

Venous phase CT radiomics combined with clinical features for predicting BRCA mutation in patients with epithelial ovarian cancer

XU Mengli¹, ZHAO Yanping², MA Yan¹, MAERKEYA · Kamalibaike¹, LI Li^{1*}

(1. Department of Gynaecology, 2. Department of Nuclear Medicine, Affiliated Tumor Hospital of Xinjiang Medical University, Urumqi 830011, China)

[Abstract] **Objective** To observe the value of venous phase CT radiomics combined with clinical features for predicting breast cancer susceptibility gene (BRCA) mutation in patients with epithelial ovarian cancer (EOC). **Methods** A total of 111 EOC patients diagnosed by surgical pathology and BRCA detection were retrospectively enrolled and divided into training set ($n=90$, 35 BRCA mutations [+] and 55 BRCA mutations [-]) and test set ($n=21$, 8 BRCA mutations [+] and 13 BRCA mutations [-]) at the ratio of 8:2. Clinical and CT data were analyzed using univariate and multivariate logistic regression (LR) to screen independent predictors of BRCA mutations in EOC patients, and then a clinical model was established. Based on venous phase CT, the best radiomics features of EOC lesions were extracted and screened, radiomics score (Radscore) was calculated. Machine learning (ML) models were established using random forest (RF), support vector machine (SVM) and LR, respectively, and the optimal ML model was screened. Finally a combined model was constructed based on Radscore and independent predictors. The predictive efficacy and clinical value of each model were evaluated. **Results** Human epididymis protein 4 was the independent predictor of BRCA mutation in EOC patients, and the area under the curve (AUC) of clinical model was 0.648 and 0.742 in training and test sets, respectively. AUC of RF, SVM and LR model was 0.726, 0.763 and 0.860 in training set, 0.708, 0.750 and 0.700 in test set, respectively, and SVM model was the optimal ML model. AUC of combined model was 0.819 and 0.783 in training and test set, respectively, which in training set was higher than that of clinical model ($P=0.022$). No significant difference of AUC was found by pairwise comparison of other models in both training and test set (all $P>0.05$). Decision curve analysis showed that when the threshold was larger than 0.15, the clinical value of combined model was higher than that of clinical and SVM models. **Conclusion** Venous phase CT radiomics combined with clinical features could effectively predict BRCA mutation in EOC patients.

[Keywords] ovarian neoplasms; breast cancer susceptibility gene; tomography, X-ray computed; radiomics

DOI: 10.13929/j.issn.1003-3289.2025.06.022

静脉期 CT 影像组学联合临床特征预测 上皮性卵巢癌患者 BRCA 突变

徐梦莉¹, 赵艳萍², 马焱¹, 马尔克亚·卡马力拜克¹, 李莉^{1*}

(1. 新疆医科大学附属肿瘤医院妇外一科, 2. 核医学科, 新疆 乌鲁木齐 830011)

[摘要] **目的** 观察静脉期 CT 影像组学联合临床特征预测上皮性卵巢癌(EOC)患者乳腺癌易感基因(BRCA)突变的价值。**方法** 回顾性纳入 111 例经手术病理及 BRCA 检测确诊的 EOC 患者, 按 8:2 比例划分训练集($n=90$, 35 例 BRCA 突变

