

· 临床研究 · doi:10.3969/j.issn.1671-8348.2024.03.016

网络首发 [https://link.cnki.net/urlid/50.1097.r.20231030.1611.006\(2023-11-01\)](https://link.cnki.net/urlid/50.1097.r.20231030.1611.006(2023-11-01))

基于 LASSO 变量选择联合贝叶斯网络构建乳腺癌患者 5 年预后风险模型的建立与预测*

闫 慈, 古丽努尔·阿卜杜热合曼, 张 旭, 孙 刚[△]

(新疆医科大学附属肿瘤医院信息管理与大数据中心, 乌鲁木齐 830011)

[摘要] **目的** 利用最小绝对收缩和选择算法(LASSO)回归和贝叶斯网络构建乳腺癌患者 5 年预后风险预测模型, 以期探讨乳腺癌预后的因果联系和危险因素。**方法** 回顾性分析新疆医科大学附属肿瘤医院乳腺癌专病库系统中 2010 年 1—12 月首诊为乳腺癌的 17 104 例患者的病例资料, 包括人口统计学、病理、免疫组织化学、治疗信息等共 76 个指标。通过 LASSO 回归筛选出与乳腺癌预后明显相关的影响因素, 借助贝叶斯网络分析影响因素间的相互作用并评价模型预测性能。**结果** LASSO 回归筛选出 18 个与乳腺癌患者 5 年预后强相关的变量, 分别是年龄、民族、初潮年龄、肿瘤分期、肿瘤家族史、是否绝经、手术分组、复发转移、组织学分级、雌激素受体状态、孕激素受体状态、Ki-67 表达水平、HER2 Fish 状态、放疗、化疗、靶向治疗、内分泌治疗、新辅助治疗。贝叶斯网络模型发现雌激素受体状态、孕激素受体状态、Ki-67 表达水平与放疗、化疗等中间节点联系, 间接地影响乳腺癌患者 5 年预后情况, Ki-67 表达水平与 HER2 Fish 状态间接连接靶向治疗, 而靶向治疗又是乳腺癌患者生存结局的父节点。模型评价发现贝叶斯网络模型的分类型准确率为 82.0%, 曲线下面积为 0.813。**结论** 本研究构建的基于 LASSO 变量选择联合贝叶斯网络构建的乳腺癌 5 年生存预后风险预测模型具有良好的预测价值。

[关键词] 乳腺癌; 最小绝对收缩和选择算法; 贝叶斯网络; 预测; 数据挖掘

[中图分类号] R737.9

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-8348(2024)03-0405-06

Establishment and prediction of 5-year prognostic risk model for breast cancer patients based on LASSO variable selection combined with Bayesian network*

YAN Ci, GULINUER · Abudureheman, ZHANG Xu, SUN Gang[△]

(Information Management and Big Data Center, Affiliated Tumor Hospital of Xinjiang Medical University, Urumqi, Xinjiang 830011, China)

[Abstract] **Objective** To construct a 5-year prognostic risk prediction model for breast cancer patients by using the least absolute shrinkage and selection algorithm (LASSO) regression and Bayesian network, in order to explore the causal relationship and risk factors of breast cancer prognosis. **Methods** The clinical data of 17 104 patients with breast cancer who were first diagnosed from January to December 2010 in the breast cancer database system of the Affiliated Tumor Hospital of Xinjiang Medical University were retrospectively analyzed, including 76 indicators such as demographics, pathology, immunohistochemistry, and treatment information. LASSO regression was used to screen out the influencing factors that were significantly related to the prognosis of breast cancer. Bayesian network was used to analyze the interaction between the influencing factors and evaluate the prediction performance of the model. **Results** LASSO regression screened 18 variables strongly related to the 5-year prognosis of breast cancer patients, namely age, nationality, menarche age, tumor stage, family history of tumor, menopause, surgical grouping, recurrence and metastasis, histological grade, estrogen receptor status, progesterone receptor status, Ki-67 expression level, HER2 Fish status, radiotherapy, chemotherapy, targeted therapy, endocrine therapy, neoadjuvant therapy. The Bayesian network model found that estrogen receptor status, progesterone receptor status, Ki-67 expression level were associated with intermediate nodes such as radiotherapy and chemotherapy, which indirectly affected the 5-year prognosis of breast cancer patients. Ki-67 expression level was indirectly connected with HER2 Fish status. Targeted therapy, which was the parent node of the survival outcome of breast cancer patients. The model evaluation found that the classification accuracy of the Bayesian network model was 82.0%, and the area under the curve

* 基金项目: 国家卫生健康委医院管理研究所乳腺癌单病种诊疗能力提升项目(RXDBZ-2022-06); 新疆维吾尔自治区自然科学基金项目(2022D01C788); 新疆医科大学医学科学研究所开放课题资助项目(YXYJ20230302)。 [△] 通信作者, E-mail: sung853219@126.com。

was 0.813. **Conclusion** The 5-year survival prognosis risk prediction model of breast cancer based on LASSO variable selection combined with Bayesian network constructed in this study has good predictive value.

