



未来一瞥：整合人工智能以实现HER2阳性乳腺癌精准管理

邓鑫霈^{1#}, 闫艺萱^{2#}, 詹泽凯^{3#}, 谢锦东^{1#},
唐海林¹, 邹宇田^{1*}, 涂剑^{4*}, 刘鹏^{1*}

1. 中山大学肿瘤防治中心,
华南肿瘤国家重点实验室, 广东省肿瘤临床研究中心
2. 中山大学光华口腔医学院
3. 中山大学医学院
4. 桂林医科大学药学院



Xinpei Deng, Yixuan Yan, Zekai Zhan, Jindong Xie, Hailin Tang, Yutian Zou, Jian Tu, Peng Liu. 2024. A glimpse into the future: Integrating artificial intelligence for precision HER2-positive breast cancer management.

iMetaOmics 1: e19. <https://doi.org/10.1002/imo2.19>



亮点

- 回顾了人工智能在辅助HER2状态评估和抗HER2治疗预测的应用。
- 总结了目前基于病理学和影像学的诊断和预测模型的研究进展和应用。
- 讨论了人工智能在抗HER2治疗领域的困境以及未来发展方向。



背景介绍

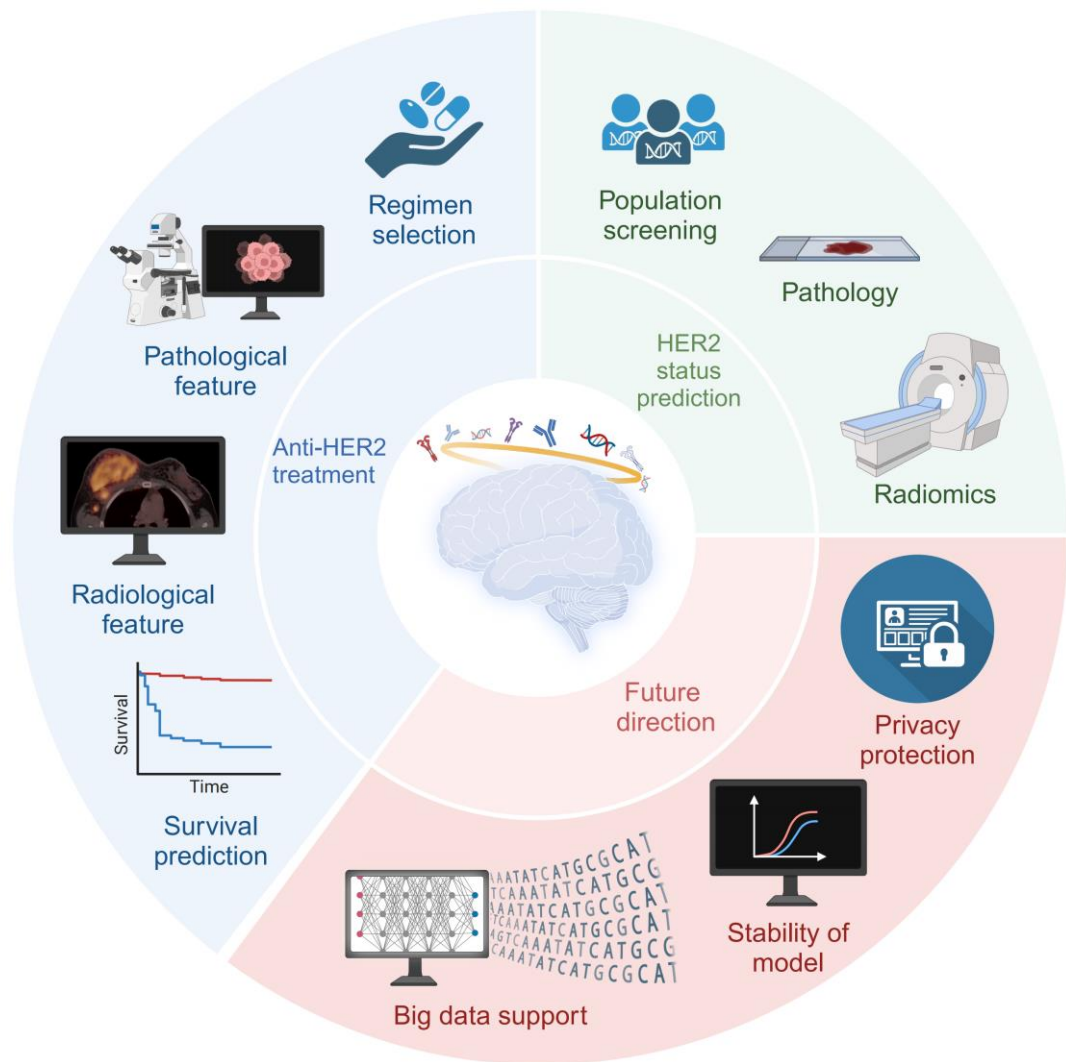
乳腺癌是女性中最常见的疾病之一，可以使用病理结果分为四个亚型。HER2阳性乳腺癌占有所有病例的15-20%，预后较差。HER2癌基因在乳腺癌进展中起着至关重要的作用，使其成为有效的治疗目标。抗HER2疗法包括治疗性抗体、抗体药物偶联物、酪氨酸激酶抑制剂和联合疗法。FDA在1998年批准了曲妥珠单抗作为最重要的治疗性抗体，此后还发现了帕妥珠单抗和马吉妥昔单抗等新的抗体。新的药物代理已经开发出来，用于肿瘤的靶向药物输送和酪氨酸激酶的抑制。尽管这些药物代理有价值，但一些患者可能无反应或对它们产生抗药性。因此，开发新的靶向药物是必要的。涉及各种抑制剂、HER2靶向疫苗和CAR-T细胞疗法的临床前和临床试验显示出希望。对于HER2阳性乳腺癌，曲妥珠单抗与帕妥珠单抗联合紫杉类药物仍然是首选方案。



