

Совместное применение глубокого обучения и радиомических признаков для классификации КТ-изображений легких

Фаридоддин Шариати, В. А. Павлов ✉

Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, Санкт-Петербург, Россия

✉ pavlov_va@spbstu.ru

Аннотация

Введение. В сфере онкологии точная классификация мутаций рака легких играет ключевую роль для развития персонализированных стратегий лечения. Рак легких, отличающийся своей гетерогенностью, представляет значительные трудности в диагностике и лечении, что требует инновационных подходов для точной классификации мутаций.

Цель работы. Введение новой методологии, которая сочетает в себе глубокое обучение и радиомические признаки, извлеченные из изображений компьютерной томографии (КТ), для классификации мутаций рака легких.

Материалы и методы. Адаптирована архитектура ResNet18 для интеграции радиомических признаков непосредственно в рабочий процесс глубокого обучения. Использование сверточной нейронной сети позволило обрабатывать большие объемы данных, превосходя производительность традиционных методов. Анализ включал выявление таких значимых радиомических признаков, как текстура, форма и границы опухолей, которые были автоматически извлечены и использованы для обучения модели. Методика была опробована на обширном наборе данных, содержащем КТ-снимки с различными подтипами рака легких, включая аденокарциному и плоскоклеточный рак.

Результаты. Модель продемонстрировала общую точность классификации мутаций 98.6 %, значительно превысив результаты, достигнутые с использованием традиционных подходов. Высокая точность подтверждает эффективность сочетания радиомических признаков с глубоким обучением в идентификации различных генетических мутаций рака легких. Результаты также указывают на высокий потенциал метода в области разработки неинвазивных диагностических инструментов и улучшения персонализированных подходов к лечению.

Заключение. Подчеркнута важность интеграции высокоуровневых абстракций моделей глубокого обучения с детализированным анализом радиомических данных для повышения предсказательной точности неинвазивных диагностических инструментов, что может значительно усовершенствовать процессы диагностики и разработки лечебных стратегий в онкологии.

Ключевые слова: классификация рака легких, глубокое обучение, радиомика, интеграция признаков, неинвазивная диагностика, персонализированная медицина

Для цитирования: Фаридоддин Шариати, Павлов В. А. Совместное применение глубокого обучения и радиомических признаков для классификации КТ-изображений легких // Изв. вузов России. Радиоэлектроника. 2025. Т. 28, № 1. С. 126–137. doi: 10.32603/1993-8985-2025-28-1-126-137

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Источник финансирования. Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-25-00204, <https://rscf.ru/project/24-25-00204/>.

Статья поступила в редакцию 10.06.2024; принята к публикации после рецензирования 12.09.2024; опубликована онлайн 28.02.2025

Combined Application of Deep Learning and Radiomic Features for Classification of Lung CT Images

Faridoddin Shariaty, Vitalii A. Pavlov ✉

Peter the Great St Petersburg Polytechnic University, St Petersburg, Russia

✉ pavlov_va@spbstu.ru

Abstract

Introduction. In oncology, accurate classification of lung cancer mutations plays a key role in developing personalized treatment strategies. Lung cancer, distinguished by its heterogeneity, presents significant challenges in diagnosis and treatment, requiring innovative approaches for precise mutation classification.

Aim. To introduce a new methodology combining deep learning and radiomic features extracted from computed tomography (CT) images for classification of lung cancer mutations.

Materials and methods. The ResNet18 architecture was adapted to integrate radiomic features directly into the deep learning workflow. The use of a convolutional neural network enabled large volumes of data to be processed, surpassing the performance of conventional methods. The analysis involved identification of significant radiomic features, such as texture, shape, and tumor boundaries, which were automatically extracted and used to train the model. The technique was tested on an extensive dataset containing CT images of various lung cancer subtypes, including adenocarcinoma and squamous cell carcinoma.

Results. The model demonstrated an overall mutation classification accuracy of 98.6 %, significantly exceeding the results achieved using conventional approaches. The high accuracy confirms the effectiveness of combining radiomic features with deep learning in identifying various genetic mutations in lung cancer. The results also indicate the high potential of the method in the development of non-invasive diagnostic tools and improving personalized treatment approaches.

Conclusion. This work emphasizes the importance of integrating high-level abstractions of deep learning models with detailed analysis of radiomic data to enhance the predictive accuracy of non-invasive diagnostic tools, which could significantly improve diagnostic processes and contribute to the development of treatment strategies in oncology.

Keywords: lung cancer classification, deep learning, radiomics, feature integration, non-invasive diagnostics, personalized medicine

For citation: Faridoddin Shariaty, Pavlov V. A. Combined Application of Deep Learning and Radiomic Features for Classification of Lung CT Images. Journal of the Russian Universities. Radioelectronics. 2025, vol. 28, no. 1, pp. 126–137. doi: 10.32603/1993-8985-2025-28-1-126-137

Conflict of interest. The authors declare no conflicts of interest.

Source of funding. This research was funded by Russian Science Foundation (RSF), grant number №24-25-00204. <https://rscf.ru/en/project/24-25-00204/>

Submitted 10.06.2024; accepted 12.09.2024; published online 28.02.2025

Введение. Рак легких остается ведущей причиной смертности от рака во всем мире, при этом немелкоклеточный рак легких (НМРЛ) составляет примерно 85 % всех случаев [1]. Прогноз и лечение рака легких значительно зависят от генетических изменений, среди которых особенно распространены мутации в генах KRAS и EGFR. Эти мутации служат важными биомаркерами для направленной терапии. Например, мутации EGFR связаны с чувствительностью к ингибиторам тирозинкиназы, предлагая персонализированный подход к лечению, кото-

рый значительно улучшил результаты для подгруппы пациентов. В то же время, мутации KRAS, часто указывающие на плохой прогноз и устойчивость к некоторым терапиям, подчеркивают сложность лечения рака легких [2].

Традиционный подход к обнаружению этих мутаций включает инвазивные процедуры биопсии, за которыми следует молекулярный анализ. Однако такие методы несут риски для здоровья пациентов, могут быть неосуществимы для всех пациентов и сталкиваются с гетерогенностью опухолей. В связи с этим возрос интерес к раз-

работке неинвазивных методик, способных точно классифицировать эти генетические мутации. Методы визуализации, особенно компьютерная томография (КТ), предлагают многообещающий путь для изучения таких альтернатив. КТ регулярно используется при диагностике рака легких, обеспечивая богатый источник данных, отражающих биологию опухоли.

