

论 著

机器学习基于动态对比增强MRI鉴别乳腺良性与恶性病变的价值*

罗文斌¹ 王光松² 郑 晔¹
刘 欣¹ 王 蕾¹ 延 根^{1,*}

1. 厦门医学院附属第二医院放射一科
(福建 厦门 361021)
2. 厦门大学附属翔安医院 (福建 厦门 361006)

【摘要】目的 本研究旨在探讨不同机器学习方法在乳腺良性与恶性病变预测中的应用。方法 回顾性分析厦门医学院附属第二医院2018年8月至2022年5月经病理证实的271个患者临床和影像资料。采用分层抽样方法以7: 3的比例划分训练组和验证组, 提取影像组学特征, 训练组使用冗余性分析、最小绝对收缩和选择算子交叉验证算法进行特征筛选, 采用逻辑回归、支持向量机、自适应增强算法及决策树4种不同具有监督学习的机器学习方法来预测乳腺良性与恶性病变的能力。使用受试者工作特征曲线(ROC曲线)、F1度量值和准确率对四种机器学习算法进行评估, 并通过验证组进行验证。绘制校准曲线用于评价预测概率和实际概率之间的偏差。结果 基于17个影像组学特征, 逻辑回归算法鉴别乳腺良性与恶性病变的预测效果最好, 验证组有最高的曲线下面积(AUC值)为0.832(0.744-0.919), 准确率为78%, F1度量值为0.790。最终以逻辑回归机器学习算法建立预测模型, 逻辑回归算法模型校准曲线具有良好的重叠性。结论 基于乳腺动态对比增强MRI逻辑回归机器学习算法有助于鉴别乳腺良性与恶性病变, 为临床医师的决策提供指导。

【关键词】影像组学; 乳腺; 磁共振成像; 机器学习
【中图分类号】R339.2+3; R445.2
【文献标识码】A
【基金项目】厦门市科学技术局医疗卫生指导性项目(3502Z20214ZD1198)
DOI:10.3969/j.issn.1672-5131.2024.04.026

Value of Machine Learning Based on DCE-MRI for Predicting Diagnosis of Benign and Malignant Breast Lesions*

LUO Wen-bin¹, WANG Guang-song², ZHENG Ye¹, LIU Xin¹, WANG Lei¹, YAN Gen^{1,*}.
1. Department of Radiology, The Second Affiliated Hospital of Xiamen Medical College, Xiamen 361021, Fujian Province, China
2. Xiang'an Hospital of Xiamen University, Xiamen 361006, Fujian Province, China

ABSTRACT
Objective To explore the value of imaging models with different machine learning methods in predicting benign and malignant breast lesions. **Methods** The clinical and imaging data of 271 patients confirmed by histopathology in the second affiliated Hospital of Xiamen Medical College from August 2018 to May 2022 were analyzed retrospectively. The stratified sampling method was used to divide the training group and the verification group at the proportion of 7:3. The third phase of dynamic contrast enhanced MRI (DCE-MRI) was used to extract imaging features. The training group uses redundancy analysis, minimum absolute contraction and selection operator cross-validation algorithm for feature screening. Four different machine learning methods with supervised learning, logical regression, support vector machine, adaptive enhancement algorithm and decision tree, are used to predict benign and malignant breast lesions. The receiver operating characteristic curve (ROC), accuracy and F1 measure were used to evaluate the advantages and disadvantages of the four machine algorithms, and verified by the verification group. The calibration curve is used to evaluate the deviation between the predicted probability and the actual probability. **Results** Based on 17 imaging features, the prediction effect of logical regression algorithm is the best in distinguishing benign and malignant breast lesions. The highest area under the curve (AUC value) is 0.832 (0.744-0.919) in the verification group, and the accuracy is 78%. The F1 measure is 0.790. Finally, the prediction model is established by logical regression machine learning algorithm, and the calibration curve of logical regression algorithm model has good overlap. **Conclusion** Logical regression machine learning based on breast dynamic contrast enhanced MR imaging model is helpful to distinguish benign and malignant breast lesions and provide guidance for clinicians to make decisions.
Keywords: Radiomics; Breast; Magnetic Resonance Imaging; Machine Learning

