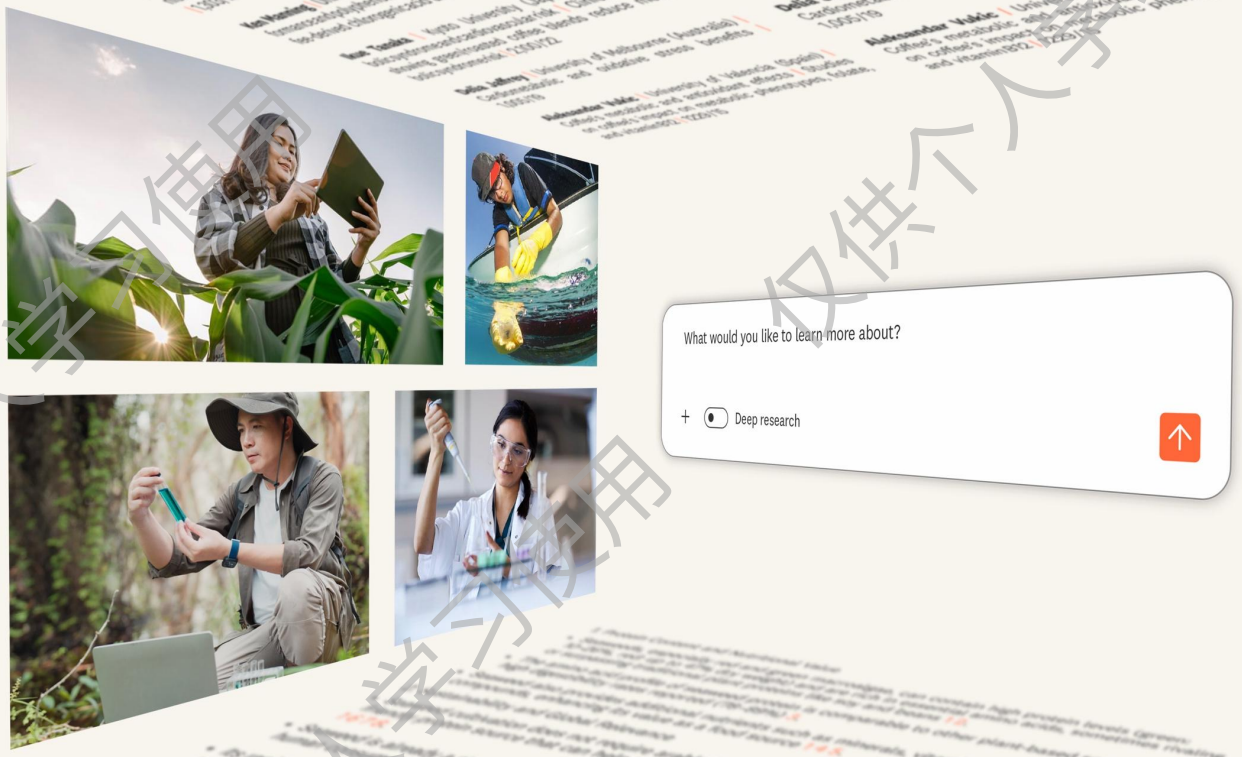
LeapSpace

AI时代的科研加速器：LeapSpace从文献阅读到论文写作的全流程实践

哈尔滨医科大学

许靖 博士 爱思唯尔政府与高校事业部

2026.10



ELSEVIER

仅供个人学习使用

CONTENTS 目录

01 AI时代下的科研新挑战

02 科研级AI LeapSpace赋能创新发现

03 从无从下手到有据可依：LeapSpace实践

ELSEVIER

仅供个人学习使用

PART 01

AI时代下的科研新挑战

01

ELSEVIER

仅供个人学习使用

挑战一 · 信息过载

文献越来越多，突破却越来越难

5.14M+

2024 年全球新发表的学术论文数量

论文更多、更长，研究者却更难找到真正需要的那一篇

只有 1/3 的时间真正用于研究

其余用于行政任务、找合作者、找基金、教学、评审、开会

跨学科检索无从下手

不熟悉领域词汇时，连关键词都难以确定

读得越多，判断越慢

海量信息反而增加了筛选与决策的负担

仅供个人学习使用

挑战二 · 信任缺口

AI 很方便，但为什么不敢直接引用？

Elsevier《未来研究者》调查揭示了一个关键落差

84%

的研究者已经在使用 AI

22%

但只有这么多人真正信任它

低信任度（AI幻觉、内容污染、偏见、数据泄露）暴露了研究者真正需要的东西：

透明可见的推理过程 → 可点击溯源的引用 → 有证据支撑的结论

仅供个人学习使用

临床问题并不缺，难的是把“经验判断”变成“研究证据”

01

?

线索分散，难以形成全景

一个疗效差异可能同时涉及临床特征、影像、病理、基因、免疫微环境与随访结局。每篇论文只回答其中一部分，人工阅读后仍难串成完整证据链。

痛点：不是“找不到”，而是“拼不起来”

02

≠

研究结论相互冲突

以癌症研究为例，同一标志物或模型可能在不同癌种、分型、治疗方案和终点定义下得出不同结果。只看摘要很难判断：是证据真的矛盾，还是研究边界不同？

痛点：缺少跨研究的结构化比较

03

→

从发现到论文，还有一段断层

临床观察可以提出问题，但论文和基金要求进一步明确研究Gap、可验证假设、目标人群、关键变量、技术路线和增量价值。很多课题停在“现象有意思”。

痛点：缺少从证据到研究设计的闭环

真正需要的不是再多一份搜索结果，而是：看清证据全貌 → 理解冲突边界 → 找到可验证的下一步

仅供个人学习使用

认识一下它

LeapSpace 是什么?

Elsevier 打造的新一代 AI 科研工作空间，用于加速科技创新

THE LANCET

The NEW ENGLAND JOURNAL of MEDICINE

JAMA Network

BMJ Group

科研级 AI

融合智能体AI、生成式AI、推理引擎与检索增强生成，支持从文献分析到假设生成的完整流程，过程透明可解释

权威内容

覆盖1亿+同行评审摘要（Scopus，330+学科，含人文社科）与2000万+篇科技全文，均获出版社授权（包括Elsevier、IOP、BMJ、Emerald、AIP、NEJM、Oxford University Press、Sage等）平台收录的全文内容覆盖全球近期科研引用的56%，以及自2021年以来全球已发表科研论文的42%。

Trust：和通用AI有什么不同?

每条结论都标注引用来源与引用理由，并提示矛盾证据、揭示证据缺口，可解释、可溯源

ELSEVIER

仅供个人学习使用

好的研究，常常有下列发现路径



LeapSpace 正是围绕这三个环节构建的 —— 不是替研究者工作，而是让他们更高效地完成研究。

仅供个人学习使用

PART 01 • 可信度

LeapSpace 如何减少偏见与幻觉?

六道防线：从内容来源、提示词约束到引用溯源与持续评测，让AI回答经得起追问

1 • 只用学术内容

不抓取互联网信息，回答只基于受信任的学术文献与用户自有资料

2 • 为科研而生

面向科研场景定制构建，与所调用的学术数据库深度适配

3 • 严格的提示词工程

严格约束回答须贴合提问意图；证据不足时如实告知，绝不臆测

4 • 结论可溯源

每一条结论都必须给出参考文献，claim可回溯至原始出处

5 • 持续评测

定期用业界公认框架 + 自研框架评测回答质量与有害偏见

6 • 透明可解释

公开运行方式与方法论，并提供反馈通道，人工复核每一条反馈

不抓互联网、条条有引用、持续评测——把「幻觉与偏见」控制在科研可接受的范围内

ELSEVIER

仅供个人学习使用

PART 02

科研级AI LeapSpace赋能创新发现

02

ELSEVIER

仅供个人学习使用

从科研任务到 LeapSpace 支持方式

按「发现—评估—促进」拆解八个科研场景，对应真实卡点与解决方案

阶段	科研流程环节	真实卡点（导师/专家真实会怎么问）	LeapSpace 怎么解决
发现 Discover	选题立项	「这个题目新不新？适不适合你现在读的学位类型？」	开始搜索 Begin Your Search + 深度研究报告 Deep Research 定位前沿方向，检验选题新颖性与学位类型适配
	文献综述	「国内外都做到哪一步了？还有什么问题没解决？」	分析搜索结果 Analyze Search Results + 对比表格 Compare Table 梳理国内外进展，横向比较方法与结论，锁定未解问题
评估 Evaluate	研究空白和证据识别	「你做这个到底解决什么问题？创新点在哪里？有没有文献支持？」	验证声明 Claim Radar + Link to Statement 逐条核验证据强弱，讲清研究目的与实际价值
	实验方案对比	「你打算怎么做？这条技术路线走得通吗？」	Deep Research + Compare Table 搭建研究方案与技术路线，比对实验方法论证可行性
促进 Facilitate	写文章及润色	「报告逻辑清楚吗？格式、引用规范吗？」	Writing Coach 打磨逻辑与学术表达，规范引用与格式
	投稿选刊	「这篇稿子投哪个期刊合适？审稿人质疑的点怎么回应？」	Standard Search+Trust Card+Writing Coach 核验证据支撑回应，匹配合适期刊，加速投稿修回
	学术交流和教学	「组会/答辩被追问国内外现状，脑子一片空白；备课怎么兼顾前沿性？」	Deep Research +Writing Coach 提炼核心论点模拟追问，生成教学大纲融合前沿趋势
	寻找合作者	「这个领域谁是真正的专家？我能联系谁请教或合作？」	Author Search 定位领域权威学者与潜在合作者，支持团队组建

ELSEVIER

仅供个人学习使用

LeapSpace核心功能概览

摘要总览

结构化、附完整引用的回答，融合跨出版商摘要与全文内容

Deep Research

多页深度分析报告，自动生成洞察与观点，助力深度学术思考

NEW Jun '26

Writing Coach

关键的写作伙伴，帮助情境化并强化你的研究草稿与论证

NEW Jun '26

Compare Tables

可自定义对比表格，横向比较研究结果与覆盖范围，便于深入探索

NEW Mar '26

文件上传工具

融合你自己的文件与LeapSpace检索结果，让回答基于你的研究

NEW Jun '26

参考文献导出

支持多种格式导出引用，方便更轻松地引用、分享与整合

主题作者检索

基于语义（向量）匹配，定位你所选主题领域内的作者

资助信息检索

发现你所在领域内活跃的资助机会，并附资助方官网链接

奠基性文献工具

呈现该领域被广泛引用、具有影响力的重要文献

Trust Card

展示某一论断与来源的契合程度，标注引用出处及相关章节

NEW Jun '26

Claim Radar

比对论断与更广泛文献，标注支持、反驳或结果不一的来源数

深挖追问

一系列引导性提示，帮助你持续深入探索与学习

自由追问

自由文本输入框，可随时输入后续问题并持续深挖

对话历史记录

自动记录你的历次查询，可随时恢复此前的搜索

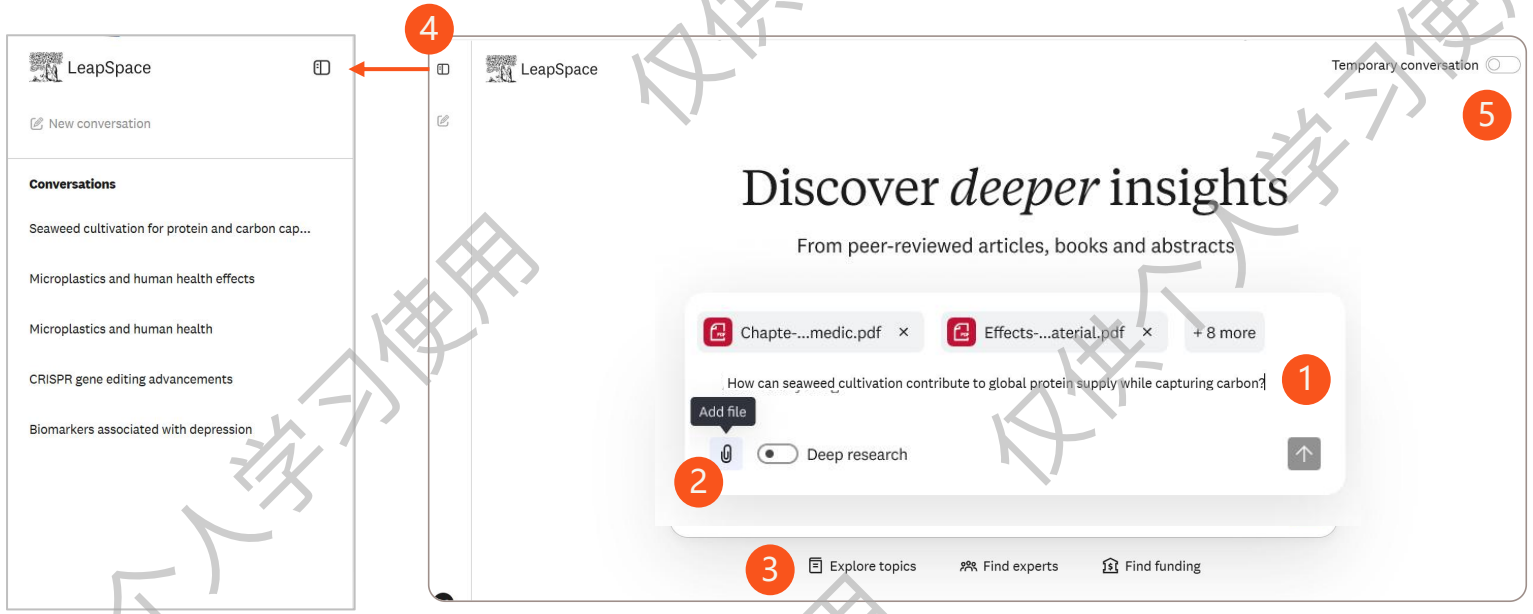
ELSEVIER

仅供个人学习使用

① 从模糊兴趣开始

不知道从哪问起 → 开始搜索 Begin Your Search

> *科研场景：「我对某个方向有兴趣，也观察到一些现象或差异，但还没有形成具体的科研问题，不知道从哪里问起」*



1. **提出您的问题：**以自然语言提问，描述研究对象、场景和目标，支持跨学科复杂研究
2. **上传文件（可选）：**每次对话最多上传5个文件，支持PDF、Word等格式；可以上传田间试验数据、前期结果和核心文献。
3. **选择搜索类型：**支持按主题、专家或资助信息分类搜索
4. **回顾历史查询：**总共存储最多200次对话，每次最多20次交流
5. **临时对话模式：**适合快速查询或敏感话题，不保留对话历史

