

影像组学在胶质瘤诊疗中的应用研究进展

熊康霖

重庆医科大学附属第一医院神经外科，重庆

收稿日期：2025年3月3日；录用日期：2025年3月26日；发布日期：2025年4月7日

摘要

胶质瘤因其侵袭性强、异质性高及预后差异大的特点对精准诊疗提出了严峻挑战。在此背景下，影像组学作为新兴技术，因其无创、可定量解析肿瘤异质性的独特优势，逐渐成为精准医学研究的重要技术手段。该技术通过深度挖掘影像特征，能够精准预测肿瘤分级及分子分型、评估治疗反应和预后预测，为制定个体化诊疗方案提供客观依据。本文将系统综述影像组学在胶质瘤诊疗中的应用进展，重点阐述其在术前分级、疗效评估及生存预后分析三大核心领域的最新研究成果，以期为临床实践提供理论支持。

关键词

影像组学，胶质瘤，术前分级，精准诊疗，预后

Research Progress on the Application of Radiomics in the Diagnosis and Treatment of Gliomas

Kanglin Xiong

Department of Neurosurgery, The First Affiliated Hospital of Chongqing Medical University, Chongqing

Received: Mar. 3rd, 2025; accepted: Mar. 26th, 2025; published: Apr. 7th, 2025

Abstract

Gliomas present significant challenges for precision diagnosis and treatment due to their high invasiveness, considerable heterogeneity, and significant variability in prognosis. Against this backdrop, radiomics, as an emerging approach, has gradually become an important tool in precision medicine research, owing to its unique advantages, such as non-invasiveness and the ability to quantitatively analyze tumor heterogeneity. By mining imaging features, this technology can accurately predict tumor grade and molecular subtype, assess treatment response, and predict prognosis, providing

an objective foundation for formulating personalized diagnosis and treatment plans. This paper systematically reviews the research progress of radiomics in the diagnosis and treatment of gliomas, focusing on the latest findings in three core areas: preoperative grading, efficacy assessment, and survival prognosis analysis, with the goal of providing theoretical support for clinical practice.

Keywords

Radiomics, Glioma, Preoperative Grading, Precision Medicine, Prognosis

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

胶质瘤是成人中枢神经系统最常见的原发性恶性肿瘤，其高度侵袭性的生物学行为导致肿瘤细胞广泛浸润周围脑组织。尽管当前临床采用手术切除联合放化疗等多模式治疗策略，但患者术后仍普遍面临肿瘤复发风险高、生存预后差的临床难题。随着分子遗传学与生物技术持续发展、不断进步，人们对胶质瘤的发生发展机制有了更为深入的认识，越来越多的分子生物标志物在胶质瘤的分类、分型、治疗以及预后判断中开始发挥关键作用[1]。

2016 年，第四次修订的 WHO 中枢神经系统肿瘤分类开创性地将基于组织学的分子表型引入其中，并提出了综合诊断这一新概念[2]。历经 5 年的实践探索与完善，在整合最新研究成果以及 7 次更新的基础上，2021 年世界卫生组织中枢神经系统肿瘤分类得以制定，其重点在于大力推动分子诊断在中枢神经系统肿瘤分类中的应用[3]。伴随影像学的迅猛发展，一系列新的影像技术被广泛应用于临床，显著提升了胶质瘤术前分级诊断的准确性。然而，传统影像学在准确预测肿瘤分子分型方面，依旧面临瓶颈。即便处于同一组织学分级的胶质瘤，因分子表型存在差异，预后也会大相径庭，而术前常规影像学手段却难以对其加以区分，往往只能依赖手术切除后的组织病理学和分子检测[4]。但手术作为一种具有侵袭性的临床操作，脑胶质瘤患者的预后与手术切除程度紧密相关。若能在术前通过无创方式获取准确的胶质瘤组织学分级和分子表型，不仅有助于制定个性化的手术治疗方案，最大程度改善患者预后，在精准医学时代更具有不可忽视的重要意义。