2020年, 女性乳腺癌在全球两性癌症死亡率中排名第五^[1]。2022年, 我国癌症中心发布了全国癌症统计数据, 2000-2016年女性癌症发病率乳腺癌一直高居首位^[2]。在过去的几十年中, 由于创新筛查技术的改进和可用性, 乳腺癌的有效预后和患者存活率都有所提高^[3]。根据国家综合癌症网络(NCCN)和BI-RADS的乳腺癌筛查指南, 第4类乳腺疾病被定义为具有可疑恶性肿瘤和未知病理类型的乳腺病变类型, 看起来出来乳腺良恶性病变存在很多的重叠。因此在治疗前, 乳腺良恶性病变的诊断已成为乳房疾病治疗中基本的一步。乳腺的磁共振成像(MRI)已经成为一种非常强大的技术, 与乳腺钼靶和超声波相比, 它在乳腺良恶性病变鉴别中具有更高的灵敏度, 尤其是动态对比增强磁共振成像(DCE-MRI)在鉴别乳腺良恶性病变方面起着关键作用^[4]。放射组学在乳腺DCE-MRI中的应用从诊断(如乳腺病变的特征、乳腺癌组织学类型的预测以及受体状态的相关性)到预后(如淋巴结转移、肿瘤对新辅助全身治疗的反应、复发风险)对乳腺病变进行评估^[5]。徐凡^[6]等研究表明基于磁共振早期动态增强的影像组学特征对乳腺良恶性病变具有较高的鉴别诊断效能, 可辅助临床进行精准的不良性鉴别, 为临床治疗方案提供参考。本研究基于乳腺动态对比增强MRI的机器学习模型鉴别乳腺良性与恶性病变, 为临床医师的决策提供指导。

1 资料与方法

1.1 临床资料 本研究经厦门医学院附属第二医院伦理委员会审定, 豁免了所有参与这项研究的患者的知情同意书, 批准文号: 2021027。本次研究性研究的患者信息来源于厦门医学院附属第二医院影像存档与传输系统(PACS)。我们连续收集了2018年8月至2022年5月本院就诊的241例患者, 共271个病灶。患者均为女性, 其中恶性病变135个(49.82%), 患者年龄27~72(47.91±10.03)岁; 良性病变136个(50.18%), 患者年龄16~72(39.27±9.97)岁。良性病变包括纤维腺瘤34个, 乳腺腺病, 54个, 乳腺增生15个, 导管内乳头状瘤9个, 乳腺错构瘤1个, 良性叶状肿瘤5个, 乳腺囊肿3个, 肿块型乳腺炎15个; 恶性病变均为乳腺癌, 其中浸润性导管癌123个, 大汗腺分化癌2个, 浸润性小叶癌3个, 导管原位癌5个, 浸润性粘液腺癌2个。

纳入标准: MRI后进行的病理诊断, 经穿刺或手术病理诊断证实; 患者在PACS中有完整的MRI图像, 并在患者接受活检前获得轴位及矢状位DCE-MRI扫描。排除标准: 乳腺DCE-MRI检查前行活检、放疗或化疗; 扫描图像质量不佳, 影响病灶勾画及观察。病

【第一作者】罗文斌, 男, 副主任医师, 主要研究方向: 乳腺影像诊断及人工智能。E-mail: luowenkris@163.com
【通讯作者】延 根, 男, 副主任医师, 主要研究方向: 中枢神经系统及乳腺影像诊断。E-mail: gyan@stu.edu.cn