Недавние достижения в области радиомики и глубокого обучения открыли новые границы в извлечении и анализе сложных признаков медицинских изображений [3]. Радиомика включает извлечение большого количества признаков из медицинских изображений, которые могут зафиксировать фенотипические признаки опухоли. Эти признаки были связаны с подлежащими моделями генной экспрессии, предлагая неинвазивный способ вывода молекулярного профиля легочных опухолей. С другой стороны, глубокое обучение, особенно сверточные нейронные сети (СНС), продемонстрировало замечательные успехи в задачах распознавания изображений, включая классификацию медицинских изображений. Обучаясь на иерархических представлениях признаков напрямую из данных, СНС могут идентифицировать тонкие паттерны, связанные с конкретными генетическими мутациями.

Недавние достижения в области глубокого обучения предложили новые подходы к классификации и прогнозированию подтипов рака и мутаций непосредственно из изображений. В [4] применили глубокую СНС Inception v3 для классификации гистологических изображений рака легких на подтипы с высокой степенью точности, достигнув среднего значения площади под кривой (AUC) 0.97. Этот подход демонстрирует потенциал моделей глубокого обучения в задаче различения аденокарциномы

(LUAD) и плоскоклеточного рака (LUSC) – двух распространенных подтипов рака легких.

В [5] исследовали возможности слабоконтролируемой модели глубокого обучения для прогнозирования соматических мутаций у пациентов с LUAD. Достижение значения AUC 0.799 для прогнозирования генетических мутаций EGFR подчеркивает перспективность использования вычислительных методов для вывода молекулярных профилей из стандартных патологических образцов, потенциально обходя ограничения, связанные с прямым молекулярным тестированием.

В области неинвазивной диагностики в [6, 7] предложили модель глубокого обучения для предсказания статуса мутации EGFR в аденокарциноме легких с использованием КТ. Модель продемонстрировала высокую прогностическую эффективность со значением AUC 0.85 в основной когорте, что значительно превосходит методы, основанные на ручном извлечении признаков КТ или клинических данных.

Несмотря на потенциал этих технологий, существуют ограничения при их применении. Радиомические признаки, хотя и информативны, могут не охватывать полный спектр информации, доступной в изображениях. Модели глубокого обучения, будучи мощными в извлечении признаков, часто действуют как "черные ящики", предоставляя мало информации относительно признаков, управляющих их прогнозами. Кроме того, производительность этих моделей может значительно зависеть от качества и количества обучающих данных.

Учитывая эти проблемы, очевидна необходимость в инновационных подходах, использующих преимущества радиомики и глубокого обучения для улучшения классификации мутаций KRAS и EGFR при раке легких (рис. 1).

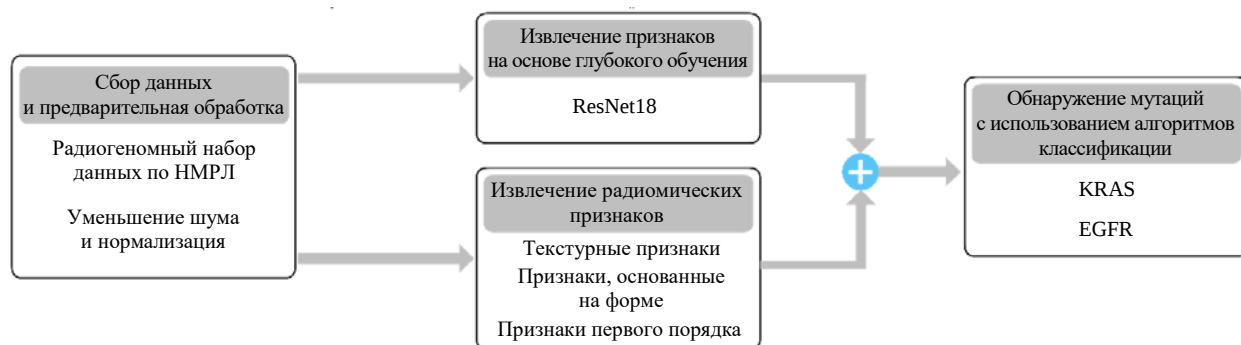


Рис. 1. Блок-схема предлагаемого метода

Fig. 1. Flowchart of the proposed method

Такие подходы должны сочетать детальную фенотипическую информацию, извлеченную радиомическими признаками, с высокоуровневыми возможностями распознавания образов моделей глубокого обучения. Интегрируя эти взаимодополняющие технологии, можно разработать более точные неинвазивные методы для предсказания мутаций рака легких, тем самым способствуя персонализированным стратегиям лечения и в конечном итоге улучшая исходы для пациентов.

В данной статье предлагается новая методология для классификации генетических мутаций в раке легких с помощью КТ через интеграцию глубокого обучения и радиомических признаков, нацеленная на преодоление ограничений текущих методов и полное использование потенциала медицинской визуализации в онкологии.

Сбор и предварительная обработка данных. В описываемом исследовании использовался радиогеномный набор данных, полученный от 211 пациентов с НМРЛ [8, 9], который включает в себя:

- данные КТ – 3195 изображений;
- данные позитронно-эмиссионной томографии (ПЭТ)/КТ;
- семантические аннотации опухолей на медицинских изображениях;
- сегментационные карты опухолевых участков на КТ-изображениях;
- количественные данные, полученные из ПЭТ/КТ-сканов;
- статус генных мутаций и данные РНК-секвенирования из образцов удаленной опухолевой ткани;
- клинические данные, включая информацию о показателях выживаемости пациентов.

Этот набор данных был создан для изучения взаимосвязи между геномными признаками и медицинскими изображениями, а также для разработки и оценки прогностических биомаркеров.

Перед извлечением признаков выполнялась предварительная обработка, которая предусматривала снижение шума с помощью методов фильтрации, нормализацию интенсивности значений для стандартизации яркости и контрастности различных КТ-изображений. Для улучшения

качества изображений и удаления шума перед извлечением признаков использовался фильтр Гаусса, который помогает сглаживать изображения, снижая влияние шумов. Гауссовская фильтрация выполнялась по следующей формуле:

$$G(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} \exp\left(-\frac{x^2 + y^2}{2\sigma^2}\right),$$

где $G(x, y)$ – значение фильтра в точке с координатами x и y ; σ – стандартное отклонение, контролирующее степень сглаживания.