影像组学概念由荷兰学者兰宾于 2012 年提出[5]，其融合了传统影像学、大数据分析和精准医学方法。该领域通过计算机提取和量化医学图像中的特征，实现了影像诊断从定性向定量的转变。影像组学利用标准医学图像提取大量影像特征，并将其用于临床决策支持，以辅助疾病诊断、预后评估及治疗反应预测，在肿瘤学研究中的应用价值日益凸显。

2. 文献检索

鉴于影像组学的多学科特性，本文利用(glioma OR glioblastoma) AND radiomics 检索词检索，覆盖 PubMed、Embase 和 Web of Science 数据库，并追溯高被引综述的参考文献，筛选《Neuro-Oncology》近 5 年高被引论文。纳入标准：胶质瘤影像组学研究(术前 MRI)，样本量 ≥ 30 ，包含术前分级、预后或疗效评估任一终点。排除：重复数据、会议摘要、非人类研究。质量评估标准如下：1) 是否对图像进行标准化、偏置场校正等处理；2) 对提取的影像组学特征是否进行组内相关系数(ICC)分析，并挑选出 $ICC > 0.75$ 特征用于特征筛选；3) 验证是否独立(是否采用外部验证)；4) 模型评价是否分析 ROC 曲线及特异度、

灵敏度。符合以上标准文章被纳入本文。

3. 影像组学介绍

3.1. 影像组学基本原理

影像组学是一种通过高通量提取医学影像中的定量特征，结合机器学习算法解析肿瘤异质性、分子特征及临床预后的技术。其核心假设是影像特征能够反映肿瘤的微观生物学行为，包括基因突变、细胞增殖、血管生成等，从而实现无创性诊断和预后预测[5]。

3.2 技术流程

3.2.1. 图像获取与预处理

从不同的医学成像设备收集患者的影像数据。由于不同设备、不同扫描参数采集的影像数据存在差异，需要对图像进行标准化处理，统一图像的灰度范围、分辨率、体素大小等。例如，将图像的灰度值归一化到特定的区间，如[0, 1]或[-1, 1]。利用 N4 算法偏置场校正由于设备硬件等因素导致的图像灰度不均匀现象，提高图像质量。

不同影像模态比较：

CT: 空间分辨率出色，能清晰呈现肺部、骨骼等组织细节，成像速度快，利于急诊，但存在辐射风险，对软组织对比度欠佳。

MRI: 软组织对比度高，通过多参数成像提供丰富组织信息，无辐射危害，不过成像时间长，费用较高，对体内有金属植入物患者不适用，在神经系统疾病诊断上优势明显，能清晰区分不同神经组织。

PET: 专注功能代谢成像，可早期发现肿瘤代谢异常，利于肿瘤分期与疗效评估，还能全身成像排查转移灶。然而空间分辨率低，辐射剂量和检查成本均较高。在肿瘤早期筛查中，能探测到代谢活跃的微小病灶，但图像细节不如 CT 和 MRI。

3.2.2. 感兴趣区分割

在影像中确定感兴趣的区域，如肿瘤、器官等。分割方法可以分为手动分割、半自动分割和全自动分割。手动分割需要专业医生逐帧勾勒感兴趣区，准确性高但耗时费力，属于金标准，可利用开源软件 3Dslicer 实现；半自动分割借助计算机算法，医生进行少量操作；全自动分割则完全由计算机算法完成，如基于深度学习的 U-Net 等网络模型。

