论 著

MRI特征辅助分类乳腺癌分子亚型的临床研究*

郭 峰[1,*] 侯信明[1] 王春锋[1]
张海芹[2] 宋张骏[3]
1.聊城市第二人民医院两腺外科
(山东 聊城 252600)
2.济南市中心医院乳腺外科
(山东 济南 252100)
3.陕西省人民医院乳腺外科
(陕西 西安 710068)

【摘要】**目的** 应用磁共振(MRI)图像中提取的特征和机器学习方法来帮助区分乳腺癌分子亚型，以期为临床诊治提供参考。**方法** 回顾性分析我院于2021年10月-2023年10月间确诊的178例乳腺癌患者的临床资料，每个患者肿瘤的形状、MRI特征和基于直方图的特征是使用内部软件从增强前和三次增强后的MRI图像上提取的。同时收集临床和病理资料。基于机器学习模型识别重要的成像特征并建立预测IDC亚型的模型。采用留一法交叉验证(LOOCV)避免模型过度拟合，采用Kruskal-Wallis检验确定统计学意义。**结果** LOOCV过程生成一个具有不同特征的模型，在排名前20位的特征中，有11项在IDC亚型之间存在显著差异(P<0.05)。综合前九种病理和影像特征，预测模型对IDC亚型的识别准确率为83.4%。病理和影像联合模型对各亚型的准确率分别为89.2%(ERPR1)、63.6%(ERPR-/HER21)和82.5%(TN)。当仅结合前9个成像特征时，预测模型在LOOCV上识别IDC亚型的总体准确率为71.2%。病理和影像联合模型对各亚型的准确率分别为69.9%(ERPR1)、62.9%(ERPR-/HER21)和81.0%(TN)。**结论** 我们开发了一个基于机器学习的预测模型，该模型使用从MRI提取的特征来区分具有显著预测能力的IDC亚型。

【关键词】磁共振；乳腺癌分子亚型；
留一法交叉验证
【中图分类号】R445.2
【文献标识码】A
【基金项目】陕西省2022年度卫生健康
科研项目(2022A010)
DOI:10.3969/j.issn.1672-5131.2024.06.032

The Study of MRI Features Assisted Classification of Molecular Subtypes of Breast Cancer*

GUO Feng[1,*], HOU Xin-ming[1], WANG Chun-feng[1], ZHANG Hai-qin[2], SONG Zhang-jun[3].
1.Department of Two Gland Surgery, Liaocheng Second People's Hospital, Liaocheng 252600, Shandong Province, China
2.Department of Breast Surgery, Jinan Central Hospital, Jinan 252100, Shandong Province, China
3.Department of Breast Surgery, Shaanxi Provincial People's Hospital, Xi'an 710068, Shaanxi Province, China

ABSTRACT
Objective To use the features extracted from magnetic resonance (MRI) images and machine learning methods to help distinguish the molecular subtypes of breast cancer. ***Methods*** The clinical data of 178 patients with breast cancer diagnosed in our hospital from October 2021 to October 2023 were retrospectively analyzed. The shape, MRI features and histogram based features of each patient's tumor were extracted from the MRI images before and after three times of enhancement using internal software. Simultaneously collect clinical and pathological data. Identify important imaging features based on machine learning models and establish models for predicting IDC subtypes. Using the left one method cross validation (LOOCV) to avoid overfitting of the model, Kruskal Wallis test was used to determine statistical significance. ***Results*** The LOOCV process generated a model with different features, with 11 out of the top 20 features showing significant differences between IDC subtypes (P<0.05). Combining the first nine pathological and imaging features, the prediction model has an accuracy of 83.4% in identifying IDC subtypes. The accuracy of the combined pathological and imaging models for each subtype was 89.2% (ERPR1), 63.6% (ERPR -/HER21), and 82.5% (TN), respectively. When only the first nine imaging features are combined, the overall accuracy of the prediction model in identifying IDC subtypes on LOOCV is 71.2%. The accuracy of the combined pathological and imaging models for each subtype was 69.9% (ERPR1), 62.9% (ERPR -/HER21), and 81.0% (TN), respectively. ***Conclusion*** We have developed a machine learning based prediction model that uses features extracted from MRI to distinguish IDC subtypes with significant predictive ability.
Keywords: Magnetic Resonance; Molecular Subtypes of Breast Cancer; Cross Validation with Retention Method