Нормализация выполнялась по следующей формуле:

$$x_{\text{norm}} = \frac{x - x_{\min}}{x_{\max} - x_{\min}},$$

где x – значение интенсивности пикселя; $x_{\min}$ и $x_{\max}$ – минимальное и максимальное значения интенсивности изображения.

Глубокие сверточные признаки. Извлечение глубоких сверточных признаков выполнялось с использованием предварительно обученной СНС ResNet18 [6]. ResNet18 выбрана за ее относительно простую структуру по сравнению с более глубокими моделями, что облегчает быстрое обучение и непосредственную обработку изображений, сохраняя при этом высокую производительность. В описываемой работе ResNet18 используется для извлечения вектора глубоких сверточных признаков посредством удаления слоя классификации. Этот вектор охватывает высокоуровневые представления КТ-изображений, которые модель научилась извлекать в результате обучения на большом количестве КТ-изображений. Ожидается, что эти признаки включают в себя паттерны, связанные с морфологией опухоли, текстурой и, возможно, с косвенными маркерами генетических мутаций. Извлеченные признаки будут использоваться как часть интегрированного набора признаков.

Извлечение признаков радиомики. Признаки радиомики играют ключевую роль в характеристике фенотипического профиля узлов легких на КТ-изображениях. Процесс извлечения начинается с точной сегментации узлов легких, для чего используется либо ручная аннотация опытными радиологами, либо алгоритмы сегментации. Сегментация служит основой для последу-

ющего количественного анализа, где радиомические признаки систематически извлекаются и классифицируются на 3 основные группы: статистика первого порядка, формообразующие признаки и текстурные признаки [10–12].

1. Статистика первого порядка:

1.1. *Средняя интенсивность* указывает на среднюю плотность узла, которую можно изменить такими факторами, как наличие кальцификаций или некроз.

1.2. *Стандартное отклонение* предоставляет информацию о текстуре узла, при этом более однородным узлам соответствует меньшее стандартное отклонение.

1.3. *Асимметрия* определяет, содержит ли узел преимущественно пиксели с высокой или низкой интенсивностью, что может коррелировать с определенными типами легочной патологии.

1.4. *Экссесс*. Статистика первого порядка служит основными дескрипторами гистограммы интенсивности сегментированных участков узлов легких на КТ-изображениях. Они количественно определяют основные свойства распределения интенсивности пикселей, предоставляя информацию о вариативности, асимметрии и выбросах в узле. Эти статистические данные важны для первоначальной характеристики узлов и могут указывать на подлежащие патологические изменения. Вместе эти показатели статистики первого порядка предоставляют всесторонний обзор характеристик интенсивности узлов легких, служа основой для дальнейшего радиомического анализа. Количественно определяя основные свойства распределения пикселей, они предоставляют существенные сведения о гетерогенности и составе проявлений рака легких на КТ-изображениях.

2. Формообразующие признаки. Они включают в себя геометрические характеристики узлов легких и играют ключевую роль в различении доброкачественных и злокачественных образований. Эти признаки, получаемые из сегментированных областей, включают объем, площадь поверхности, сферичность и компактность. Каждый признак предоставляет уникальные сведения о морфологии узла.

2.1. *Объем* узла легких является прямым индикатором его размера, при этом большие объемы часто требуют более тщательного изучения на

предмет потенциальной злокачественности. Объем рассчитывается посредством подсчета общего количества пикселей (или вокселей для трехмерного изображения), составляющих сегментированный узел, и умножения на шаг пикселя (или вокселя) для перевода в физические единицы (например, кубические миллиметры). Объем определяется как

$$V = Nd^3,$$

где N – количество пикселей в узле; d – расстояние между пикселями. Этот показатель важен для мониторинга роста узла со временем, что является важным фактором в диагностике рака легких.

2.2. *Площадь поверхности* дает представление о сложности внешней структуры узла. Более неровная поверхность может указывать на более высокую вероятность злокачественности. Площадь поверхности можно рассчитать с использованием алгоритма "марширующих кубов" или аналогичных техник, которые триангулируют поверхность сегментированного узла:

$$A = \sum_{i=1}^M a_i,$$

где M – общее количество треугольников, аппроксимирующих поверхность узла; a_i – площадь i -го треугольника. Эта аппроксимация предоставляет количественную меру внешней сложности узла.

2.3. *Сферичность* оценивает, насколько близко форма узла соответствует сфере, что часто используется для различения регулярных и нерегулярных узлов. Сферичность определяется как

$$\Psi = \frac{\pi^{1/3} (6V)^{2/3}}{A},$$

где V – объем; A – площадь поверхности узла. Значения сферичности, близкие к 1, указывают на более сферическую форму, в то время как значения, далекие от 1, предполагают нерегулярные формы.

2.4. *Компактность* измеряет плотность формы узла. Она обратно пропорциональна сферичности и может быть выражена как

$$C = \frac{A}{V^{2/3}}.$$

Более высокое значение компактности подразумевает более нерегулярную или сложную форму узла, что может указывать на злокачественные образования.

Эти формообразующие признаки в совокупности предоставляют всесторонний обзор геометрии узла, т. е. ключевые сведения о его потенциальной злокачественности. Количественно оценивая объем, площадь поверхности, сферичность и компактность, радиологи и онкологи могут лучше понять природу узлов легких и принимать обоснованные решения относительно дальнейших диагностических или терапевтических действий.

3. Текстурные признаки. Текстурный анализ в радиомических исследованиях включает в себя извлечение паттернов и признаков, описывающих расположение и взаимосвязь интенсивности пикселей в области интереса. Эти признаки, критически важные для оценки гетерогенности и структурного состава узлов легких, включают энтропию, контраст, однородность и корреляцию.

