DOI: 10.16781/j.CN31-2187/R.20250069

·论　著·

基于磁共振T1 mapping影像组学胰腺导管腺癌间质比定量评估模型的开发与临床验证

张心悦[1]，陈成伟[2]，袁小涵[2]，沈奕暄[2]，陈士跃[2]，边　云[2]，陆建平[2*]
1. 上海理工大学健康科学与工程学院，上海 200093
2. 海军军医大学（第二军医大学）第一附属医院影像医学科，上海 200433

［摘要］ **目的**　开发基于MRI T1 mapping影像组学的胰腺导管腺癌（PDAC）间质含量无创评估模型。**方法**　前瞻性纳入2023年6月至2024年12月海军军医大学第一附属医院157例经术后病理确诊的PDAC患者。从T1 mapping图像提取12 442个特征并筛选出10个关键特征，采用最小绝对收缩和选择算子回归对10个关键特征进行线性组合及加权计算，得到影像组学评分（Rad_Score）。采用Spearman秩相关检验Rad_Score与间质含量的相关性。以病理诊断的间质含量为金标准，通过ROC曲线评估Rad_Score的诊断效能。采用多重线性回归建立间质含量预测方程（纳入Rad_Score与肿瘤最大径），采用Bland-Altman法检验预测值与实际值的一致性。**结果**　在PADC患者中Rad_Score与间质含量相关（r_s=0.52，P<0.001），Rad_Score预测间质含量>0.5的AUC值为0.936（95%*CI* 0.885～0.987）、灵敏度为91.7%、特异度为88.0%。基于Rad_Score和肿瘤最大径构建的线性回归预测模型为：间质含量=0.592+0.037×Rad_Score−0.025×肿瘤最大径（cm）；Bland-Altman法分析显示其预测的间质含量与实际值一致性较好（平均偏差为0.00，95%一致性界限为−0.33～0.33）。**结论**　基于MRI T1 mapping影像组学建立的PDAC间质评估模型对高、低间质含量有较好的区分价值。

［关键词］ 磁共振成像；T1 mapping；胰腺导管腺癌；间质比；影像组学；深度学习；多模态；无创评估
［引用本文］ 张心悦，陈成伟，袁小涵，等. 基于磁共振T1 mapping影像组学胰腺导管腺癌间质比定量评估模型的开发与临床验证[J]. 海军军医大学学报，2025，46（12）：1597-1603. DOI: 10.16781/j.CN31-2187/R.20250069.

Development and clinical validation of a quantitative evaluation model for stroma ratio in pancreatic ductal adenocarcinoma based on magnetic resonance T1 mapping radiomics

ZHANG Xinyue[1], CHEN Chengwei[2], YUAN Xiaohan[2], SHEN Yixuan[2], CHEN Shiyue[2], BIAN Yun[2], LU Jianping[2*]
1. School of Health Science and Engineering, University of Shanghai for Science and Technology, Shanghai 200093, China
2. Department of Radiology, The First Affiliated Hospital of Naval Medical University (Second Military Medical University), Shanghai 200433, China

［**Abstract**］ **Objective**　To develop a noninvasive assessment model for stromal content in pancreatic ductal adenocarcinoma (PDAC) based on magnetic resonance imaging (MRI) T1 mapping radiomics. **Methods**　A total of 157 patients with PDAC confirmed by postoperative pathology at The First Affiliated Hospital of Naval Medical University from Jun. 2023 to Dec. 2024 were prospectively enrolled. From the T1 mapping images, 12 442 features were extracted and 10 key features were screened. With least absolute shrinkage and selection operator (LASSO) regression, the 10 key features were linearly combined and weighted to construct radiomics score (Rad_Score). Spearman rank correlation was used to test the correlation between Rad_Score and stromal content. With the stromal content diagnosed by pathology as the gold standard, the diagnostic performance of Rad_Score was evaluated by receiver operating characteristic curve. Multivariate linear regression was used to develop a stromal content prediction equation (including Rad_Score and maximum tumor diameter); the Bland-Altman method was used to test the consistency between predicted and actual values. **Results**　In PDAC patients, Rad_Score was correlated with stromal content (r_s=0.52, P<0.001). For discriminating stromal content>0.5, the area under the curve value of Rad_Score was 0.936 (95% confidence interval 0.885-0.987), with a sensitivity of 91.7% and a specificity