[Key words] breast cancer; the least absolute shrinkage and selection operator regression; bayesian network; prediction; data mining

据 2020 全球癌症统计显示,乳腺癌占总体癌症发病的 11.7%,其发病率和病死率均位于女性癌症首位^[1]。通过将数据挖掘技术应用于癌症领域,深刻挖掘乳腺癌的预后机制,对乳腺癌患者的生存具有重大现实意义。预后分析中广泛采用 COX 回归模型预测患者的生存率^[2],该模型要求自变量间相互独立^[3]。但在医学数据中,海量的临床数据间常呈现共线性和高冗余性^[4],此时 COX 回归不再适用。贝叶斯网络通过构建有向无环图直观反映多因素间的潜在关系^[5],利用条件概率分布反映关系强度^[6]。最小绝对收缩和选择算法(the least absolute shrinkage and selection operator, LASSO)回归在处理多重共线性数据时具有明显优势^[7]。因此,本研究利用 LASSO 回归和贝叶斯网络构建乳腺癌患者 5 年预后风险预测模型,以期探讨乳腺癌预后的因果联系并发现未知或潜在的危险因素,现报道如下。

1 资料与方法

1.1 一般资料

回顾性分析本院乳腺癌专病库系统中 2010 年 1—12 月 17 104 例患者的病例资料。纳入标准:(1)首诊为乳腺癌;(2)女性;(3)患者随访结局与基线信息完整。排除标准:(1)存在多原发肿瘤;(2)无 5 年随访结局。

1.2 方法

1.2.1 LASSO 回归

LASSO 回归是一种处理复共线性数据的有偏估计^[8]。它通过把一些不重要变量的回归系数压缩到零达到变量筛选的目的,进而获得更高的模型预测精度和概化能力^[11],使得模型更易解释^[9]。模型在 lambda.1se 时可得到 1 个具备优良性能但自变量个数最少的模型^[10]。

1.2.2 贝叶斯网络

贝叶斯网络通过构建有向无环图反映变量间的交互作用和概率依赖关系^[13]。图的节点表示各变量,有向边表示变量间依赖关系。在以乳腺癌预后为目的的研究中,通过寻找与乳腺癌随访结局相关的变量及其变量间的相关关系达到辅助临床识别乳腺癌预后影响因素及相互作用关系的目的^[14]。

1.2.3 模型评价指标及验证

选取准确率、F 值、曲线下面积(area under curve, AUC)、95%CI 作为模型评价指标。此外,为了避免数据过拟合,模型更稳定可靠,研究将数据集按 6:2:2 比例划分为训练集、验证集、测试集,用训练集训练模型,验证集调节超参数,测试集评估模型的性能。

1.3 统计学处理

采用 R4.2.2 软件 glmnet、bnlearn 包分别完成 LASSO 回归和贝叶斯网络,贝叶斯网络图形绘制在 Netica32.0 软件完成,在 Weka3.8.5 软件评价 LASSO 变量选择联合贝叶斯网络的预测性能,计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,计数资料以例数表示。

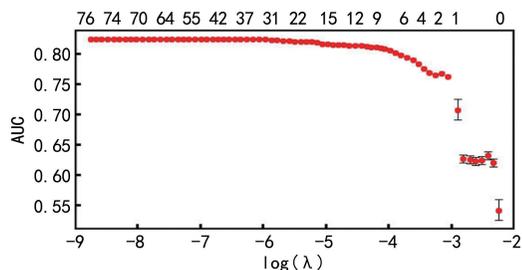
2 结果

2.1 数据情况

以患者的年龄、婚姻状态等人口统计学指标,肿瘤分期、雌激素受体等病理、免疫组织化学指标,手术、放化疗等共 75 个指标为模型的自变量,患者 5 年的生存结局为因变量,变量的详细信息详见表 1。在首诊的乳腺癌患者中生存 14 598 例,平均年龄(50.4±10.5)岁;死亡 2 417 例,平均年龄(52.5±12.8)岁;5 年生存患者平均随访时间为(84.9±33.7)个月,死亡患者平均随访时间为(37.1±27.1)个月。