3.2.3. 特征提取

有两种方法：1) 手工特征提取：使用 Python 代码如 SimpleITK、PyRadiomics 等提取各种影像组学特征，可解释性强，医生能直观理解其生物学意义，计算相对简单。但特征难以捕捉复杂数据信息，特征选择受主观因素影响大。如肿瘤体积可直观反映生长情况，但对于复杂纹理特征，手工提取可能遗漏关键信息；2) 基于深度学习的特征提取：借助卷积神经网络等模型自动学习特征，表达能力强，能挖掘深层次抽象特征。不过可解释性差，且对大量标注数据依赖严重，标注成本高。在复杂病变识别上表现出色，但难以解释模型决策依据。常见的影像组学特征包括一阶统计特征(均值、方差、偏度、峰度)、形态特征(计算 ROI 的体积、表面积、球形度、纵横比等，描述物体的大小、形状和几何结构)、纹理特征(基于 GLCM 提取对比度、相关性、能量、熵等特征。对比度反映图像中灰度值的差异程度；相关性衡量图像中灰度值的线性相关程度；能量表示图像灰度分布的均匀性；熵表示图像的随机性。GLRLM 用于描述图像的纹理粗细和规则性)及小波变换特征(将图像分解为不同尺度和方向的子图像，提取的小波特征对图像的细节和边缘信息敏感)。

3.2.4. 特征筛选

根据特征的方差、变异系数等统计指标，去除那些在样本中变化较小、可能对模型贡献不大的特征。使用最小绝对收缩和选择算子(LASSO)方法进一步筛选特征。LASSO 通过在回归模型中加入 L1 正则化项，使得模型在训练过程中自动将一些不重要的特征系数压缩为 0，从而实现特征选择的目的。还可以结合其他特征选择方法，如基于随机森林的特征重要性评估、支持向量机递归特征消除等，综合筛选出最具代表性和预测能力的特征子集。

3.2.5. 模型构建

选择合适的机器学习算法：1) 逻辑回归：模型简单易懂，计算效率高，能输出分类概率用于风险评估。但对复杂非线性关系处理能力有限，性能依赖特征选择。在疾病初步分类上应用广泛，如判断肿瘤良恶性，但面对复杂特征组合时可能效果不佳。2) 支持向量机(SVM)：在小样本和高维数据场景表现优异，通过核函数处理非线性问题。然而计算复杂度高，训练时间长，参数选择需大量实验调优。在图像分类等任务中，若样本量少且特征维度高，SVM 可能是较好选择，但大规模数据下效率较低。3) 随机森林：由多个决策树组成的集成学习模型，具有较好的泛化能力和抗过拟合能力，对高维数据适应良好。不过可解释性相对逻辑回归稍差，训练时计算资源消耗较大。

3.2.6. 模型评估

使用测试集对训练好的模型进行评估，常用的评估指标有准确率、召回率、F1 值、受试者工作特征曲线下面积(AUC)等。

4. 影像组学在胶质瘤中的应用

4.1. 影像组学在胶质瘤术前分级中的应用

影像组学在胶质瘤术前分级领域取得了显著的研究进展，为临床精准诊疗提供了重要支持。这些研究借助先进的技术手段，从多模态影像数据中挖掘出丰富的信息，有效提升了胶质瘤术前分级的准确性。在技术应用方面，多模态 MRI 成为影像组学研究的重要数据来源。Du Peng 等人[6]回顾性分析 2017 年 2 月至 2019 年 7 月复旦大学附属华山医院病理确诊的 240 例胶质瘤患者数据，在其术前 T2-FLAIR 和 CE-T1WI 磁共振图像上筛选出 150 个影像组学特征，建立支持向量机(SVM)分类器准确且无创地对成人胶质瘤进行 2~4 级分级，其曲线下面积(AUC)达 0.85。该研究表明多模态 MRI 影像组学特征能够全面反映胶质瘤的生物学特性，为术前分级提供更丰富的信息。机器学习算法在影像组学分析中发挥着关键作用。S. Gutta 等人[7]采用深度学习的卷积神经网络(CNN)，自动从 MRI 图像中提取 107 个影像组学特征。在 237 例胶质瘤患者的研究中，基于 CNN 的模型对胶质瘤术前分级的准确率可达 87%，此外，该模型在验证集和测试集上表现一致，证明了其稳健性。CNN 强大的特征学习能力，能够自动挖掘影像中深层次的特征信息，避免了人为选择特征的主观性和局限性，显著提高了分级预测的准确性和稳定性。