［收稿日期］ 2025-02-09　　［接受日期］ 2025-04-18
［基金项目］ 国家自然科学基金（81871352，82171915，82171930，82271972，82371955），上海市科学技术委员会自然科学基金（21ZR1478500，21Y11910300），上海申康医院发展中心临床研究项目（SHDC2022CRD028）. Supported by National Natural Science Foundation of China (81871352, 82171915, 82171930, 82271972, 82371955), Natural Science Foundation of Science and Technology Commission of Shanghai Municipality (21ZR1478500, 21Y11910300), and Clinical Research Project of Shanghai Hospital Development Center (SHDC2022CRD028).
［作者简介］ 张心悦，硕士. E-mail: yuanlianxz@126.com
*通信作者（Corresponding author）. E-mail: cjr.lujianping@vip.163.com

of 88.0%. The linear regression prediction model based on Rad_Score and maximum tumor diameter was: stromal content＝0.592＋0.037×Rad_Score－0.025×maximum tumor diameter (cm); Bland-Altman method analysis showed good consistency between predicted and actual values (mean bias 0.00, 95% limits of agreement －0.33 to 0.33). **Conclusion**　The PDAC stromal assessment model based on MRI T1 mapping radiomics has high discriminatory value for high and low stromal content.

［**Key words**］ magnetic resonance imaging; T1 mapping; pancreatic ductal adenocarcinoma; stroma ratio; radiomics; deep learning; multimodal; noninvasive assessment

［**Citation**］ ZHANG X, CHEN C, YUAN X, et al. Development and clinical validation of a quantitative evaluation model for stroma ratio in pancreatic ductal adenocarcinoma based on magnetic resonance T1 mapping radiomics[J]. Acad J Naval Med Univ, 2025, 46(12): 1597-1603. DOI: 10.16781/j.CN31-2187/R.20250069.

胰腺导管腺癌（pancreatic ductal adenocarcinoma，PDAC）中，肿瘤间质占比是影响其治疗反应和预后的关键因素。目前临床上对间质状态的评估依赖于有创的病理检查[1]，这种方法存在取样误差和重复性差等局限性[2]。常规影像学方法难以准确区分肿瘤腺体与间质成分，而基于活检的评估又受限于肿瘤异质性[3-6]。

MRI T1 mapping 技术通过定量测量组织弛豫时间对胶原纤维等间质成分的识别具有独特的灵敏性[7]。结合影像组学分析，该技术可提取深层次的定量特征，克服常规 MRI 定性评估的不足[8-9]。近期研究表明，T1 mapping 联合深度学习在肝纤维化评估中取得显著成效[10]，这为 PDAC 间质无创评估提供了新思路。

本研究将 T1 mapping 与影像组学技术相结合，开发 PDAC 间质比定量评估模型，旨在通过多期相 MRI 特征提取和机器学习算法建立影像特征与病理间质含量的映射关系，为 PDAC 的精准诊断和治疗决策提供无创、可靠的影像学工具。

1　资料和方法

1.1　*病例资料*　本研究为前瞻性单中心横断面研究，已获得海军军医大学第一附属医院伦理委员会审核批准（CHEC-Y2024-013），所有参与患者均签署了研究知情同意书。于 2023 年 6 月至 2024 年 12 月从海军军医大学第一附属医院招募怀疑胰腺占位的患者。纳入标准：（1）同意接受胰腺 MRI T1 mapping 检查；（2）经术后病理证实的 PDAC 患者。排除标准：（1）病理切片无法进行分析的患者；（2）MRI 图像质量欠佳、难以进行准确分析的患者。

1.2　*MRI 检查方法*　采用 3.0 T MRI 扫描仪（SIGNA HDxt 或 SIGNA Primier，美国 GE 医疗公司）与 32 通道相控阵体线圈。扫描时采用呼吸导航技术[11]，扫描范围自膈顶到胰腺下缘。首先行横断面 T1 加权成像（T1 weighted imaging，T1WI）、肝脏容积加速采集成像及横断面 T1 mapping 平扫；然后，使用专用高压注射器经肘前静脉以 2 mL/s、0.2 mL/kg 的速度和剂量注射造影剂钆特酸葡胺注射液（江苏恒瑞医药股份有限公司）以及 20 mL 生理盐水冲管后进行增强扫描，包括动脉期（注射造影剂后 20～30 s）、门静脉期（60 s）、延迟期（150 s）。两台 MRI 扫描设备采用相同的扫描参数：T1 mapping 采用 T1 map- 双翻转角序列，并行 B1 手动匀场校正，序列扫描结束后手动生成 mapping 图像；重复时间为 4.25 ms，回波时间为 1.94 ms，层厚为 5 mm，双翻转角分别为 2°、12°，视野为 440 mm×440 mm，矩阵为 512×512。