文献提纲

本综述系统的概述与乳腺癌抗HER2疗法相关的现有AI研究，主要分为三个部分：

- HER2表达的评估
- AI助力抗HER2治疗
- HER2阳性乳腺癌相关的AI研究的未来发展方向





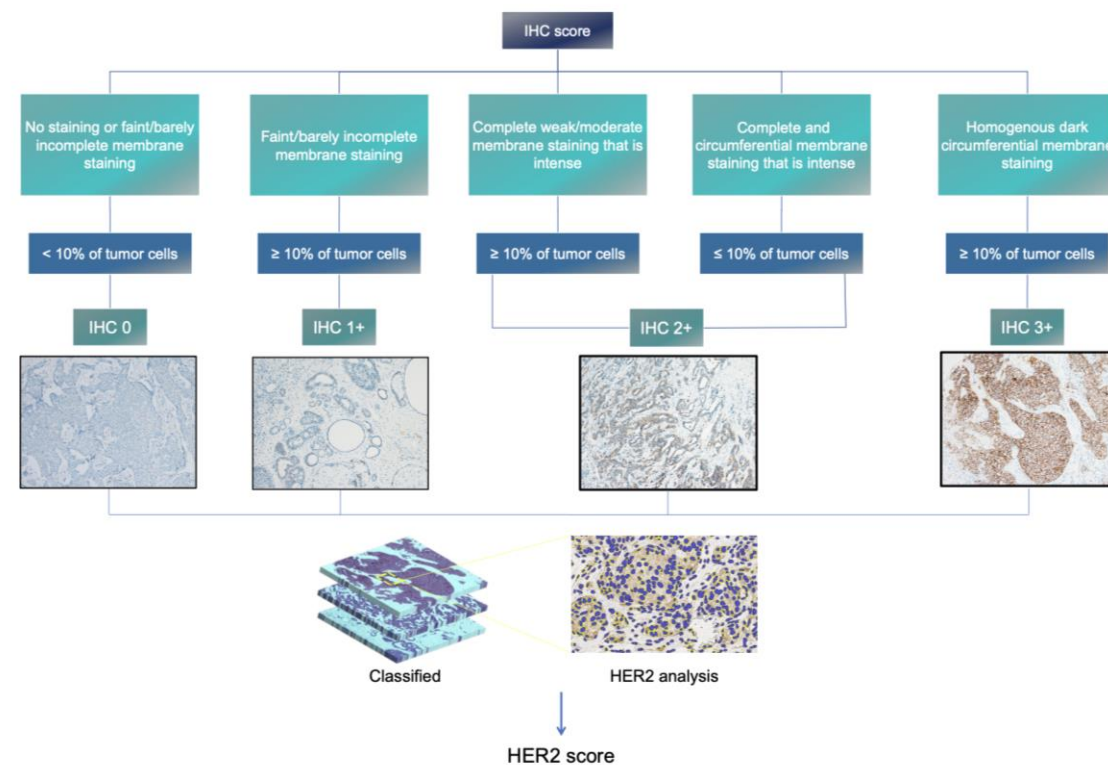
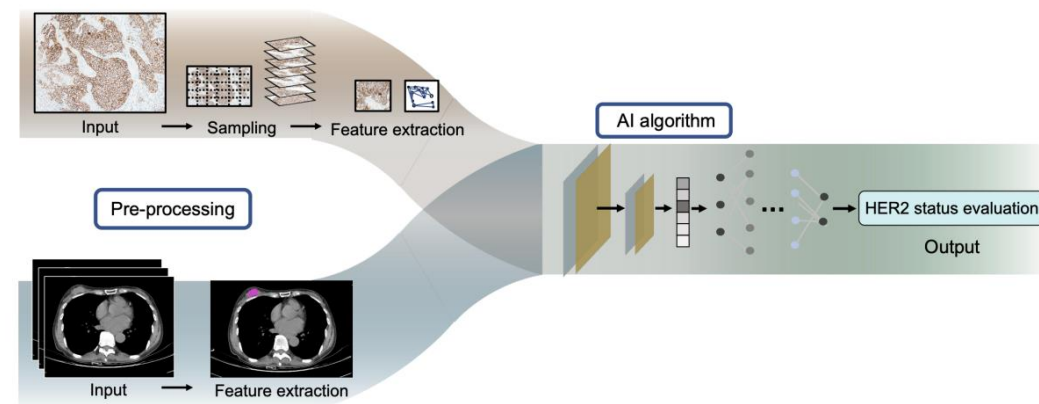
HER2评估-病理学