2.2 LASSO 特征选择

LASSO 回归结果显示,lambda.1se 为 0.412 7 时,共筛选出与乳腺癌预后强相关的 18 个变量,分别是年龄、民族、初潮年龄、肿瘤分期、肿瘤家族史、是否绝经、手术分组、复发转移、组织学分级、雌激素受体状态、孕激素受体状态、Ki-67 表达水平、HER2 Fish 状态、放疗、化疗、靶向治疗、内分泌治疗、新辅助治疗,见图 1。



上横坐标对应此时模型中非零系数的个数。

图 1 基于 LASSO 回归模型特征选择

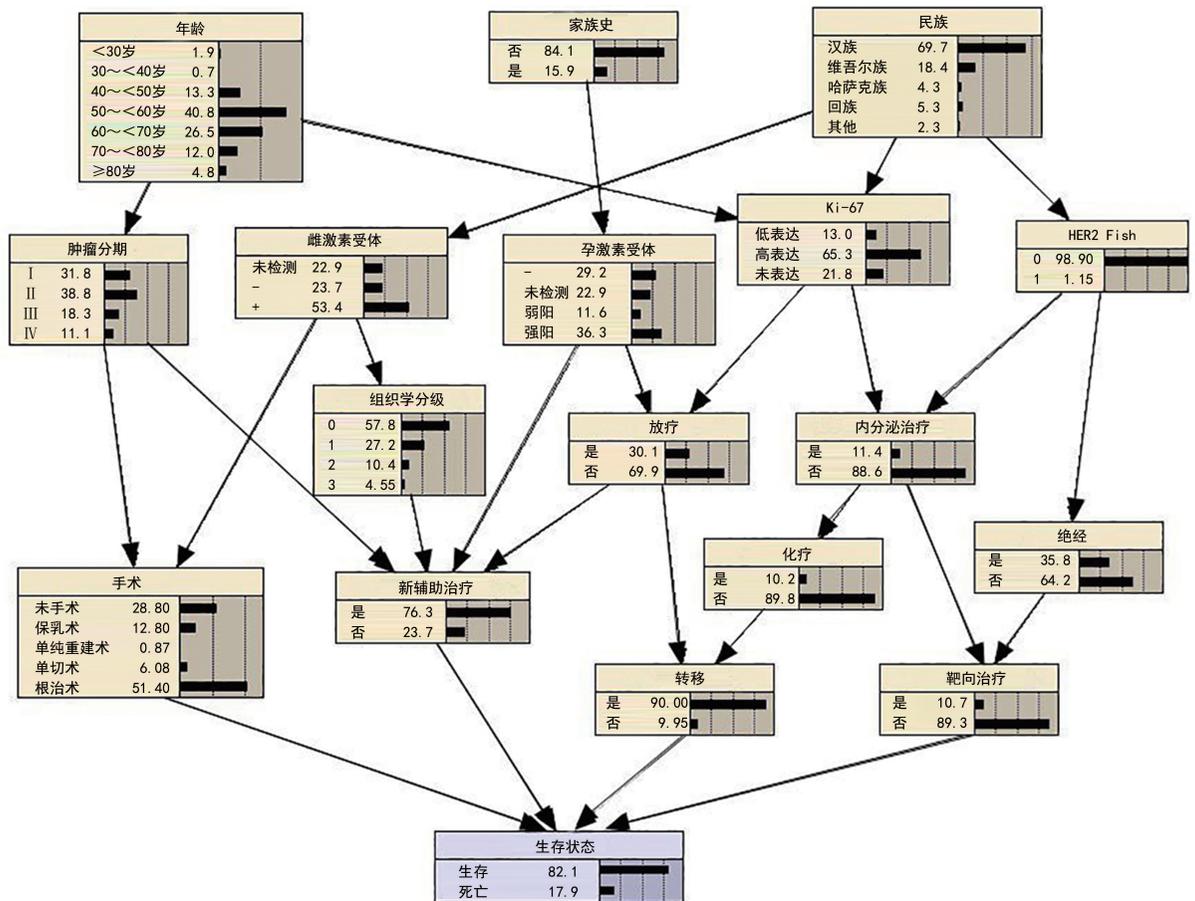
2.3 贝叶斯网络模型构建

按照 LASSO 回归筛选的变量构建含有 18 个节点、28 条有向边的贝叶斯网络预测模型,并获得各节点的条件概率。各变量通过复杂的网络关系与乳腺癌生存结局建立联系,见图 2。雌激素受体状态、孕激素受体状态、Ki-67 表达水平与放疗、化疗等中间节点联系,间接影响乳腺癌患者预后情况的发生,Ki-67 表达水平与 HER2 Fish 状态间接连接靶向治疗,而靶向治疗又是乳腺癌患者生存结局的父节点,提示 Ki-67 表达水平与 HER2 Fish 状态影响乳腺癌患者预后情况的发生。

2.4 贝叶斯网络模型推理

贝叶斯网络图已知任意节点组合信息都可以通过上述贝叶斯模型估计乳腺癌生存预后情况发生的概率。如年龄<30岁、肿瘤Ⅰ期、保乳术、放疗后的乳

腺癌患者发生死亡的概率为 10.0%；年龄>50岁、肿瘤Ⅳ期、化疗后的乳腺癌患者预后死亡的概率为 68.2%，见图 3。



图中数据均为百分数。

图 2 LASSO 特征选择联合贝叶斯网络风险预测模型图

表 1 基线表格

序号	变量名	变量类型	取值分布
1	年龄	定性	<30岁=0,30~<40岁=1,40~<50岁=2,50~<60岁=3,60~<70岁=4,70~<80岁=5,≥80岁=6
2	婚姻状态	定性	未婚=0,已婚=1,丧偶=2,离婚=3,其他=4
3	职业	定性	农民=0,专业技术或行政管理=1,商业、服务业人员=2,家务或下岗=3
4	文化程度	定性	小学及以下=0,初中=1,中专/高中=2,大学及以上=3
5	民族	定性	汉族=0,维吾尔族=1,哈萨克族=2,回族=3,其他=4
6	医疗付款方式	定性	社会基本医疗保险=0,商业保险=1,自费医疗=2,公费医疗=3,大病统筹=4,其他=5
7	BMI	定量	
8	体表面积	定量	
9	KPS 评分	定量	
10	肿瘤家族史	定性	否=0,是=1
11	乳腺癌家族史	定性	否=0,是=1
12	生育史	定性	否=0,是=1
13	初产年龄	定量	
14	末次生产年龄	定量	
15	生育次数	定量	
16	流产次数	定量	
17	哺乳史	定性	否=0,是=1
18	哺乳时间	定量	