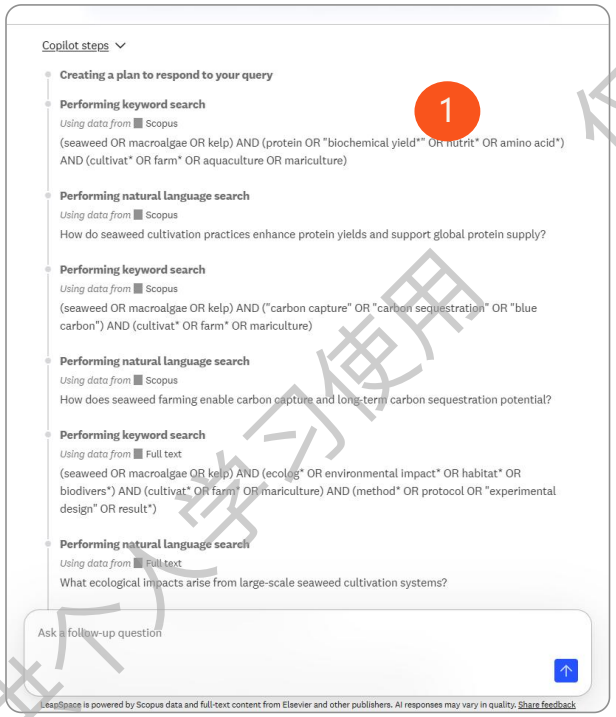
仅供个人学习使用

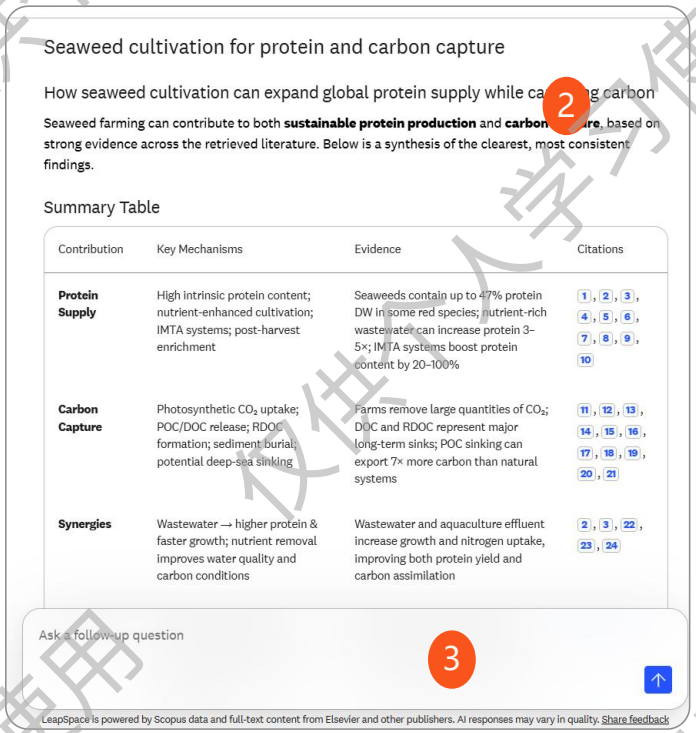
ELSEVIER

① 从模糊兴趣开始

看懂结果，才能判断价值 → 分析搜索结果

科研场景：「这个领域到底研究到哪一步了？主要有哪些切入角度？」





1. **查看回答步骤：**展示AI推理过程，提升结果透明度与可信度
2. **查看主题概述：**获取结构化摘要，快速把握核心要点
3. **提出后续问题：**追问细节、切换视角或深入特定研究领域

好的研究问题往往不是一次问出来的，而是在多轮追问中逐渐清晰

仅供个人学习使用

② 建立领域知识框架

文献理不出差异 → 一键生成对比表格

科研场景：「文献读了不少，但不同论文的方法和结论到底差在哪，说不清楚」



点击 LeapSpace 摘要底部的「以表格形式探索」，系统自动生成表格，按行列出引用论文，各列展示：标题 · 元数据（期刊/作者/日期） · 摘要 · 方法 · 结果 · 结论

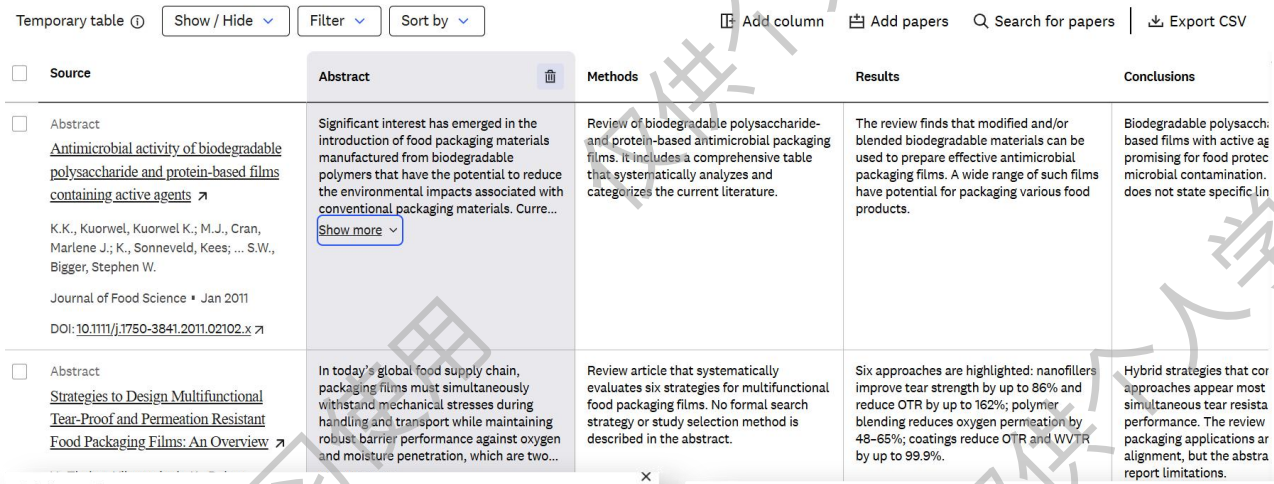
ELSEVIER

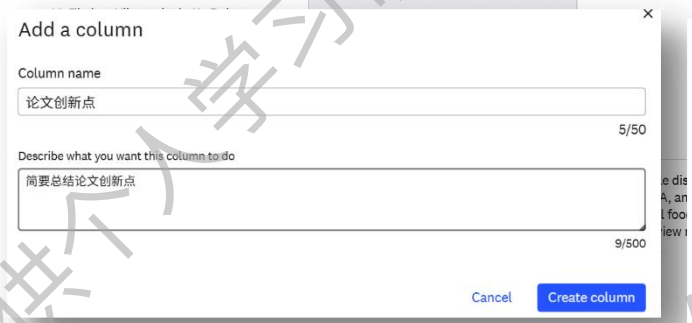
仅供个人学习使用

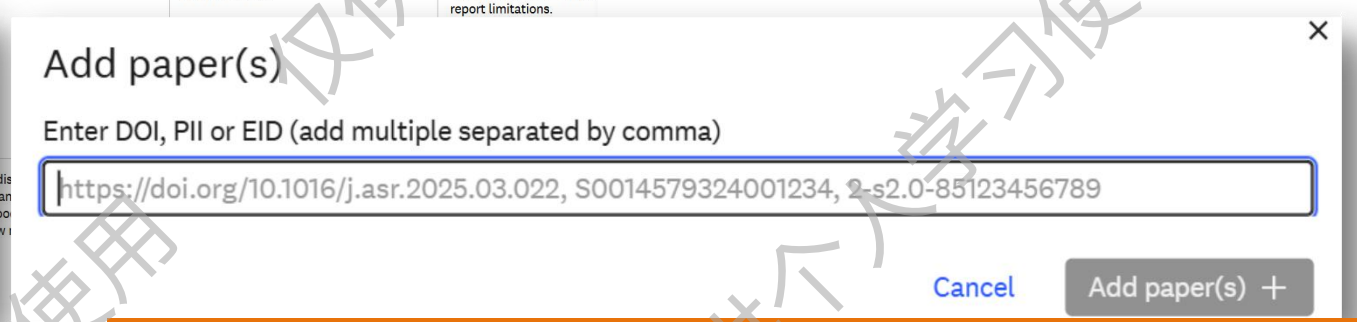
② 建立领域知识框架

想按自己的维度比 → 与表格交互

科研场景：「我想按自己关心的维度——研究对象、条件、指标——来比较这些论文」







获取单元格或正文中的信息（论文须已被 LeapSpace 索引），即使机构未订阅。

自定义表格：使用自然语言提示，例如：

- 添加列（最多 15 列）（如增加胁迫阶段、耐旱指标、试验环境、样本规模等，也可参考AI的推荐）
- 删除列或行
- 搜索或按 DOI 添加文章（每表上限 70 篇）
- 按日期、开放获取或全文筛选，并按标题、时间或引用数排序

建议先确定要回答的科研问题，再设计比较维度。

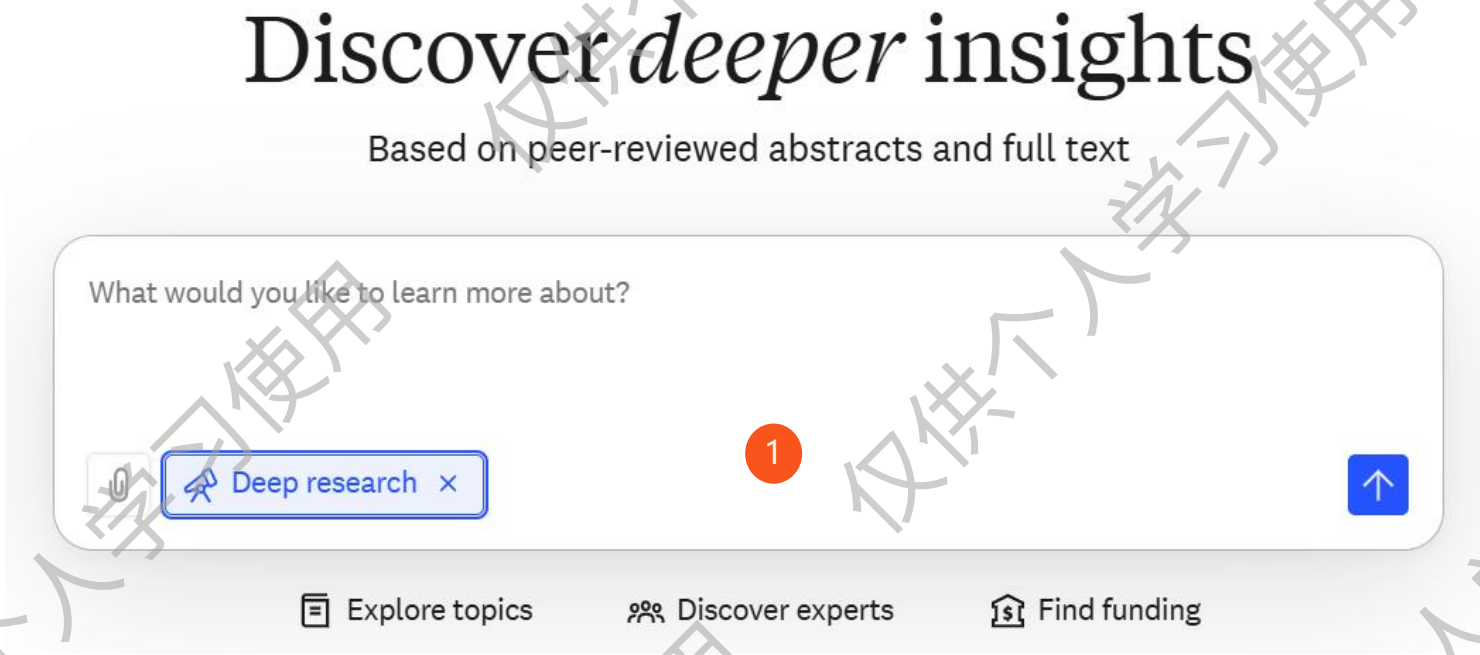
仅供个人学习使用

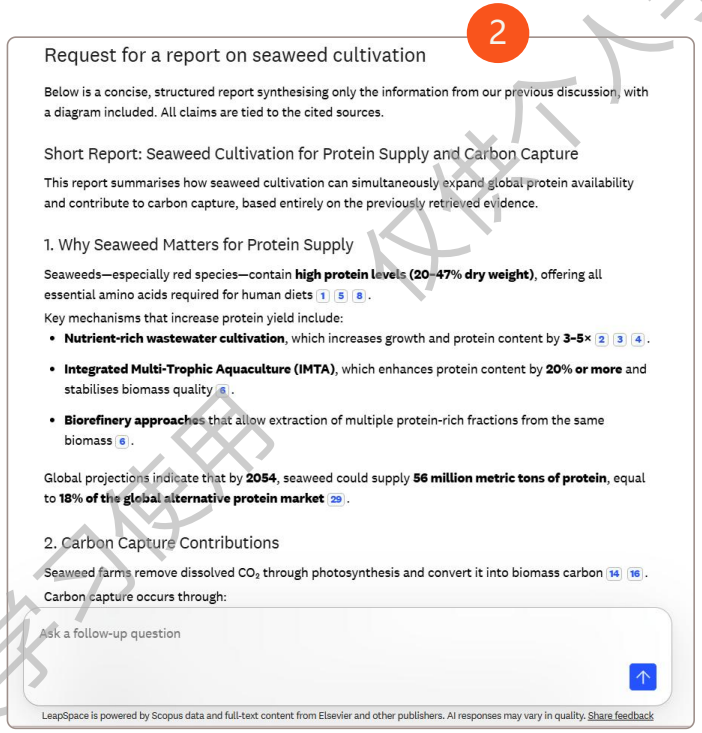
ELSEVIER

② 建立领域知识框架

研究背景写不出结构 → 生成Deep Research深度研究报告

科研场景：「这个领域到底已知什么、未知什么，存在哪些争议？」





1 **撰写全面、有理有据的报告：**自动制定研究计划、广泛检索精选文献，数分钟内生成

2 **分析报告概述：**结构化摘要涵盖主要发现、研究范围、局限性分析、结论及推荐阅读

ELSEVIER

仅供个人学习使用

同一问题 · 两种检索深度

Quick Search 提炼“判断线索”，Deep Research 构建“研究框架”

测试问题：为什么有些肺结节最终被证实为肺癌，而另一些却是良性病变？

同一个问题 → 区别不只是答案长短，而是答案组织方式和下一步可用性

Quick Search

快速把复杂问题压缩成“可判断的线索”

答案如何组织

- 输出形态：1-2页直接答案，先给出直接结论，并明确结论置信度
- 用对照表归纳大小与增长、形态边缘、内部成分、病灶行为和患者背景
- 补充“看起来像癌但最终良性”的影像重叠风险
- 说明最终仍需结合随访、病理或其他检查确认

适合直接用于

快速理解问题 · 门诊前准备 · 初步沟通 · 确认下一步检索方向

Deep Research

把判断线索展开为“可研究、可验证的框架”

在Quick Search线索上继续追问

1. **证据如何组合？** 将宿主风险、CT形态、纵向变化、功能成像与病理/分子证据串成综合判断框架
2. **边界与偏倚在哪里？** 指出病理确诊队列的选择偏倚、不同地区病谱差异，以及模型外部验证失准
3. **为什么结论会变化？** 进一步解释亚实性结节的演变、良性病变假阳性，以及模型在不同场景中的适用性
4. **下一项研究怎么做？** 提出头对头比较、前瞻性研究、模型校准、指南依从性与延迟诊断等研究方向