除了传统的影像组学特征提取和机器学习算法，一些研究还结合了临床特征进行综合分析。Jing Guo 等人[8]将多参数 MRI 影像组学与血液炎症标志物结合，构建联合预测模型。结果显示，联合模型在胶质瘤术前分级中的性能优于单纯基于影像组学特征的模型，进一步提高了分级的准确性。这表明临床特征与影像组学特征具有互补性，综合分析能够更全面地评估胶质瘤的恶性程度。

此外，部分研究聚焦于影像组学特征与肿瘤分子生物学标志物的关联。Yingping Li 等人[9]使用公开的癌症基因组图谱低级别胶质瘤(TCGA-LGG)和胶质母细胞瘤(TCGA-GBM)数据集，开发基于临床磁共振成像(MRI)扫描的影像组学流程来无创预测胶质瘤亚型。通过对影像组学流程中多种设置的研究优化，预测肿瘤分级、IDH 突变和 1p/19q 共缺失状态的平均曲线下面积(AUC)均有显著提升，证明了影像组学

特征与这些分子标志物存在关联，可用于胶质瘤分子分型的预测，为精准术前诊断和个性化治疗提供了参考。

4.2. 影像组学在胶质瘤治疗和疗效评价中的应用

胶质瘤的治疗策略选择和疗效评估依赖于准确的诊断和对肿瘤生物学特性的深入了解。影像组学作为医学影像学与大数据分析相结合的产物，为胶质瘤的诊疗提供了有力的支持。Fan 等[10]构建了影像组学生存生物标志物(RadSurv)，研究其与肿瘤微环境(TME)和巨噬细胞浸润的关系。通过对 664 例胶质瘤患者的术前 MRI 数据进行分析，发现 RadSurv 与巨噬细胞浸润呈正相关，尤其是 M2 巨噬细胞，这为胶质瘤的免疫治疗提供了重要的临床指导。有研究基于六个纹理特征的影像组学模型在预测胶质母细胞瘤患者中的 CD3T 细胞浸润方面实现了 0.847 的曲线下面积(AUC)。作者得出结论，图像衍生的纹理多样性可能反映了免疫细胞浸润增加，从而增加了肿瘤的异质性，由于强大的 T 细胞免疫反应会影响多种针对胶质瘤患者的免疫治疗的成功，通过影像组学评估 CD3T 细胞浸润可以提供重要数据，有助于评估抗肿瘤免疫反应[11]。Rauch 等人[12]利用 349 例低级别胶质瘤患者 T1 加权像、T2 加权像、液体衰减反转恢复成像(FLAIR)等磁共振序列，提取出能够有效地预测肿瘤生长速度的影像组学特征，能够补充临床参数的不足，为低级别胶质瘤的个性化治疗提供更全面的信息。