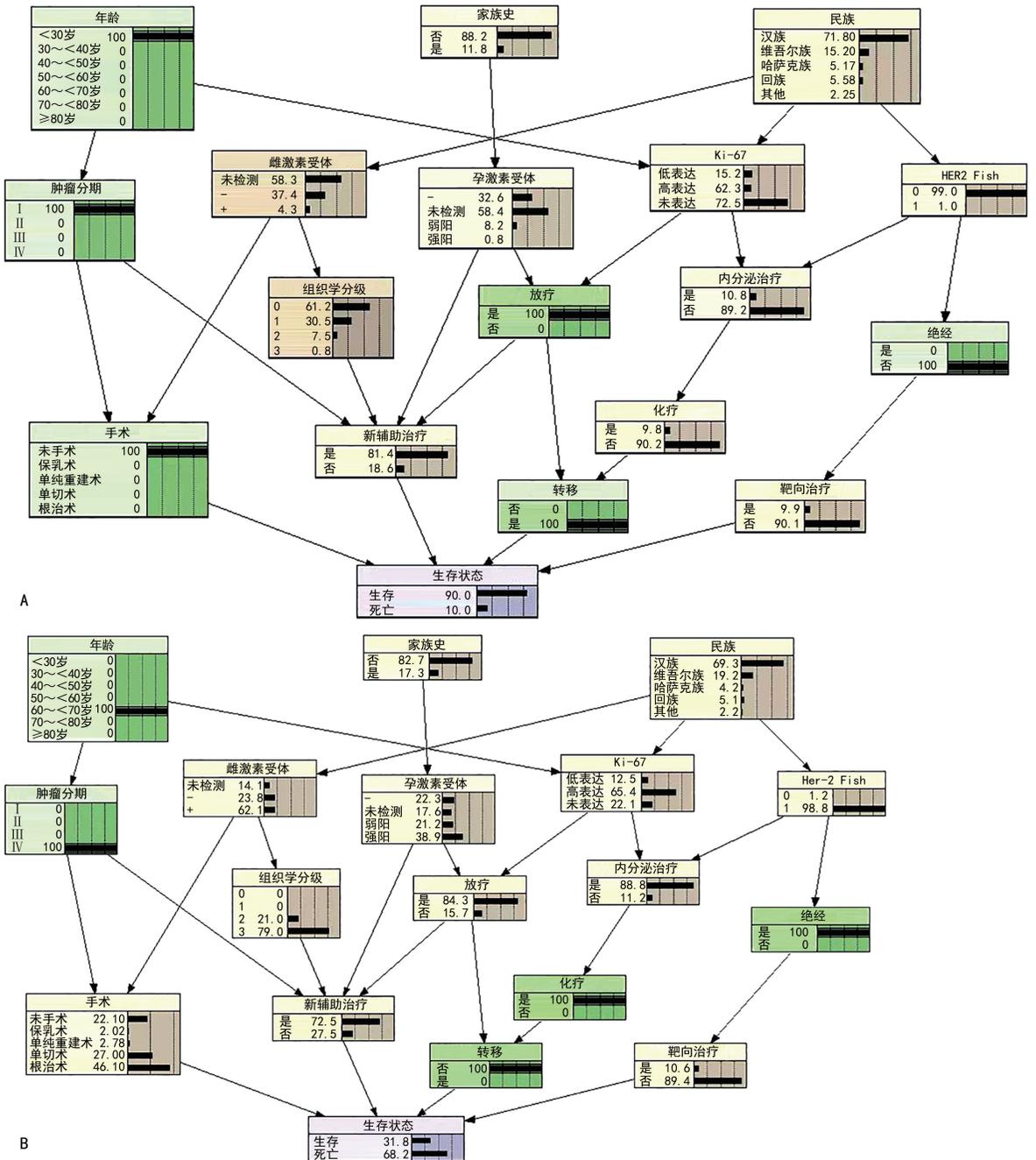
续表 1 基线表格

序号	变量名	变量类型	取值分布
19	初潮年龄	定量	
20	是否绝经	定性	否=0,是=1
21	绝经年龄	定量	
22	乳头外观	定性	正常=0,乳头凹陷=1,乳头偏斜=2,乳头抬高=3,乳头回缩=4
23	乳头溢液情况	定性	正常=0,无溢液=1,乳汁=2,浆液=3,脓液=4,血液=5
24	乳头溢液部位	定性	非患侧=0,患侧=1,双侧=2
25	乳头溢液孔	定性	无=0,单孔=1,多孔=2
26	乳房包块数目	定性	无=0,单发=1,多发=2
27	乳房包块距乳头距离	定量	
28	乳房包块大小	定量	
29	乳房包块位置	定性	外上象限=0,外下象限=1,内上象限=2,内下象限=3
30	乳房包块活动度	定性	固定=0,活动度可=1,活动度差=2
31	乳房包块表面皮肤外观	定性	皮肤正常无红肿=0,红肿=1,酒窝征=2,橘皮样改变=3,皮温升高=4,凹陷=5,卫星结节=6,破溃=7,出血=8,红肿=9,酒窝征=10,搔痒=11,糜烂/破溃/结痂/脱屑=12
32	乳房包块表面皮肤光滑程度	定性	表面光滑=0,欠光滑=1
33	乳房包块痛感	定性	无=0,有=1
34	乳房包块质地	定性	质硬=0,质软=1,质韧=2
35	乳房包块边缘情况	定性	边缘规则=0,不规则=1
36	乳晕水肿	定性	否=0,是=1,未知=2
37	疼痛情况	定性	无=0,乳腺包块疼痛=1,其他部位疼痛=2
38	腋窝肿块	定性	腋窝无肿块=0,腋窝淋巴结肿大=1
39	腋窝淋巴结肿大	定性	否=0,是=1