雌激素受体(ER)、孕激素受体(PR)和HER2/+受体(HER2)状态是这些亚型的免疫组织化学替代生物标志物，它们可以预测预后，并可能指导靶向治疗[1]。放射组学，定量成像特征的提取和分析，使成像表型与遗传信息相关[2]。这些可挖掘的数据可用于建立模型，从而有可能在磁共振成像(MRI)上对乳腺癌亚型进行分类。MRI是发现乳腺癌最灵敏的影像检查方法，术前可用来确定疾病的范围[3]。除了大小测量外，专科科医生根据美国放射学会乳腺成像报告和数据系统(BI-RADS)描述符来报告乳腺癌的定性和半定量特征[4]。

定量数据通常使用感兴趣区域(ROI)的平均强度，但无法解释这一区域内的异质性可能提供有用的临床信息。计算机软件可以进行定量的图像特征分析，其特征包括肿瘤的形态、纹理和增强动力学[5]。从乳腺MRI提取的8种放射表型正在作为可能的生物标志物进行研究。以前的乳腺癌计算机应用包括：良恶性肿块的区分；导管原位癌与浸润性癌的区分；导管与小叶乳腺癌的区分。从癌症基因组图谱和癌症图像档案中提取的9-12种乳腺癌的放射表型已被证明与肿瘤T分期、总体分期、孕激素和雌激素受体的状态以及病理分期有关[6]。最近的几份报告都集中在乳腺癌亚型上[2,4]。研究发现[5]，某些乳腺癌分子亚型具有独特的成像特征，但据我们所知，没有预测模型在给定的队列中对它们进行区分。我们研究的目的是使用从核磁共振中提取的特征和机器学习方法来确定成像特征是否有助于区分乳腺癌分子亚型。

1 资料与方法

1.1 研究资料 在2021年10月至2023年10月间，我们回顾了以下乳腺癌患者：病理证实的浸润性导管癌(IDC)，已知ER、PR和HER2/+受体状态；术前双侧乳腺MRI；无癌症病史；无已知BRCA突变；目前未使用激素治疗。核磁共振检查用于：BRCA阴性的高风险(>20%的终生风险)乳腺癌筛查，或术前评估，以确定新诊断乳腺癌的病情程度。总共有178名IDC患者和术前乳腺MRI被纳入研究样本，平均年龄50.8岁(范围：28-76岁)。免疫组织化学结果显示，乳腺癌分子亚型分布为：ERPR-1 95例(53.4%)，ERPR-/HER2 1例(19.6%)，基底细胞样48例(27.0%)。多中心性病变：ERPR 1癌17例(17.9%)，ERPR-/HER21癌23例(65.7%)，TN癌4例(8.3%)。肿瘤在1.5T(n 5 127，71.3%)或3.0T(n 5 51，28.7%)MRI上显示。

1.2 磁共振图像采集 收集的临床资料包括诊断时的年龄和更年期状况，病理资料包括肿瘤大小、组织学分级、核分级和腋窝淋巴结状况。描述性统计用于总结临床、影像学

【第一作者】郭 峰，男，副主任医师，主要研究方向：甲状腺、乳腺外科。E-mail：boy3566@126.com
【通讯作者】郭 峰

和病理参数。分类变量和均值采用频率和相应百分比，连续变量采用极差和标准差。年龄在乳腺癌诊断时计算。

所有图像均使用1.5T(n =127；71.3%)或3.0T(n=51；28.7%)MRI系统采集，以2毫升/秒的速率和20秒的扫描延迟，连续三次获得矢状位T1加权脂肪抑制的2D多层螺旋CT扫描时间(TR，毫秒)/回声时间(TE，毫秒)为7.4/4.2；翻转角度为108；采集矩阵为256 3 192；层厚为3mm；时间分辨率为90秒。3.0T时，除TR/TE为5.9/2.2外，其余参数相同。