在胶质瘤的治疗反应中，肿瘤假性进展与发生在肿瘤部位或切除边缘的真性进展惊人地相似，传统的影像学和临床表现往往无法鉴别。因此，区分肿瘤真正的进展和放疗后的假性变化，对于如何选择胶质瘤患者的治疗方案至关重要。有研究表明，利用影像组学模型能够显著提高胶质母细胞瘤患者假性进展的诊断性能。Ji Eun Park 等人[13]回顾性选取 2011 年 3 月至 2017 年 3 月期间接受标准同步放化疗的 238 例胶质母细胞瘤(GBM)患者，采用多种 MRI 序列，包括增强 T1 加权成像、液体衰减反转恢复成像、弥散加权成像和动态敏感对比灌注成像等，筛选出 12 个显著的影像组学特征，开发和验证基于多参数 MRI 的影像组学模型，在训练集和外部验证集中的 AUC 分别为 0.90 和 0.85，显著提高了 GBM 患者假性进展的诊断性能，为临床治疗决策提供了更准确的依据。M. Ismail 等人[14]利用常规多参数 MRI 图像中增强病变的 3D 形状特征来改善对假性进展和肿瘤进展的区分。研究发现，最具判别力的两个特征分别是反映增强病变总曲率的局部特征和 T2WI/FLAIR 序列高信号周边区域的弯曲度，在识别假性进展和肿瘤进展上准确率达 90.2%。Ren 等人[15]的研究则侧重于术后胶质瘤患者的真实肿瘤复发和治疗相关变化的鉴别。他们纳入 131 例患者，并从增强区(PoE)和水肿区(ED)提取多模态 MRI 影像组学特征，使用支持向量机(SVM)和 K 近邻(KNN)算法进行分类。结果显示，PoE 区域特征较 ED 区域特征更具鉴别力，特别是来自对比增强 T1 加权成像(CE-T1WI)的 PoE 区域模型表现最佳，SVM 模型的 AUC 达 0.965，KNN 模型 AUC 为 0.955。该研究表明，多模态影像组学结合机器学习模型可有效区分胶质瘤术后复发与治疗相关改变，从而辅助个体化治疗决策。此外，影像组学分析在早期疗效评估中潜力显著。Sherminie 等人[16]的研究探讨了基于形态测量学的影像组学特征在放疗后胶质瘤患者治疗反应预测中的应用。他们基于 105 例胶质瘤患者的 MRI 影像，提取形态学特征并构建随机森林(Random Forest)预测模型。研究发现，肿瘤等级是预测疗效的最重要因素，所构建的模型在未去除高度相关特征时准确率达 86%，AUC 值为 0.91，而去除高度相关特征后，准确率为 84%，AUC 值升至 0.92。这表明形态测量学特征可以作为评估放疗疗效的重要生物标志物，为临床提供决策支持。

4.3. 胶质瘤生存预测

胶质瘤预后具有较大的变异性，部分患者生存期较长，而另一部分患者则可能在短时间内病情恶化，准确预测胶质瘤患者的生存情况对于制定个性化的治疗方案至关重要。有研究表明，影像组学模型能够

准确预测胶质瘤患者的生存情况。例如，Wang 等人[17]通过整合多模态 MRI 影像组学特征，构建了一种非侵入性预测低级别胶质瘤(LGG)患者总生存期(OS)的生物标志物。该研究从 149 例 LGG 患者的术前 FLAIR 和增强 T1 加权(CE-T1-w)序列中提取 1576 个影像组学特征，并采用 LASSO Cox 回归模型筛选出 29 个关键特征(12 个来自 CE-T1-w, 17 个来自 FLAIR)，构建影像组学特征标签(Radiomics Signature)。验证队列($n = 66$)结果显示，联合特征在 OS 预测中表现出最优性能(C-index = 0.798)，显著优于单一序列模型(CE-T1-w: 0.744; FLAIR: 0.736)。多因素分析表明，该特征独立于年龄、组织学分级及 IDH1 突变等临床病理因素($HR = 8.376, p < 0.001$)，其预测效能通过列线图(Nomogram)进一步验证，联合模型的 C-index 提升至 0.821，较仅含临床因素的模型提高 19.8% ($p < 0.001$)。Zhou 等人[18]的研究中，通过多变量纹理模型分析，发现肿瘤增强和非增强边缘不规则与弥漫性低级别胶质瘤较短的无进展生存期(PFS)相关，而光滑的非增强边缘与较长的 PFS 相关。Liu 等人[19]提取低级别胶质瘤患者术前 T2 加权磁共振图像的 7 个影像组学特征，计算影像组学分数，将其与 IDH 状态、肿瘤级别等临床病理因素结合，构建个体化的 PFS 预测模型。构建的影像组学线图模型在训练集和验证集中具有较高的准确性，C 指数分别为 0.684 和 0.823，该研究表明，通过影像组学特征可以非侵入性地预测 LGG 患者的 PFS。Elena Pak 等人[20]开发了基于动态对比增强(DCE)MRI 的影像组学风险评分，用于预测胶质母细胞瘤患者的预后。该研究纳入 150 例胶质母细胞瘤患者，从 DCE MRI 序列提取 16 个关键特征，构建影像组学风险评分模型，成功地将训练集和验证集的患者分为高风险和低风险组，两组的 PFS 存在显著差异(log-rank 检验， $p < 0.001$)。总之，影像组学在胶质瘤生存预测方面具有重要的应用价值，能够为胶质瘤的诊断和治疗提供重要的信息。