40	锁骨上淋巴结肿大	定性	否=0,是=1
41	肝转移	定性	否=0,是=1
42	肺转移	定性	否=0,是=1
43	脑转移	定性	否=0,是=1
44	骨转移	定性	否=0,是=1
45	骨髓转移	定性	否=0,是=1
46	脊髓转移	定性	否=0,是=1
47	淋巴结转移	定性	否=0,是=1
48	淋巴结转移数目	定量	
49	肿瘤分期	定性	I=0,II=1,III=2,IV=3
50	T分期	定性	T1=0,T2=1,T3=2,T4=3
51	N分期	定性	N0=0,N1=1,N2=2,N3=3
52	M分期	定性	M0=0,M1=1
53	ER/HER2 阳性率	定量	
54	组织学分级	定性	0=0,1=1,2=2,3=3
55	是否双乳癌	定性	否=0,是=1
56	雌激素受体	定性	未检测=0,-=1,+ =2
57	孕激素受体	定性	未检测=0,-=1,弱阳=2,强阳=3
58	Ki-67 表达水平	定性	未表达=0,低表达=1,高表达=2
59	HER2 Fish 状态	定性	0=0,1=1
60	是否乳腺癌手术	定性	否=0,是=1
61	HER2	定性	未扩增=0,扩增=1
62	手术部位	定性	左乳=1,右乳=2,双乳=3
63	手术类型	定性	保乳手术=1,改良根治术=2,单纯切除术=3,其他=4
64	麻醉分级	定性	ASA P1 级=0,ASA P2 级=1,ASA P3 级=2,ASA P4 级=3,ASA P5 级=4,ASA P6 级=5
65	手术分级	定性	一级手术=0,二级手术=1,三级手术=2,四级手术=3
66	切口等级	定性	0=0,I=1,II=2,III=3,IV=4