输出形态：关键发现表 | 直接回答 | 研究范围与局限 | 完整主题综述 | 建议进一步研究

选择原则：只需快速厘清“怎么看” → Quick Search | 需要解释证据边界、识别研究缺口并规划下一步 → Deep Research

仅供个人学习使用

ELSEVIER

提问小技巧：限定文献范围，让回答更精准

限定维度	✕普通提问（范围过大）	☑限定范围后（更精准）
限定时间范围 聚焦近期或特定时段的研究进展	*“胃癌新辅助治疗研究有哪些进展？”* 可能混合不同时期的研究，时间范围不明确	**“近3年，胃癌新辅助治疗疗效预测有哪些进展？”** 聚焦近期证据，确保最新进展
限定文献类型 指定期刊论文、会议论文或电子书	*“胃癌疗效预测标志物的研究有哪些？”* 可能返回期刊、会议、电子书等，需进一步区分	**“仅纳入研究型论文（Article），胃癌新辅助治疗疗效预测标志物有哪些？”** 明确文献类型，重点整理原始研究的结果与局限
限定作者国家/地区 缩小到特定国家或地区的研究成果	*“胃癌新辅助治疗的研究现状如何？”* 作者机构地区未限定，难以聚焦特定地区成果	**“至少一位作者所属机构位于中国的胃癌新辅助治疗研究有哪些？”** 关注地域研究，聚焦其中的关键问题
限定引用次数 筛选已有较多引用的文献	*“胃癌疗效预测模型有哪些研究？”* 被引范围未限定，难以聚焦已有较多引用的文献	**“被引25次以上的胃癌新辅助治疗疗效预测研究有哪些？”** 筛选高引用文献，确保生成答案质量更聚焦

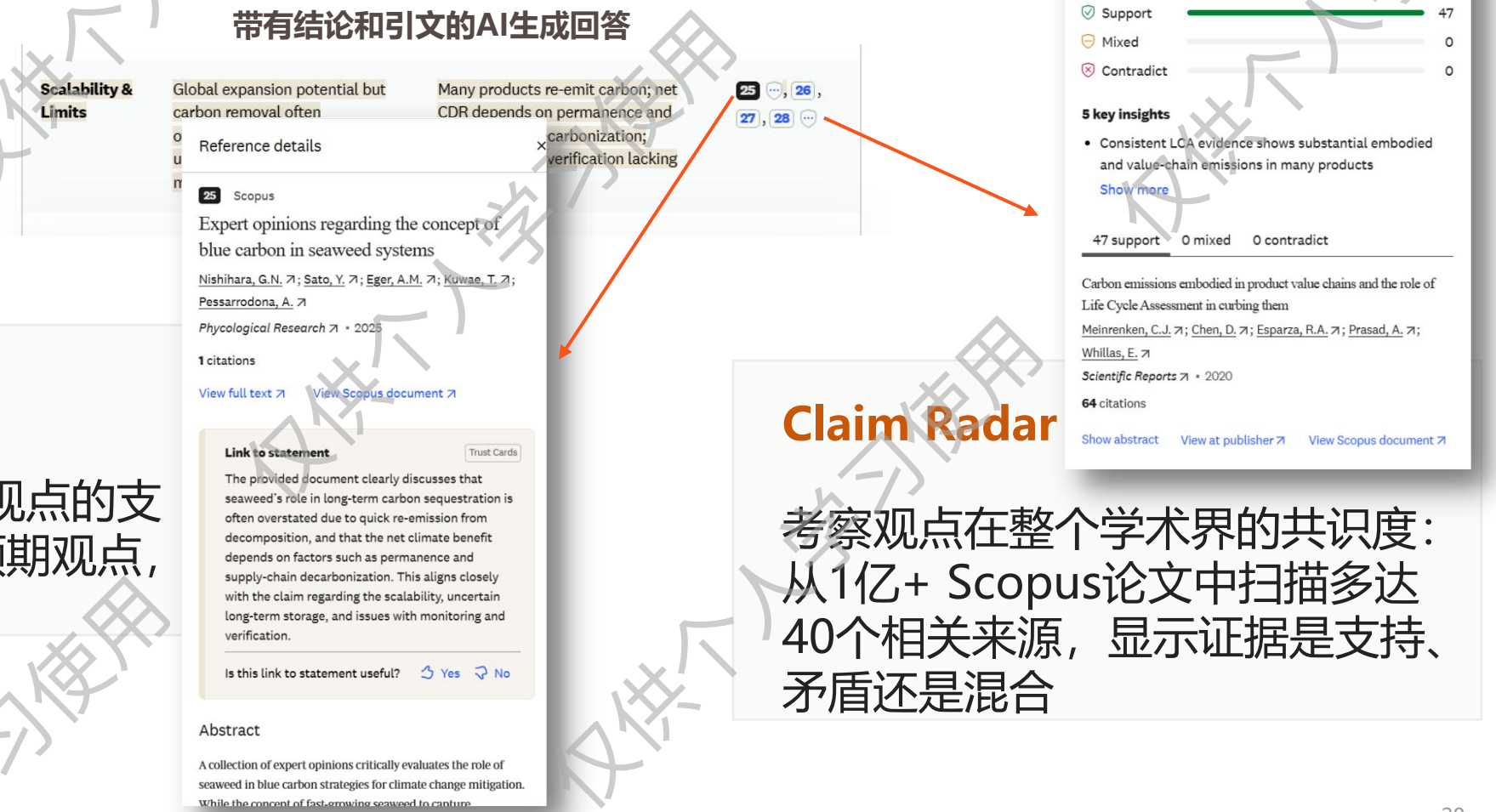
四维叠加：“分析近五年胃癌新辅助治疗疗效预测标志物的研究趋势，仅纳入被引25次以上的研究型论文（Article），且至少一位作者所属机构位于中国。”

仅供个人学习使用

③ 判断共识、争议还是证据不足

证据可不可信 → Trust Card 验证声明与可靠性

科研场景：「这个说法可靠吗？是主流共识，还是个别研究的结论？」



Link to Statement

明确该篇论文对论述/观点的支持程度，如无法支持预期观点，也会清晰表明

Claim Radar

考察观点在整个学术界的共识度：从1亿+ Scopus论文中扫描多达40个相关来源，显示证据是支持、矛盾还是混合

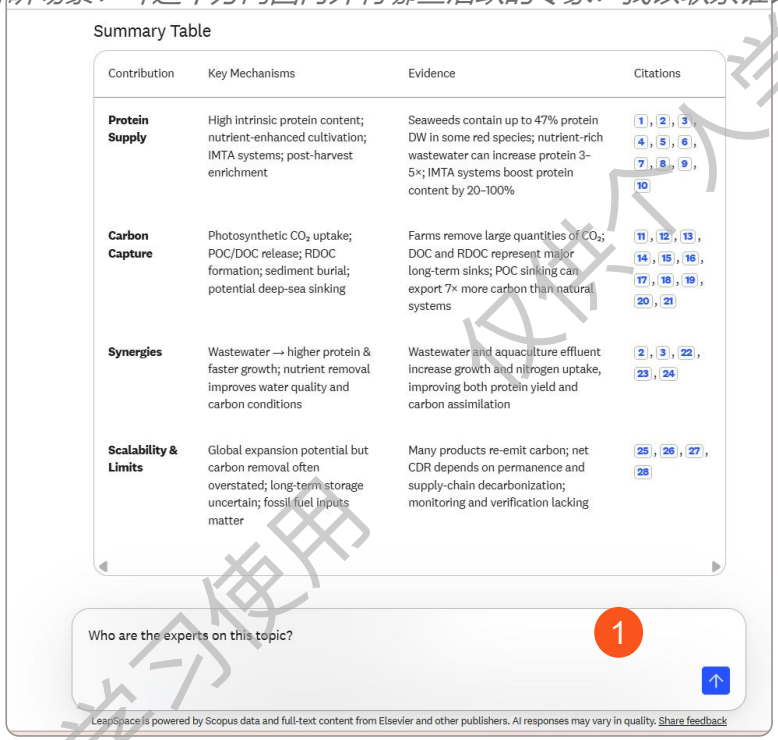
ELSEVIER

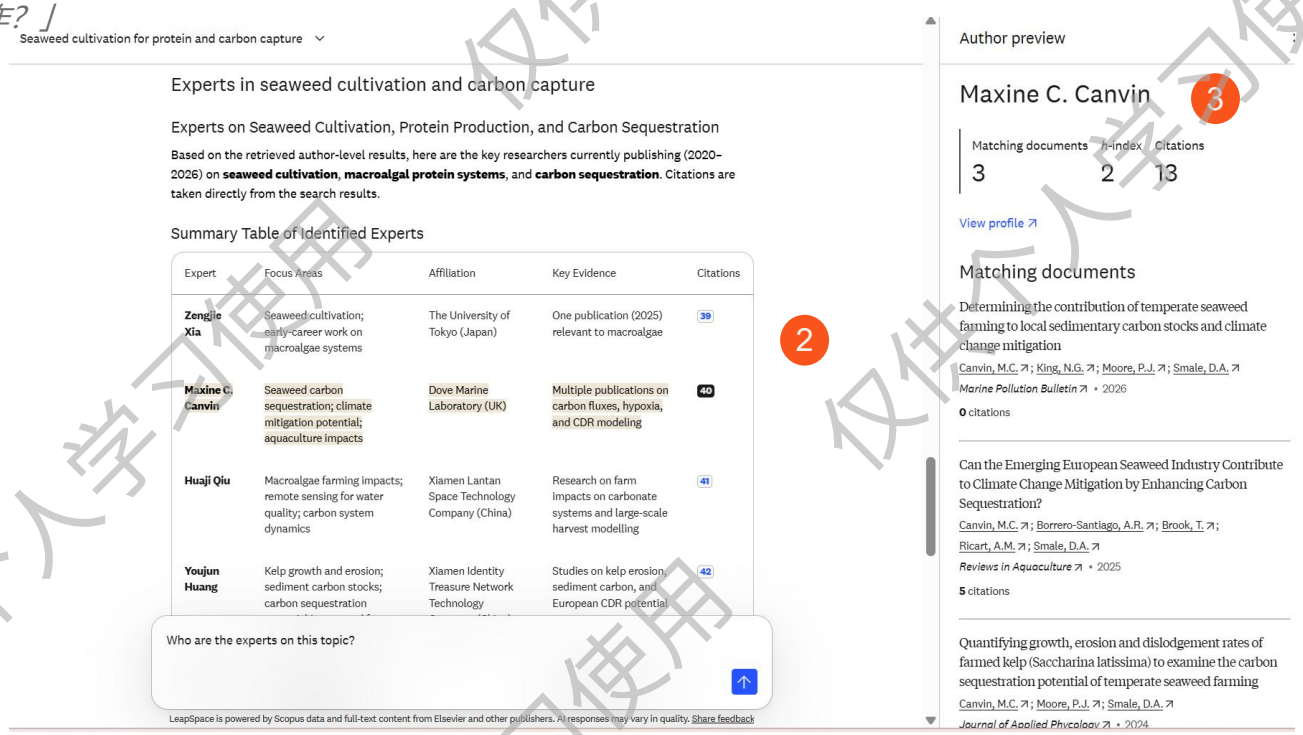
仅供个人学习使用

④ 寻找专家与合作者

查找专家与潜在合作者 Find Experts and Potential Collaborators

科研场景：「这个方向国内外有哪些活跃的专家？我该联系谁请教，或者找谁合作？」





1. **识别领域专家与潜在合作者：**通过“提出后续问题”功能查看顶级专家或寻找潜在合作者。

2. **查看活跃贡献者列表：**自动生成正在研究相关主题的活跃人员列表。

3. **深入了解专家见解：**查看任意专家的经验与过往成果，数据来源于Scopus。

ELSEVIER

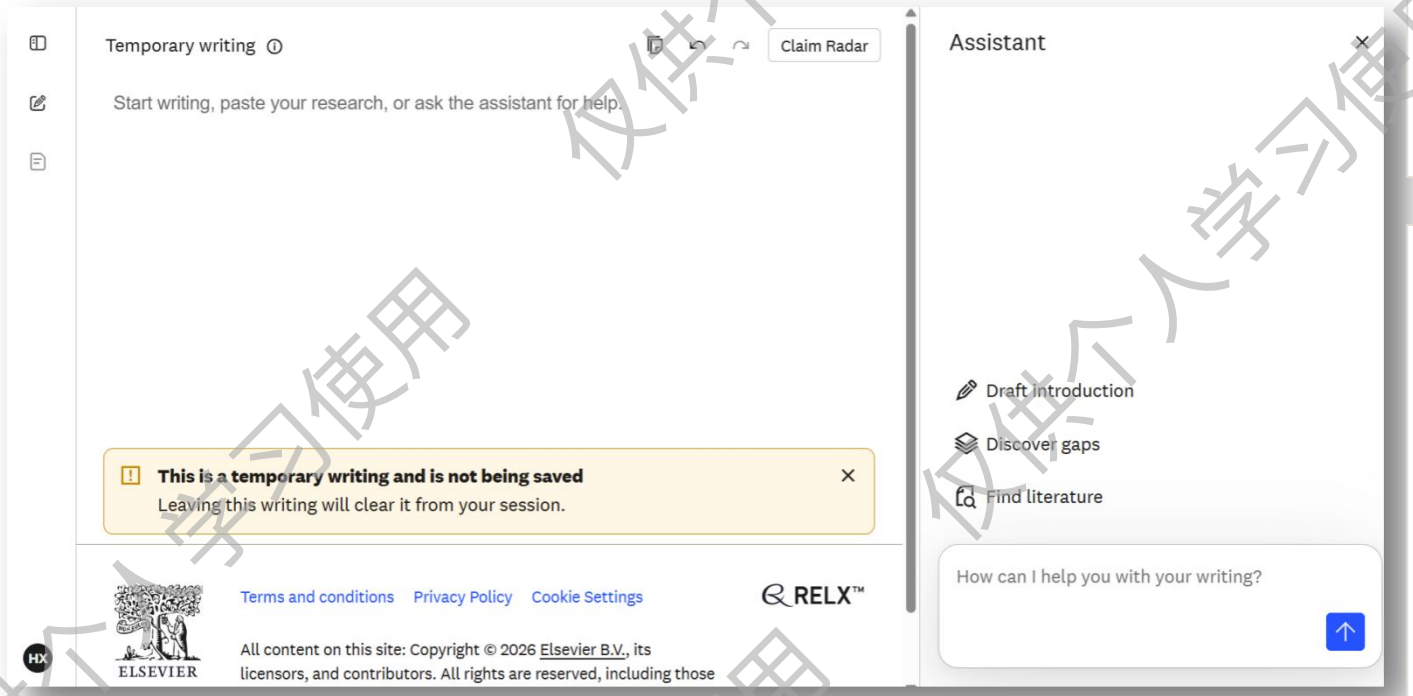
可以对H 指数 · 发表数量 · 国家进行限制

仅供个人学习使用

⑤ 报告逻辑清楚吗

候选问题讲不透 → 使用 Writing Coach

科研场景：「现象—证据—Gap—问题—假设，这条逻辑链讲得通吗？」



它是什么

- 私密、加密的研究写作空间，可直接写作或粘贴候选问题草稿
- 帮助审视论证清晰度、逻辑链条、缺失证据与未回答的问题
- 不替代作者判断，不鼓励直接复制生成内容，不绕过学术诚信要求

它重点做什么

- 强化 argument clarity，检查逻辑链条是否成立
- 发现 missing evidence 与 unanswered questions
- 识别论证与证据上的潜在薄弱点