1.3　*MRI 图像分析*　选取胰腺增强横断面 T1WI 门静脉期、T1WI 平扫、T1 mapping 平扫、T1WI 延迟期、T1 mapping 延迟期图像。以 T1WI 门静脉期图像为基准，由 2 名影像医学科医师（分别具备 5 年和 8 年胰腺影像诊断经验）独立、盲法阅片，并采用 ITK-SNAP 4.0.0 软件进行标注。使用 Dice 相似性系数评估分割效果，Dice 相似性系数取值范围为 0～1，越接近 1 表示分割效果越好（1 代表分割与标注完全重叠，0 代表两者完全不相关）。当 2 名医师意见不一致时，由 1 名从事胰腺疾病诊断 20 年以上的高级职称医师确定最终结果。观察指标包括肿瘤大小、肿瘤位置及临床分期。肿瘤大小的测量标准为在门静脉期横断面图像上，由 2 名医师采用三维体积测量法独立测量肿瘤最大径并取平均值。最后，将 T1WI 门静脉期图像对应的掩码配准到其余 4 期（T1WI 平扫、T1 mapping 平扫、T1WI 延迟期、T1 mapping 延迟期）图像。

1.4　*影像组学分析*　使用 Python 3.7.0 程序包（*https://www.python.org/downloads/windows/*）对分割的肿瘤图像进行特征提取，包括 4 类影像特征：

瘤周特征、生境特征、3D 组学特征和 2.5D 深度学习特征（图 1）。瘤周特征包括 2 类，分别是肿瘤周围快扩 2 mm 和 5 mm 特征，均提取了 1 409 个特征；生境特征采用簇数为 5 的特征，提取了 535 个特征；3D 组学特征提取了肿瘤内部 1 409 个特征；2.5D 深度学习特征分为 2 类，分别是 2.5D 经典小模型 resnet18 和 2.5D 视觉大模型 dinov2，分别提取了 2 560 和 5 120 个特征。

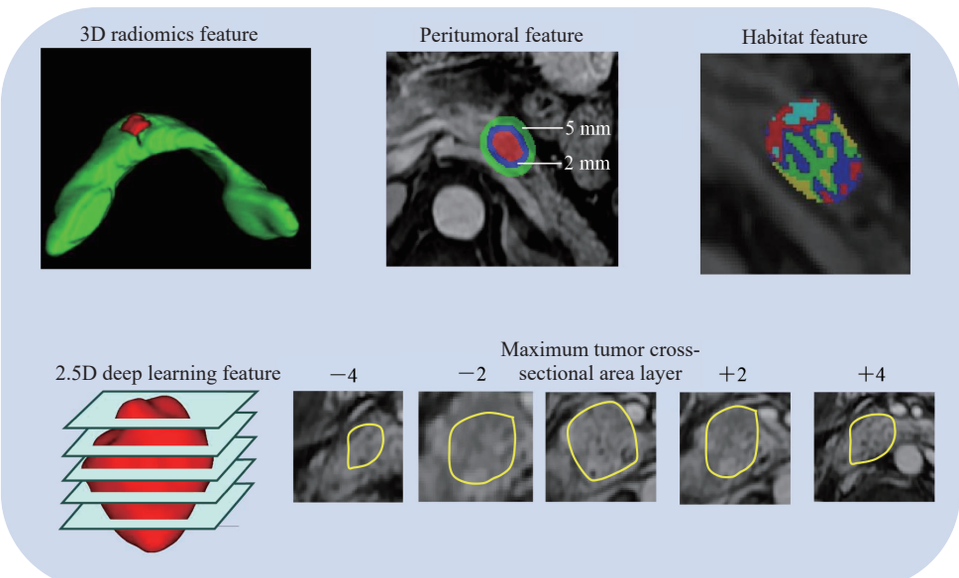

图 1　胰腺导管腺癌 4 类影像学特征示意图

Fig 1　Schematic diagram of 4 imaging characteristics of pancreatic ductal adenocarcinoma

−4: Four layers below the layer of the maximum tumor cross-sectional area; −2: Two layers below the layer of the maximum tumor cross-sectional area; +2: Two layers above the layer of the maximum tumor cross-sectional area; +4: Four layers above the layer of the maximum tumor cross-sectional area.