[基金项目] “天山英才”科技创新领军人才项目(2022TSYCLJ0033)。

[第一作者] 徐梦莉(1996—), 女, 山东枣庄人, 在读硕士。研究方向: 妇科肿瘤影像学。E-mail: 2285642916@qq.com

[通信作者] 李莉, 新疆医科大学附属肿瘤医院妇外一科, 830011。E-mail: Donghui555@sina.com

[收稿日期] 2024-09-10 [修回日期] 2024-10-30

(+) 及 55 例 BRCA 突变(−)与测试集 [n=21, 8 例 BRCA 突变(+)及 13 例 BRCA 突变(−)]。采用单及多因素 logistic 回归(LR)分析临床及 CT 资料,筛选 EOC 患者 BRCA 突变的独立预测因素并建立临床模型。基于静脉期 CT 提取及筛选病灶最佳影像组学特征,计算影像组学评分(Radscore),并分别以随机森林(RF)、支持向量机(SVM)和 LR 建立机器学习(ML)模型并选择其中最优者,基于 Radscore 联合独立预测因素构建联合模型。评估各模型预测效能及临床价值。**结果** 人附睾蛋白 4 为 EOC 患者 BRCA 突变的独立预测因素,以之构建的临床模型在训练集和测试集的曲线下面积(AUC)分别为 0.648、0.742。RF、SVM、LR 模型在训练集的 AUC 分别为 0.726、0.763、0.860,在测试集分别为 0.708、0.750、0.700,以 SVM 模型为最优 ML 模型。联合模型在训练集和测试集的 AUC 分别为 0.819、0.783,其在训练集的 AUC 高于临床模型($P=0.022$)。决策曲线分析显示,当阈值大于 0.15 时,联合模型的临床价值高于临床及 SVM 模型。**结论** 静脉期 CT 影像组学联合临床特征能有效预测 EOC 患者 BRCA 突变。

[关键词] 卵巢肿瘤; 乳腺癌易感基因; 体层摄影术; X 线计算机; 影像组学

[中图分类号] R737.31; R814.42 [文献标识码] A [文章编号] 1003-3289(2025)06-0952-06

上皮性卵巢癌(epithelial ovarian cancer, EOC)占所有卵巢癌(ovarian cancer, OC)的 90%以上^[1],与乳腺癌易感基因(breast cancer susceptibility gene, BRCA)密切相关^[2];其中 BRCA 1 或 2 突变所致 OC 占 15%~22%^[3],对铂类等一线化疗药更为敏感,患者无进展生存期及总生存期更长^[4-5],对此类患者以铂类进行化学治疗后以聚腺苷二磷酸核糖聚合酶抑制剂维持治疗可降低 OC 复发率及患者死亡率^[3,5-6]。预测 OC 患者 BRCA 突变状态对于选择治疗方案具有指导意义。本研究观察以静脉期 CT 影像组学^[7]联合临床特征预测 EOC 患者 BRCA 突变的价值。

1 资料与方法

1.1 研究对象 回顾性分析 2020 年 1 月—2024 年 1 月新疆医科大学附属肿瘤医院 111 例 EOC,均为女性,年龄 37~78 岁、平均(53.8±9.6)岁;术前均接受腹盆腔增强 CT 检查,后经手术病理确诊且 BRCA 检测结果明确。排除病灶最大直径<1.5 cm、术前曾接受相关抗肿瘤治疗、患其他恶性肿瘤病史及 CT 图像质量不佳者。按 8:2 比例划分训练集 [n=90, 35 例 BRCA 突变(+)、55 例 BRCA 突变(−)]与测试集 [n=21, 8 例 BRCA 突变(+)、13 例 BRCA 突变(−)]。本研究经院伦理委员会批准(K-2024090);检查前患者均知情同意。

1.2 仪器与方法 采用 GE Light-Speed VCT 多层螺旋 CT 机行仰卧位腹盆腔扫描,范围自膈肌至耻骨联合,管电压 120 kV、自动管电流,矩阵 512×512,层厚及层间距均为 5 mm。平扫结束后经肘静脉以流率 3 ml/s 团注碘海醇(300 mgI/ml)1.5 ml/kg 体质量并延迟 60~

70 s 采集静脉期增强图像。

1.3 分析图像 由 2 名具有 8 年影像学诊断经验的影像科医师(医师 1、2)分析病灶 CT 表现,对存在多发病灶者以最大病灶为靶病灶,之后由 1 名影像科副主任医师(医师 3)加以审核。