3.1. *Энтропия* используется для оценки нерегулярности текстуры. Высокие значения энтропии указывают на сложную текстуру с высокой степенью гетерогенности, что часто наблюдается в злокачественных опухолях. Энтропия рассчитывается следующим образом:

$$H = - \sum_{i=0}^{L-1} \sum_{j=0}^{L-1} p(i, j) \log_2 p(i, j),$$

где $p(i, j)$ – нормализованная матрица распределения совпадений интенсивности, представляющая вероятность того, что интенсивность пикселя i находится рядом с интенсивностью пикселя j ; L – количество возможных значений интенсивности.

3.2. *Контраст* количественно оценивает локальные изменения интенсивности пикселя, подчеркивая наличие отчетливых краев или паттернов в узле. Он отражает глубину текстуры и четкость деталей изображения. Более высокие значения контраста связаны с текстурами, содержащими значительные различия между интенсивностями пикселей. Формула для контраста:

$$C = \sum_{n=0}^{N-1} \left[n^2 \sum_{i,j | i-j=n} p(i, j) \right],$$

где N – количество различных уровней интенсивности; n – разница в уровнях интенсивности, которая рассматривается. Этот расчет подчеркивает вклад пар пикселей, значительно различающихся по интенсивности.

3.3. *Однородность* измеряет, насколько согласованной или однородной является текстура. Высокие значения однородности указывают на гладкую, регулярную текстуру, в то время как более низкие значения предполагают наличие разнообразных паттернов и нерегулярностей. Однородность определяется как

$$\Gamma = \sum_{i=0}^{L-1} \sum_{j=0}^{L-1} \frac{p(i, j)}{1 + |i - j|}.$$

Это уравнение взвешивает элементы матрицы распределения совпадений интенсивности обратно пропорционально их расстоянию от диагонали, отдавая предпочтение однородным текстурам, где интенсивности пикселей схожи.

3.4. *Корреляция* оценивает степень линейной зависимости между интенсивностями пикселей в заданном направлении в области интереса. Она помогает определить ориентированные текстуры и структурированные паттерны. Высокая корреляция указывает на сильную связь между уровнями интенсивности пикселей по текстуре. Корреляция рассчитывается следующим образом:

$$\rho = \frac{\sum_{i=0}^{L-1} \sum_{j=0}^{L-1} (i - \mu_i)(j - \mu_j) p(i, j)}{\sigma_i \sigma_j},$$

где μ_i и μ_j – средние значения; σ_i и σ_j – стандартные отклонения сумм строк и столбцов матрицы распределения совпадений интенсивности соответственно. Этот показатель предоставляет сведения о предсказуемости и структуре паттернов текстуры.

Интегрируя эти признаки с полученными с помощью глубокого обучения знаниями, предлагаемый метод обеспечивает многогранное понимание проявлений рака легких, повышая точность и надежность классификации мутаций у пациентов с раком легких.

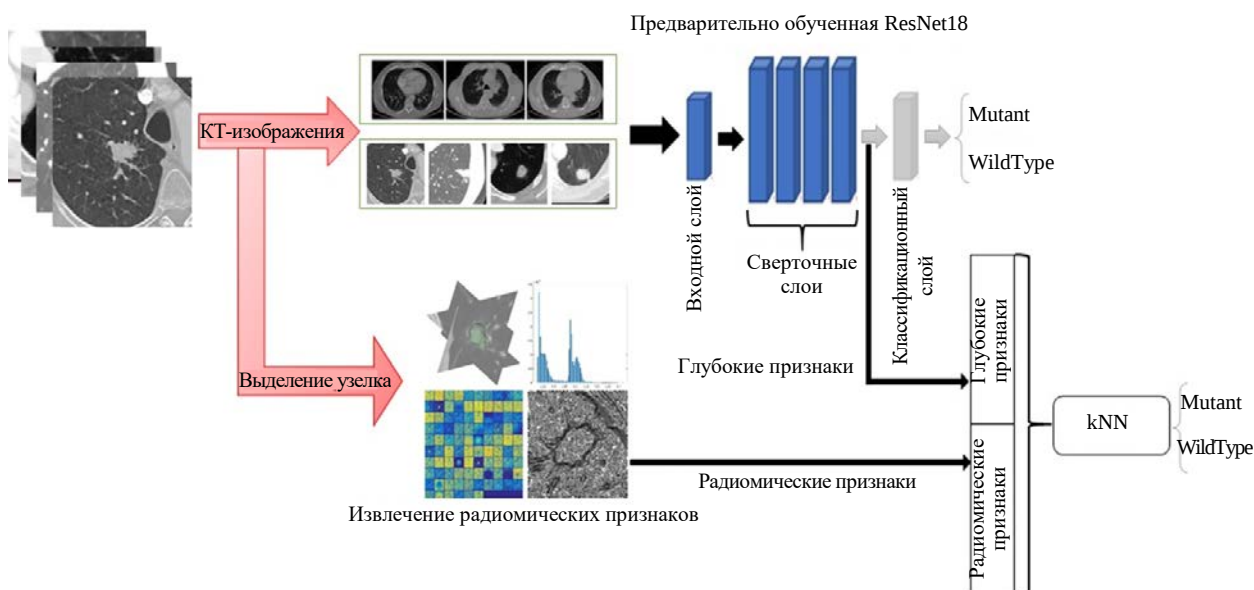


Рис. 2. Интеграция радиомических признаков и глубоких признаков

Fig. 2. Integration of radiomic features and deep features

Интеграция признаков. На рис. 2 представлен процесс формирования и объединения векторов радиомических и глубоких сверточных признаков. Объединенный вектор признаков затем поступает на вход метода k ближайших соседей (k -nearest neighbors algorithm – kNN) для определения наличия мутаций в генах KRAS или EGFR. Таким образом, модель извлекает выгоду как из высокоуровневых абстрактных представлений, полученных ResNet18, так и из клинически значимых понятий, предоставляемых радиомическими признаками. Логика этого подхода заключается в использовании дополняющих друг друга сильных сторон глубокого обучения и радиомики, тем самым повышая прогностическую производительность модели относительно статуса мутаций KRAS и EGFR.

Для оценки эффективности модифицированной модели радиогеномный набор данных был разделен на обучающую и тестовую выборки. В частности, 70 % набора данных выделялось для обучения модели, позволяя ей изучать и адаптироваться к паттернам, связанным с мутациями KRAS и EGFR. Оставшиеся 30 % были зарезервированы для тестирования, служа набором данных, не видимым при обучении, чтобы строго оценить способность модели к обобщению и ее производительность в точной классификации мутаций рака легких. Такое деление обеспечивает сбалансированный подход, предоставляя модели значительное количество

данных для обучения, а также поддерживая строгий стандарт для оценки.