例相关病理和临床资料不完整。

1.2 方法 MRI检查采用GE Discovery 750 3.0T MR扫描仪, 选择专用乳腺线圈, 患者俯卧位。增强扫描采用动态对比增强Vibrant 3D 序列, 静脉注射钆喷酸葡胺, 剂量0.1为mmol/kg体重, 注射以2.5mL/s的流率注射, 增强前先行蒙片扫描, 注射后连续增强扫描持续522s, 共9个时相, 每个动态时相持续58s, 层厚=2.8mm, TR/TE为5.0ms/6.7ms, 矩阵为512×512, FOV为36cm×36cm。

1.3 影像组学分析

1.3.1 图像三维分割 采用的勾画软件为3D-slicer开源软件, 选择DCE-MRI第三期相图像进行勾画, 首先由一名磁共振主治医师(具有5年以上乳腺工作经验)沿病灶边缘逐层勾画ROI, 得到病灶的三维容积感兴趣区(volume of interest, VOI)。然后由一名磁共振副主任医师(具有10年以上乳腺MRI工作经验)复核确认VOI, 两名医生之间的分歧通过协商一致得到解决。两位磁共振医生勾画时不知悉病理组织病理学结果。

1.3.2 影像组学特征提取 获得乳腺病变在DCE-MRI上的VOI后, 特征提取的具体操作都是通过3D-slicer软件完成的, 其中结合使用“Radiomics”模块, 设置为软件默认设置。共提取851个量化原始图像特征, 包括18个一阶统计特征、14个三维形状特征、24个灰度共生矩阵特征、16个灰度游程矩阵特征、16个灰度大小区域矩阵特征、5个邻域灰度差矩阵特征、14个灰度相关矩阵特征和744个小波特征。

1.3.3 影像组学特征筛选 将所有组内患者病变个数按7: 3的比例分为189个训练组和82个验证组, 使用训练组来进行特征筛选及建立模型, 验证组来检验模型的性能。首先, 为了避免过

度拟合, 采用冗余性分析中的Spearman相关系数进行特征筛选, Spearman相关系数删除Spearman>0.90的特征, 识别出一组高度相关的特征; 其次, 使用最小绝对收缩和选择算子算法(least absolute shrinkage and selection operator, LASSO)来用于建立放射组学签名模型的关键特征。筛选出最佳的影像组学特征, 最后通过LASSO回归分析方法获得Radscore的计算公式, 通过该公式得出每个乳腺病变的Radscore值。

1.3.4 机器学习建模 利用逻辑回归(logistic regression, LR), 支持向量机(support vector machine, SVM), 自适应增强算法(adaptive boosting algorithm, AdaBoost), 决策树(decision tree, DT)4种机器学习方法筛选出的影像组学特征构建模型, 绘制训练组及验证组ROC曲线, AUC值评估机器学习方法的性能、准确率为被正确划分的样本占被确定划分的样本的比例; 评估分类器的分类能力采用F1度量值, F1值越高, 分类效果越好^[7]。

1.4 统计学分析 采用R 4.1.2版本软件统计学分析; 对连续计量资料先进行正态分布检验, 组间比较采用两独立样本t检验或Mann-Whitney U 检验; 分类变量组间比较采用卡方检验或Fisher检验。采用AUC值、准确率及F1值评估4种机器学习影像组学模型预测乳腺良性和恶性病变; 绘制校准曲线用于评价预测概率和实际概率之间的偏差。P<0.05被认为具有统计学意义。