1.4 提取影像组学特征 将原始 CT 图像导入 ITK-SNAP(version 3.8.0, <https://www.itksnap.org/>)软件,由 1 名工作 5 年以上的影像科主治医师(医师 4)于静脉期 CT 中逐层手动勾画病灶 ROI(图 1)并获得其感兴趣体积(volume of interest, VOI),再由另 1 名影像科主任医师(医师 5)审核、校正,通过设置 bin 宽度(25 HU)及线性插值算法将原始图像重采样至体素 1 cm×1 cm×1 cm;以 Python 软件的 Pyradiomics 工具包提取 EOC 病灶影像组学特征。

1.5 筛选影像组学特征 对所获影像组学特征行 Z 分数标准化后,采用 t 或 Mann-Whitney U 检验基于训练集进行筛选,保留 $P<0.05$ 者,再以最小绝对收缩和选择算子(least absolute shrinkage and selection operator, LASSO)算法加以选择并行 10 折交叉验证,以二项式偏差达最小 λ 值且系数不为 0 者为最佳特征。

1.6 构建模型及统计学分析 采用 R(版本 4.4.1, <https://www.r-project.org/>)、Python(版本 3.7.0,

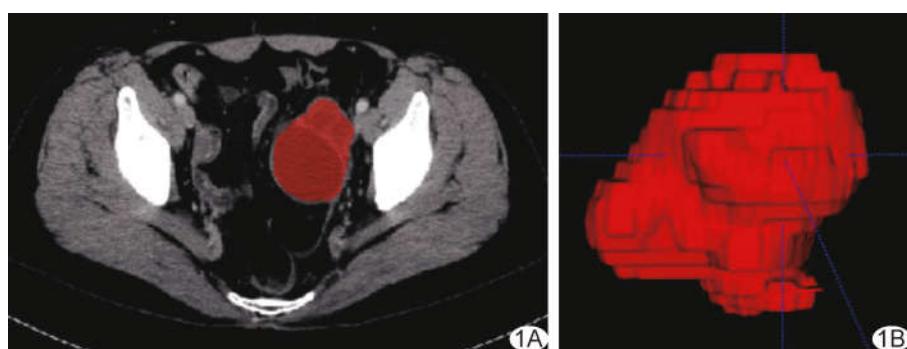


图 1 勾画 EOC ROI 并获得 VOI 示意图 A. 于静脉期 CT 图中勾画病灶 ROI(红色区域); B. 病灶 VOI

<https://www.python.org/>软件。以 $\bar{x} \pm s$ 描述正态分布计量资料,以中位数(上下四分位数)描述不符合者,行独立样本t检验或Mann-Whitney U检验。利用 χ^2 检验或Fisher精确概率法比较计数资料。采用单因素及多因素逐步向后逻辑回归(logistic regression, LR)分析基于训练集筛选临床及CT相关独立预测因素。基于最佳影像组学特征计算影像组学评分(radiomics score, Radscore),并分别以随机森林(random forest, RF)、支持向量机(support vector machine, SVM)和LR建立机器学习(machine learning, ML)模型,以在训练集和测试集预测效能均较高者为最优,基于Radscore联合独立预测因素构建联合模型及列线图。绘制受试者工作特征(receiver

operating characteristic, ROC)曲线,计算曲线下面积(area under the curve, AUC),评估各模型预测效能,并以DeLong检验进行比较。以决策曲线观察各模型临床价值。P<0.05为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 构建模型 训练集和测试集BRCA突变(+)与突变(-)患者糖类抗原(carbohydrate antigen, CA)125及人附睾蛋白4(human epididymis protein 4, HE4)差异均有统计学意义(P均<0.05),其余一般资料及病灶CT表现差异均无统计学意义(P均>0.05),见表1,故仅构建临床模型。单及多因素LR分析显示,HE4为EOC患者BRCA突变的独立预测因素(P=0.037,表2),以之构建临床模型。