Процесс обучения проводился с использованием стратегии кроссвалидации для точной настройки параметров модели и предотвращения переобучения, что обеспечивает устойчивость модели и хорошую производительность как на данных обучения, так и на невидимых тестовых данных. Кроме того, для всесторонней оценки производительности классификации модели рассчитывались такие показатели производительности, как точность, чувствительность, специфичность и площадь под кривой ROC (AUC). Это дает представление об эффективности модели в различении статусов мутаций на основе КТ-изображений, дополненных радиомическими признаками.

Результаты. В общей сложности было выбрано 1111 КТ-изображений из 3195, которые содержали изображения НМРЛ с маркировкой EGFR или KRAS. 777 изображений были использованы для обучения, а 334 – для тестирования. Распределение изображений по обучающей и тестовой выборкам для каждого класса представлено в табл. 1. Рис. 3 иллюстрирует процесс

Табл. 1. Распределение данных

Tab. 1. Data distribution

Класс	Обучающая выборка	Тестовая выборка
EGFR	370	159
KRAS	407	175

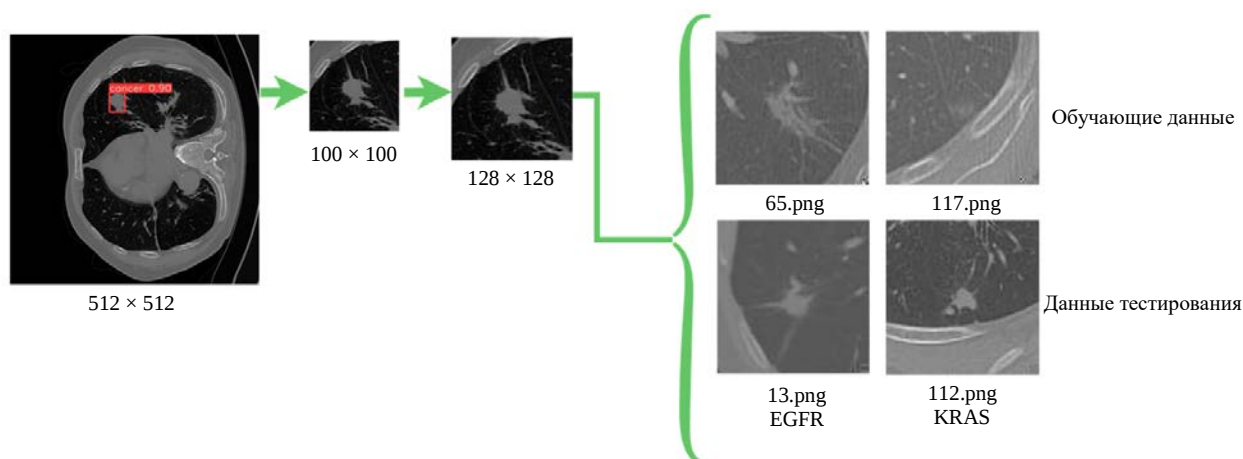


Рис. 3. Блок-схема процесса подготовки набора данных

Fig. 3. Flowchart of the dataset preparation process

формирования набора данных. Здесь же представлены примеры изображений.

Оценка эффективности. Оценка эффективности предложенной модели важна для понимания ее способности классифицировать мутации рака легких на основе интеграции методов глубокого обучения и радиомических признаков.

Эффективность модифицированной модели ResNet18, дополненной радиомическими признаками, оценивалась с использованием стандартных метрик классификации: Accuracy, Sensitivity (истинно положительный коэффициент), Specificity (истинно отрицательный коэффициент) и площадь под кривой рабочих характеристик приемника (AUC). Математически эти метрики определяются следующим образом:

$$\text{Accuracy} = \frac{\text{TP} + \text{TN}}{\text{TP} + \text{TN} + \text{FP} + \text{FN}};$$

$$\text{Sensitivity} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FN}};$$

$$\text{Specificity} = \frac{\text{TN}}{\text{TN} + \text{FP}};$$

$$\text{AUC} = \int_0^1 \text{TPR}(t) d\text{FPR}(t),$$

где TP (истинно положительные результаты) – количество изображений, которые были правильно классифицированы моделью как имеющие определенную мутацию (например, EGFR или KRAS); TN (истинно отрицательные результаты) – количество изображений, которые были правильно классифицированы моделью как не имеющие данной мутации; FP (ложноположительные результаты) – количе-

ство изображений, которые были ошибочно классифицированы как имеющие мутацию, тогда как на самом деле мутация отсутствовала; FN (ложноотрицательные результаты) – количество изображений, которые модель ошибочно классифицировала как не имеющие мутации, хотя она была; TPR(t) – истинно положительный коэффициент при пороге t ; FPR(t) – ложноположительный коэффициент при пороге t .

Результаты классификации мутаций EGFR и KRAS с помощью ResNet18 представлены в табл. 2.

Для классификации мутаций рака легких на основе радиомических признаков был использован метод kNN, результаты классификации представлены в табл. 3.

Табл. 2. Результаты классификации мутаций EGFR и KRAS с помощью ResNet18

Tab. 2. Results of EGFR and KRAS mutation classification using ResNet18

Метрика	EGFR	KRAS
Accuracy, %	94	93
Sensitivity, %	89	91
Specificity, %	92	92
AUC	0.93	0.92

Табл. 3. Результаты классификации мутаций EGFR и KRAS с помощью радиомических признаков и kNN

Tab. 3. Results of EGFR and KRAS mutation classification using radiomic features and kNN

Метрика	EGFR		KRAS	
	Классификатор	Классификатор	Классификатор	Классификатор
	EGFR	KRAS	EGFR	KRAS
Accuracy, %	88	85	89	87
Sensitivity, %	87	84	87	86
Specificity, %	91	87	89	90
AUC	0.902	0.90	0.93	0.91

Табл. 4. Результаты классификации совместной модели (признаки глубокого обучения + радиомика) для определения классов мутаций EGFR и KRAS с использованием kNN

Tab. 4. Classification results of the combined model (deep learning + radiomics features) for EGFR and KRAS mutation class detection using kNN

Metric	EGFR Classifier	KRAS Classifier
Accuracy, %	98.6	97.4
Sensitivity, %	96	95
Specificity, %	97	96
AUC	0.97	0.96

В табл. 4 представлены результаты классификации совместной модели (признаки глубокого обучения + радиомика) для определения классов мутаций EGFR и KRAS с использованием kNN.