2 结果

2.1 临床资料的比较 训练组和验证组中患者的临床特征如表1所示。两组患者良恶性病理分型和年龄在统计学上没有显著差异(P>0.05)。

表1 入选患者基本临床及病理资料

特征	训练组(n=189)	验证组(n=82)	总数(n=271)	P值	χ ² 或t值
年龄(岁)	43.00 [35.00, 50.00]	44.00 [36.25, 52.75]	43.00 [35.00, 50.00]	0.3589	— ^a
恶性病变(%)	93 (49.21)	42 (51.22)	135 (49.82)	0.6597	— ^b
大汗腺分化癌	1 (0.53)	1 (1.22)	2 (0.74)		
导管原位癌	4 (2.12)	1 (1.22)	5 (1.85)		
浸润性导管癌	87 (46.03)	36 (43.90)	123 (45.39)		
浸润性小叶癌	1 (0.53)	2 (2.44)	3 (1.11)		
浸润性粘液腺癌	0 (0.00)	2 (2.44)	2 (0.74)		
良性病变(%)	96 (50.79)	40 (48.78)	136 (50.18)	0.1876	— ^c
导管内乳头状瘤	6 (3.17)	3 (3.66)	9 (3.32)		
良性叶状肿瘤	3 (1.59)	2 (2.44)	5 (1.85)		
乳腺错构瘤	1 (0.53)	0 (0.00)	1 (0.37)		
乳腺囊肿	2 (1.06)	1 (1.22)	3 (1.11)		
乳腺腺病	37 (19.58)	17 (20.73)	54 (19.93)		
乳腺增生	8 (4.23)	7 (8.54)	15 (5.54)		
纤维腺瘤	28 (14.81)	6 (7.32)	34 (12.55)		
肿块型乳腺炎	11 (5.82)	4 (4.88)	15 (5.54)		

注: ^a: Mann-Whitney U 检验, 未提供统计量的值; ^b及^c: Fisher精确检验法, 未提供统计量的值。

2.2 特征筛选及标签建立 采用Spearman相关系数进行特征筛选出137个特征，然后使用LASSO最终筛选出参与模型构建的17个最优特征(图2)，其中形态特征1个，小波特征16个(表2)。对17个最优特征进行采用 LASSO回归分析，获得影像组学标签(Radscore)的计算公式为：

$$\text{Radscore} = (0.3707682 \times \text{Original-shape-Elongation} + 0.1641080 \times \text{wavelet-LLH-firstorder-Kurtosis} + 0.3457458 \times \text{wavelet-LHL-firstorder-90Percentile} - 2.1917205 \times \text{wavelet-LHL-glcM-MCC} + 0.7759611 \times \text{wavelet-LHH-glcM-lmc1} - 0.6428797 \times \text{wavelet-LHH-glcM-MCC} - 0.8216812 \times \text{wavelet-LHH-glszm-GrayLevelNonUniformityNormalized} + 0.2197961 \times \text{wavelet-HLH-glcM-lmc1} + 0.3842319 \times \text{wavelet-HHL-glcM-InverseVariance} + 2.7479416 \times \text{wavelet-HHL-gldm-DependenceEntropy} - 1.5819317 \times \text{wavelet-HHH-glrlm-ShortRunEmphasis} + 0.5871974 \times \text{wavelet-HHH-glszm-GrayLevelNonUniformityNormalized} + 0.4317666 \times \text{wavelet-HHH-glszm-GrayLevelVariance} - 0.3301301 \times \text{wavelet-LLL-firstorder-Minimum} - 0.3490483 \times \text{wavelet-LLL-firstorder-Skewness} - 0.5010552 \times \text{wavelet-LLL-glcM-DifferenceVariance} - 0.1046186 \times \text{wavelet-LLL-glcM-MCC}) + 2.0298021$$

乳腺良性病变组和恶性病变组Radscore评分值及组间比较(图3)，训练组中，良性病变组Radscore值低于恶性病变($P<0.001$)；并在验证组中得到验证($P<0.001$)。