5. 局限性和前景

影像组学作为一种新兴的影像分析技术，通过从医学影像中提取高通量定量特征，旨在提高肿瘤的诊断、预后评估和治疗响应预测的准确性。在胶质瘤的诊疗中，影像组学展现出广阔的应用前景，但同时也面临着一些局限性。首先，影像组学分析流程包括图像获取、分割、特征提取和模型构建等多个环节，目前尚未形成统一的标准[21]。不同研究采用的影像参数、分割方法和特征集存在差异，导致结果的可重复性和可比性受到影响[22]。其次，高质量、大规模的数据集是影像组学研究的基础。然而，医学影像数据的获取和共享受到伦理、隐私和技术等多方面的限制，导致训练模型的数据量不足，可能影响模型的泛化能力。最后，影像组学涉及大量高维特征的计算和分析，需要高性能的计算资源。对于临床实践而言，如何在保证精度的前提下降低计算成本，是一个亟待解决的问题。

但是，影像组学能够从影像中提取反映肿瘤异质性的特征，结合患者的临床信息和基因组学数据，有望实现对胶质瘤患者的个体化诊疗，提高治疗效果。相比于传统的组织活检，影像组学提供了一种无创的方法来评估肿瘤的分子特征和微环境变化，有助于实时监测肿瘤的进展和治疗反应。

随着精准医学的深入推进，影像组学与其他组学数据的整合分析成为前沿研究焦点。在与基因组学整合方面，部分影像组学特征已被证实与特定基因突变、基因表达谱紧密相关[23]，这为精准预测肿瘤恶性程度、治疗敏感性以及患者预后提供了有力支撑。在影像组学与蛋白质组学的整合方面，尽管目前尚处于探索阶段，但潜力巨大。蛋白质作为生命活动的直接执行者，其表达与修饰状态和肿瘤生物学行为息息相关[24]。通过关联蛋白质组学数据与影像组学特征，有望从蛋白质层面深入阐释胶质瘤影像表现的生物学基础，挖掘潜在的治疗靶点和预后标志物。在新兴技术应用领域，人工智能与深度学习的迅猛发展为影像组学注入了强劲动力。深度学习算法能够自动且精准地从海量医学影像中挖掘复杂的影像组学特征，极大地提高了特征提取的效率与准确性。以卷积神经网络(CNN)为例，经过大量影像数据训练后，可对胶质瘤影像进行高效分割与精准分类，在鉴别胶质瘤不同亚型、判断肿瘤分级等方面展现出极高的灵敏度与特异度[25]。

6. 小结

影像组学能够深度解析肿瘤的异质性，实现对胶质瘤的术前分级、分子分型预测、疗效评估及生存预后分析等多方面的精准判定。未来，随着深度学习、人工智能和多组学融合技术的发展，影像组学有望进一步提升胶质瘤的精准诊疗水平，并促进该技术在临床实践中的转化应用。