Сравнительный анализ этих моделей подчеркивает индивидуальные и комбинированные преимущества подходов глубокого обучения и радиомики. Совместная модель демонстрирует высокие показатели эффективности, подчеркивая преимущество интеграции разнообразных наборов признаков для классификации мутаций рака легких. Такие результаты подтверждают гипотезу о том, что слияние признаков улучшает надежность модели и точность прогнозирования, представляя убедительный аргумент в пользу применения этой методологии в клинической практике.

Обсуждение. Сравним производительность предложенного метода с известными существующими методами в данной области. Точность предложенного метода, характеризующегося интеграцией методов глубокого обучения и радиомических признаков для классификации мутаций рака легких, достигла 98.6 %. В табл. 5 представлен сравнительный анализ эффективности предложенного метода с другими. Для сравнения были выбраны работы: [2], [4–6], [13].

Сравнительный анализ в табл. 5 демонстрирует высокую точность интегрированного

метода на фоне существующих исследований. Особенно высок выигрыш в точности классификации, что подчеркивает преимущества сочетания методов глубокого обучения и радиомических признаков. Хотя прямые сравнения чувствительности, специфичности и AUC затруднены из-за различий в метриках отчетности в разных исследованиях, общая производительность предложенной модели, подтвержденная высоким уровнем точности и предполагаемыми улучшениями других метрик, указывает на значительный шаг вперед в классификации мутаций рака легких [14, 15].

Выводы. В статье представлен метод классификации мутаций рака легких посредством интеграции глубокого обучения с радиомическими признаками, извлеченными из КТ-изображений. Точность метода составила 98.6 %, что подчеркивает потенциал сочетания разнообразных вычислительных техник для улучшения точности диагностики без инвазивных вмешательств. Разработанная методология демонстрирует ценность использования как глубоких признаков, так и подробной информации, предоставляемой радиомикой, облегчая более тонкий анализ данных визуализации. Такие достижения позволяют усовершенствовать диагностический процесс, сократить необходимость в инвазивных биопсийных процедурах и использовать более целенаправленные терапевтические стратегии.

Описанное исследование вносит важный вклад в применение вычислительных методов для диагностики рака, открывая перспективу для разработки более персонализированных подходов к лечению в онкологии. Дальнейшие исследования будут направлены на решение этих задач, стремясь полностью реализовать потенциал вычислительных техник для улучшения понимания и лечения рака.

Табл. 5. Сравнительный анализ эффективности

Tab. 5. Comparative Performance Analysis

Исследование	Методология	Accuracy, %	Sensitivity, %	Specificity, %	AUC
[4]	Глубокое обучение (Inception v3)	–	–	–	0.97
[5]	Глубокое обучение (CHC)	–	–	–	0.79
[13]	Глубокое обучение (КТ)	77	85	79	0.85
[6]	Глубокое обучение + Клинико-демографическая информация	–	78.3	77	0.71
[2]	Глубокое обучение (MPT)	89	68.7	97	0.91
Предложенный метод	Глубокое обучение + Радиомика	98.6	96	97	0.97