续表 1 基线表格

序号	变量名	变量类型	取值分布
67	手术持续时间	定量	
68	腔镜手术	定性	否=0,是=1
69	身体状态 ASA 分级	定性	健康=0,伴轻病=1,伴重病=2,伴危病=3,濒死=4
70	围术期预防使用抗菌药物	定性	否=0,是=1
71	化疗	定性	否=0,是=1
72	放射治疗	定性	否=0,是=1
73	靶向治疗	定性	否=0,是=1
74	内分泌治疗	定性	否=0,是=1
75	新辅助治疗	定性	否=0,是=1
76	生存状态	定性	否=0,是=1

ASA:美国麻醉医师协会。



A: 年龄<30岁、肿瘤I期、保乳术、放疗后的乳腺癌患者复发转移、死亡概率预测; B: 年龄>50岁、肿瘤IV期、化疗后的乳腺癌患者复发转移、死亡概率预测; 图中数据均为百分数。

图 3 贝叶斯网络风险预测模型推理

2.4 预测性能评价

贝叶斯网络模型性能显示,验证集的分类准确率为 84.0%,AUC 为 0.841,测试集预测准确率为 82.0%,AUC 值为 0.813,提示贝叶斯网络风险预测模型性能良好,见表 2。

表 2 乳腺癌患者风险预测模型评价

项目	n	准确率(%)	F	AUC	95%CI
训练集	10 312	89.6	0.876	0.868	0.812~0.879
验证集	3 436	84.0	0.817	0.841	0.801~0.857
测试集	3 436	82.0	0.800	0.813	0.769~0.828

3 讨论

尽管应用多种手段进行治疗,但乳腺癌患者的预后仍不令人满意^[16]。因此,寻找乳腺癌预测指标至关重要。

医学数据常具有高维性、高冗余性和交互性^[17],此时使用以变量独立性为条件的 logistic 回归模型分析时会因变量间的多重共线性问题而错误估计变量效应^[18]。因此,如何在海量变量中筛选出性能最好的变量,又能避免模型过拟合是大数据分析的关键问题之一。LASSO 回归的特点是在拟合广义估计方程的同时进行变量筛选,从而有效解决变量共线性问题并最终获得精简的统计模型^[19]。本研究 LASSO 回归筛选出的与乳腺癌预后强相关的变量均在研究中得到证实^[20-21]。

贝叶斯网络模型有助于揭示影响乳腺癌患者预后各危险因素之间复杂的网络关系^[22]。本研究发现年龄、肿瘤分期是乳腺癌患者 5 年预后的上一级节点,说明乳腺癌患者 5 年预后与年龄、肿瘤分期密切相关,这与杜婧等^[23]研究结果一致。雌激素受体状态、孕激素受体状态、Ki-67 表达水平与放疗、化疗等中间节点联系,间接地影响乳腺癌 5 年生存预后情况的发生。同时,Ki-67 表达水平与 HER2 Fish 状态间接连接靶向治疗,而靶向治疗又是乳腺癌生存结局的父节点,这提示 Ki-67 表达与乳腺癌患者 5 年不良预后的发生存在伴随关系。其原因可能为 Ki-67 表达水平可以反映肿瘤增殖能力^[24],表达水平越高,乳腺癌恶性程度更高,容易导致患者治疗不彻底,治疗后肿瘤更易复发转移,进而影响预后^[25]。