ELSEVIER

1 **草稿区（左侧）：** 直接输入或粘贴一页候选问题说明

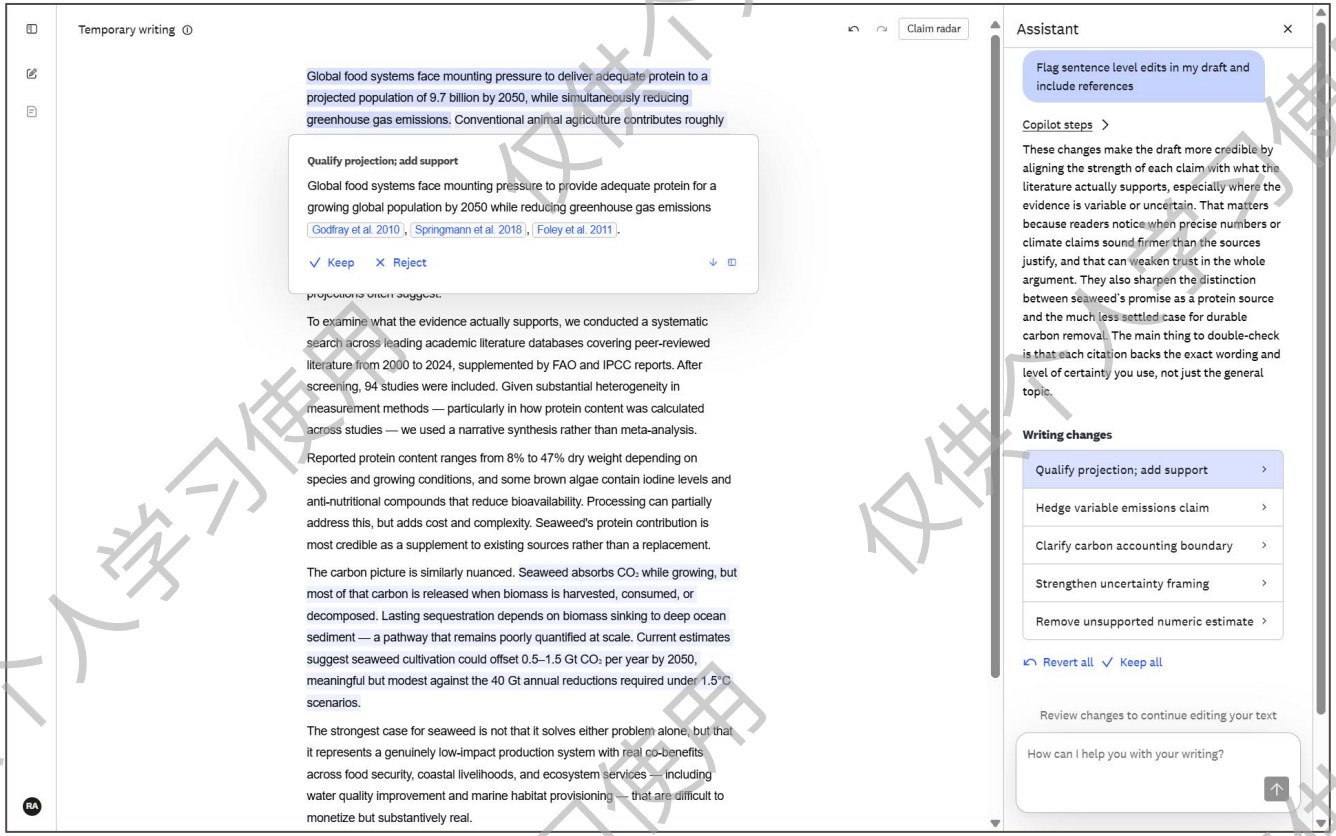
2 **助手选项卡（右侧）：** 就文本提问，并查看建议与对话历史

仅供个人学习使用

⑤ 候选问题逻辑链完整吗

怕 AI 改得面目全非 → Writing Coach接受或拒绝编辑

科研场景：「这些判断是我自己做的吗？AI建议只是参考」



1. Writing Coach 会建议插入、删除、重写或重新表述
2. 每条建议都需手动接受或拒绝，操作前原文保持不变
3. 清晰的标注帮助区分原文与AI建议

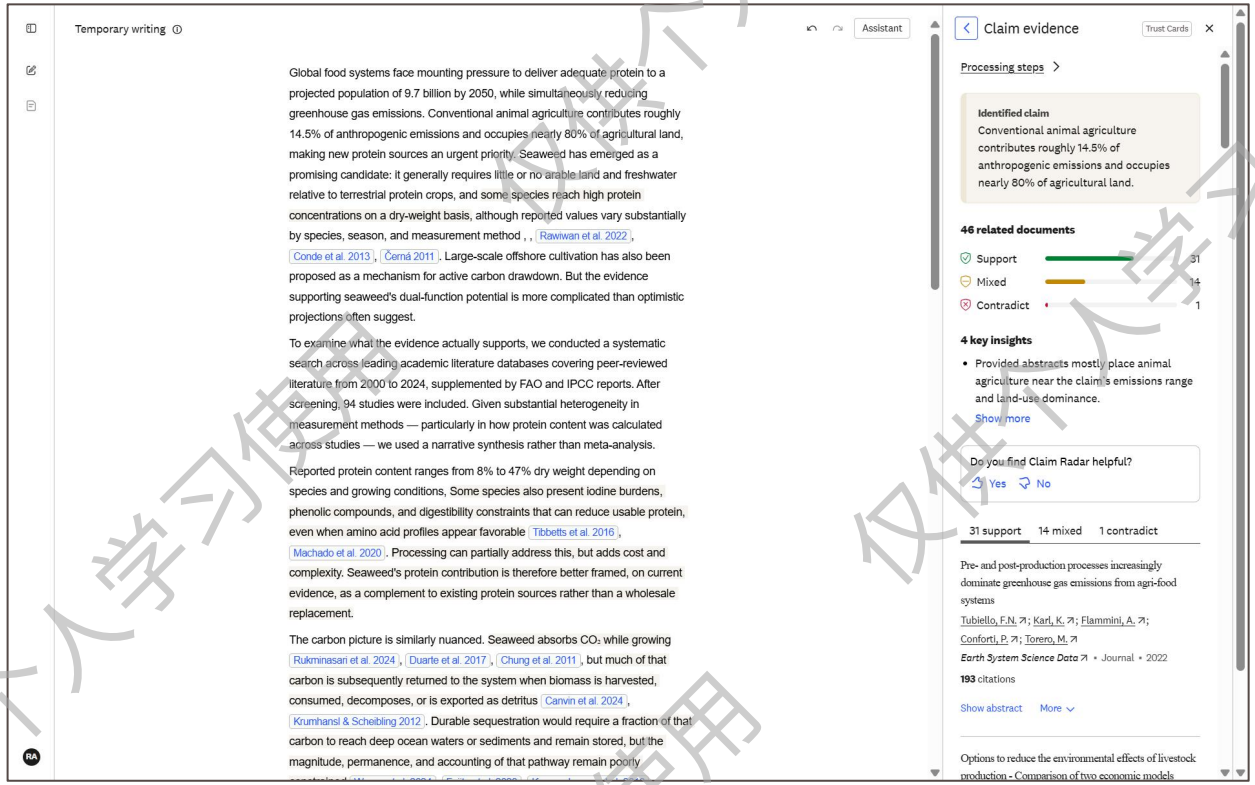
仅供个人学习使用

ELSEVIER

⑤ 论文观点是否真的成立

对自己的论文观点有疑惑 → 批量核查候选声明

科研场景：「我的论文观点到底可不可靠？」



1. 点击Claim Radar按钮，批量生成文本中识别出的声明列表
2. 包括自己总结或AI提出的所有Gap声明
3. 选择具体条目，查看支持、反驳或结果不一的文献标注

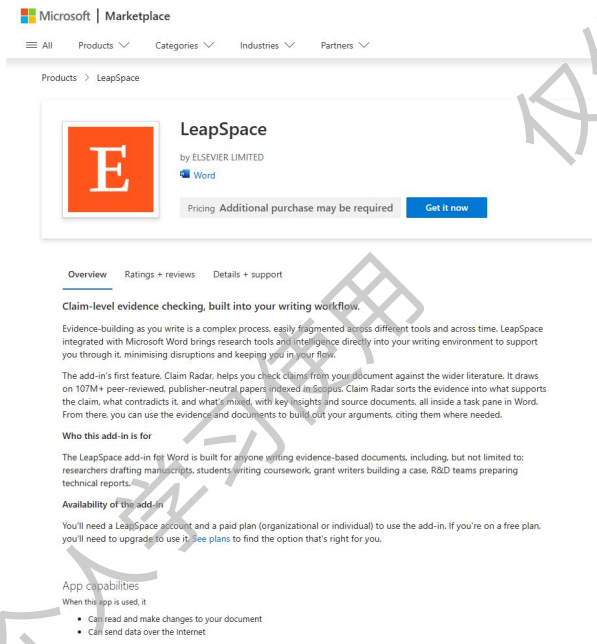
仅供个人学习使用

LeapSpace Microsoft Word 插件：在写作中核查声明

插件下载：https://marketplace.microsoft.com/en-us/product/office/WA200011824

1 安装 Word 插件

在 Microsoft Marketplace 中找到 LeapSpace 并获取插件。



2 在文档中核查声明

选择需要核查的内容，查看侧栏中的声明详情，了解相关文献的支持、反驳或混合结果。



数据使用：LeapSpace 不会自动读取整篇文档，仅处理您主动选择核查的内容。您的数据不会用于训练大型语言模型或外部 AI 系统。

安装提示：如学校或机构限制安装 Office 插件，请联系本机构 IT 部门协助部署。

ELSEVIER

仅供个人学习使用

⑤ 候选选题真的成立吗

Writing Coach——让 AI 先质疑一次你的候选选题

需要回答的质疑	Writing Coach 功能	对应 Prompt
这个候选问题真的没人研究过吗?	论证情境化 Contextualize Reasoning	*请核查“[候选研究问题]”是否已有研究覆盖，包括同义关键词表达*
是否已有综述或大型研究回答过?	文献探索 Explore Literature	*目前关于该方向的系统综述或大样本研究有哪些结论?*
这个Gap是否真的值得填?	论证强化 Strengthen Arguments	*请论证该候选问题的科学价值和实践意义，并指出可能的反驳角度*
现有数据和技术能否支撑?	识别研究空白 Identify Gaps	*请评估现有数据、样本规模和技术手段能否支持该候选问题的研究设计*
换个角度，这个方向为什么可能不成立?	观点思辨 Debate Ideas	*请扮演持怀疑态度的审稿人，对该候选研究问题提出最尖锐的质疑*

核心价值：不是直接生成论文，而是帮您检查逻辑链条中的漏洞和论证中的薄弱点

仅供个人学习使用

PART 03

从无从下手到有据可依：LeapSpace论文选题与发表实践

03

ELSEVIER

仅供个人学习使用

Demo：为什么接受相似新辅助治疗，不同乳腺癌患者的病理缓解差异巨大?

科研人员画像：临床观察到疗效差异，但还没形成可发表、可申报的研究问题

Research Topic

乳腺癌新辅助治疗反应差异及其预测因素

Clinical Group	Treatment Outcome
患者组A	达到病理完全缓解
患者组B	部分缓解
患者组C	存在残余病灶

相似治疗路径 · 疗效结局不同 · 需要解释个体差异

科研人员的自我追问

Q 这些疗效差异由哪些临床、病理和分子因素共同驱动?

A *已有临床观察，但尚未系统比较潜在预测因素.....*

Q 疗效预测研究做到哪一步？哪些标志物已有共识，哪些仍存在争议?

A *文献很多，但研究人群、方案和终点定义不统一.....*

Q 能否从现有病例中提炼出可验证的研究假设和创新点?

A *已有病例与病理资料，但尚未形成清晰的研究框架.....*

Q 哪些研究团队正在开展相关标志物、耐药机制或预测模型研究?

A *知道部分专家，但不清楚其研究重点和合作契合度.....*

Q 如果目标是发表论文，怎样的证据链、亚组设计和结局指标更有说服力?

A *担心问题不够新，难以明确相对已有研究的增量价值.....*

Q 现有病例、样本与随访能支撑论文或研究基金申请吗?

A *不知道如何连接研究Gap、技术路线与预期成果.....*

临床观察 ≠ 科研课题成立：需要进一步明确研究Gap、可验证假设、论文创新点与基金技术路线

仅供个人学习使用

PART 03 • Demo

知识梳理 → Deep Research 拆解问题

提出选题问题，生成可下载的报告；将复杂问题转化为透明的研究步骤序列

为什么接受相似新辅助治疗的乳腺癌患者，会出现不同的病理缓解结局？请系统梳理近5年的研究，必要时追溯关键早期文献。按照分子分型、治疗方案、临床病理特征及分子标志物组织证据，区分已有共识、争议和证据不足。

Show deep research steps - Processed for 2m 31s

Export report as PDF or Microsoft Word file

Export

提出选题问题，生成可下载的报告

Deep research steps

正在整理近五年研究并追溯关键早期文献，按分子分型、治疗方案、临床病理特征与分子标志物梳理为何出现不同病理缓解结局的证据与分歧。

Research is being performed across multiple related areas, combining subtype, treatment, pathology, and biomarker evidence with moderate depth to capture both recent and foundational studies.

Assembling evidence on why breast cancer patients receiving similar neoadjuvant therapy are achieving different pathological response outcomes, focusing on complete response and residual disease.

Five research directions are being formulated to identify biomarkers, predictors, regimen comparisons, and resistance mechanisms for neoadjuvant breast cancer response.

Initial research process is starting, with relevant information being identified for further analysis.