1.3 基于计算机的图像分析 肿瘤由专科医生从第一个增强后脂肪抑制的T_1加权MR图像序列的单个中央切片上识别和轮廓。接下来，在增强前和增强后的矢状位脂肪抑制T_1加权序列上，从轮廓中心的肿瘤单层中提取图像特征[7]。因此，从脂肪抑制的T_1加权前和增强后图像上的轮廓所示的肿瘤的单个切片中提取信息。两个专科医生对乳腺MRI数据进行了一致的解读，数据集以随机顺序进行解释。1名放射科医生在第一次脂肪抑制T_1加权增强扫描的单个中心切片上勾勒出肿瘤边界的轮廓，用作感兴趣区域(ROI)和掩码，以提取所有序列上的各种基于图像的特征。肿瘤在增强前和增强后的脂肪抑制的T1加权图像上被勾画出轮廓。第二位放射科医生在特征提取之前回顾所有肿瘤感兴趣区。我们将提取图像特征的例程集成到我们内部软件系统，包括形态特征、基于直方图的一阶纹理特征和基于灰度共生矩阵(GLCM)的二阶纹理特征[8]。形态特征包括：1：偏心率；2：欧拉数；3：坚实度；4：范围。

使用分割的肿瘤内部的体素强度计算的基于直方图的一阶纹理特征包括：1：峰度；2：偏度；3：方差；4：标准差；5：最小；和6：最大。GLCM特征，也称为Harlick或二阶纹理特征，包括：1：能量(或相干)；2：熵；3：对比度；和4：同质性。MRI分析包括四个形态特征、六个直方图特征和四个基于GLCM的特征。形态特征在不同的MRI序列之间不会改变，因此对于每个肿瘤只计算一次，总共得到四种不同的图像特征。在四个MRI序列(增强前和增强后图像)上计算每个肿瘤的10个基于直方图和GLCM的特征，总共得到40个不同的图像特征。加在一起，每个肿瘤有44个图像特征。每个肿瘤的6个临床和病理特征包括：1：年龄；2：绝经状态；3：病理肿瘤大小；4：组织学分级；5：核分级；6：腋窝淋巴结状态(恶性细胞阳性或阴性)。总共有50个特征被纳入分析。

支持向量机(SVM)是一种学习模型，用于分析实际数据点并识别用于分类分析的模式。我们倾向于使用多类支持向量机进行这种分析，因为这种方法的目的是通过将其投射到单个问题中来灵活地执行多类分类为了确保对支持向量机的性能进行公正的评估，我们使用了留一交叉验证(LOOCV)方法。具体来说，在对整个数据集执行LOOCV过程的每次迭代中，保留一个样本用于测试，所有其他样本用于提供对SVM分类器/模型的性能的估计。在LOOCV方法的拟合过程中，为了特征选择和模型参数的优化，使用组间与组内平方和之比(BW-ratio)检验，bw比越大表明该特征与类分离更相关，因此与分类模型更相关。因此，bw比率决定了前20个特征的排名。在LOOCV过程的每次迭代中，使用基于bw比率的排名顺序，使用不同数量的排名最高的特征(top 1、2、3，依此类推，直至20)构建SVM分类器。在对所有患者进行每个LOOCV循环之后，我们计算准确率，这表明正确分类的样本的比例。我们通过确定每个特征属于支持向量机分类器的次数来评估每个特征的重要性，通过使用不同数量的顶级特征(前1、2、3，以此类推，直到20)来实现最高的准确率。我们假设特征重要性是通过其在LOOCV过程中出现在最佳模型中的频率来获取的。排名前20位的特征包括影像特征和病理特征，排名前三的特征是：1：核级；2：第二次增强后图像的倾斜(增强后2)；3：第一次增强后图像的倾斜(增强后1)。核分级因IDC亚型不同而异。使用Kruskal-Wallis检验进行统计分析，以考察IDC三个亚型之间的特征是否有显著差异。

1.4 统计学方法 所有数据分析用MatLab v7.14软件进行。*P*值<0.05被认为具有统计学意义。LOOCV过程中的每个支持向量机生成一个具有不同特征的模型。采用Kruskal-Wallis检验对三种乳腺癌分子亚型所选择的特征进行统计学意义检验，采用Wilcoxon秩和检验比较ERPR +与三阴性(TN)、ERPR +与ERPR-/HER2+、TN与ERPR-/HER2 +亚型之间的相关性。