表1 111例EOC临床资料及病灶CT表现

集别	年龄(岁)	绝经(例)	家族史(例)	病理类型(例)			
				浆液性癌	黏液性癌	透明细胞癌	子宫内膜样癌
训练集(n=90)							
BRCA突变(+)(n=35)	55.4±10.8	24	3	33	1	1	0
BRCA突变(-)(n=55)	54.5±10.6	36	1	45	1	5	4
t/ χ^2/Z 值	0.388	0.006	—	—	—	—	—
P值	0.699	0.939	0.295*	0.228*	0.381*	0.381*	0.445
测试集(n=21)							
BRCA突变(+)(n=8)	52.1±6.6	4	1	7	0	0	1
BRCA突变(-)(n=13)	55.1±11.8	8	0	13	0	0	0
t/ χ^2/Z 值	-0.746	—	—	—	—	—	—
P值	0.465	0.673*	0.381*	0.381*	0.381*	0.381*	0.445
集别	FIGO分期(例)				CA125(U/ml)	HE4(pmol/L)	CA199(U/ml)
	I	II	III	IV	CA125(U/ml)	HE4(pmol/L)	CA199(U/ml)
训练集(n=90)							
BRCA突变(+)(n=35)	0	3	23	9	1 506.00(770.60,2 655.55)	646.80(348.05,1 128.65)	7.43(3.37,13.19)
BRCA突变(-)(n=55)	4	10	23	18	677.10(320.50,1 825.00)	366.60(137.20,639.12)	7.63(3.42,26.81)
t/ χ^2/Z 值	—	—	—	—	2.960	2.549	-0.076
P值	0.099*	0.099*	0.040	0.040	0.013	0.013	0.445
测试集(n=21)							
BRCA突变(+)(n=8)	0	1	2	5	3 113.15(2 029.08,4 933.80)	1 202.10(778.22,1 500.00)	19.27(8.85,35.14)
BRCA突变(-)(n=13)	1	2	8	2	478.50(291.70,1 184.80)	442.30(291.60,622.70)	7.80(2.00,12.21)
t/ χ^2/Z 值	—	—	—	—	3.364	3.779	1.592
P值	0.112*	0.112*	0.003	0.003	0.001	0.001	0.128
集别	病灶最大径(cm)		病灶位置(例)		病灶边缘(个)		病灶性质(个)
	单侧	双侧	不清	清楚	囊性	实性	—
训练集(n=90)							
BRCA突变(+)(n=35)	7.90(6.25,9.60)	10	25	21	14	13	22
BRCA突变(-)(n=55)	9.30(5.65,12.55)	23	32	35	20	26	29
t/ χ^2/Z 值	-1.734	1.096	—	0.015	—	0.528	—
P值	0.086	0.295	—	0.901	—	0.467	—
测试集(n=21)							
BRCA突变(+)(n=8)	7.55(6.75,9.22)	2	6	6	2	2	6
BRCA突变(-)(n=13)	7.70(5.60,13.10)	5	8	6	7	6	7
t/ χ^2/Z 值	0.090	—	—	—	—	—	—
P值	0.930	0.656*	0.367*	0.367*	0.400*	0.400*	—

待续

续表

集别	腹腔积液(例)			腹膜转移(例)	淋巴结转移(例)	远处转移(例)
	无	少量	大量			
训练集(n=90)						
BRCA 突变(+)(n=35)	4	25	6	29	22	16
BRCA 突变(-)(n=55)	9	38	8	39	36	19
$t/\chi^2/Z$ 值	—			1.070	0.001	0.702
P 值	0.791*			0.301	0.980	0.402
测试集(n=21)						
BRCA 突变(+)(n=8)	1	4	3	6	8	4
BRCA 突变(-)(n=13)	2	9	2	8	10	2
$t/\chi^2/Z$ 值	—			—	—	—
P 值	0.684*			0.656*	0.257*	0.146*