Researching resistance mechanisms and identifying evidence gaps by reviewing relevant findings across multiple subtopics and depth le

Researching molecular across the initial scope

自动规划复杂的问题的研究路径并输出研究全景

仅供个人学习使用

ELSEVIER

PART 03 • 输出①

不用再啃两周文献，研究趋势一次看清

主题	关键发现	主要适用人群/场景	证据属性	引文
总体框架	同一新辅助方案出现不同病理缓解，首先源于分子分型及其内部异质性，而非单纯“治疗强度不够”	全部早期/局部进展期乳腺癌	共识	1 2 3 4 …
分型差异	HER2阳性与TNBC总体pCR更高；HR+/HER2-总体pCR较低，且pCR与长期获益的关联较弱	分型比较	共识	1 2 5 6 7 8 9 10 …
HR+/HER2-	非luminal/PAM50非luminal、luminal B、高Ki-67、低ER/PR更易获得pCR或RCB-0/I；T/N分期增量预测力较有限	HR+/HER2-	共识较强	11 12 13 14 …
HER2阳性	HR阴性最稳定地关联更高pCR；双靶向+化疗优于单靶向；TILs/CD8/PD-L1有补充预测价值	HER2阳性NAT	共识+部分争议	15 16 17 18 19 20 …
TNBC	HRD/BRCA轴、较高TILs/CD8、PD-L1阳性、免疫活化特征反复与pCR相关；HRD对含铂反应更稳定	TNBC，尤其含铂/免疫方案	共识较强	21 22 23 24 …
传统临床病理	Ki-67是最稳定的传统预测因子之一，但整体上分子/免疫标志物的增量信息通常更强	跨分型	共识	11 25 26 27 …
TILs	TILs对TNBC和HER2阳性的pCR预测较稳定，但cutoff在10%、20%、40%、60%间并不统一	主要TNBC/HER2+	争议存在	28 29 30 31 …
残余病灶	未达pCR者并非同质人群；RCB、残余淋巴结负荷、受体转换、术后ctDNA、残余免疫生态可进一步分层	残余病灶患者	共识	32 33 34 35 36 …
ctDNA	ctDNA更擅长识别完成NAT后/术后的MRD与复发高风险，而非稳定预测pCR	跨分型动态监测	共识较强	35 37 38 …
影像-病理不一致	部分“结局差异”其实混有测量差异：乳房与腋窝缓解可不一致，MRI/微钙化对	node-positive、NME、HR+、	共识较强	39 40 41 …

LeapSpace 自动完成了：

- ✓ 梳理乳腺癌新辅助治疗反应差异的研究脉络
- ✓ 总结各预测因素的核心共识及适用人群与方案
- ✓ 标注证据强度，区分已有共识、争议与不足
- ✓ 附上支撑文献编号，定位可验证的研究问题

每条结论都标注参考文献编号，可直接追溯原始文献出处

在趋势梳理时，建议重点关注共识、争议和不足三类信息，为后续形成研究问题做准备

仅供个人学习使用

PART 03 • 输出②

从「数据好不好」，到「问题对不对」

评审专家与审稿人更关注：① 哪些因素能预测治疗反应？ ② 证据是否一致？ ③ 结论适用于哪些患者？

直接回答

为什么接受相似新辅助治疗的乳腺癌患者会出现不同病理缓解结局？核心原因是：**相同方案面对的并不是同一种肿瘤生物学**。近5年证据显示，结局差异主要由四层因素共同决定：

1. **分子分型及亚型内异质性**：HER2阳性和TNBC天然更易pCR，HR+/HER2-则总体较低；而同一大类内部，PAM50、HR状态、ER/PR水平、Ki-67还能继续分层反应性。[1][2][11][15][21]
2. **治疗方案与生物学匹配程度**：HER2双靶向更适合HER2驱动肿瘤，含铂更偏向HRD型TNBC，免疫治疗更偏向免疫活化肿瘤；因此"同样给了治疗"不等于"同样被肿瘤利用或清除"。[19][21][42][43]
3. **临床病理特征**：Ki-67、分级、肿瘤大小、N分期等确有解释力，但通常是较粗粒度的代理变量；一旦纳入分子分型与免疫标志物，其独立增量往往下降。[11][25][27][44]
4. **分子与免疫标志物**：HRD/BRCA、TILs/CD8、PD-L1、免疫转录签名、ctDNA和空间异质性，能更直接反映药物敏感性、DNA修复缺陷、免疫清除能力和残余克隆重塑。[21][22][23][35][45]

按证据强弱区分：

- **已有共识**：分型是第一解释框架；HER2阳性/TNBC更易pCR；HR+/HER2-中非luminal、高Ki-67、低ER/PR更敏感；HER2阳性中双靶向优于单靶向；TNBC中HRD和免疫活化反复与pCR相关；未达pCR者仍需用RCB、淋巴结负荷与术后动态指标继续分层。[4][11][21][33][46]
- **主要争议**：HER2阳性中HR状态是否稳定修饰双靶向获益；BRCA1/2本身是否足以预测含铂获益，还是HRD更可靠；TILs最佳cutoff并不统一；Ki-67对RCB、影像缓解和长期结局的增量价值不稳定；受体转换是否应直接改变术后强化策略。[16][30][47][48][49]
- **证据不足**：HR+/HER2-免疫新辅助的可重复预测标志物；多组学模型的广泛外部验证；ctDNA能否真正指导强化/去强化；残余DCIS、微钙化和影像残留如何标准化纳入术后决策。[37][50][51][52]

结论置信度：高——不同证据源（随机试验、真实世界、回顾性队列、meta分析）在"分型+生物学异质性决定反应差异"这一主轴上高度一致。[1][3][4][37]

研究范围

- **时间范围**：以近5年研究为主，必要时回溯至奠基性文献，如NSABP、CTNeoBC、早期TILs与RCB研究。[3][32][53][54]
- **学科范围**：乳腺肿瘤学、病理学、分子分型、免疫肿瘤学、影像学和液体活检。[35][55][56]
- **方法范围**：随机试验、真实世界注册研究、回顾性队列、系统综述/meta分析、RNA/多组学研究、单细胞/空间组学研究。[21][51][57][58]

假设与局限

- 不同研究的终点定义并不统一，包括pCR、tpCR、RCB-0/I、axillary pCR、影像缓解等，这本身会制造表面上的异质结论。[28][41]
- TILs、ctDNA和多组学模型高度依赖平台、采样时间点、cutoff与建模方法，降低了研究间可比性。[37][59][60]
- 免疫治疗在TNBC与HR+/HER2-间的试验级细节比较，现有材料不足以完成逐试验定量对照。[50][61]

明确这些证据缺口后，下一步就可以把宽泛现象进一步转化为可验证、可执行的 Research Gap

仅供个人学习使用

ELSEVIER

PART 03 • 输出③

Research Gap，直接变成可执行的论文选题

带优先级、附证据编号——不是空泛建议，而是可执行的课题方向

基于上述分析，哪些科学问题最值得进一步研究？请站在国家自然科学基金评审专家和高水平期刊审稿人的角度分析：哪些问题具有创新性？哪些问题具有理论价值？哪些问题容易形成高质量论文？最终筛选出5个最有潜力的研究方向，并说明理由。

Processing steps >

Future research directions for breast cancer neoadjuvant therapy

最值得进一步研究的方向，是**把“相似治疗却不同病理缓解”从静态分型问题推进为“动态生物学+可干预决策”问题**；从国家自然科学基金和高水平期刊角度看，**最有创新性、理论价值和论文产出潜力的主题，集中在 ctDNA/MRD 动态、残余病灶多组学重塑、分型转换、微环境/免疫异质性，以及影像-病理-分子融合预测。** 1 36 119 120 121

研究方向	为什么值得做	创新性	理论价值	高质量论文潜力
1. 新辅助治疗过程中 ctDNA 动态能否早期预测 pCR/RCB，并指导疗程个体化	现有证据已显示 ctDNA 与残余负荷、复发风险密切相关，但“能否用于实时调整治疗”仍是关键空白；已有研究强调 ctDNA 动态可连接肿瘤生物学与决策，并可用于 MRD、疗程缩短/强化的前瞻性框架。 119 122 123 124 125	很高	很高	很高
2. 残余病灶的多组学刻画：从“未达 pCR”细分到可解释的分子亚型与耐药机制	残余 TNBC/HER2+ 与 HR+/HER2- 的生物学并不相同；残余组织中已发现通路重塑、可靶向改变、PI3K/HRR/TP53 等特征，说明“残余病灶不是一个终点，而是多个生物学状态”。 36 126 127 128 129	很高	很高	很高
3. 分子分型/免疫表型在治疗前后发生转换的机制及其预后意义	近年证据表明，治疗后分型转换并不少见，且可能影响预后；这类研究能直接回答“为什么同样治疗会得到不同结局”，也能推动术后再分层，而不仅仅是解释 pCR 本身。 120 130 131 132	高	很高	高
4. 免疫微环境异质性：TILs/CD8/PD-L1/空间免疫生态如何决定敏感与耐药	TILs、CD8 和 PD-L1 在 TNBC、HER2+ 中与反应较一致，但 cut-off、时间点和亚型差异仍未统一；空间组学和单细胞研究提示，真正关键的可能是“免疫热/冷+髓系抑制+克隆演化”的组合，而不是单一指标。 36 133 134 135 136	高	高	高
5. 影像-病理-分子多模态融合，建立早期响应预测模型并解释其生物学基础	影像和病理单独预测都有天花板；多模态模型已显示可提高 pCR/RCB 预测性能，且更适合回答“谁会在治疗早期就暴露出耐药”。如果能与 transcriptomics 或病理 WSI 结合，容易形成方法学与临床双重亮点。 121 136 137 138 139 140	高	中-高	很高

按“国家自然科学基金”与“高水平期刊”双视角的筛选结论

- **最适合申报基金一类/重点方向：**
  ctDNA 动态指导新辅助治疗、残余病灶多组学机制、分型转换机制。 36 119 120
- **最容易做出高质量原创论文：**
  多模态早期预测模型、残余病灶单细胞/空间组学、ctDNA+病理联合分层。 121 125 136
- **最有理论突破潜力：**
  “治疗诱导的可塑性”而非“基线分型”解释响应差异，即分型转换、微环境重塑、克隆进化三者共同决定结局。 36 120 131

底线判断：如果只能选一个主攻方向，首选 **ctDNA 动态联合残余病灶分层**；如果要追求学术深度和机制突破，首选 **残余病灶多组学+分型转换机制**。这两条线最符合“创新性强、理论价值高、且最容易产出高质量成果”的三重标准。 1 36 119 125

置信度：高——上述筛选与排序同时受到前述综述框架和当前检索到的多项回顾性、前瞻性及多组学研究支持，且研究空白集中、方向彼此互补。 1 120 121 122 136

ELSEVIER

仅供个人学习使用

PART 03 • 输出④

选题之后，追问论文结构框架

根据建议的首选方向，参考IMRAD结构，给出论文框架

一、拟题方向

题目建议：新辅助治疗过程中循环肿瘤 DNA 动态预测乳腺癌病理缓解及个体化治疗决策的前瞻性研究
这一方向之所以最值得优先做，是因为现有证据已经表明：ctDNA 与残余负荷、复发风险密切相关，但其“能否用于实时调整治疗”仍是关键空白；同时，ctDNA 动态可把新辅助治疗从静态终点评估推进到反应引导策略。[119][122][123][124][125]

二、IMRAD 结构框架

1. Introduction

1.1 研究背景

- 新辅助治疗后，病理缓解结局差异很大，而未达 pCR 并不等同于同质风险；RCB 能比“有无残余”更细化分层。[32][33]
- ctDNA 更适合反映治疗后的 MRD 和复发风险，而不是单纯替代病理终点。[35][37]
- 既往研究提示，治疗中 ctDNA 清除与更好反应相关，持续阳性者更常见于最终非 pCR。[35][103][104]

1.2 科学问题

- ctDNA 动态能否在**病理结果出来之前**早期预测 pCR 或 RCB 0/I?
- ctDNA 能否识别“需要强化”与“可考虑去强化”的患者?
- ctDNA 与临床病理特征、分子分型、TILs/HRD 等标志物相比，是否具有独立增量价值?[21][29][35][37]

1.3 研究假设

- 治疗早期 ctDNA 下降或清除与更高 pCR/更低 RCB 相关；持续阳性提示残余病灶与更差结局。[35][122][123][124]
- ctDNA 联合临床病理与免疫特征，可优于单一指标预测疗效。[51][60]

2. Methods

2.1 研究设计

- **推荐设计**：前瞻性多中心队列研究，必要时嵌套回顾性验证队列。[119][121][124]
- 可设置“发现队列 + 外部验证队列”以增强发表质量和泛化性。[51][60]

2.2 研究对象

- 早期或局部进展期乳腺癌接受新辅助治疗患者。
- 可按分子分型分层：HR+/HER2-、HER2+、TNBC，因为不同亚型的反应基础不同。[1][2][11][21]

2.3 采样时间点

- 治疗前基线
- 治疗中早期时间点
- 疗程中后期
- 术前
- 术后/随访

这些动态时间点是 ctDNA 研究能体现“实时反应监测”价值的关键。[119][122][125]

2.4 主要终点

- **主要终点**：pCR 或 RCB 0/I。[32][33]
- **次要终点**：EFS、DFS、术后 MRD、复发模式、乳房与腋窝缓解一致性。[35][37][39]
- 若条件允许，可加入“治疗方案调整后结局”作为探索性终点。[119]

2.5 暴露/预测变量

- ctDNA 检出状态
- ctDNA fraction 或动态变化幅度[122]
- ctDNA 清除率
- 术后 ctDNA 阳性/阴性
- 联合变量：TILs、Ki-67、HRD、PAM50、临床分期、分子分型。[11][21][29][51]

2.6 统计分析

- 以多变量模型评估 ctDNA 对 pCR/RCB 的独立预测价值。
- 比较“临床病理模型”与“临床病理 + ctDNA 模型”的判别效能。
- 分层分析：TNBC、HER2+、HR+/HER2-；以及含铂、抗 HER2、免疫治疗亚组。[19][21][43]
- 若设计允许，可构建动态预测模型或列线图。[60][121]

3. Results

这一部分如果是论文框架，可按“预期结果逻辑”组织。

3.1 基线特征

- 患者分型、分期、Ki-67、TILs、治疗方案分布。[11][26][29]

3.2 ctDNA 动态与病理缓解

- 治疗早期 ctDNA 下降者更可能获得 pCR 或较低 RCB。[35][122][123]
- 持续 ctDNA 阳性者更可能残留病灶或复发风险更高。[37][124][125]

3.3 模型性能

- ctDNA 加入后模型 AUC / C-index 提升。
- 在 TNBC 或高风险 HER2+ 亚组中增益更明显的可能性较大。[21][122]

3.4 分层发现

- 不同分子亚型中 ctDNA 的预测阈值或动态模式可能不同，这符合“分型特异性”研究框架。[1][11][51]

4. Discussion

4.1 核心解释

- ctDNA 的价值不在于替代病理，而在于**提前揭示残余克隆是否仍在存活**。[35][37][119]
- 这使其成为连接“治疗前生物学”与“术后风险”的动态桥梁。[122][124]

4.2 理论贡献

- 从静态分型预测推进到“动态克隆清除”预测。[45][119]
- 从单次终点评估推进到“过程导向”的个体化治疗决策。[121][125]

4.3 临床意义

- 有望支持疗程缩短、强化或术后补充治疗的分层决策。[119][124]
- 也可为非 pCR 人群的再分层提供依据，与 RCB、ypN 结合更有价值。[32][33]

4.4 局限性

- ctDNA 平台、检测时间点、cutoff 不统一会影响可比性。[37][125]
- 不同亚型生物学差异大，单一阈值可能不适用所有人群。[11][21][29]
- ctDNA 更强于 MRD/复发预测，能否直接指导治疗改变仍需前瞻性验证。[37][38]

四、如果要提高论文层次，建议突出三个亮点

- **动态性**：不是看一次 ctDNA，而是看“变化轨迹”。[119][122]
- **分层性**：按 TNBC、HER2+、HR+/HER2- 分层，而不是跨亚型混在一起。[1][11][21]
- **转化性**：不仅预测，还尝试提出“何时强化、何时去强化”的决策框架。[119][124][125]

置信度：高——这一框架与前述证据一致：ctDNA 最适合做动态 MRD/反应分层工具，而多中心前瞻性设计、RCB 终点和分型分层是高质量论文的关键要素。[32][33][35][37][119][122][125]

- **结构自动对齐IMRAD**：从选题直接推导出Introduction / Methods / Results / Discussion四段大纲
- **每条结果可溯源**：结论均附证据编号，答辩/审稿追问可当场展开

从选题到论文结构框架，一篇论文全部覆盖

仅供个人学习使用

PART 03 • 可信度

结论可信吗？Trust Card一键溯源

1.1 研究背景

- 新辅助治疗后，病理缓解结局差异很大，而未达 pCR 并不等同于同质风险；RCB 能比“有无残余”更细化分层。 32 33
- ctDNA 更适合反映治疗后的 MRD 和复发风险，而不是单纯替代病理终点。 35 37
- 既往研究提示，治疗中 ctDNA 清除与更好反应相关，持续阳性者更常见于最终非 pCR。 35 103 104