2 结　果

2.1 IDC分子亚型的代表性图像 具体如图1所示，展示了每个IDC分子亚型的代表性图像。基于机器学习的预测模型使用从MRI提取的图像特征，可以基于一些肉眼无法察觉的图像特征来区分IDC亚型。

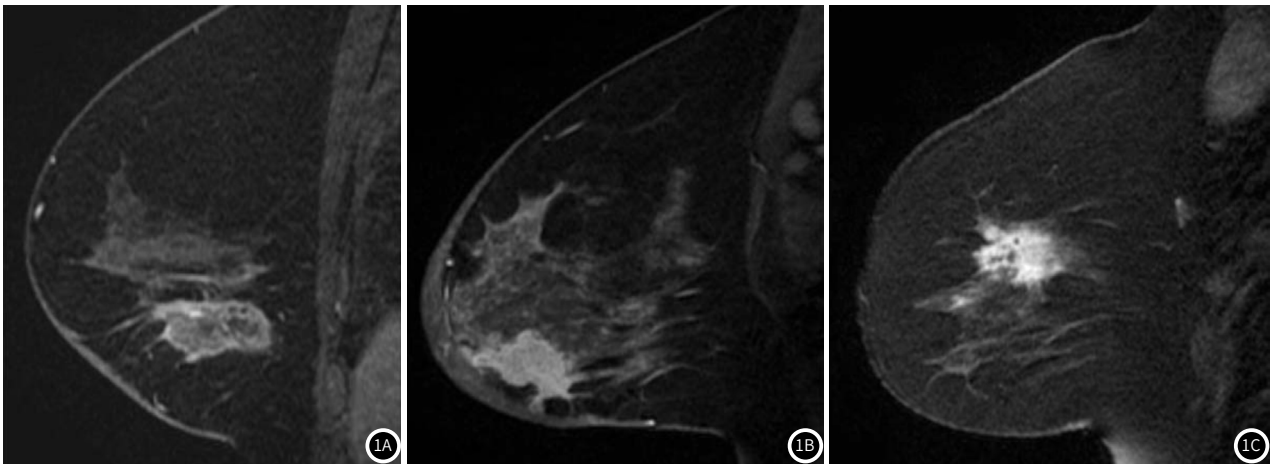

图1A-图1C 我们的基于机器学习的预测模型使用从MRI提取的图像特征，可以基于一些肉眼无法察觉的图像特征来区分IDC亚型。1A：ERPR-1浸润性导管癌的矢状位T_1加权脂肪抑制增强后MRI。1B：ERPR-/HER21浸润性导管癌的矢状位T_1加权脂肪抑制增强后MRI。1C：三阴性浸润性导管癌的矢状位T_1加权脂肪抑制增强后MRI。

2.2 MR图像诊断分析 具体如图2所示，使用1.5T(n=127，71.3%)或3.0T(n =51，28.7%)MRI系统成像的所有肿瘤(N=178)，使用9个特征获得最佳的LOOCV。预测模型识别IDC亚型的总体准确率为83.4%。模型对各亚型的准确率分别为89.2%(ERPR+)、63.6%(ERPR-/HER2+)和82.5%(TN)，这9个特征是：核分级、增强后倾斜2、增强后倾斜1、增强后倾斜3、多中心病变的存在、实质度、组织学分级、平扫倾斜和体积。对于所有9个特征，经Bonferroni校正后，Kruskal-Wallis检验的IDC亚型之间差异有统计学意义(P<0.05)。仅使用1.5T MRI系统上成像的肿瘤(N=127)，结果与使用1.5T或3T MRI系统上所有肿瘤成像时的结果非常相似，但LOOCV使用16个特征而不是9个特征获得了最好的准确性。预测模型识别IDC亚型的总体准确率为81.4%。模型对各亚型的准确率分别为90.5%(ERPR+)、60.0%(ERPR-/HER2+)和82.5%(TN)。

2.3 预测模型分析 如图3所示，然后我们进行了类似的评估，但这一次剔除了病理特征，只使用了排名前20的磁共振成像特征。排名前3位的影像特征分别是增强后倾斜2，增强后倾斜1，增强后倾斜3。在排名前20位的影像特征中，经Bonferroni校正的Kruskal-Wallis检验的7个IDC亚型之间的差异有统计学意义(P<0.05)。使用1.5T和3.0T MRI系统对所有肿瘤(N=178)进行成像，使用9种图像特征获得了最佳的LOOCV准确性。预测模型识别IDC亚型的总体准确率为71.2%。模型对各亚型的准确率分别为69.9%(ERPR+)、62.9%(ERPR-/HER2+)和81.0%(TN)。9种影像特征为：增强后倾斜2，增强后倾斜1，增强后倾斜3，多中心病变存在，坚固平扫时体积偏斜，增强后出现峰度，平扫时有能量。对于9个特征中的6个，经Kruskal-Wallis检验和Bonferronicort检验，IDC亚型间差异有统计学意义(P<0.05)。仅使用1.5T MRI系统上成像的肿瘤(N =127)，结果与使用1.5T或3T MRI系统上所有肿瘤成像时的结果非常相似，但LOOCV使用19个特征而不是9个特征获得了最佳的准确性。预测模型识别IDC亚型的总体准确率为68.1%。模型对各亚型的准确率分别为66.7%(ERPR1)、68.8%(ERPR-/HER21)和69.0%(TN)。