注: * :采用 Fisher 精确概率法

表 2 单及多因素分析筛选 EOC 患者 BRCA 突变的独立预测因素

参数项	单因素分析		多因素分析	
	OR 值(95% CI)	P 值	OR 值(95% CI)	P 值
年龄(岁)	0.984(0.637, 1.510)	0.940	—	—
绝经	1.152(0.470, 2.903)	0.760	—	—
家族史	2.063(0.619, 6.722)	0.168	—	—
病理类型	0.740(0.352, 1.325)	0.351	—	—
FIGO 分期	1.642(0.932, 3.055)	0.099	—	—
CA125(U/ml)	1.757(1.106, 3.141)	0.030	1.527(0.947, 2.725)	0.106
HE4(pmol/L)	1.813(1.175, 2.870)	0.009	1.638(1.034, 2.639)	0.037
CA199(U/ml)	0.509(0.062, 1.031)	0.253	—	—
病灶最大径(cm)	0.790(0.500, 1.217)	0.295	—	—
双侧病灶	1.784(0.716, 4.698)	0.224	—	—
病灶边缘不清	0.845(0.343, 2.033)	0.709	—	—
实性病灶	1.484(0.622, 3.640)	0.378	—	—
腹腔积液	1.559(0.700, 3.615)	0.283	—	—
腹膜转移	2.162(0.789, 6.619)	0.150	—	—
淋巴结转移	0.913(0.376, 2.240)	0.841	—	—
远处转移	2.246(0.924, 5.546)	0.075	—	—

2.2 影像组学特征

共提取 1 317 个影像组学特征, 经 t 检验或 Mann-Whitney U 检验保留 67 个特征, 利用 LASSO 算法筛选出 16 个最佳特征并以之计算 RadScore。见图 2 及表 3。

2.3 构建及筛选机器学习模型

基于最佳影像组学特征构建的 RF、SVM 及 LR 模型在训练集的 AUC 分别为 0.726、0.763 及

0.860, 在测试集分别为 0.708、0.750 及 0.700。LR 模型在训练集的 AUC 高于 RF 模型 ($Z = 2.543, P = 0.011$), 其余模型两两比较差异均无统计学意义 ($Z = -0.744 \sim 1.870, P \text{ 均} > 0.05$)。SVM 为最优 ML 模型。见图 3。

2.4 评估模型效能

临床、SVM 及联合模型在训练

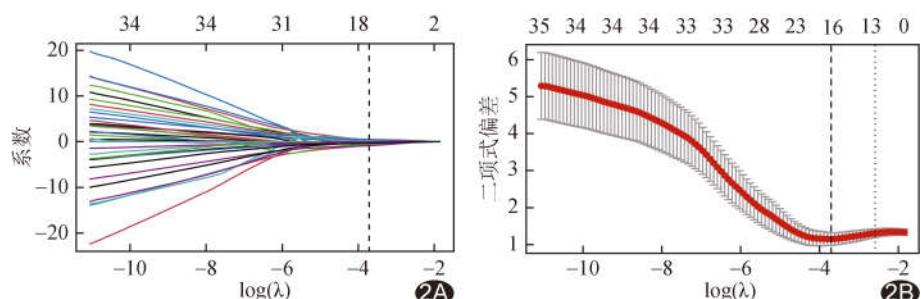


图 2 以 LASSO 算法筛选 EOC 病灶最佳影像组学特征 A. 以 LASSO 算法获得特征系数分布图; B. 根据最佳 λ 值以 10 折交叉验证选出 16 个最佳特征

集的 AUC 分别为 0.648、0.763 及 0.819, 在测试集分别为 0.742、0.750 及 0.783, 见表 4 及图 4。联合模型在训练集的 AUC 高于临床模型 ($Z = -2.304, P = 0.022$), 其余模型两两比较差异均无统计学意义 ($Z = -1.507 \sim -0.342, P \text{ 均} > 0.05$)。联合模型列线图见图 5, 效能见表 4。决策曲线分析图(图 6)显示, 阈值大

于 0.15 时,联合模型的临床价值高于临床及 SVM 模型。

3 讨论

BRCA 突变与 OC 患者家族史、腹膜转移及淋巴结转移相关^[8-11]。BRCA 突变型 OC 患者易发生膈肌上淋巴转移^[9]及腹膜转移^[10], 结节性腹膜转移易发生于 BRCA 突变型 OC 患者, 而侵袭性腹膜转移和肠系膜受累见于 BRCA 野生型 OC 患者^[11]。本研究发现 HE4 水平是 EOC 患者 BRCA 突变的独立预测因素, 提示其可能为 EOC 患者 BRCA 突变的潜在生物学标志物。