共提取 12 442 个影像学特征，首先对所有特征进行归一化处理以消除量纲差异。然后通过 Mann-Whitney U 检验筛选 $P<0.05$ 的特征，确保所选特征与研究终点显著关联。通过 Spearman 秩相关分析进一步排除与肿瘤间质含量无显著相关性的特征，确保纳入特征与目标变量有统计学关联。采用最小绝对收缩和选择算子（least absolute shrinkage and selection operator，LASSO）回归对筛选的特征进行建模，通过 10 折交叉验证选择最优 λ 值，确定纳入模型的特征及其对应的非零回归系数。影像组学评分（Rad_Score）由纳入特征的标准化值与其对应 LASSO 回归系数的线性加权求和得出，计算公式为：$\text{Rad_Score}=\beta_0+\beta_1\times X_1+\beta_2\times X_2+\cdots+\beta_n\times X_n$。其中，$X_1\sim X_n$ 为纳入的第 1～第 n 个影像组学特征经 Z-score 标准化得到的值，$\beta_1\sim\beta_n$ 为 LASSO 回归得到的对应系数，β_0 为模型截距。每例患者的 Rad_Score 即为其对应特征值代入上述公式后的计算结果。

1.5　病理学图像获取与分析　病理学标本的制备和分析依据病理学规范流程[12]。由 2 名有 10 年以上胰腺病理诊断经验的医师使用图像标注工具 Labelme 5.0.1 软件（*https://github.com/wkentaro/labelme*）标注切片中的肿瘤性腺体和间质，并计算间质含量：间质含量＝间质面积/（肿瘤性腺体面积＋间质面积）。当 2 名医师意见不一致时，由从事胰腺病理工作 20 年以上的高级职称病理医师确定诊断。其他病理资料均来自病理诊断报告，包括基于美国癌症联合委员会分期指南（第 8 版）[13]的 TNM 分期、淋巴血管间隙侵犯、胰周神经浸润等。

1.6　统计学处理　运用 R 3.3.3 软件进行统计学分析。呈正态分布的计量资料以 $\bar{x}\pm s$ 表示，采用独立样本 t 检验进行组间比较；呈偏态分布的计量资料以 M（Q_1，Q_3）表示，采用 Mann-Whitney U 检验进行组间比较。计数资料以例数和百分数表示，采用 χ^2 检验进行组间比较。采用 Spearman 秩相关分析评估 Rad_Score 与间质含量的相关强度，通过线性回归分析检验 Rad_Score、肿瘤最大径等自变量与间质含量的相关性，进一步采用阈值饱和效应分

析检验 Rad_Score 判断间质含量的拐点。Rad_Score 的区分度和临床效益通过 ROC 曲线（AUC、灵敏度、特异度、阴性预测值、阳性预测值）及决策曲线分析进行评价。多重线性回归模型同时纳入 Rad_Score 与肿瘤最大径，构建间质含量预测方程，并采用 Bland-Altman 法进行一致性分析。所有检验均为双侧检验，检验水准（α）为 0.05。

2　结　果

2.1　基线资料特征　选取 2023 年 6 月至 2024 年 12 月在海军军医大学第一附属医院行胰腺 MRI 平扫＋增强检查的患者 578 例，排除未经手术切除标本病理证实（n＝220）、拒绝签署知情同意书（n＝20）、缺乏足够的 T1 mapping 数据用于分析（n＝148）和临床资料不全（n＝33）的患者后，最终纳入 157 例患者。依据间质含量分为低间质含量组（间质含量≤0.5）24 例和高间质含量组（间质含量＞0.5）133 例。高、低间质含量组患者的年龄、性别构成、肿瘤最大径、病理分期、临床分期、手术切缘、淋巴血管间隙侵犯、胰周神经侵犯等差异均无统计学意义（均 P＞0.05）。见表 1。