表2 筛选的影像组学特征(系数非零)与对应的特征系数

影像组学特征	系数
Original-shape-Elongation	0.3707682
wavelet-LLH-firstorder-Kurtosis	0.1641080
wavelet-LHL-firstorder-90Percentile	0.3457458
wavelet-LHL-glcM-MCC	-2.1917205
wavelet-LHH-glcM-lmc1	0.7759611
wavelet-LHH-glcM-MCC	-0.6428797
wavelet-LHH-glszm-GrayLevelNonUniformityNormalized	-0.8216812
wavelet-HLH-glcM-lmc1	0.2197961
wavelet-HHL-glcM-InverseVariance	0.3842319
wavelet-HHL-gldm-DependenceEntropy	2.7479416
wavelet-HHH-glrlm-ShortRunEmphasis	-1.5819317
wavelet-HHH-glszm-GrayLevelNonUniformityNormalized	0.5871974
wavelet-HHH-glszm-GrayLevelVariance	0.4317666
wavelet-LLL-firstorder-Minimum	-0.3301301
wavelet-LLL-firstorder-Skewness	-0.3490483
wavelet-LLL-glcM-DifferenceVariance	-0.5010552
wavelet-LLL-glcM-MCC	-0.1046186

2.3 机器学习模型的选择 训练组及验证组4种机器学习方法构建模型的ROC曲线(图4)；4种机器学习模型效能的比较(表3和表4)。验证组中LR机器学习算法较其他3种算法的AUC、准确率和F1度量值高，分别为0.832、78%及0.790。最终以LR机器学习模型构建影像组学模型。

2.4 预测模型校准度评价 结合Hosmer-Lemeshow检验，采用校准图评价LR预测模型鉴别乳腺良、恶性病变的能力，分析显示在训练组及验证组中LR预测模型校准曲线和理想曲线重合度均较高，有较高的校准度(训练组： $P=0.782$ ，验证组： $P=0.840$)(图5)

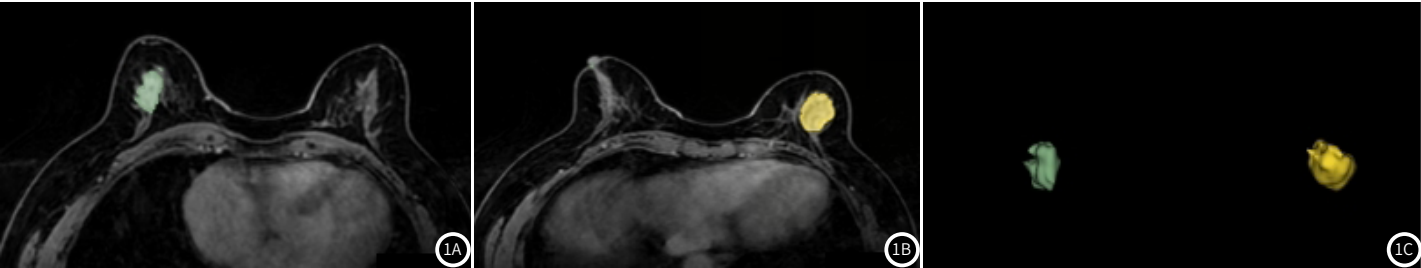


图1A-图1C 同一患者，右侧及左侧乳腺病变分别勾画ROI，图1A及1B为轴位单层面的感兴趣区，同一例72岁女性患者1A为右侧乳腺外上象限浸润性导管癌(绿色)1B为左侧乳腺外下象限纤维腺瘤(黄色)；图1C为获得的右侧及左侧病变的整个瘤体体积VOI。