LIU 等^[12]基于 T2WI 分别采用 2D 及 3D 方法分割病灶并构建影像组学模型, 发现 3D 模型鉴别卵巢交界性肿瘤与卵巢恶性肿瘤的效能优于 2D 模型。LIU 等^[13]分别以 2D 及 3D CT 影像组学特征及其联

表 3 EOC 病灶 16 个最佳影像组学特征及其系数

影像组学特征	系数
original_shape_Maximum2DDiameterRow	-0.011 011 84
original_glszm_LowGrayLevelZoneEmphasis	0.062 929 73
gradient_glc当地	-0.315 877 52
gradient_glrlm_LongRunEmphasis	-0.127 040 71
gradient_glrlm_LongRunHighGrayLevelEmphasis	-0.019 484 54
logarithm_gldm_SmallDependenceHighGrayLevelEmphasis	-0.137 026 70
logarithm_gldm_SmallDependenceLowGrayLevelEmphasis	-0.476 858 27
logarithm_glszm_GrayLevelNonUniformity	-0.133 731 28
logarithm_glszm_SmallAreaHighGrayLevelEmphasis	-0.027 598 86
square_glc当地	-0.090 423 44
square_glszm_HighGrayLevelZoneEmphasis	0.178 092 43
wavelet-LLH_glc当地_ClusterProminence	0.352 680 35
wavelet-LLH_glrlm_RunVariance	0.029 390 60
wavelet-HLH_glszm_SizeZoneNonUniformity	-0.005 617 91
wavelet-HHH_gldm_HighGrayLevelEmphasis	0.248 398 64
wavelet-LLL_glc当地_Idmn	-0.178 954 56

合构建模型预测 EOC 患者 BRCA 突变, 结果显示 3 种模型的预测效能均良好, 可能由于 CT 所示病灶最大层面 2D ROI 覆盖肿瘤核心区域, 而 3D VOI 能提供中心区域以外的肿瘤异质性信息^[13]。范懿等^[8]基于