Список литературы

1. Применение модели внешнего вида текстуры для сегментации легочных узлов при компьютерной томографии грудной клетки / Фаридоддин Шариати, В. А. Павлов, С. В. Завьялов, Махди Оруджи, Т. М. Первунина // Изв. вузов России. Радиоэлектроника. 2022. Т. 25, № 3. С. 96–117.
doi: 10.32603/1993-8985-2022-25-3-96-117
2. Predicting EGFR mutation status by a deep learning approach in patients with non-small cell lung cancer brain metastases / O. Haim, S. Abramov, B. Shofty, C. Fanizzi, F. DiMeco, N. Avisdris, Z. Ram, M. Artzi, R. Grossman // J. of Neuro-Oncology. 2022. Vol. 157, iss. 1. P. 63–69.
doi: 10.21203/rs.3.rs-1020480/v1
3. Personalized Chemotherapy Selection for Lung Cancer Patients Using Machine Learning and Computed Tomography / M. Skalunova, Faridoddin Shariaty, S. Rozov, A. Reza Radmard // Intern. Conf. on Electrical Engineering and Photonics (EExPolytech), St Petersburg, Russia, 19–20 Oct. 2023. IEEE, 2023.
doi: 10.1109/EExPolytech58658.2023.10318700
4. Classification and mutation prediction from non-small cell lung cancer histopathology images using deep learning / N. Coudray, P. S. Ocampo, T. Sakellaropoulos, N. Narula, M. Snuderl, D. Fenyö, A. L. Moreira, N. Razavian, A. Tsirigos // Nature medicine. 2018. Vol. 24, iss. 10. P. 1559–1567.
doi: 10.1038/s41591-018-0177-5
5. Predicting oncogene mutations of lung cancer using deep learning and histopathologic features on whole-slide images / N. Tomita, L. J. Tafe, A. A. Suriawinata, G. J. Tsongalis, M. Nasir-Moin, K. Dragnev, S. Hassanpour // Translational Oncology. 2022. Vol. 24. P. 101494.
doi: 10.1016/j.tranon.2022.101494
6. Predicting EGFR mutation status in lung adenocarcinoma on computed tomography image using deep learning / S. Wang, J. Shi, Z. Ye, Di Dong, D. Yu, M. Zhou, Y. Liu, O. Gevaert, K. Wang, Y. Zhu, H. Zhou, Z. Liu, J. Tian // European Respiratory J. 2019. Vol. 53, iss. 3. P. 1800986.
doi: 10.1183/13993003.00986-2018
7. Integrating Deep Learning and Explainable AI for Non-Invasive Prediction of EGFR and KRAS Mutations in NSCLC: A Novel Radiogenomic Approach / Faridoddin Shariaty, V. A. Pavlov, S. V. Fedyashina, N. A. Serebrennikov // V Intern. Conf. on Neural Networks and Neurotechnologies (NeuroNT), St Petersburg, Russia, 20 June 2024. IEEE, 2024.
doi: 10.1109/NeuroNT62606.2024.10585441
8. A radiogenomic dataset of non-small cell lung cancer / S. Bakr, O. Gevaert, S. Echegaray, K. Ayers, M. Zhou, M. Shafiq, H. Zheng, J. A. Benson, W. Zhang, A. N. C. Leung, M. Kadoch, C. D. Hoang, J. Shrager, A. Quon, D. L. Rubin, S. K. Plevritis, S. Napel // Scientific data. 2018. Vol. 5, iss. 1. P. 1–9.
doi: 10.1038/sdata.2018.202
9. Data for NSCLC Radiogenomics. URL: <https://www.cancerimagingarchive.net/collection/nsclc-radiogenomics/> (дата обращения 15.04.2024)
10. Radiomics analysis on CT images for prediction of radiation-induced kidney damage by machine learning models / S. Amiri, M. Akbarabadi, F. Abdolali, A. Nikoofar, A. J. Esfahani, S. Cheraghi // Computers in Biology and Medicine. 2021. Vol. 133. P. 104409.
doi: 10.1016/j.combiomed.2021.104409
11. The impact of the variation of imaging parameters on the robustness of Computed Tomography radiomic features: A review / R. Reiazi, E. Abbas, P. Famiyeh, A. Rezaie, J. Y. Y. Kwan, T. Patel, S. V. Bratman, T. Tadic, F.-F. Liu, B. Haibe-Kains // Computers in Biology and Medicine. 2021. Vol. 133. P. 104400.
doi: 10.1016/j.combiomed.2021.104400
12. Machine learning-based prognostic modeling using clinical data and quantitative radiomic features from chest CT images in COVID-19 patients / I. Shiri, M. Sorouri, P. Geramifar, M. Nazari, M. Abdollahi, Y. Salimi, B. Khosravi, D. Askari, L. Aghaghazvini, G. Hajianfar, A. Kasaeian, H. Abdollahi, H. Arabi, A. Rahmim, A. R. Radmard, H. Zaidi // Computers in biology and medicine. 2021. Vol. 132. P. 104304.
doi: 10.1016/j.combiomed.2021.104304
13. Comparative analysis of machine learning approaches to classify tumor mutation burden in lung adenocarcinoma using histopathology images / A. Sadhwani, H.-W. Chang, A. Behrooz, T. Brown, I. Auvigne-Flament, H. Patel, R. Findlater, V. Velez, F. Tan, K. Tekiela, E. Wulczyn, E. S. Yi, C. H. Mermel, D. Hanks, P.-H. Cameron Chen, K. Kulig, C. Batenchuk, D. F. Steiner, P. Cimerancic // Scientific reports. 2021. Vol. 11, iss. 1. P. 16605.
doi: 10.1038/s41598-021-95747-4
14. Taranova D., Shariaty F. Radiomic analysis for prediction of T stage parameter (T1-T2) in lung cancer patients // Неделя науки ИЭиТ, Санкт-Петербург, 14–18 нояб. 2022. С. 77–80.
15. A Novel Gene Assay Combined with Medical Imaging for Accurate Prognosis and Prediction of Cancer Type / F. Shariaty, L. Duan, V. Pavlov, M. Mousavi, T. Pervunina // Intern. Conf. on Electrical Engineering and Photonics (EExPolytech), SPb., 20–21 Oct. 2022. IEEE, 2022. P. 118–121.
doi: 10.1109/EExPolytech56308.2022.9950997

Информация об авторах

Шариати Фаридоддин – магистр по направлению "Инфокоммуникационные технологии и системы связи" (2021, Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого), ассистент Высшей школы прикладной физики и космических технологий Института электроники и телекоммуникаций Санкт-Петербургского политехнического университета Петра Великого. Автор 30 научных публикаций. Сфера науч-

Совместное применение глубокого обучения и радиомических признаков

для классификации КТ-изображений легких

Combined Application of Deep Learning and Radiomic Features for Classification of Lung CT Images

ных интересов – обработка изображений; обработка сигналов; компьютерное зрение; машинное обучение.

Адрес: Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, ул. Политехническая, д. 29, Санкт-Петербург, 195251, Россия

E-mail: shariati2.f@edu.spbstu.ru

<https://orcid.org/0000-0002-7060-8826>

Павлов Виталий Александрович – кандидат технических наук (2020), доцент (2023) Высшей школы прикладной физики и космических технологий Института электроники и телекоммуникаций Санкт-Петербургского политехнического университета Петра Великого. Автор 40 научных публикаций. Сфера научных интересов – обработка сигналов; обработка изображений; компьютерное зрение; машинное обучение, глубокое обучение.

Адрес: Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, ул. Политехническая, д. 29, Санкт-Петербург, 195251, Россия