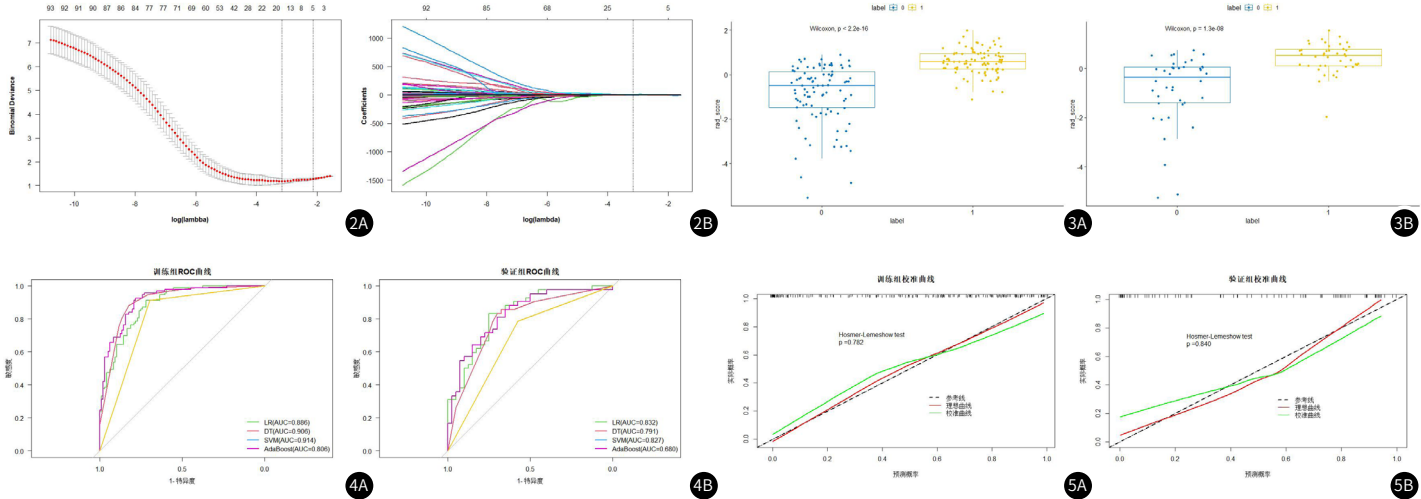


图2A-图2B LASSO回归特征筛选图，采用5折交叉验证在不同λ值的分类误差分布。图2A LASSO模型中参数λ变化曲线图，横坐标为log(λ)，纵坐标为二分类偏差，图中虚线分别代表最优log(λ)及1个标准误所在的位置；图2B 筛选的系数收敛图，上横坐标为非零系数的个数，下横坐标为log(λ)，纵坐标为系数的值，虚线为最优log(λ)所在的位置。
图3A-图3B 训练组(3A)和验证组(3B) label=0(乳腺良性病变)和label=1(恶性病变)，Radscore值分布箱式图。
图4A-图4B 训练组(4A)及验证组(4B) 4种机器学习方法构建模型的ROC曲线。
图5A-图5B 预测模型在训练组(5A)和验证组(5B)中鉴别乳腺良、恶性病变能力的校准曲线。

表3 训练组4种机器学习模型效能的比较

建模方法	AUC(95%CI)	敏感度	特异度	阳性预测值	阴性预测值	准确率	F1值
LR	0.886(0.840-0.931)	0.839	0.760	0.772	0.829	0.799	0.804
DT	0.906(0.865-0.947)	0.882	0.823	0.828	0.879	0.851	0.854
SVM	0.914(0.874-0.953)	0.913	0.781	0.802	0.903	0.847	0.854
AdaBoost	0.806(0.752-0.860)	0.913	0.698	0.746	0.893	0.804	0.821

表4 验证组4种机器学习模型效能的比较

建模方法	AUC(95%CI)	敏感度	特异度	阳性预测值	阴性预测值	准确率	F1值
LR	0.832(0.744-0.919)	0.809	0.750	0.773	0.789	0.780	0.790
DT	0.791(0.865-0.947)	0.833	0.700	0.745	0.800	0.768	0.787
SVM	0.827(0.737-0.917)	0.810	0.650	0.708	0.765	0.732	0.755
AdaBoost	0.680(0.581-0.780)	0.786	0.575	0.660	0.719	0.682	0.717