评估HER2表达的过程如图所示

使用AI模型的HER2评估方法提高了HER2诊断的准确性。利用AI分析这些样本可以提供重要的科学和医学信息，以及自动化常规的诊断任务。

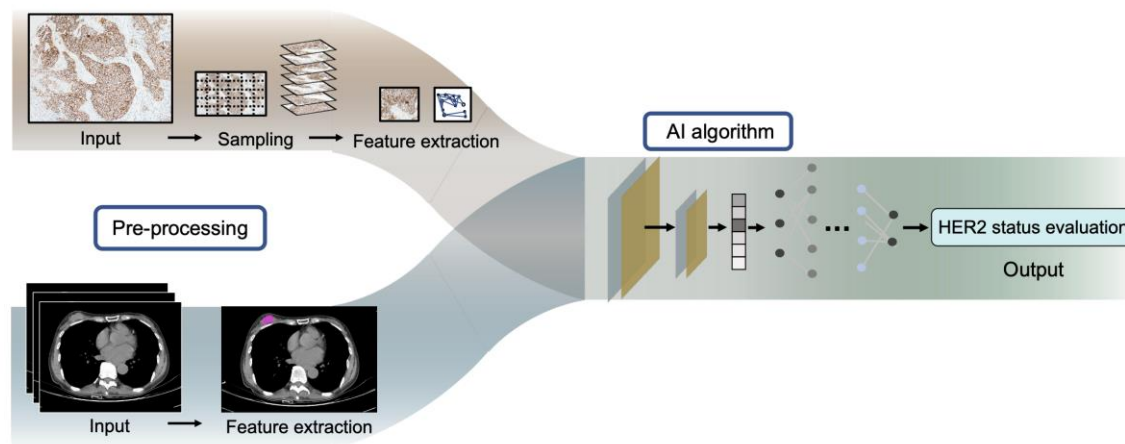
然而，这些方法仍处于研究阶段，而不是在常规临床护理中使用。其中一个原因是，解读病理切片仍被认为是一个主观的过程。人们担心自动评分方法可能无法完全复制人类病理学家的专业知识。

另一个原因是，注释大量病理切片数据集所涉及的成本和伦理问题尚未完全解决。





HER2评估-影像学



尽管针刺活检样本是HER2分型的金标准，但其可能无法捕获所有肿瘤特征，导致假阴性活检结果，而影像组学恰恰能够弥补这点

影像组学是一种用于从医学图像中提取定量特征的高通量技术，被广泛用于从X射线、US、MRI和PET-CT图像中提取许多非可见的成像特征。深度学习（DL）引发了影像组学的热潮，因为DL可以用于从医学图像中提取传统方法无法提取的复杂特征。