表 1　两组 PDAC 患者的基线资料

Tab 1　Baseline data of 2 groups of PDAC patients

Feature	All patients N＝157	High stromal content N＝133	Low stromal content N＝24	Statistic	P value
Age/year, $\bar{x}\pm s$	61.80±10.06	61.7±10.2	62.3±9.8	t＝0.33	0.74
Maximum tumor diameter/cm, M (Q_1, Q_3)	2.4 (2.1, 3.5)	2.4 (1.9, 3.0)	2.5 (2.0, 3.1)	Z＝0.42	0.68
Gender, n (%)				χ^2＝0.65	0.42
Male	102 (65.0)	88 (66.2)	14 (58.3)		
Female	55 (35.0)	45 (33.8)	10 (41.7)		
Location, n (%)				χ^2＝0.11	0.74
Head/uncinate	90 (57.3)	77 (57.9)	13 (54.2)		
Body	28 (17.8)	24 (18.0)	4 (16.7)		
Tail	39 (24.8)	32 (24.1)	7 (29.2)		
T stage, n (%)				χ^2＝0.06	0.97
1	29 (18.5)	25 (18.8)	4 (16.7)		
2	94 (59.9)	79 (59.4)	15 (62.5)		
3	34 (21.7)	29 (21.8)	5 (20.8)		
N stage, n (%)				χ^2＝0.17	0.68
0	60 (38.2)	50 (37.6)	10 (41.7)		
1	58 (36.9)	49 (36.8)	9 (37.5)		
2	39 (24.8)	34 (25.6)	5 (20.8)		
Clinical stage, n (%)				χ^2＝0.04	0.84
ⅠA, ⅡA	56 (35.7)	47 (35.3)	9 (37.5)		
ⅠB, ⅡB, Ⅲ, Ⅳ	101 (64.3)	86 (64.7)	15 (62.5)		
LVSI, n (%)				χ^2＝0.20	0.65
No	65 (41.4)	54 (40.6)	11 (45.8)		
Yes	92 (58.6)	79 (59.4)	13 (54.2)		
Surgical margin, n (%)				χ^2＝0.01	0.94
Negative	99 (63.1)	84 (63.2)	15 (62.5)		
Positive	58 (36.9)	49 (36.8)	9 (37.5)		
Perineural invasion, n (%)				χ^2＝0.09	0.76
No	42 (26.8)	35 (26.3)	7 (29.2)		
Yes	115 (73.2)	98 (73.7)	17 (70.8)		

PDAC: Pancreatic ductal adenocarcinoma; LVSI: Lymph-vascular space invasion.

2.2　Rad_Score 的构建　5 个期相共提取 12 442 个组学特征。通过 Mann-Whitney U 检验筛选出 P＜0.05 的 438 个相关特征，使用 Spearman 秩相关分析筛选出 r_s＝1.0 的 10 个关键组学特征。通过 LASSO 回归对 10 个关键特征进行线性组合及加权计算，得到 Rad_Score：Rad_Score＝－0.592＋0.070×resnet18_464（平扫）＋0.068×big_model_feature560（平扫）＋0.065×resnet18_359（延迟期）＋0.063×5cluster_original_glszm_SizeZoneNonUniformity_h2（门静脉期）＋0.058×big_model_feature456（门静脉期）＋0.055×big_model_feature887（门静脉期）＋0.052×big_model_feature985（门静脉期）＋

0.049×big_model_feature309（延迟期）＋0.046×big_model_feature947（延迟期）＋0.043×big_model_feature913（延迟期）。157 例 PADC 患者的 Rad_Score 为 1.45（－2.31，4.02），其中低间质含量组为－1.83（－3.21，0.62）、高间质含量组为 1.92（－0.45，4.30），两组间差异有统计学意义（P＜0.001）。

2.3　Rad_Score 与间质含量的相关性分析　Spearman 秩相关分析显示，Rad_Score 与间质含量相关（r_s＝0.52，P＜0.001）。单因素线性回归分析结果显示，Rad_Score、肿瘤最大径与间质含量相关（β＝0.04，95%*CI* 0.03～0.05，P＜0.001；β＝－0.05，95%*CI* －0.08～－0.02，P＜0.001）。多因素线性回归分析表明，在未调整模型、部分调整模型（调整年龄和性别）和全调整模型（调整年龄、性别和肿瘤最大径）中，Rad_Score 均与肿瘤间质含量相关［β（95%*CI*）均为 0.04（0.03～0.05），均 P＜0.001］。阈值饱和效应分析结果显示，调整年龄、性别、肿瘤最大径后，Rad_Score 与间质含量之间存在 1 个 Rad_Score 拐点值（3.03），在拐点的左侧效应有统计学意义（调整 *OR*＝0.070，95%*CI* 0.039～0.102，P＜0.001），而在拐点的右侧效应无统计学意义（P＝0.64，图 2）。