3 讨 论

乳腺MRI具有软组织分辨率好、无辐射等优点，相对于乳腺X线摄影和超声检查，在乳腺癌的早期诊断和局部分期方面MRI有很大优势。NCCN指南中的定义指出，BI-RADS 4乳腺病变发生恶性肿瘤的可能性在2%到95%之间，视觉评估的不准确也可能导致对患者的过度诊断。前瞻性研究表明，利用提取和选择的特征构建的计算机辅助检测(CAD)系统可以有效区分乳腺良恶性病变。2012年，Lambin等人^[8]正式提出了放射组学，引起了许多计算机科学家、放射学家和肿瘤学家的注意。近年来，放射组学成为研究乳腺疗效评估、乳腺良恶性病变鉴别等领域的重要方法^[9]。因此本研究试图基于DCE-MRI放射组学特征通过冗余性分析+LASSO特征降维；4种机器学习方法比较，最终选择逻辑回归模型来鉴别乳腺良性病变和恶性乳腺病变，该模型在验证集中显示了良好的诊断性能，为诊断医生和肿瘤医生提供了一个更可靠的定量评估工具。

本研究对乳腺DCE-MRI原始数据的良性及恶性病变进行了3D分割，3D图像的特征提取可以提高影像组学预测模型的稳定性和性能，Xu^[10]等人影像组学研究使用3D图像特征提高了模型的预测性能。通过Spearman相关系数进行初步特征筛选，然后采用LASSO共筛选出了17个特征参数。这些特征中小波滤波相关纹理特征占比最大，这说明小波滤波的相关纹理特征对乳腺良恶性病变的描述性最强，这与Zhang等人^[11]研究结果一致。降维后，在训练组中用逻辑回归，支持向量机，决策树，对自适应增强(Adaboost)4种分类器预测乳腺良恶性病变，并在验证组中进行评估，验证组AUC值分别为0.832、0.827、0.791及0.680，构建的乳腺良恶性病变MRI影像组学预测模型中，逻辑回归分类器验证组中效能最好，这与Mao^[12]等人对173例乳腺良恶性病变进行影像组学研究预测模型一致，在Mao的研究中鉴别乳腺良恶性病变，与SVM、K邻近算法、贝叶斯分类建立的预测模型对比，逻辑回归模型显示了最佳的诊断效能。

本研究从DCE-MRI序列中提取的放射组学特征，通过冗余性分析+LASSO回归特征筛选后，最终采用逻辑回归机器学习模型鉴别乳腺良性与恶性病变表现出很好的诊断性能(训练组中AUC值为0.886，在验证组中AUC值为0.832)，验证组AUC值高于胡斌等^[13]基于ADC图建立的影像组学模型预测BI-RADS 4类病变(AUC=0.79)，分析原因是相对于ADC图，DCE-MRI序列不仅能清晰显示病变的形态学和血流动力学特征，而且根据病变的增强方式、血供、细胞组成等不同表现，对病变的形状和范围的锐化更有意义。基于DCE-MRI影像组学模型验证组AUC值稍低于张书海等^[14]基于基于瘤内及瘤周早期动态增强MRI的影像组学模型的预测BI-RADS 4类良性与恶性病变模型(AUC=0.875)，分析原因是本研究从瘤内动态增强MRI提取影像组学特征，没有同时提取瘤内及瘤周组学特征。与国外研究对比，Gibbs等人^[15]利用基于DCE-MRI放射组学评估了放射组学分析在乳腺小病变中乳腺癌诊断(BI-RADS 4/5)的效用，并获得了0.78的AUC。Lo Gullo等^[16]关注高危患者中亚厘米乳房肿块(BI-RADS 3/4)的特征，结合机器学习的放射组学分析显示诊断准确率为81.5%，这表明我们的结果与这些研究比较一致。

本研究也有不足之处：(1)我们的研究有一些局限性。首先，病变数量不足，未来需进行较大样本量的放射组学研究；(2)我们的研究只提取瘤内放射组学特征，而忽略了瘤周的放射组学特征，未来对瘤周放射组学特征还需要进一步的研究；(3)只基于动态增强MRI影像组学研究，没有纳入其他序列进行多模态影像组学。

综上所述，基于DCE-MRI的逻辑回归机器学习模型能较准确的鉴别乳腺病变良恶性病变，为临床医师的决策提供指导，避免不必要的活体组织检查。

参考文献

[1] Sung H, Ferlay J, Siegel RL, et al. Global cancer statistics 2020: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries[J]. CA Cancer J Clin, 2021, 71(3): 209-249.