E-mail: pavlov_va@spbstu.ru

<https://orcid.org/0000-0003-0726-6613>

References

1. Faridoddin Shariaty, Pavlov V. A., Zavjalov S. V., Mahdi Orooji, Pervunina T. M. Application of a Texture Appearance Model for Segmentation of Lung Nodules on Computed Tomography of the Chest. *J. of the Russian Universities. Radioelectronics*. 2022, vol. 25, no. 3, pp. 96–117.
doi: 10.32603/1993-8985-2022-25-3-96-117
2. Haim O., Abramov S., Shofty B., Fanizzi C., DiMeco F., Avidris N., Ram Z., Artzi M., Grossman R. Predicting EGFR Mutation Status by a Deep Learning Approach in Patients with Non-Small Cell Lung Cancer Brain Metastases. *J. of Neuro-Oncology*. 2022, vol. 157, iss. 1, pp. 63–69.
doi: 10.21203/rs.3.rs-1020480/v1
3. Skalunova M., Faridoddin Shariaty, Rozov S., Reza Radmard A. Personalized Chemotherapy Selection for Lung Cancer Patients Using Machine Learning and Computed Tomography. 2023 Intern. Conf. on Electrical Engineering and Photonics (EExPolytech), St Petersburg, Russia, 19–20 Oct. 2023. IEEE, 2023.
doi: 10.1109/EExPolytech58658.2023.10318700
4. Coudray N., Ocampo P. S., Sakellaropoulos T., Narula N., Snuderl M., Fenyo D., Moreira A. L., Razavian N., Tsigos A. Classification and Mutation Prediction from Non-Small Cell Lung Cancer Histopathology Images Using Deep Learning. *Nature Medicine*, 2018, vol. 24, iss. 10, pp. 1559–1567.
doi: 10.1038/s41591-018-0177-5
5. Tomita N., Tafe L. J., Suriawinata A. A., Tsongalis G. J., Nasir-Moin M., Dragnev K., Hassanpour S. Predicting Oncogene Mutations of Lung Cancer Using Deep Learning and Histopathologic Features on Whole-Slide Images. *Translational Oncology*. 2022, vol. 24, p. 101494.
doi: 10.1016/j.tranon.2022.101494
6. Wang S., Shi J., Ye Z., Dong D., Yu D., Zhou M., Liu Y., Gevaert O., Wang K., Zhu Y., Zhou H., Liu Z., Tian J. Predicting EGFR Mutation Status in Lung Adenocarcinoma on Computed Tomography Image Using Deep Learning. *European Respiratory J.* 2019, vol. 53, iss. 3, p. 1800986.
doi: 10.1183/13993003.00986-2018
7. Faridoddin Shariaty, Pavlov V. A., Fedyashina S. V., Serebrennikov N. A. Integrating Deep Learning and Explainable AI for Non-Invasive Prediction of EGFR and KRAS Mutations in NSCLC: A Novel Radiogenic Approach. V Intern. Conf. on Neural Networks and Neurotechnologies (NeuroNT), St Petersburg, Russia, 20 June 2024. IEEE, 2024.
doi: 10.1109/NeuroNT62606.2024.10585441
8. Bakr S., Gevaert O., Echegaray S., Ayers K., Zhou M., Shafiq M., Zheng H., Benson J. A., Zhang W., Leung A. N. C., Kadoch M., Hoang C. D., Shrager J., Quon A., Rubin D. L., Plevritis S. K., Napel S. A Radiogenomic Dataset of Non-Small Cell Lung Cancer. *Scientific Data*. 2018, vol. 5, iss. 1, pp. 1–9.
doi: 10.1038/sdata.2018.202
9. Data for NSCLC Radiogenomics. Available at: <https://www.cancerimagingarchive.net/collection/nsclc-radiogenomics/> (accessed 15.04.2024)
10. Amiri S., Akbarabadi M., Abdolali F., Nikoofar A., Esfahani A. J., Cheraghi S. Radiomics Analysis on CT Images for Prediction of Radiation-Induced Kidney Damage by Machine Learning Models. *Computers in Biology and Medicine*. 2021, vol. 133, p. 104409.
doi: 10.1016/j.compbiomed.2021.104409
11. Reiazi R., Abbas E., Famiyeh P., Rezaie A., Kwan J. Y. Y., Patel T., Bratman S. V., Tadic T., Liu F.-F., Haibe-Kains B. The Impact of the Variation of Imaging Parameters on the Robustness of Computed Tomography Radiomic Features: A Review. *Computers in Biology and Medicine*. 2021, vol. 133, p. 104400.
doi: 10.1016/j.compbiomed.2021.104400
12. Shiri I., Sorouri M., Geramifar P., Nazari M., Abdollahi M., Salimi Y., Khosravi B., Askari D., Aghaghazvini L., Hajianfar G., Kasaeian A., Abdollahi H., Arabi H., Rahmim A., Radmard A. R., Zaidi H. Machine Learning-Based Prognostic Modeling Using Clinical Data and Quantitative Radiomic Features from Chest CT Images in COVID-19 Patients. *Computers in Biology and Medicine*. 2021, vol. 132, p. 104304.
doi: 10.1016/j.compbiomed.2021.104304
13. Sadhwani A., Chang H.-W., Behrooz A., Brown T., Auvigne-Flament I., Patel H., Findlater R., Velez V., Tan F., Tekiela K., Wulczyn E., Yi E. S., Mermel C. H., Hanks D., Cameron Chen P.-H., Kulig K., Batenchuk C., Steiner D. F., Cimermancic P. Comparative Analysis of Machine Learning Approaches to Classify Tumor Mutation Burden in Lung Adenocarcinoma Using Histopathology Images. *Scientific reports*. 2021, vol. 11, iss. 1, p. 16605.
doi: 10.1038/s41598-021-95747-4

14. Taranova D., Shariaty F. Radiomic Analysis for Prediction of T Stage Parameter (T1-T2) in Lung Cancer Patients. *Nedelya nauki IEiT*, SPb., 14–18 Nov. 2022, pp. 77–80.

15. Shariaty F., Duan L., Pavlov V., Mousavi M., Pervunina T. A Novel Gene Assay Combined with

Medical Imaging for Accurate Prognosis and Prediction of Cancer Type. Intern. Conf. on Electrical Engineering and Photonics (EExPolytech), SPb., 20–21 Oct. 2022. IEEE, 2022, pp. 118–121.

doi: 10.1109/EExPolytech56308.2022.9950997

Information about the authors

Shariati Faridoddin, Master in Infocommunication technologies and communication systems (2021, Peter the Great St Petersburg Polytechnic University), Assistant of Higher School of Applied Physics and Space Technologies of Institute of Electronics and Telecommunications of Peter the Great St. Petersburg Polytechnic University. The author of 30 scientific publications. Area of expertise: signal processing; image processing; computer vision; machine learning.

Address: Peter the Great St Petersburg Polytechnic University, 29 Politekhnikeskaya St., St Petersburg 195251, Russia

E-mail: shariati2.f@edu.spbstu.ru

<https://orcid.org/0000-0002-7060-8826>

Vitalii A. Pavlov, Cand. Sci. (Eng.) (2020), Associate professor (2023) of Higher School of Applied Physics and Space Technologies of Institute of Electronics and Telecommunications of Peter the Great St Petersburg Polytechnic University. The author of 40 scientific publications. Area of expertise: signal processing; image processing; computer vision; machine learning; deep learning.

Address: Peter the Great St Petersburg Polytechnic University, 29 Politekhnikeskaya St., St Petersburg 195251, Russia

E-mail: pavlov_va@spbstu.ru

<https://orcid.org/0000-0003-0726-6613>