参考文献

- [1] Lan, Z., Li, X. and Zhang, X. (2024) Glioblastoma: An Update in Pathology, Molecular Mechanisms and Biomarkers. *International Journal of Molecular Sciences*, **25**, Article 3040. <https://doi.org/10.3390/ijms25053040>
- [2] Louis, D.N., Perry, A., Reifenberger, G., von Deimling, A., Figarella-Branger, D., Cavenee, W.K., et al. (2016) The 2016 World Health Organization Classification of Tumors of the Central Nervous System: A Summary. *Acta Neuropathologica*, **131**, 803-820. <https://doi.org/10.1007/s00401-016-1545-1>
- [3] Louis, D.N., Perry, A., Wesseling, P., Brat, D.J., Cree, I.A., Figarella-Branger, D., et al. (2021) The 2021 WHO Classification of Tumors of the Central Nervous System: A Summary. *Neuro-Oncology*, **23**, 1231-1251. <https://doi.org/10.1093/neuonc/noab106>
- [4] D'Angelo, L., Armocida, D., Sampirisi, L., Paglia, F., Berra, L.V. and Santoro, A. (2020) Role of Endoscopic Surgical Biopsy in Diagnoses of Intraventricular/Periventricular Tumors: Review of Literature Including a Monocentric Case Series. *Acta Neurologica Belgica*, **120**, 517-530. <https://doi.org/10.1007/s13760-020-01299-1>
- [5] Kumar, V., Gu, Y., Basu, S., Berglund, A., Eschrich, S.A., Schabath, M.B., et al. (2012) Radiomics: The Process and the Challenges. *Magnetic Resonance Imaging*, **30**, 1234-1248. <https://doi.org/10.1016/j.mri.2012.06.010>
- [6] Du, P., Liu, X., Wu, X., Chen, J., Cao, A. and Geng, D. (2023) Predicting Histopathological Grading of Adult Gliomas Based on Preoperative Conventional Multimodal MRI Radiomics: A Machine Learning Model. *Brain Sciences*, **13**, Article 912. <https://doi.org/10.3390/brainsci13060912>
- [7] Gutta, S., Acharya, J., Shiroishi, M.S., Hwang, D. and Nayak, K.S. (2020) Improved Glioma Grading Using Deep Convolutional Neural Networks. *American Journal of Neuroradiology*, **42**, 233-239. <https://doi.org/10.3174/ajnr.a6882>
- [8] Guo, J., Ren, J., Shen, J., Cheng, R. and He, Y. (2021) Do the Combination of Multiparametric MRI-Based Radiomics and Selected Blood Inflammatory Markers Predict the Grade and Proliferation in Glioma Patients? *Diagnostic and Interventional Radiology*, **27**, 440-449. <https://doi.org/10.5152/dir.2021.20154>
- [9] Li, Y., Ammari, S., Lawrence, L., Quillent, A., Assi, T., Lassau, N., et al. (2022) Radiomics-Based Method for Predicting the Glioma Subtype as Defined by Tumor Grade, IDH Mutation, and 1p/19q Codeletion. *Cancers*, **14**, Article 1778. <https://doi.org/10.3390/cancers14071778>
- [10] Fan, X., Li, J., Huang, B., Lu, H., Lu, C., Pan, M., et al. (2023) Noninvasive Radiomics Model Reveals Macrophage Infiltration in Glioma. *Cancer Letters*, **573**, Article 216380. <https://doi.org/10.1016/j.canlet.2023.216380>
- [11] Narang, S., Kim, D., Aithala, S., Heimbigner, A.B., Ahmed, S., Rao, D., et al. (2017) Tumor Image-Derived Texture Features Are Associated with CD3 T-Cell Infiltration Status in Glioblastoma. *Oncotarget*, **8**, 101244-101254. <https://doi.org/10.18632/oncotarget.20643>
- [12] Rauch, P., Stefanits, H., Aichholzer, M., Serra, C., Vorhauer, D., Wagner, H., et al. (2023) Deep Learning-Assisted Radiomics Facilitates Multimodal Prognostication for Personalized Treatment Strategies in Low-Grade Glioma. *Scientific Reports*, **13**, Article No. 9494. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-36298-8>
- [13] Kim, J.Y., Park, J.E., Jo, Y., Shim, W.H., Nam, S.J., Kim, J.H., et al. (2018) Incorporating Diffusion and Perfusion-Weighted MRI into a Radiomics Model Improves Diagnostic Performance for Pseudoprogression in Glioblastoma Patients. *Neuro-Oncology*, **21**, 404-414. <https://doi.org/10.1093/neuonc/noy133>
- [14] Ismail, M., Hill, V., Statsevych, V., Huang, R., Prasanna, P., Correa, R., et al. (2018) Shape Features of the Lesion Habitat to Differentiate Brain Tumor Progression from Pseudoprogression on Routine Multiparametric MRI: A Multisite Study. *American Journal of Neuroradiology*, **39**, 2187-2193. <https://doi.org/10.3174/ajnr.a5858>
- [15] Ren, J., Zhai, X., Yin, H., Zhou, F., Hu, Y., Wang, K., et al. (2023) Multimodality MRI Radiomics Based on Machine Learning for Identifying True Tumor Recurrence and Treatment-Related Effects in Patients with Postoperative Glioma. *Neurology and Therapy*, **12**, 1729-1743. <https://doi.org/10.1007/s40120-023-00524-2>
- [16] Sherminie, L.P.G., Jayatilake, M.L., Hewavithana, B., Weerakoon, B.S. and Vijithananda, S.M. (2023) Morphometry-based Radiomics for Predicting Therapeutic Response in Patients with Gliomas Following Radiotherapy. *Frontiers in Oncology*, **13**, Article 1139902. <https://doi.org/10.3389/fonc.2023.1139902>
- [17] Wang, J., Zheng, X., Zhang, J., Xue, H., Wang, L., Jing, R., et al. (2021) An MRI-Based Radiomics Signature as a Pretreatment Noninvasive Predictor of Overall Survival and Chemotherapeutic Benefits in Lower-Grade Gliomas.