[2] Zheng RS, Zhang SW, Zeng HM, et al. Cancer incidence and mortality in China, 2016[J]. J Nat Cancer Cent, 2022, 2(1): 1-9.

[3] Sheth D, Giger ML. Artificial intelligence in the interpretation of breast cancer on MRI[J]. J Magn Reson Imaging, 2020, 51(5): 1310-1324.

[4] Daimiel Naranjo I, Gibbs P, Reiner JS, et al. Breast lesion classification with multiparametric breast MRI using radiomics and machine learning: a comparison with radiologists' performance[J]. Cancers (Basel), 2022, 14(7): 1743.

[5] 马丽娜, 哈宗兰, 汪生颜. MRI影像组学在早期浸润性乳腺癌腋窝淋巴结转移诊断的价值[J]. 中国CT和MRI杂志, 2022, 20(07): 88-91.

[6] 徐凡, 彭丽君, 梁莹莹等. 基于MR早期动态增强的影像组学标签鉴别乳腺良恶性病变的价值[J]. 放射学实践, 2021, 36(1): 66-70.

[7] Lipton ZC, Elkan C, Aryanaswamy B. Optimal thresholding of classifiers to maximize F1 measure[J]. Mach Learn Knowl Discov Databases, 2014, 8725: 225-239.

[8] Lambin P, Rios-Velazquez E, Leijenaar R, et al. Radiomics: extracting more information from medical images using advanced feature analysis[J]. Eur J Cancer, 2012, 48(4): 441-446.

[9] 黄金叶子, 黎英姿, 周雯. 影像组学在乳腺癌诊断及预后的应用进展[J]. 中国CT和MRI杂志, 2023, 21(3): 174-177.

[10] Xu L, Yang P, Yen EA, et al. A multi-organ cancer study of the classification performance using 2D and 3D image features in radiomics analysis[J]. Phys Med Biol, 2019, 64(21): 215009.

[11] Zhang R, Wei W, Li R, et al. An MRI-based radiomics model for predicting the benignity and malignancy of BI-RADS 4 breast lesions[J]. Front Oncol, 2022, 11: 733260.

[12] Mao N, Yin P, Wang Q, et al. Added value of radiomics on mammography for breast cancer diagnosis: a feasibility study[J]. J Am Coll Radiol, 2019, 16(4 Pt A): 485-491.

[13] 胡斌, 徐克, 张立娜, 等. 基于表现扩散系数图像的影像组学模型对MRI乳腺影像报告与数据系统4类病变良恶性的鉴别诊断价值[J]. 中华放射学杂志, 2017, 51(12): 922-925.

[14] 张书海, 王小雷, 朱芸, 等. 基于瘤内及瘤周早期动态增强MRI的影像组学模型鉴别乳腺影像报告和数据系统4类肿瘤良性与恶性的价值[J]. 中华放射学杂志, 2022, 56(7): 758-765.

[15] Gibbs P, Onishi N, Sadinski M, et al. Characterization of Sub-1 cm breast lesions using radiomics analysis[J]. J Magn Reson Imaging, 2019, 50: 1468-1477.

[16] Gullo R L, Daimiel I, Rossi Saccarelli C, et al. Improved characterization of sub-centimeter enhancing breast masses on MRI with radiomics and machine learning in BRCA mutation carriers[J]. Eur Radiol, 2020, 30: 6721-6731.

(收稿日期: 2023-06-26)
(校对编辑: 韩敏求)