1.2 科学问题

- ctDNA 动态能否在**病理结果出来之前**早期预测 pCR 或 RCB
- ctDNA 能否识别“需要强化”与“可考虑去强化”的患者?
- ctDNA 与临床病理特征、分子分型、TILs/HRD 等标志物相比 35 37



“Link to Statement” — 展示来源，并解释某来源为何被引用



“Claim Radar” — 揭示矛盾，帮助研究人员校准证据的强度

ELSEVIER

仅供个人学习使用

场景 • 学者推荐

找专家不再靠人脉，一键生成推荐名单

如果开展相关研究，全球范围内有哪些高影响力团队值得关注？请：推荐10位代表性学者，总结其主要研究方向，判断其与本研究方向的契合度，按影响力和合作价值排序。

排名	学者	主要研究方向	与本研究方向契合度	合作价值
1	**Minetta C. Liu**	ctDNA、MRD、早期乳腺癌新辅助治疗后的反应/生存、风险分层与治疗个体化；其相关代表作包括“Circulating tumor DNA in neoadjuvant-treated breast cancer reflects response and survival”“Clinical significance and biology of ctDNA in high-risk early-stage HER2-negative breast cancer receiving neoadjuvant chemotherapy” 143	**极高**：几乎与“ctDNA动态预测pCR/RCB并指导个体化治疗”完全同向 143	**极高**：既有高产出，也有跨转化与临床应用的连续布局，最适合作为方法学与队列设计合作对象 143
2	**Niklas Loman**	早期乳腺癌 ctDNA 动态、结构变异（SV）驱动的超敏检测、术前/术后/随访全程监测；代表作包括 NeoCircle 与基于WGS+dPCR的SV追踪研究 145	**极高**：与你建议的首选方向直接重合，尤其适合“高灵敏度、纵向监测、MRD”框架 145	**极高**：有前瞻性队列和技术平台，适合联合开展“动态轨迹+临床结局”研究 145
3	**Isaac García-Murillas**	ctDNA 复发预测、早期乳腺癌 MRD、突变追踪、术后/随访监测；其标志性工作是 2015 年 *Science Translational Medicine* 的 ctDNA 预测复发研究 142	**极高**：核心问题就是“ctDNA 是否能在病理结果前识别高风险残余病灶” 142	**高**：在 MRD 理论与临床转化上积累最深，适合做验证性与机制延展合作 142
4	**Alexey A. Aleshin**	个体化 ctDNA 检测、乳腺癌复发预警、MRD 监测，以及早期 HER2 阴性乳腺癌新辅助场景中的生物学与临床关联；代表作包括“Personalized detection of circulating tumor DNA antedates breast cancer metastatic recurrence” 144	**高**：与新辅助后 MRD、复发风险和个体化监测高度相关，但证据中更偏“检测平台与预后”而非完整的治疗决策闭环 144	**高**：适合做高灵敏检测、复发终点和跨癌种方法迁移合作 144

按影响力、契合度自动排序推荐学者，附主要研究方向和契合度，找人不再只凭几个大牛的名字

仅供个人学习使用

场景 · 国际合作学者推荐

跨国合作，精准匹配学者与机构

如果想和英国、法国和美国开展国际合作，有没有推荐的课题组，附上团队的H指数和相关发文数量(发文的时间区间)，主要方向，为什么适合合作?

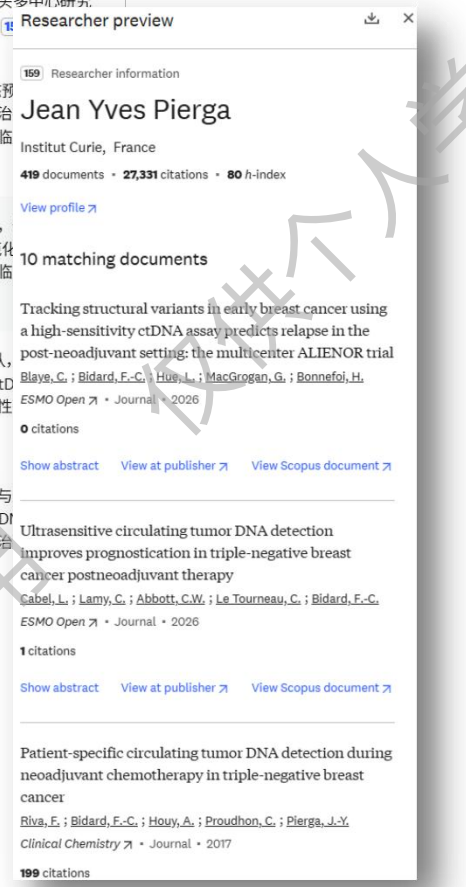
Processing steps >

International research collaboration in oncology

可以，**如果你的主线是“新辅助治疗中 ctDNA / MRD 动态预测病理缓解”**，当前最值得优先对接的课题组集中在**法国、英国和美国**，其中法国的 **Jean Yves Pierga、François Clément Bidard、Luc Cabel、Delphine Loirat**，英国的 **Isaac García-Murillas、Ros J. Cutts、Kathryn Dunne、Simon Russell**，美国的 **Minetta C. Liu、Wen Li、Angel Augusto Rodriguez、Beiyun Chen** 都与该方向高度相关。[142] [143]

推荐合作课题组

排名	学者 / 课题组	国家	H指数；发文数；时间区间	主要方向	为什么适合合作
1	**Jean Yves Pierga**	法国	**H-index 80；419篇；1990–2026** [159]	早期乳腺癌液体活检、ctDNA、CTC、术后残余病灶分层 [159]	影响力最高，且其工作覆盖液体活检与早期乳腺癌风险分层，适合牵头多中心研究与终点标准化 [1
2	**Minetta C. Liu**	美国	**H-index 60；222篇；2002–2026** [143]	ctDNA、MRD、早期乳腺癌新辅助反应、生存和个体化治疗 [143]	与“ctDNA动态预并指导个体化治同向，是最强临对象 [143]
3	**François Clément Bidard**	法国	**H-index 65；262篇；2007–2026** [160]	ctDNA、早期 TNBC、液体活检、检测规范与精确医学建议 [160]	既有高影响力，和 ctDNA 规范化做检测方法与临 [160]
4	**Isaac García-Murillas**	英国	**H-index 37；56篇；2005–2026** [142]	ctDNA 复发预测、早期乳腺癌 MRD、突变追踪、纵向监测 [142]	经典 MRD 团队，治疗中/术后 ctD发预测和验证性
5	**Luc Cabel**	法国	**H-index 31；98篇；2015–2026** [158]	ctDNA、MRD、液体活检、免疫治疗早期监测 [158]	兼具临床转化与局，适合把 ctDI新辅助与免疫治



按目标国家/地区自动匹配高影响力学者，附机构、研究方向与合作契合度分析

仅供个人学习使用

场景 · 方案对比

技术路线优劣，一目了然

不同技术路线的比较

技术路线	病理完全缓解预测	残余病灶评估	长期预后预测	证据水平
MRI	传统MRI对pCR有中等到较好表现，但并不稳定；受DCIS、微小残留和治疗方案影响，仍可能误判。[174] [180] [184] [185]	MRI通常优于乳腺X线摄影，也常优于超声，但对微小残留、原位成分及多灶/多中心病灶仍可能低估。[183] [186] [187]	动态功能指标更有价值，尤其是FTV及其变化与RFS相关，有时甚至比单纯pCR更能反映结局。[188]	**较强**
超声	单独超声通常弱于MRI；大样本比较中其敏感度低于MRI，但特异度可较高，联合MRI可改善整体判断。[174]	可用于残余肿瘤大小和腋窝评估，但与病理一致性仅中等，且可能低估残余范围。[182] [183] [189]	长期预后证据较弱，更多作为随访和局部响应监测工具；其预测力通常依赖与临床变量或Radiomics/AI联合。[190] [191] [192] [193] [194]	**中等偏弱**
乳腺X线摄影	单独用于pCR预测通常不如MRI和超声，且受乳腺密度、残余钙化和结构改变影响较大。[180] [195] [196]	对软组织残留和非钙化成分不敏感，因此残余病灶评估价值有限，更适合与MRI/超声互补。[180] [181] [182]	长期预后预测证据最弱，主要提供间接或辅助信息。[180] [195]	**较弱**
Radiomics	MRI-based radiomics、超声radiomics、delta-radiomics等通常可提高pCR预测能力，部分研究AUC可达约0.8以上，联合临床变量后更强。[177] [190] [192] [197] [198] [201] [203] [205] [206] [207] [208]	可捕捉残余异质性和肿瘤周边信息，因此对残余病灶评估有潜力，但多数研究仍为回顾性、单中心或外部验证有限。[202] [209]	预后建模证据在增加，FTV、delta-radiomics、habitat radiomics等与RFS/DFS/OS相关，但总体仍以“模型可行”而非“临床替代”为主。[188, 202, 209]	**中等**

在乳腺癌影像评估中，目前主要技术路线有哪些？ 请比较不同技术路线对于： - 病理完全缓解预测 - 残余病灶评估 - 长期预后预测 方面的优劣势及证据水平。

Processing steps >

Breast cancer imaging evaluation techniques

乳腺癌影像评估的主要技术路线

目前主要包括 **MRI、超声、乳腺X线摄影、Radiomics、以及多模态AI模型**。总体上，**MRI和超声**在病理完全缓解（pCR）与残余病灶评估上最成熟，但单独使用仍有限；**Radiomics**和**多模态AI**通常能进一步提升性能，其中多模态融合整体表现最佳；**乳腺X线摄影**单独用于疗效评估的证据最弱，更多是辅助角色。

[174] [175] [176] [178] [180] [181] [183] [188] [190] [194] [195] [196] [203] [204] [212] [214] [218]

简要排序

若按当前证据与综合性能粗略排序，可概括为：

多模态AI模型 > MRI-radiomics / 动态MRI > 超声-radiomics / 多模态超声 > 乳腺X线摄影。[177, 188, 190, 194, 203, 209, 212, 214, 218]

置信度：高——不同技术路线在pCR、残余病灶和预后预测上的优劣方向在现有系统综述、Meta分析和多中心研究中较一致；但Radiomics与AI模型仍受外部验证和标准化不足限制。[174, 176, 178, 181, 188, 199, 203, 204, 226, 227, 228]

几分钟完成人工两周的横向对比，且每条结论都标注原文引用，审稿人追问可当场溯源

仅供个人学习使用

场景 • 追踪前沿

逐层追问，收窄选题切口

通过 Follow-up Suggestions 逐步追问，一步步把研究范围收窄到最合适的切口

Follow-up Suggestions

↳ MRI radiomics在乳腺癌pCR预测中的外部验证表现如何

↳ 超声评估残余病灶时常用哪些量化指标

↳ 多模态AI模型如何整合影像与临床变量预测长期预后

超声评估残余病灶时常用哪些量化指标

Processing steps

Quantitative ultrasoun

超声评估**残余病灶**时，最常用的量
流/微血管灌注指标，以及它们的
征、CEUS 时间-强度参数 和 **BI-RA**

238 239 240 241 242 243

Processing steps

- **Analyzing the query to determine the next steps.**
- **Outlining the research plan and identifying the next steps.**
- **Gathering relevant information to address the request.**
- **Evaluating quantitative ultrasound metrics to assess residual breast cancer following chemotherapy.**
- **Performing keyword search**
  Using data from Scopus
  ("ultrasound" OR "sonography" OR "ultrasonography") AND ("residual disease" OR "residual tumor" OR "residual lesion") AND ("neoadjuvant chemotherapy" OR "NAC") AND (quantificat* OR measurement OR metric* OR parameter*)
- **Performing natural language search**
  Using data from Scopus
  What are the common quantitative ultrasound metrics used to assess residual breast cancer after neoadjuvant chemotherapy?

常用量化指标

指标类别	常见指标	主要用途
肿瘤大小/范围	最长径（LD）、残余肿瘤大小、肿瘤体积、三径计算的体积、残余病灶范围 229 232 237 244 245 246 247 248	直接估计残余肿瘤负荷；最常见、最容易落地的指标 229 232 237
变化率/动态指标	Δ最长径、Δ体积、治疗前后变化百分比、分疗程变化 233 235 237 239	反映疗效动态，常比单次测量更有预测价值 233 235 237
回声相关	回声强度、回声变化、肿瘤-脂肪回声比、Kullback-Leibler divergence（KLD） 235 241	用于捕捉治疗后坏死、纤维化和内部结构改变 235 241 249
弹性/		

哪些指标最常被用来判断“有无残余病灶”

- **最长径/体积** 是最基础的指标，和病理残余大小的对应关系最直接；但单独用时一致性通常只是中等。 182 229 232 244 248 264
- **SWE/SE 的硬度指标** 在残余病灶检测中很常见，尤其是 **最大弹性值、Emax、弹性比值** 这类参数；有研究显示它们能明显提高 B 模式超声的表现。 230 242 251 252
- **回声变化** 也很常用，尤其是治疗后肿瘤回声强度变化、肿瘤/脂肪回声比变化、KLD 等指标，与病理残余细胞量有相关性。 235 241 249
- **Doppler/SMI/CEUS** 则更适合补充判断残余灌注和活性组织；常见量化值包括 **PSV、RI、峰值强度、达峰时间、上升斜率**。 231 240 243

实务上最值得优先关注的指标组合

如果你的目标是**残余病灶评估**，当前材料最支持的组合思路是：
残余最长径/体积 + SWE 硬度指标 + 血流/灌注指标，必要时再加上 **BI-RADS 描述子或 QUS/纹理特征**，因为单一超声指标往往不够稳健，而组合模型通常更接近病理结果。 229 230 236 237 240 242 253 261 265

Confidence level: High — 多项研究都在残余病灶评估中重复使用了“尺寸、弹性、回声、血流、QUS/纹理和变化率”这些指标，且它们的作用分工相对一致。

ELSEVIER

仅供个人学习使用

场景 • Compare Table

自定义列，只看你关心的指标

一次对齐多篇文献的实验方法、结果与结论，省去逐篇精读；

可自定义新增列，突出你关心的要点(如列出各研究报告的主要性能指标，例如灵敏度、特异度、准确率、AUC、相关系数、组内相关系数（ICC）、Kappa系数或预测准确率等)

Confidence level: High — 多项研究都在残余病灶评估中重复使用了“尺寸、弹性、回声、血流、QUS/纹理和变化率”这些指标，且它们的作用分工相对一致。

Show all 38 references Explore as a table

Temporary table ⓘ | Show / Hide | Filter | Sort by | Add column | Add papers | Search for papers | Export CSV