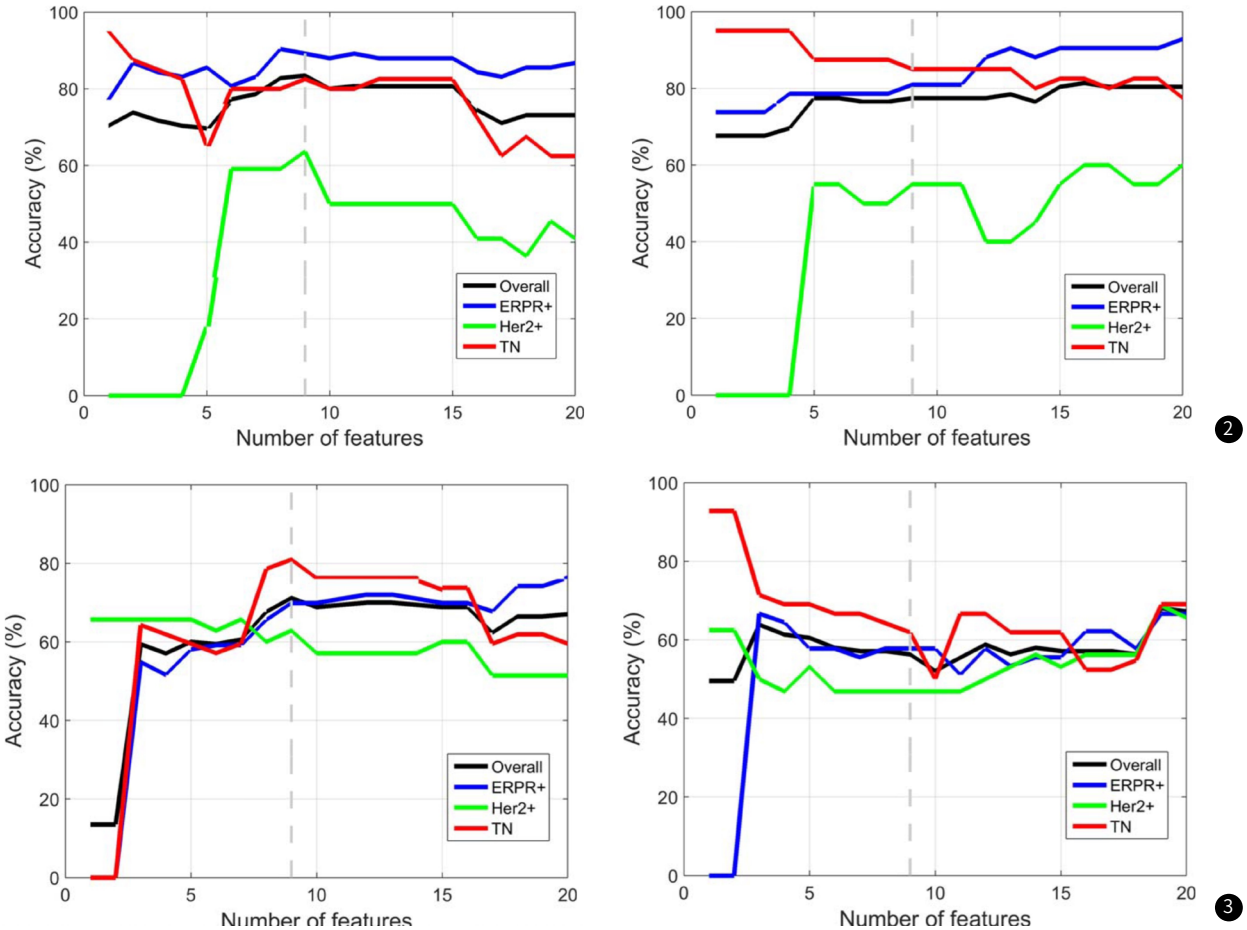

图2 左图，使用1.5T或3.0T扫描仪执行的MR图像，分类准确率当第一个排名最高的特征时，然后是前两个特征，依此类推，直到前20个特征被用于LOOCV。综合9种病理和影像特征，LOOCV诊断准确率最高。预测模型识别IDC分子亚型的总体准确率为83.4%。右图，仅使用1.5T磁共振成像系统上的肿瘤，结果非常相似，但LOOCV获得了最好的准确性，使用了16个病理和成像特征，而不是9个。预测模型识别IDC亚型的总体准确率为81.4%。