综上所述,乳腺癌预后影响因素众多且存在纷繁复杂的交互作用。年龄、肿瘤分期、手术方式、放疗、化疗、雌激素受体状态、孕激素受体状态、Ki-67 表达水平与乳腺癌患者预后结局密切相关,或可作为评估乳腺癌患者 5 年预后的潜在指标。基于 LASSO 回归联合贝叶斯网络分析构建的乳腺癌患者预后风险预测模型在影响因素分析中更符合实际理论,在乳腺癌患者 5 年预后风险预测方面具有较好的临床应用价值。

参考文献

- [1] 丁贤彬,吕晓燕,焦艳,等. 2012—2020 年重庆市女性乳腺癌疾病负担变化趋势[J]. 癌症,2022,41(5):226-234.
- [2] SUNG H, FERLAY J, SIEGEL R L, et al. Global cancer statistics 2018: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries[J]. CA: Cancer J Clin, 2021, 71(3): 209-249.
- [3] 潘明月,赵佳鑫,黄海群,等. 网络化认知行为疗法在乳腺癌患者中的研究进展[J]. 中华护理杂志,2022,57(3):363-367.
- [4] 蒲星月,马原,钟志刚. 2006—2020 年中国女性乳腺癌死亡趋势分析:基于年龄-时期-出生队列模型[J]. 卫生经济研究,2023,40(2):28-33.
- [5] 宋秋月,李芳,陈佳,等. 医学统计学不同教学方法效果及满意度比较的贝叶斯网络 meta 分析[J]. 中国卫生统计,2022,39(3):370-375.
- [6] 夏文俊,于斐,胡鹏远,等. 基于机器学习算法和生物信息学技术构建的肺癌与肺结核鉴别诊断模型及其初步评价[J]. 山东医药,2023,63(5):11-14.
- [7] 王旭春,宋伟梅,翟梦梦,等. 基于 ElasticNet 和贝叶斯网络模型的肝硬化并发肝性脑病相关因素分析[J]. 现代预防医学,2021,48(9):1705-1709.
- [8] 陈良冬,卓德强,龚静,等. 基于贝叶斯网络模型分析甲状腺乳头状癌患者术后低钙血症发生的相关因素[J]. 疑难病杂志,2022,21(4):344-349.
- [9] 奚丽婧,郭昭艳,杨雪珂,等. LASSO 及其拓展方法在回归分析变量筛选中的应用[J]. 中华预防医学杂志,2023,57(1):107-111.
- [10] 潘有蓉,王水,张倩. 基于 Nomogram 模型建立乳腺癌根治术病人术中压力性损伤风险模型及护理策略[J]. 护理研究,2022,36(24):4351-4357.
- [11] 杜也,米热阿依·阿布都热孜克,左冉,等. 基于 LASSO 回归筛选影响乳腺癌患者预后的糖酵解相关基因[J]. 中国肿瘤临床,2023,50(1):16-21.
- [12] 曲南坤,梁爽,孔启超,等. 基于 SEER 数据库建立三阴性乳腺癌预后预测模型列线图[J]. 重庆医学,2021,50(20):3457-3462,3468.
- [13] 王旭春,宋伟梅,翟梦梦,等. 基于 ElasticNet 和贝叶斯网络模型的肝硬化并发肝性脑病相关因素分析[J]. 现代预防医学,2021,48(9):1705-1709.
- [14] 孙芳,许永波,崔广和,等. 基于(下转第 417 页)