2.4　Rad_Score 对间质含量的诊断效能及其临床应用价值　将间质含量作为二分类变量，ROC 曲线分析显示，Rad_Score 预测间质含量＞0.5 的 AUC 值为 0.936（95%*CI* 0.885～0.987），灵敏度、特异度、准确度、阳性预测值和阴性预测值分别为 91.7%（143/157）、88.0%（138/157）、88.5%（138/157）、98.3%（154/157）和 57.9%（90/157）（图 3A）。临床决策曲线分析表明使用 Rad_Score 评估 PDAC 间质含量，当阈概率＞0.1 时能让患者获益（图 3B）。

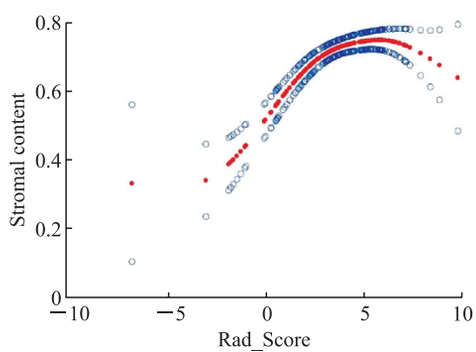

图 2　PDAC 间质含量与 Rad_Score 的关系图

Fig 2　Relationship diagram between stromal content and Rad_Score in PDAC

PDAC: Pancreatic ductal adenocarcinoma.

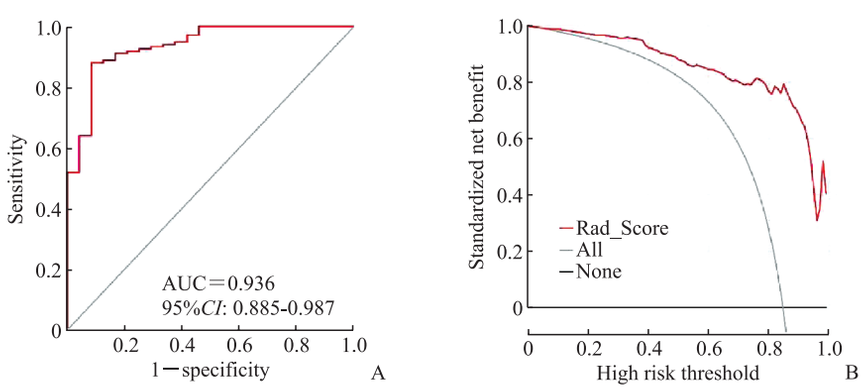

图 3　影像组学对 PDAC 间质含量的预测效能与其临床应用价值

Fig 3　Predictive efficacy of radiomics for stromal content in PDAC and its clinical application value

A: ROC curve for radiomics score (Rad_Score) in diagnosing stromal content of PDAC; B: Clinical decision curve analysis. PDAC: Pancreatic ductal adenocarcinoma; ROC: Receiver operating characteristic; AUC: Area under curve; 95%*CI*: 95% confidence interval.

2.5　间质含量的预测模型　将与间质含量相关的 2 个变量（肿瘤最大径和 Rad_Score）纳入多重线性回归模型，得到间质含量预测方程：间质含量＝0.592＋0.037×Rad_Score－0.025×肿瘤最大径（cm）。用该公式对同批 157 例患者的 T1 mapping 图像进行回代预测，得到间质含量预测值范围为 0.19～0.92（中位数 0.67），与实测值（0.17～0.94，中位数 0.68）分布一致（图 4A）。Bland-Altman 法分析显示预测值与实际值一致性较好（平均偏差为 0.00，95% 一致性界限为－0.33～0.33）（图 4B）。

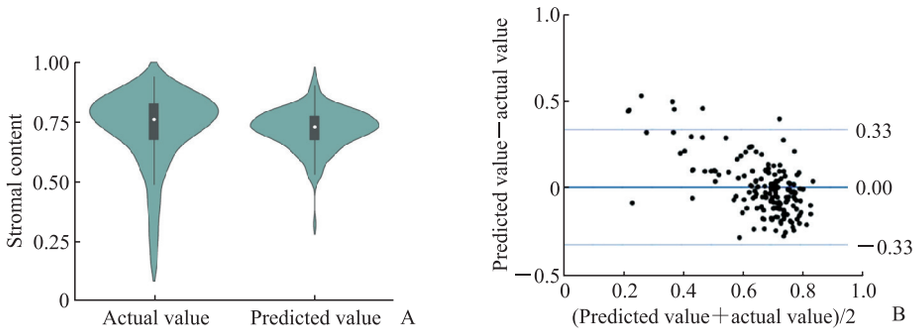

图 4　PDAC 间质含量预测模型的性能分析

Fig 4　Performance analysis of prediction model for PDAC stromal content

A: Comparison of stromal content distribution predicted by model and actual pathology stromal content; B: Scatter plot of predicted-actual difference versus mean (Bland-Altman plot). PDAC: Pancreatic ductal adenocarcinoma.