图3 左图，仅使用1.5T和3.0T获得的图像特征，使用9个特征在LOOCV上获得了最好的精度。预测模型识别IDC亚型的总体准确率为71.2%。右图，仅使用1.5T获得的图像特征，使用19个图像特征在LOOCV上获得了最好的精度。预测模型识别IDC亚型的总体准确率为68.1%。

3 讨 论

在这项研究中，我们提取了ERPR+、ERPR-/HER2+和TN乳腺癌的MR图像特征，以确定它们是否可以帮助区分分子亚型。我们的结果表明，基于机器学习的预测模型结合了从MRI提取的图像特征，可以区分具有显著预测能力的IDC亚型，总体准确率为71.2%[9]。简而言之，基于机器学习的最优模型使用了9个成像特征，其中6个特征在三个子类型之间显示出统计上的显著差异。当核和组织学分级作为特征被纳入时，我们的模型的预测能力增加，总体准确率为83.4%。在LOOCV过程中，偏度是支持向量机分类器中最重要的图像特征[10]。

偏度是异质性的一种度量，这意味着它是IDC三个亚型的生物标记物。由于增强后MR图像上所有三个时间点的偏斜度都很显著，这意味着对比度增强和药代动力学是区分亚型的关键成分[11]。据我们所知，这是第一个报道定量成像特征结合起来预测和对不同的乳腺癌IDC亚型进行分类。我们的分类器涉及免疫组织

化学受体亚型：ERPR+(管腔型)、ERPR-/HER2+(HER2过度表达)和TN(基底型)，这些亚型被用作乳腺癌遗传亚型的替代标记，已知这些亚型可以预测、预测预后，并用于指导靶向治疗[12]。相关研究评估了144例乳腺癌(92例IDC、45例浸润性小叶癌和7例原位导管癌)的220个来自共生矩阵(COM)的纹理特征[3]。他们发现，不同组织亚型之间的熵特征有显著差异，模型分类准确率为75%。在144个浸润性癌症中，只有72个分子亚型可用，尽管熵有显著差异，但他们的模型分类准确率为57.0%。我们的结果与他们的研究一致，因为在我们的模型中，熵是排名最高的16个特征[5]。在他们的研究中，他们没有对整个乳腺癌进行细分和分析，这可以解释我们主要特征的差异。此外，我们的研究仅限于侵袭性导管亚型。研究从癌症基因组图谱和癌症影像档案中评估了48例患者[8]。14种计算机视觉算法提取了23个成像特征，并通过基因组分析确定了分子亚型。他们发现管腔B样亚型与动态对比增强特征之间存在关联，即病变增强率与背景实质的比率较高的病变增强率更有可能是管腔B亚型(然而，仅使用8例管腔B样亚型乳腺癌)[1]。在他们的研究中，2/48名患者没有HER2状态，15/48名患者有模棱两可的状态。研究报告了一项对10种乳腺癌的核磁共振放射基因组分析的初步研究，其中确定了21种成像特征，这些特征与乳腺癌患者测量的总基因的71%具有全球相关性[11]。这项研究展示了一种新的方法并建立了可行性，但在统计学上是不足的。研究从56名雌激素受体阳性的乳腺癌患者中提取了多参数MR成像表型，并将其与风险相关特征进行了关联，并确定了四种主要的成像表型。有研究使用计算机化图像分析来识别和鉴别TN乳腺癌与其他分子亚型[12]。