- 泌体通过自噬对肾小管上皮细胞凋亡的抑制作用研究[J]. 重庆医学, 2023, 52(15): 2255-2266.
- [18] YE X, ZHOU X J, ZHANG H. Autophagy in immune-related renal disease [J]. J Immunol Res, 2019, 2019: 5071687.
- [19] SATO S, KITAMURA H, ADACHI A, et al. Two types of autophagy in the podocytes in renal biopsy specimens: ultrastructural study [J]. J Submicrosc Cytol Pathol, 2006, 38(2/3): 167-174.
- [20] LIU N, SHI Y, ZHUANG S. Autophagy in chronic kidney diseases [J]. Kidney Dis, 2016, 2(1): 37-45.
- [21] BHATIA D, CHOI M E. Autophagy in kidney disease: advances and therapeutic potential [J]. Prog Mol Biol Transl Sci, 2020, 172: 107-133.
- [22] REN J, WEI H, SUN J, et al. GSK3 β -dependent lysosome biogenesis: an effective pathway to mitigate renal fibrosis with LM49 [J]. Front Pharmacol, 2022, 13: 925489.
- [23] YUAN H, ZHENG C, ZHU L, et al. Contribution of TFEB-mediated autophagy to tubulointerstitial fibrosis in mice with adenine-induced chronic kidney disease [J]. Biomed Pharmacoth-
- er, 2021, 133: 110949.
- [24] NAKAMURA S, AKAYAMA S, YOSHIMORI T. Autophagy-independent function of lipidated LC3 essential for TFEB activation during the lysosomal damage responses [J]. Autophagy, 2021, 17(2): 581-583.
- [25] WAN Q, ZHOU J, WU Y, et al. TNF- α -mediated podocyte injury via the apoptotic death receptor pathway in a mouse model of IgA nephropathy [J]. Ren Fail, 2022, 44(1): 1216-1226.
- [26] CHANG M, YANG B, LI L, et al. Modified Huangqi Chifeng Decoction attenuates proteinuria by reducing podocyte injury in a rat model of immunoglobulin a nephropathy [J]. Front Pharmacol, 2021, 12: 714584.
- [27] 赵明明. 基于 PI3K/Akt/mTOR 及 AMPK/mTOR 通路调控自噬探讨加味黄芪赤风汤保护足细胞机制 [D]. 北京: 中国中医科学院, 2022.

(收稿日期: 2023-05-23 修回日期: 2023-11-07)

(编辑: 张芃捷)

(上接第 410 页)

- 超声特征构建机器学习模型预测浸润性乳腺癌 Luminal 分型 [J]. 实用医学杂志, 2022, 38(18): 2279-2283.
- [15] 肖琦琪, 李智, 石晶, 等. 基于 HER2 阳性晚期乳腺癌患者预后因素分析的回顾性研究及预后模型的建立 [J]. 中国医科大学学报, 2021, 50(1): 57-62.
- [16] 成娟, 梁轩, 郑森爽, 等. 基于 Lasso logistic 回归模型的乳腺癌高风险人群筛查利用相关因素研究 [J]. 中华疾病控制杂志, 2018, 22(6): 551-554.
- [17] 包兴, 卫鑫, 白明华, 等. 乳腺癌保乳术后及乳房重建术后患者放疗期间 CBCT 验证摆位误差分析 [J]. 重庆医学, 2023, 52(4): 481-485.
- [18] 徐凡, 陈国栋, 张一帆, 等. 体重指数与乳腺癌相关性的研究进展 [J]. 中国老年学杂志, 2023, 43(1): 232-238.
- [19] 王思聪, 石超珺, 滕斌, 等. 贝叶斯网络模型在体检结果分析中的应用 [J]. 中国卫生统计, 2020, 37(6): 832-834.
- [20] 张振, 田雪飞, 郜文辉, 等. 基于决策树及贝叶斯网络建立原发性肝癌肝郁脾虚证诊断模型研究 [J]. 中国中医药信息杂志, 2020, 27(9): 115-120.
- [21] 古丽娜扎尔·艾克拜尔, 刘亚洁, 加依娜·拉兹别克, 等. 基于贝叶斯网络乌鲁木齐市老年肺结核治疗结局因果效应分析 [J]. 现代预防医学, 2020, 47(5): 788-794.
- [22] 尹玢璨, 辛世超, 张晗, 等. 基于 SEER 数据库应用贝叶斯网络构建亚洲肿瘤患者预后模型: 以非小细胞肺癌为例 [J]. 数据分析与知识发现, 2017, 38(2): 41-46.
- [23] 杜婧, 滕婧, 马卞, 等. 基于贝叶斯方法的乳腺癌预后分析 [J]. 计算机工程与应用, 2020, 56(3): 146-151.
- [24] 李皓晨, 齐滢滢, 张翀, 等. 基于贝叶斯网络的肾综合征出血热发病率预测模型研究 [J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2021, 32(4): 475-480.
- [25] 杨青. 基于改进贝叶斯网络的乳腺癌预后模型的研究与应用 [D]. 合肥: 安徽大学, 2020.

(收稿日期: 2023-03-08 修回日期: 2023-10-20)

(编辑: 袁皓伟)