合了肿瘤分子机制和组织病理学的新进展。基于此标准的肿瘤分级已被证明相较于2016版WHO CNS分类标准^[19]更有利于实现患者的个体化治疗，并有效提升患者预后。在此版分类中，成人型弥漫性脑胶质瘤被划分为3个类型和3个级别（2~4级）。常规的手术方案采用在尽量保留患者功能的基础上最大范围安全切除肿瘤，如肿瘤未在功能区，则扩大切除1~2 cm^[20]。基于此，较低级别胶质瘤患者通常预后相对较好，但是对于高级别胶质瘤，尤其是新诊断的4级GBM，因其侵袭能力显著，即使切除率仅在95%~100%之间的小范围内提升，也会观察到生存时间随着切除率的提高而相应延长^[21]。这使得确定肿瘤的分级以及真实边界变得尤为重要^[22,23]。

研究表明，胶质瘤的异质性并不局限于肿瘤本身，还扩展至肿瘤周围区域，这是胶质瘤易发生瘤周复发的重要原因^[24]。然而目前针对脑胶质瘤瘤周的研究大多仍局限于瘤周水肿区域^[25,26]。但早有研究通过活检证实在瘤周水肿以外的常规MRI序列上未显示信号变化的区域同样存在肿瘤细胞的浸润^[7]。其中GBM的侵袭可达到MRI上强化瘤灶范围之外30 mm^[27,28]，这一范围同时涵盖其高频复发区域^[29]。这表明，肿瘤细胞的浸润并非局限于瘤周水肿区。瘤周水肿之外的区域可能依然包含着重要的肿瘤生物学信息，对这一区域的研究将进一步阐明脑胶质瘤的生物学特性及侵袭模式，同时也将为脑胶质瘤的早期诊断、分级和个体化治疗策略提供客观依据。

影像组学作为一种通过从医学影像中提取高通量定量特征并与肿瘤生物学行为相关联的先进方法，已在脑胶质瘤的早期诊断、分级、分型、治疗评估和预后预测等方面显示出巨大的潜力。已有研究证明肿瘤核心（包括瘤内强化区、瘤内无强化区或坏死区）联合瘤周水肿区域所建立的影像组学模型相较于单一区域所建立的影像组学模型有着更高的术前分级预测效能^[30,31]。目前大多数的研究主要集中于肿瘤核心以及瘤周水肿区域，而关于瘤周水肿以外区域对胶质瘤的早期诊断和分级等方面的独立价值尚未得到充