Source	Abstract	Methods	Results	Conclusions	Quantitative Performance Metric
European Journal of Radiology • Elsevier • Sep 2024 DOI: 10.1016/j.ejrad.2024.111649	rpose: To create a simple model using andard BI-RADS® descriptors from pre- eatment B-mode ultrasound (US) mbined with clinicopathological tumor atures, and to assess the potential of the odel to predict the presence of residual... ow more	Retrospective, single-center cross-sectional study of 245 female breast cancer patients treated with NAC. Baseline B-mode US BI-RADS descriptors and clinicopathological features were analyzed with univariate/multivariate logistic regression, split into 170 training and 83 validation cases.	40.8% of patients achieved pCR. Tumor size, microlobulated/spiculated margins, calcifications, edema, and HER2-positive or triple-negative subtype were significant predictors; the model achieved AUC 0.873 in training and 0.720 in validation.	A simple model combining pre-treatment B-mode US BI-RADS descriptors with clinicopathological features predicts residual disease after NAC. Key limitations were the single-center design, limited sample size, and lack of external validation.	Area under the ROC curve was 0.873 in the training set and 0.720 in the validation set.
Full Text Open Access A model combining BI-RADS® descriptors from pre-treatment B-mode breast ultrasound with clinicopathological tumor features shows promise in the prediction of residual disease after neoadjuvant chemotherapy Kapetas, P.; Aggarwal, R.; Altuwayjiri, B.; ... Baltzer, P.A.T. European Journal of Radiology • Elsevier • Sep 2024 DOI: 10.1016/j.ejrad.2024.111649	Purpose: To create a simple model using standard BI-RADS® descriptors from pre-treatment B-mode ultrasound (US) combined with clinicopathological tumor features, and to assess the potential of the model to predict the presence of residual... Show more	Retrospective, single-center cross-sectional study of 245 female breast cancer patients receiving neoadjuvant chemotherapy (2017-2019). Baseline B-mode US BI-RADS descriptors and clinicopathological features were analyzed with logistic regression in a 170-case training set and 83-case validation set.	pCR occurred in 100/245 patients (40.8%). Tumor size, microlobulated/spiculated margins, calcifications, edema, HER2-positive subtype, and triple-negative subtype were significant predictors; the model achieved AUC 0.873 in training and 0.720 in validation.	A model combining standard pre-treatment B-mode US BI-RADS descriptors with clinicopathological features predicts residual disease after NAC. Key limitations were the single-center design, limited sample size, and lack of external validation.	Area under the ROC curve was 0.873 in the training set and 0.720 in the validation set.
Full Text Ultrasound echogenicity reveals the response of breast cancer to chemotherapy Dobruch-Sobczak, K.; Piotrzkowska-Wróblewska, H.; Klimonda, Z.; ... Litniewski, J. Clinical Imaging • Elsevier • May 2019 DOI: 10.1016/j.clinimag.2019.01.021	Purpose: To evaluate the ultrasound (US) response in patients with breast cancer (BC) during neoadjuvant chemotherapy (NAC). Methods: Prospective US analysis was performed on 19 malignant tumors prior to NAC treatment and 7 days after... Show more	Prospective study of 13 breast cancer patients with 19 lesions undergoing NAC; US was performed before treatment and 7 days after each of the first four cycles, with echogenicity, size, vascularity, and sonoelastography compared against postoperative histopathology.	Echogenicity change after 3 NAC courses correlated most strongly with residual malignant cells (odds ratio 60, p<0.05). Lesion size and stiffness changes were also significant, and RT vs N-RT differences in volume were significant after the first and fourth courses.	Persistent tumor hypoechogenicity after 3 NAC courses predicts poor response, and echogenicity may help monitor treatment. Limitation: the study is preliminary with a small cohort and needs confirmation in a larger patient group.	Echogenicity change after 3 courses of NAC had odds ratio 60 (p < 0.05). Lesion size and stiffness changes were also significant, and prior studies cited AUCs of 0.82–0.92, sensitivity 59%–100%, specificity 78%–85%, and accuracy 86%.
Full Text Ultrasound echogenicity reveals the response of breast cancer to chemotherapy Dobruch-Sobczak, K.; Piotrzkowska-Wróblewska, H.; Klimonda, Z.; ... Litniewski, J. Clinical Imaging • Elsevier • May 2019 DOI: 10.1016/j.clinimag.2019.01.021	Purpose: To evaluate the ultrasound (US) response in patients with breast cancer (BC) during neoadjuvant chemotherapy (NAC). Methods: Prospective US analysis was performed on 19 malignant tumors prior to NAC treatment and 7 days after... Show more	Prospective study of 13 women with 19 breast tumors undergoing NAC, with ultrasound before treatment and 7 days after each of the first four courses. Echogenicity, size, vascularity, and sonoelastography were compared with postoperative histopathology using correlation and logistic regression.	Echogenicity change after 3 NAC courses showed the strongest correlation with residual malignant cells (odds ratio = 60, p<0.05). Lesion size and stiffness changes were also significant, and mean tumor volume fell from 9583 mm3 pre-treatment to 2529 mm3 after treatment.	Tumor echogenicity, especially persistent hypoechogenicity after 3 NAC courses, can predict poor pathological response and may help monitor treatment. The study is preliminary and should be confirmed in a larger cohort.	Echogenicity change after 3 courses of NAC showed the strongest correlation with residual malignant cells, with odds ratio 60 (p < 0.05). Size and elasticity changes were also significant (p < 0.05); earlier studies cited AUCs of 0.82, 0.83, and 0.92 for related measures.

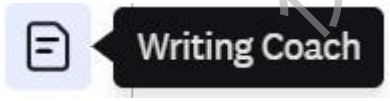
ELSEVIER

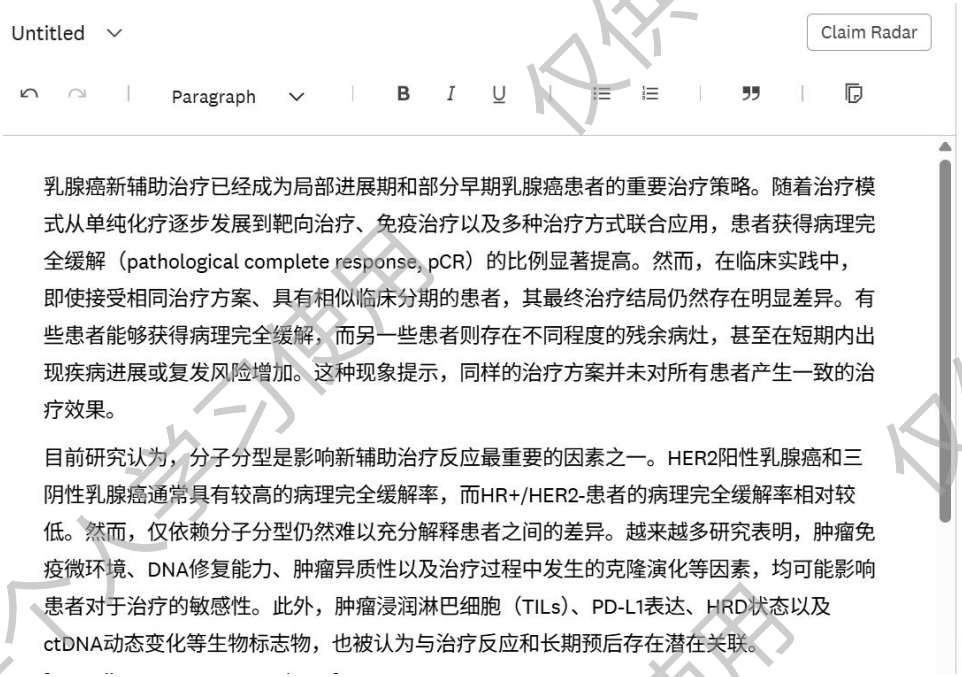
仅供个人学习使用

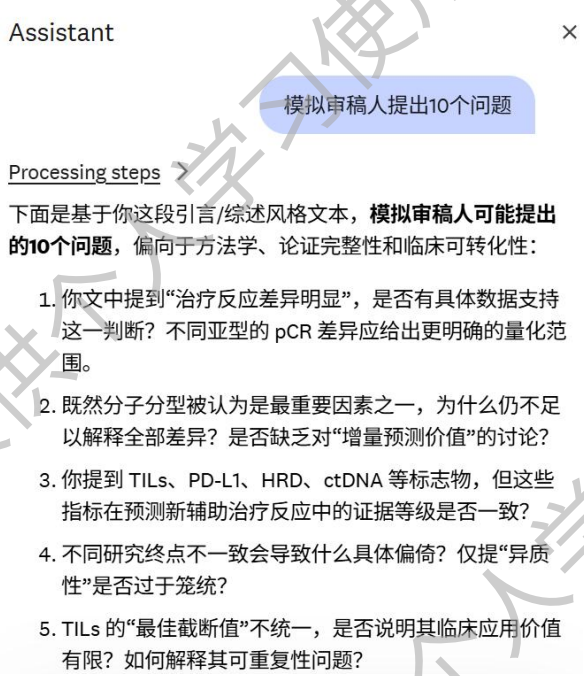
场景 • 投稿评审演练

投稿前，先让 Writing Coach 当一次审稿人

Debate Ideas：一键生成10个审稿人级高压追问，全部基于你自己的论文稿







仅供个人学习使用

ELSEVIER

场景 • 投稿评审演练

逐条采纳修改建议，稿子仍是你自己的

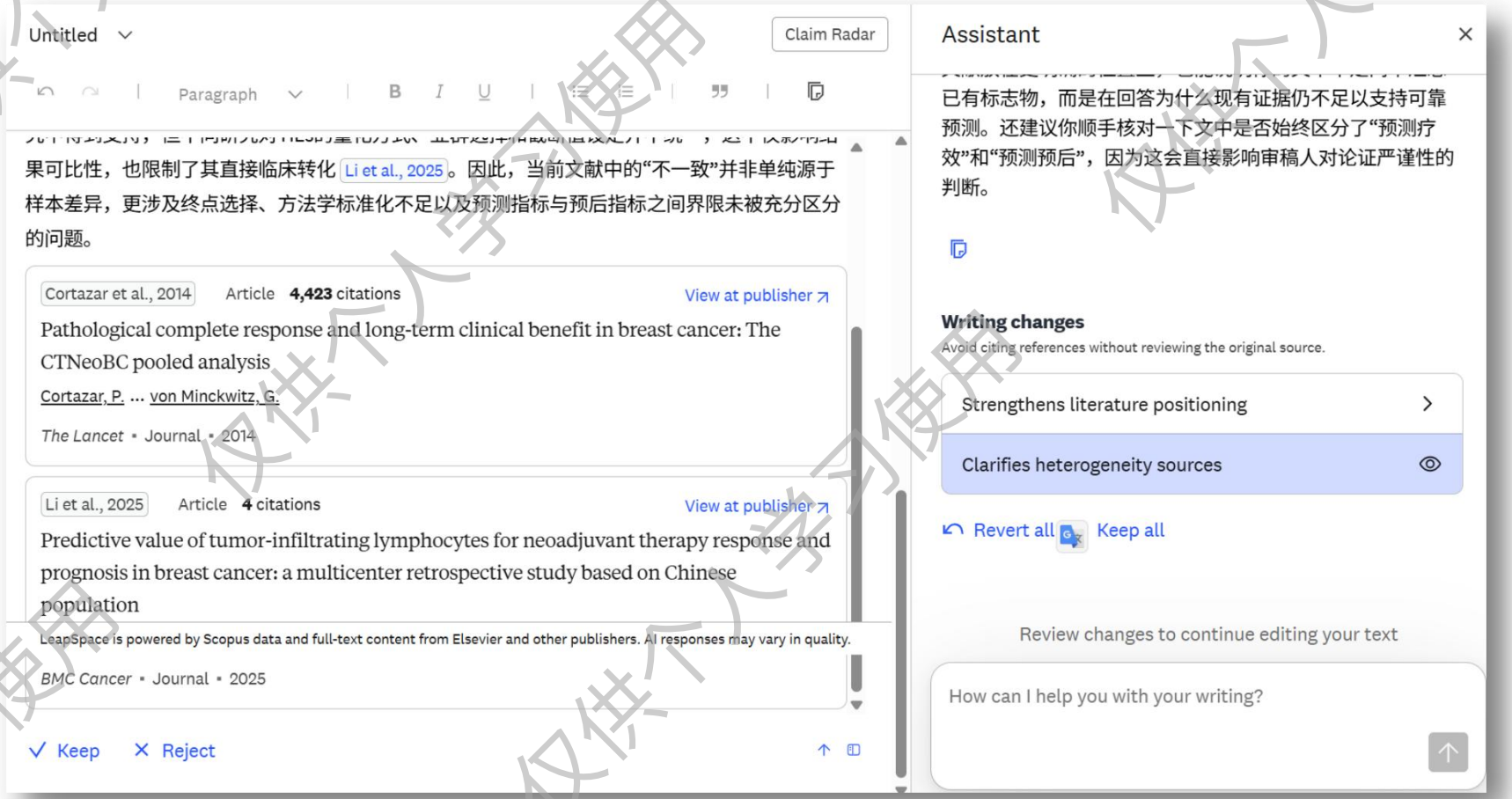
针对每个质疑直接给出可落笔的改写，Keep / Reject 逐条确认，原文不被自动覆盖

Writing Coach

结合审稿人的问题进行完善

Processing steps

这些调整会把你的综述从“罗列潜在线索”推进到“清楚说明现有证据到底支持到哪一步”，同时更准确地暴露目前论证中的薄弱处。这样读者才能分清哪些差异来自肿瘤生物学本身，哪些其实是研究终点、检测方法、治疗方案或阈值设定不一致造成的，否则很容易把不稳定的结果误读成稳定结论。把文献放在更明确的位置上，也能说明你的文章不是简单汇总已有标志物，而是在回答为什么现有证据仍不足以支持可靠预测。还建议你顺手核对一下文中是否始终区分了“预测疗效”和“预测预后”，因为这会直接影响审稿人对论证严谨性的判断。



ELSEVIER

仅供个人学习使用

场景 · 投稿评审演练

每一条论断，都能当场查到出处

Claim Radar 批量核查全文论断：支持/反驳/结果不一的文献分别标注

Writing Coach

Untitled

Assistant

Paragraph

乳腺癌新辅助治疗已经成为局部进展期和部分早期乳腺癌患者的重要治疗策略。随着治疗模式从单纯化疗逐步发展到靶向治疗、免疫治疗以及多种治疗方式联合应用，患者获得病理完全缓解（pathological complete response, pCR）的比例有所提高，但这种获益在不同分子亚型之间并不均一；既往研究显示，pCR与长期生存的关联在三阴性和部分HER2阳性亚型中更为显著 Huang et al., 2020, Niu et al., 2016。然而，在临床实践中，即使接受相同治疗方案、具有相似临床分期的患者，其最终治疗结局仍然存在明显差异。这种差异不仅表现为是否达到pCR，也体现在残余病灶范围、淋巴结反应不一致以及后续复发风险上，提示传统临床分层仍不足以充分解释个体间治疗敏感性的差别 Nikolaus, 2026, MacColl et al., 2021。因此，仅凭分期或分子分型尚难实现对新辅助治疗反应的精准预测，仍需结合更多能够提供增量预测价值的生物学指标与综合模型 He et al., 2025, Cantore et al., 2026。

目前研究认为，分子分型是影响新辅助治疗反应最重要的因素之一。HER2阳性乳腺癌和三阴性乳腺癌通常具有较高的病理完全缓解率，而HR+/HER2-患者的病理完全缓解率相对较低。然而，仅依赖分子分型仍然难以充分解释患者之间的差异。越来越多研究表明，肿瘤免疫微环境、DNA修复能力、肿瘤异质性以及治疗过程中发生的克隆演化等因素，均可能影响患者对于治疗的敏感性。此外，肿瘤浸润淋巴细胞（TILs）、PD-L1表达、HRD状态以及ctDNA动态变化等生物标志物，也被认为与治疗反应和长期预后存在潜在关联。

尽管如此，目前相关证据仍然存在较大的异质性。一方面，不同研究使用的终点定义并不完

ELSEVIER

Claim Radar

Select a claim to explore the evidence and research connected to it. Some matches may be imperfect.