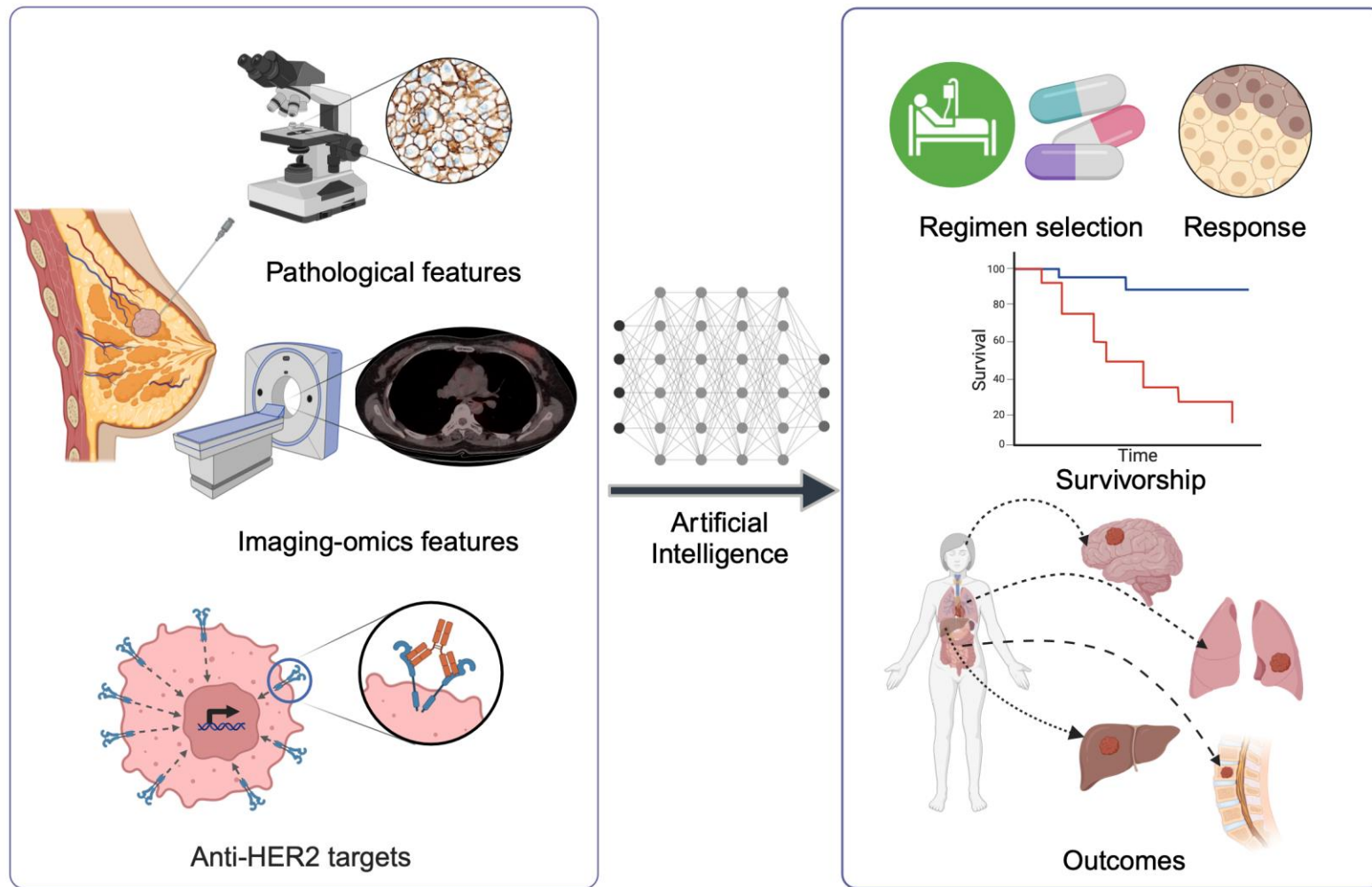
影像组学采用多种数学和统计技术从医学图像中提取形状、强度和纹理等特征。目前，已有多项研究尝试借助AI模型利用影像组学的特征对乳腺癌（BC）亚型进行分类。