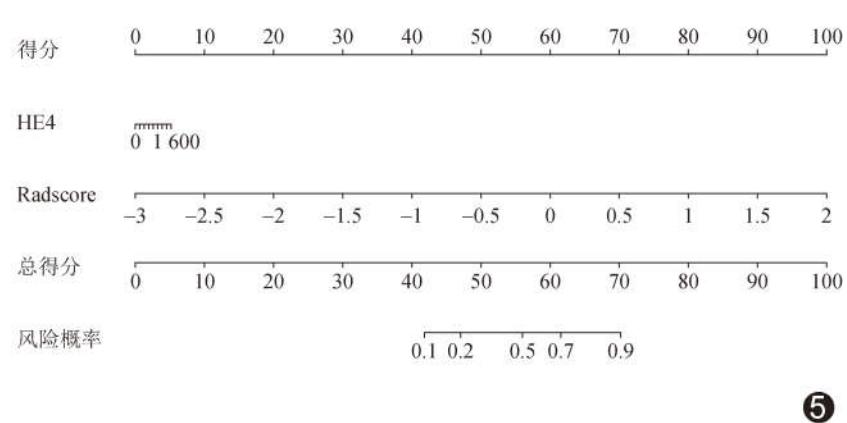
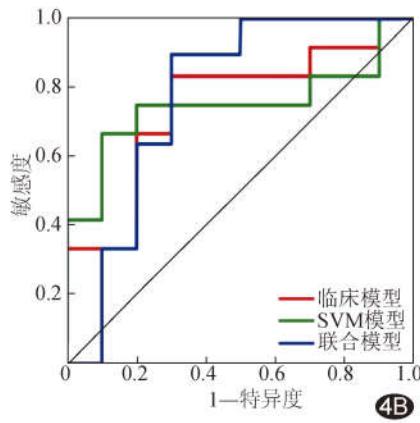
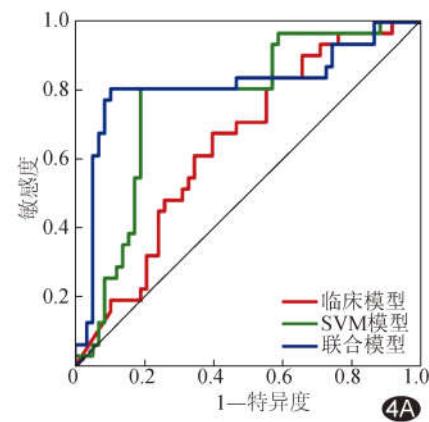
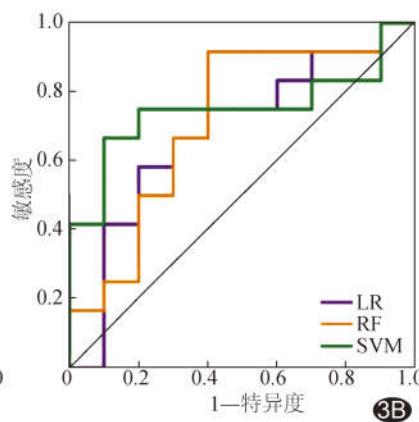
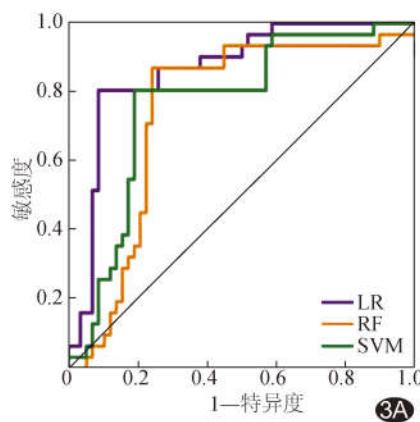


图 3 各 ML 模型预测 EOC 患者 BRCA 突变的 ROC 曲线 A. 训练集; B. 测试集
图 4 各模型预测 EOC 患者 BRCA 突变的 ROC 曲线 A. 训练集; B. 测试集

图 5 联合模型列线图

表4 各模型预测 EOC 患者 BRCA 突变的效能

模型	AUC(95%CI)	敏感度 (%)	特异度 (%)	准确率 (%)
训练集				
临床模型	0.648(0.533,0.764)	60.00	67.27	64.44
RF 模型	0.726(0.637,0.815)	85.71	78.18	81.11
SVM 模型	0.763(0.669,0.858)	80.00	81.82	81.11
LR 模型	0.860(0.781,0.940)	80.00	90.91	86.67
联合模型	0.819(0.732,0.907)	80.00	87.27	84.44
测试集				
临床模型	0.742(0.566,0.917)	62.50	76.92	71.43
RF 模型	0.708(0.563,0.854)	66.67	66.67	66.67
SVM 模型	0.750(0.602,0.898)	66.67	83.33	71.43
LR 模型	0.700(0.523,0.877)	73.33	50.00	66.67
联合模型	0.783(0.613,0.954)	87.50	69.23	76.19

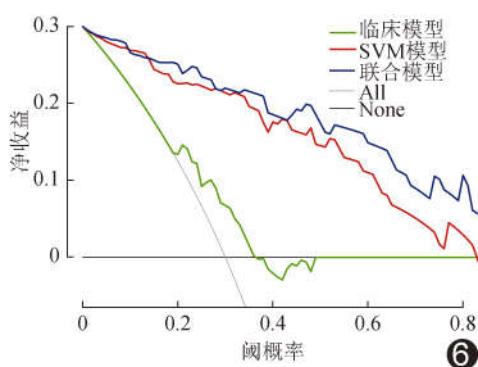


图6 联合模型在测试集的决策曲线分析图

超声影像组学特征采用6种ML方法构建模型,发现其中LR模型最优,以之联合临床特征构建的联合模型预测EOC患者BRCA突变的效能最高。LI等^[11]基于CT表现联合3D纹理特征预测EOC患者BRCA突变的AUC达0.86。本研究决策曲线分析显示,阈值大于0.15时,以EOC病灶的16个静脉期CT最佳影像组学特征联合临床构建的联合模型的临床价值高于单一临床及SVM模型,提示其预测效能更佳。