Refresh

“病理完全缓解与长期生存的关联在三阴性和部分HER2阳性亚型中更为显著”

“HER2阳性乳腺癌和三阴性乳腺癌通常具有较高的病理完全缓解率，而HR+/HER2-患者的病理完全缓解率相对较低”

“肿瘤免疫微环境、DNA修复能力、肿瘤异质性以及治疗过程中发生的克隆演化等因素，均可能影响患者对于治疗的敏感性”

“肿瘤浸润淋巴细胞、PD-L1表达、HRD状态以及ctDNA动态变化等生物标志物，与治疗反应和长期预后存在潜在关联”

Claim details

Processing steps

Identified claim
病理完全缓解与长期生存的关联在三阴性和部分HER2阳性亚型中更为显著

8 related documents

Support 6
Mixed 0
Contradict 2

4 key insights

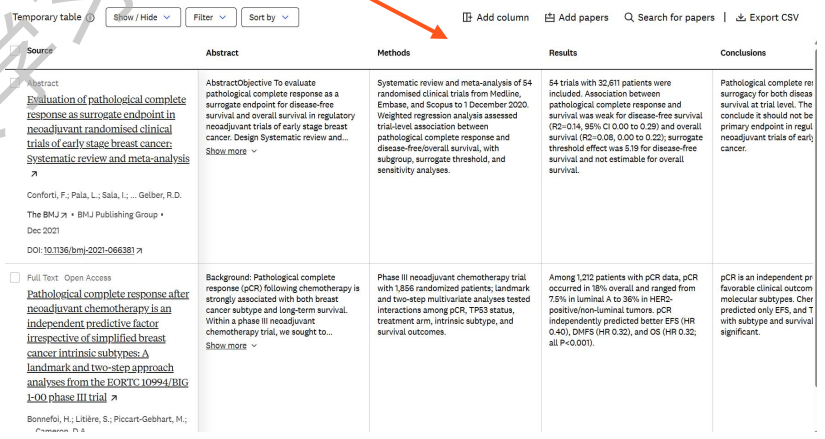
- Subtype-specific evidence favors stronger pCR–survival links in TNBC and some HER2-positive tumors, while luminal subtypes show weaker or absent benefit.

Show more

6 support | 0 mixed | 2 contradict

进一步分析存在Contradict观点的论文

Analyze documents



从只有数据，到推进一个完整科研项目：前后对比

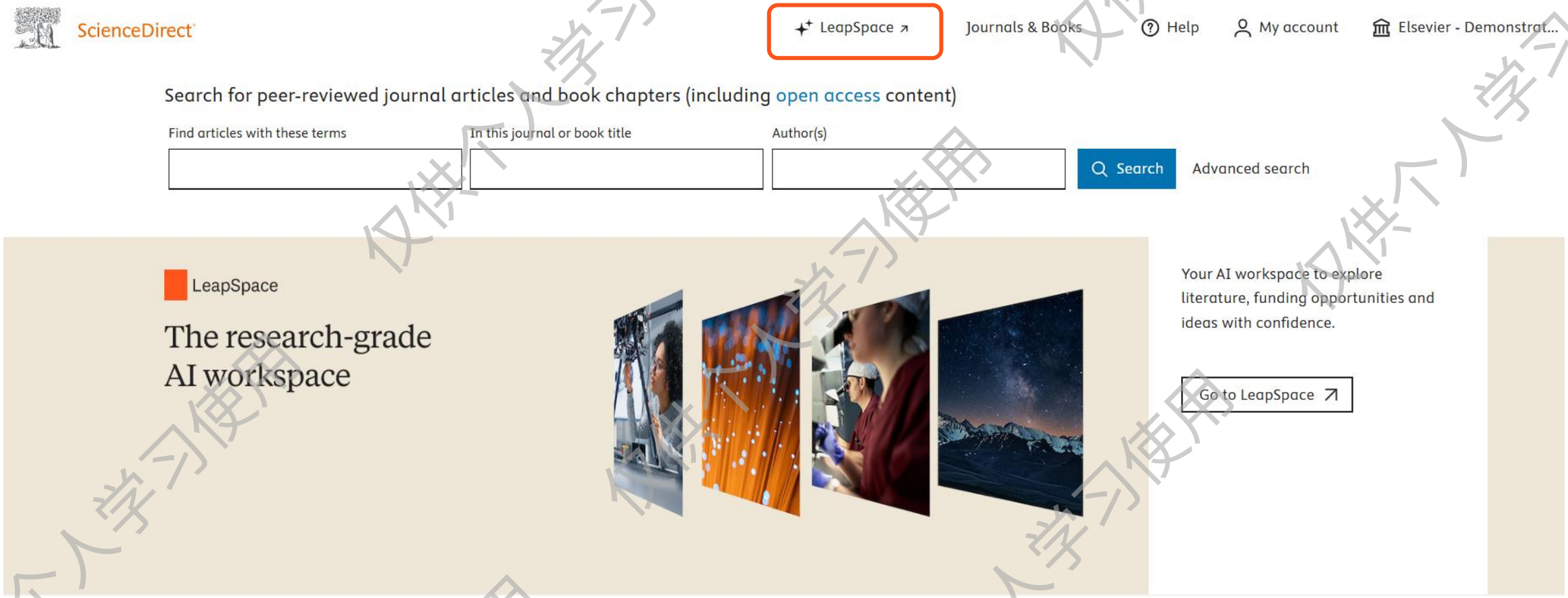
科研项目推进环节	使用 LeapSpace 前	使用 LeapSpace 后
选题方向	*只有实验数据，说不清创新点在哪*	明确科学问题，选题方向有据可依
国内外进展	*文献读了两周，仍梳理不出结构*	研究趋势 + Research Gap，一目了然
技术路线	*凭经验选择，改了三版仍不放心*	多方法多篇论文横向比较，选择有依据
证据可信度	*论断缺出处，审稿人一问就露怯*	逐条可溯源，主流观点与争议清晰可辨
合作伙伴筛选	*只认识几个熟悉的名字，找人靠运气*	按契合度、影响力自动筛选专家团队，快速锁定合作对象
投稿与评审	*逻辑单薄、怕被追问*	Writing Coach 打磨逻辑 + 模拟审稿，从容应答

提醒：最终判断仍由研究者本人和合作团队/审稿专家共同确认

仅供个人学习使用

如何访问 LeapSpace

https://www.sciencedirect.com/leapspace



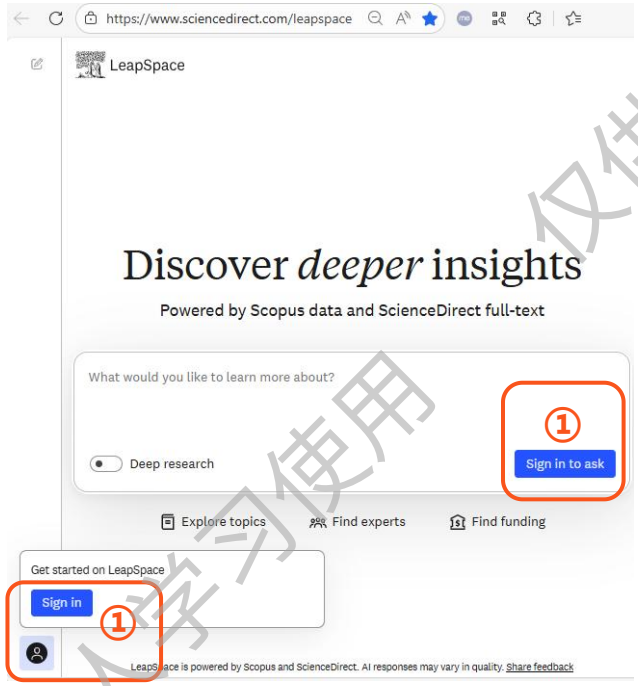
1）校园IP或远程访问下，登录到ScienceDirect数据库（www.sciencedirect.com）中，点击数据库右上角LeapSpace链接

2）也可直接访问：https://www.sciencedirect.com/leapspace

仅供个人学习使用

账户注册流程

①在所内IP下打开LeapSpace (https://www.sciencedirect.com/leapspace)，点击中间对话框内的“Sign In to Ask”或者点击左下角头像后再点击”Sign In” ；



②在“欢迎”界面上，输入您的邮箱并点击“继续”；

注：如果您此前已经用同一个邮箱在ScienceDirect或者Cell Press平台注册账户，在点击“继续”后直接输入密码即可使用LeapSpace。



③在“注册”界面上，输入用户姓名及密码后点击“注册”即可完成账户注册流程。



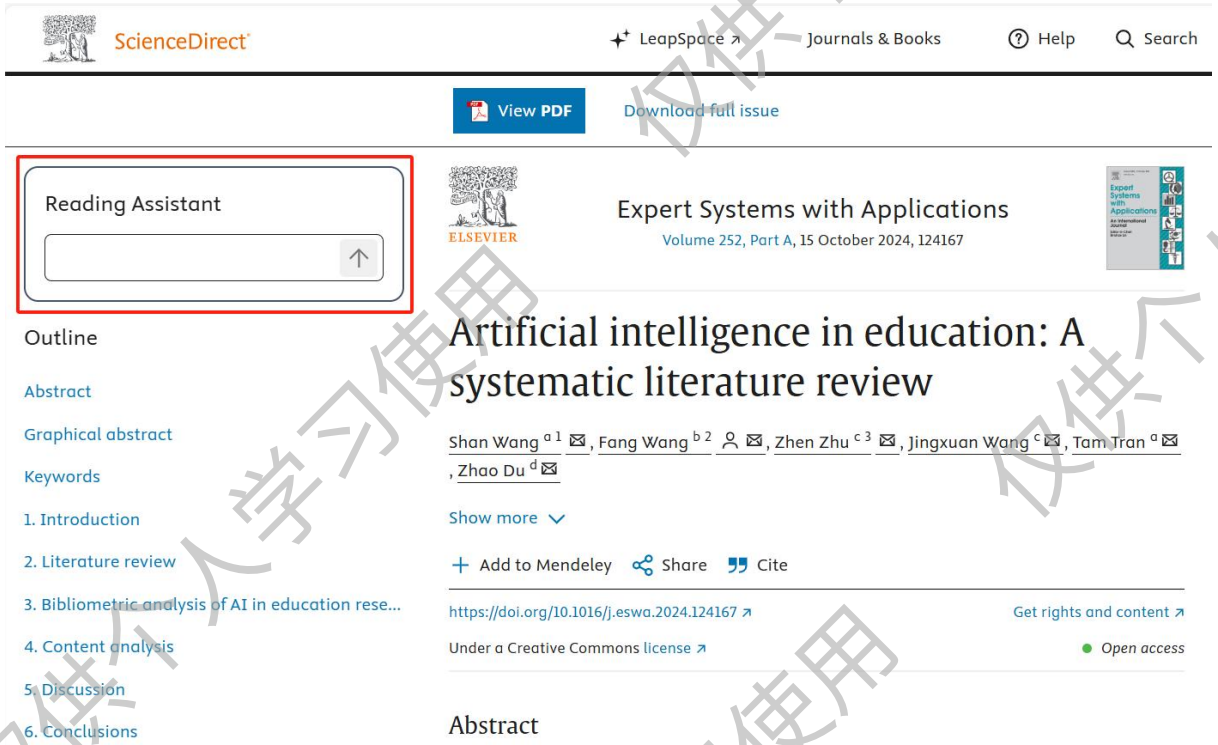
如账户登录遇见问题，请及时保留相关截图并联系Elsevier产品支持及客户服务团队（数据库权限和访问）：
电话：400-842-6973　　邮箱：support.china@elsevier.com　　（工作日9:00-12:00，13:00-18:00）

ELSEVIER

仅供个人学习使用

Tips: 跟ScienceDirect数据库相结合的功能

读不完抓不住重点 → 阅读助手 Reading Assistant





1. **全文快速总结**：把握文献核心内容
2. **创新点精确分析**：定位论文的核心贡献
3. **研究方法概要**：快速了解实验/分析路径
4. **潜在突破方向**：发现可延伸的研究思路

ELSEVIER

仅供个人学习使用

爱思唯尔关于 生成式人工智能作者的政策

人工智能作为辅助工具

- 综合文献，发现空白，产生想法
- 协助语言结构和润色
- 有限度地使用人工智能来创建图像（见下一张幻灯片）



作者责任

- 审核并核实所有AI生成内容的准确性
- 确保作品的原创性和完整性



透明度与合规

- 提交时披露AI使用情况
- 通过查看任何所用AI工具的条款和条件，确保数据隐私、知识产权及其他权利





人工智能支持研究和稿件准备。作者仍需承担责任。

在哪里可以找到爱思唯尔期刊生成式AI政策：期刊生成式AI政策

仅供个人学习使用

爱思唯尔关于生成式人工智能的政策：人物、图像与艺术作品

允许有限度地使用人工智能

- 说明性图片（流程图、图表）
- 直接从底层数据导出的数据可视化（图表、图）



限制

- 请勿创建或更改原始研究图像（如western blots、显微镜图像）*
- 不允许使用AI工具制作图形摘要。请使用专门的科学插图平台。



透明度与合规

- 提交时披露图片中的AI使用情况
- 通过查看任何所用AI工具的条款和条件，确保数据隐私、知识产权及其他权利



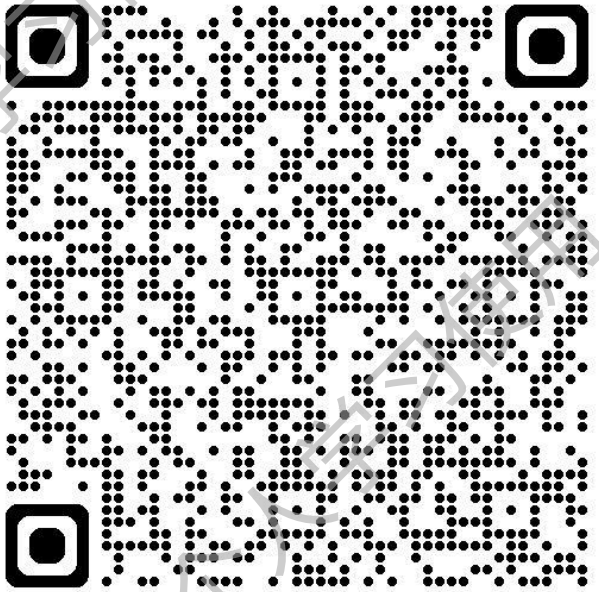


视觉完整性对于值得信靠的研究至关重要

ELSEVIER

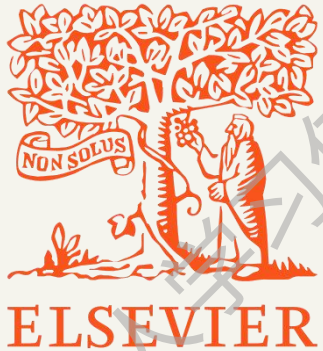
*例外情况：如果人工智能工具是研究方法的一部分。必须在方法部分清楚描述并说明。

仅供个人学习使用



LeapSpace快速使用指南下载

仅供个人学习使用



Advancing human progress together

仅供个人学习使用