尽管目前AI模型可以预测乳腺癌的分子亚型，但需要大量和多样的数据集来提高其预测性能。



AI辅助HER2治疗-预测疗效

AI可以通过病理以及影像的信息，对HER2阳性乳腺癌的治疗反应进行预测、预后预测、复发概率等问题均有意义。





总结-AI与乳腺癌HER2的综合管理

总的来说，AI是医学中的一种新工具，具有预测治疗效果的潜力。

大多数研究已经显示，他们的模型已经达到甚至超过了临床医生的表现，但在现实世界中成功应用的例子却很少。

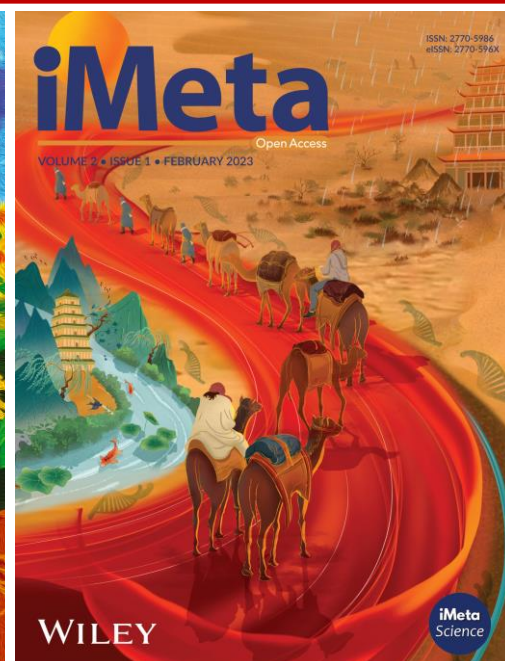
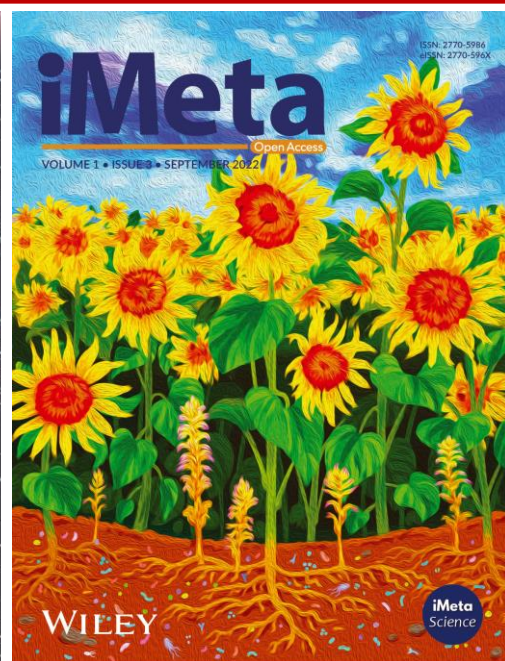
实施困难的原因可能包括标准数据库不足、行业标准不统一、特定的临床应用场景、政策和监管支持等。此外，随着数字化和医疗记录共享的日益普及，信息泄露和隐私保护问题已经引起了人们的关注。

由于预测抗HER2疗法的效果的复杂性，AI和人工智能之间的相互学习是必要的。

科研人员、企业和医疗专业人员之间的合作是推进AI辅助治疗的关键

Xinpei Deng, Yixuan Yan, Zekai Zhan, Jindong Xie, Hailin Tang, Yutian Zou, Jian Tu, Peng Liu. 2024. A glimpse into the future: Integrating artificial intelligence for precision HER2-positive breast cancer management.

iMetaOmics 1: e19. <https://doi.org/10.1002/imo2.19>



“**iMeta**”(IF **23.7**)由威立、肠菌分会和数千名华人科学家出版的期刊，主编刘双江和傅静远教授。

收稿范围：任何领域高影响力的研究、方法和综述，重点关注微生物组、生物信息、大数据和多组学等；

影响力：[ESCI](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#)收录，IF **23.7**位列微生物学研究期刊全球第一；

时效性：外审平均21天；投稿至发表中位数66天；

“**iMetaomics**”主编赵方庆和于君教授，定位IF>10的高水平交叉学科综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

<https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>



office@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)