- European Radiology*, **31**, 1785-1794. <https://doi.org/10.1007/s00330-020-07581-3>
- [18] Zhou, H., Vallières, M., Bai, H.X., Su, C., Tang, H., Oldridge, D., et al. (2017) MRI Features Predict Survival and Molecular Markers in Diffuse Lower-Grade Gliomas. *Neuro-Oncology*, **19**, 862-870. <https://doi.org/10.1093/neuonc/now256>
- [19] Liu, X., Li, Y., Qian, Z., Sun, Z., Xu, K., Wang, K., et al. (2018) A Radiomic Signature as a Non-Invasive Predictor of Progression-Free Survival in Patients with Lower-Grade Gliomas. *NeuroImage: Clinical*, **20**, 1070-1077. <https://doi.org/10.1016/j.nicl.2018.10.014>
- [20] Pak, E., Choi, K.S., Choi, S.H., Park, C., Kim, T.M., Park, S., et al. (2021) Prediction of Prognosis in Glioblastoma Using Radiomics Features of Dynamic Contrast-Enhanced MRI. *Korean Journal of Radiology*, **22**, 1514-1524. <https://doi.org/10.3348/kjr.2020.1433>
- [21] Ferrari, R., Trinci, M., Casinelli, A., Treballi, F., Leone, E., Caruso, D., et al. (2024) Radiomics in Radiology: What the Radiologist Needs to Know about Technical Aspects and Clinical Impact. *La radiologia medica*, **129**, 1751-1765. <https://doi.org/10.1007/s11547-024-01904-w>
- [22] Pati, S., Verma, R., Akbari, H., Bilello, M., Hill, V.B., Sako, C., et al. (2020) Reproducibility Analysis of Multi-Institutional Paired Expert Annotations and Radiomic Features of the Ivy Glioblastoma Atlas Project (ivy GAP) Dataset. *Medical Physics*, **47**, 6039-6052. <https://doi.org/10.1002/mp.14556>
- [23] Ahanger, A.B., Aalam, S.W., Masoodi, T.A., Shah, A., Khan, M.A., Bhat, A.A., et al. (2025) Radiogenomics and Machine Learning Predict Oncogenic Signaling Pathways in Glioblastoma. *Journal of Translational Medicine*, **23**, Article No. 121. <https://doi.org/10.1186/s12967-025-06101-5>
- [24] Niclou, S.P., Fack, F. and Rajcevic, U. (2010) Glioma Proteomics: Status and Perspectives. *Journal of Proteomics*, **73**, 1823-1838. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2010.03.007>
- [25] Luo, J., Pan, M., Mo, K., Mao, Y. and Zou, D. (2023) Emerging Role of Artificial Intelligence in Diagnosis, Classification and Clinical Management of Glioma. *Seminars in Cancer Biology*, **91**, 110-123. <https://doi.org/10.1016/j.semcancer.2023.03.006>