3　讨　论

PDAC 间质的高异质性是导致其化学治疗耐药与免疫逃逸的关键因素[14]。本研究建立的 Rad_Score 可无创量化间质含量，为临床提供了极大的应用价值。单因素线性回归分析显示，肿瘤最大径与间质含量呈负向线性关联，提示体积越大的肿瘤促结缔组织增生反应越显著；进一步阈值饱和效应分析发现 Rad_Score 与间质含量在标准化值 3.03 处存在拐点，表明两者呈显著非线性关系。

既往研究多基于常规 CT/MRI 纹理特征预测 PDAC 间质含量，但受空间分辨率与对比度限制，AUC 值多低于 0.75[15-16]。本研究通过引入 T1 mapping 序列显著提升了对间质纤维化特征的捕获能力。例如，关键特征 resnet18_464（平扫）可能与间质内胶原纤维的弛豫特性关联，而 5cluster_original_glszm_SizeZoneNonUniformity_h2（门静脉期）则反映了间质区域的空间异质性。此外，与传统二维组学分析不同，本研究采用三维全病灶分割与 2.5D 深度学习特征提取策略，更精准地还原了肿瘤的空间异质性特征，与 Zhou 和 Lu[17] 提出的“全息组学”理念高度契合。Legrand 等[8] 发现 95% 的 PDAC 在 MRI 增强动脉期呈低信号，但这种肉眼判断的低信号既无法区分纤维间质与坏死、钙化，也缺乏定量标准，因而难以用于准确量化间质含量。Wegner 等[18] 通过弥散峰度成像参数预测间质异质性，但单一参数的信息维度有限。不同于上述研究，本研究创新性融合了 T1 mapping 定量弛豫特性与深度学习特征，计算的 Rad_Score 预测间质含量＞0.5 的效能（AUC 值为 0.936）优于传统方法，且首次揭示了间质评估的阈值效应。相较于 Torphy 等[9] 基于 CT 门静脉期纹理特征的模型（AUC 值为 0.85），Rad_Score 通过三维生境特征分析与多层深度学习特征提取更精准地映射了间质空间分布特性。这一技术突破标志着影像组学从“单一参数描述”向“多维度机制解析”的转变。

尽管本研究结果显示 Rad_Score 与间质含量相关，但这仅代表在特定条件下的初步结果。真正的精准量化仍需要满足以下条件：（1）多中心大样本验证；（2）建立可重复的病理金标准；（3）标准化的图像采集和处理流程。未来计划启动包含多个中心、更多样本的扩大研究，将采用数字化病理分析系统获取更精确的间质含量。本研究存在以下局限性：（1）单中心且样本量较小，而高间质含量组样本占比高达 84.7%（133/157），需多中心外部验证提升 Rad_Score 的泛化性；（2）未整合分子标志物（如癌症相关成纤维细胞亚型特异性蛋白质），未来可结合空间转录组学解析影像学特征的生物学基础；（3）缺乏长期随访数据，Rad_Score 的预后价值有待验证。

综上所述，本研究构建的 MRI T1 mapping 间质含量预测模型实现了对 PDAC 间质含量的无创精准评估，其非线性阈值效应为靶向治疗时机选择提供了重要依据。该评分系统突破了传统影像学诊断瓶颈，有望推动 PDAC 个体化诊疗策略的优化。未来需通过多中心队列验证其临床适用性，并探索其与治疗响应及预后的关联。

[参 考 文 献]

[1] CAI C, HU T, GONG J, et al. Multiparametric MRI-based radiomics signature for preoperative estimation of tumor-stroma ratio in rectal cancer[J]. Eur Radiol, 2021, 31(5): 3326-3335. DOI: 10.1007/s00330-020-07403-6.

［2］ MILLER K D, NOGUEIRA L, DEVASIA T, et al. Cancer treatment and survivorship statistics, 2022[J]. CA Cancer J Clin, 2022, 72(5): 409-436. DOI: 10.3322/caac.21731.