综上,静脉期CT影像组学联合临床特征能有效预测EOC患者BRCA突变。但本研究为单中心回顾性分析,样本量有限,以手动方法勾画病灶ROI,且缺乏外部验证,有待后续进一步完善。

利益冲突:全体作者声明无利益冲突。

作者贡献:徐梦莉查阅文献、研究实施、数据分析、撰写文章;赵艳萍研究设计、指导及审阅文章;马焱和马尔克亚·卡马力拜克统计分析、修改文章;李莉指导、审阅文章、经费支持。

参考文献

- [1] SIEGEL R L, GIAQUINTO A N, JEMAL A. Cancer statistics, 2024[J]. CA Cancer J Clin, 2024, 74(1):12-49.
- [2] SÁNCHEZ-LORENZO L, SALAS-BENITO D, VILLAMAYOR J, et al. The BRCA gene in epithelial ovarian cancer[J]. Cancers (Basel), 2022, 14(5):1235.
- [3] VAROL U, KUCUKZEYBEK Y, ALACACIOGLU A, et al. BRCA genes: BRCA 1 and BRCA 2[J]. J BUON, 2018, 23(4): 862-866.
- [4] DALY M B, PAL T, BERRY M P, et al. Genetic/familial high-risk assessment: Breast, ovarian, and pancreatic, version 2.2021, NCCN clinical practice guidelines in oncology[J]. J Natl Compr Canc Netw, 2021, 19(1):77-102.
- [5] TAKAYA H, NAKAI H, TAKAMATSU S, et al. Homologous recombination deficiency status-based classification of high-grade serous ovarian carcinoma[J]. Sci Rep, 2020, 10(1):2757.
- [6] SHAO F, DUAN Y, ZHAO Y, et al. PARP inhibitors in breast and ovarian cancer with BRCA mutations: A meta-analysis of survival[J]. Aging (Albany NY), 2021, 13(6):8975-8988.
- [7] 任静,何泳蓝,薛华丹.影像组学在卵巢癌中的研究进展[J].中国医学影像技术,2021,37(5):777-780.
- [8] 范懿,赵高芳,程瑞洪.机器学习结合超声影像组学对上皮性卵巢癌BRCA基因突变亚型的预测价值[J].中国优生与遗传杂志,2024,32(1):174-182.
- [9] AVESANI G, TRAN H E, CAMMARATA G, et al. CT-based radiomics and deep learning for BRCA mutation and progression-free survival prediction in ovarian cancer using a multicentric dataset[J]. Cancers (Basel), 2022, 14(11):2739.
- [10] NOUGARET S, LAKHMAN Y, GÖNEN M, et al. High-grade serous ovarian cancer: Associations between BRCA mutation status, CT imaging phenotypes, and clinical outcomes[J]. Radiology, 2017, 285(2):472-481.
- [11] LI M R, LIU M Z, GE Y Q, et al. Assistance by routine CT features combined with 3D texture analysis in the diagnosis of BRCA gene mutation status in advanced epithelial ovarian cancer[J]. Front Oncol, 2021, 11:696780.
- [12] LIU X, WANG T, ZHANG G, et al. Two-dimensional and three-dimensional T2 weighted imaging-based radiomic signatures for the preoperative discrimination of ovarian borderline tumors and malignant tumors[J]. J Ovarian Res, 2022, 15(1):22.
- [13] LIU M Z, GE Y Q, LI M R, et al. Prediction of BRCA gene mutation status in epithelial ovarian cancer by radiomics models based on 2D and 3D CT images[J]. BMC Med Imaging, 2021, 21(1):180.