［3］ LIN W, NOEL P, BORAZANCI E H, et al. Single-cell transcriptome analysis of tumor and stromal compartments of pancreatic ductal adenocarcinoma primary tumors and metastatic lesions[J]. Genome Med, 2020, 12(1): 80. DOI: 10.1186/s13073-020-00776-9.

［4］ 李天骄，叶龙云，金凯舟，等. 2023 年度胰腺癌研究及诊疗新进展[J]. 中国癌症杂志，2024，34(1)：1-13. DOI: 10.19401/j.cnki.1007-3639.2024.01.001.

［5］ VAN PELT G W, KJÆR-FRIFELDT S, VAN KRIEKEN J H J M, et al. Scoring the tumor-stroma ratio in colon cancer: procedure and recommendations[J]. Virchows Arch, 2018, 473(4): 405-412. DOI: 10.1007/s00428-018-2408-z.

［6］ BAO H, LI J, DONG Q, et al. Circular RNAs in pancreatic cancer progression[J]. Clin Chim Acta, 2024, 552: 117633. DOI: 10.1016/j.cca.2023.117633.

［7］ JIMÉNEZ PÉREZ M, GRANDE R G. Application of artificial intelligence in the diagnosis and treatment of hepatocellular carcinoma: a review[J]. World J Gastroenterol, 2020, 26(37): 5617-5628. DOI: 10.3748/wjg.v26.i37.5617.

［8］ LEGRAND L, DUCHATELLE V, MOLINIÉ V, et al. Pancreatic adenocarcinoma: MRI conspicuity and pathologic correlations[J]. Abdom Imaging, 2015, 40(1): 85-94. DOI: 10.1007/s00261-014-0196-8.

［9］ TORPHY R J, WANG Z, TRUE-YASAKI A, et al. Stromal content is correlated with tissue site, contrast retention, and survival in pancreatic adenocarcinoma[J]. JCO Precis Oncol, 2018, 2018: PO.17.00121. DOI: 10.1200/PO.17.00121.

［10］ 孙之，马慧，王传玺，等. 应用肝体外模型评价B1-T1 mapping的直方图研究[J]. 医学影像学杂志，2023，33(4)：637-640.

［11］ ZHANG J H, NEUMANN T, SCHAEFFTER T, et al. Respiratory motion-corrected T1 mapping of the abdomen[J]. MAGMA, 2024, 37(4): 637-649. DOI: 10.1007/s10334-024-01196-1.

［12］ TALBOTT P, SHILPA J. Precision pathology: unveiling the role of interval sectioning protocol for optimal diagnosis in pancreatic, ampullary, and bile duct biopsies[J]. Am J Clin Pathol, 2024, 162(Suppl_1): S104. DOI: 10.1093/ajcp/aqae129.231.

［13］ AMIN M B, GREENE F L, EDGE S B, et al. The eighth edition AJCC cancer staging manual: continuing to build a bridge from a population-based to a more “personalized” approach to cancer staging[J]. CA Cancer J Clin, 2017, 67(2): 93-99. DOI: 10.3322/caac.21388.

［14］ BIFFI G, TUVESON D A. Diversity and biology of cancer-associated fibroblasts[J]. Physiol Rev, 2021, 101(1): 147-176. DOI: 10.1152/physrev.00048.2019.

［15］ MENG Y, ZHANG H, LI Q, et al. CT radiomics and machine-learning models for predicting tumor-stroma ratio in patients with pancreatic ductal adenocarcinoma[J]. Front Oncol, 2021, 11: 707288. DOI: 10.3389/fonc.2021.707288.

［16］ MENG Y, ZHANG H, LI Q, et al. Magnetic resonance radiomics and machine-learning models: an approach for evaluating tumor-stroma ratio in patients with pancreatic ductal adenocarcinoma[J]. Acad Radiol, 2022, 29(4): 523-535. DOI: 10.1016/j.acra.2021.08.013.

［17］ ZHOU Z, LU Z R. Molecular imaging of the tumor microenvironment[J]. Adv Drug Deliv Rev, 2017, 113: 24-48. DOI: 10.1016/j.addr.2016.07.012.

［18］ WEGNER C S, GAUSTAD J V, ANDERSEN L M K, et al. Diffusion-weighted and dynamic contrast-enhanced MRI of pancreatic adenocarcinoma xenografts: associations with tumor differentiation and collagen content[J]. J Transl Med, 2016, 14(1): 161. DOI: 10.1186/s12967-016-0920-y.

［本文编辑］ 杨亚红