他们从76个乳腺病变中提取特征，其中21个是TN，并使用最具区分性的特征和支持向量机分类器得出结论，TN癌具有某些可以用CAD量化的特征。有研究比较了BRCA阳性和阴性乳腺癌的MRI表现，但没有发现BRCA突变与影像上的直接关联，其他多项研究将定性和半定量的MRI特征与病理类型相关联[13]。然而，只有少数文献专门研究临床环境下腔A/B、HER2+富集型和基底样样/TN乳腺癌的影像特征。有研究描述了三阴性乳腺癌(TNBCs)的MRI特征。有研究在动态增强MRI上将70例浸润性导管癌的灌注参数进行了关联，得出结论：K(Tras)和K(Ep)较高或v(E)较低的预后因素较差，且往往属于TN亚型[14]。有研究评估了174例乳腺癌的纹理特征，发现在HER2+和TNBC中，新辅助化疗后MRI上的肿瘤直径与手术病理最显著相关[15]。事实上，组织学特征改善了模型的预测能力，这可能是因为我们选择了图像特征，缺乏多参数参数，或者由于我们使用了单一的中心肿瘤切片，肿瘤表面的量化有限。其他工作也研究了各种纹理特征的实用性，包括基于边缘的特征、分形图和GLCM特征的变体。系统回顾和荟萃分析表明[16]，临床CAD系统不影响有经验的放射科医生的敏感性或特异性。然而，我们的结果表明，由计算机提取的、专科医生眼睛看不见的特征可能会进一步加深我们对乳腺癌分子亚型的理解。技术已经使MRI超越了诊断，正如我们和其他关于提取基于直方图的特征和使用基于分形图的方法和/或多参数分析的报告所显示的那样，这可能在逐个像素的水平上提供对复杂的异质性疾病的进一步洞察。我们认为放射学方法可能为这一假说提供进一步的见解，该假说最初是由癌症基因组图谱网络对人类乳腺肿瘤的分子肖像进行评估提出的[17]。主要的限制是我们只评估了单个有代表性的切片的肿瘤特征，而没有进行完整的3D体积分析。由于肿瘤内的异质性，单切片分析可能会遗漏重要的特征，而体积分析可能会提高模型的预测能力，这是我们目前正在探索的一条研究路径[18]。该数据集仅代表支持向量机分类器训练数据集，所提出的模型的性能需要在另一项研究中用更多的数据来评估。这是对单一机构的患者进行的回溯性分析。我们使用免疫组织化学替代物来检测乳腺癌亚型，而不是进行完整的基因测序[19]。最后，在没有进一步测试的情况下，这种基于MRI特征的预测模型是否适用于其他机构的机器和成像方案的变化还不确定[20]。

综上所述，我们开发了一个基于机器学习的预测模型，该模型使用从MRI提取的图像特征来区分具有显著预测能力的IDC亚型。当结合病理数据时，模型的准确度提高。

参考文献

[1]Arponen O,Wodtke P,Gallagher F A,et al.Hyperpolarised (13)C-MRI using (13)C-pyruvate in breast cancer:a review[J].Eur J Radiol,2023,167:111058.

[2]Caracciolo M,Castello A,Urso L,et al.Comparison of MRI vs.[(18)F]FDG PET/CT for treatment response evaluation of primary breast cancer after neoadjuvant chemotherapy:literature review and future perspectives[J].J Clin Med,2023,12(16).

[3]Carmona-Bozo J C,Manavaki R,Miller J L,et al.PET/MRI of hypoxia and vascular function in ER-positive breast cancer:correlations with immunohistochemistry[J].Eur Radiol,2023,33(9):6168-6178.

[4]Chung M,Calabrese E,Mongan J,et al.Deep learning to simulate contrast-enhanced breast MRI of invasive breast cancer[J].Radiology,2023,306(3):e213199.

[5]Cong C,Li X,Zhang C,et al.MRI-based breast cancer classification and localization by multiparametric feature extraction and combination using deep learning[J].J Magn Reson Imaging,2023.

[6]Ghuman N,Ambinder E B,Oluyemi E T,et al.Clinical and imaging features of MRI screen-detected breast cancer[J].Clin Breast Cancer,2023.

[7]Heitkamp A,Madesta F,Amberg S,et al.Discordant and converting receptor expressions in brain metastases from breast cancer:MRI-based non-invasive receptor status tracking[J].Cancers (Basel),2023,15(11).

[8]Huang Y,Zhu T,Zhang X,et al.Longitudinal MRI-based fusion novel model predicts pathological complete response in breast cancer treated with neoadjuvant chemotherapy:a multicenter,retrospective study[J].E Clinical Medicine,2023,58:101899.

[9]Iima M,Le Bihan D.The road to breast cancer screening with diffusion MRI[J].Front Oncol,2023,13:993540.

[10]Imaging C.Retracted:MRI diagnosis and pathological examination of axillary lymph node metastasis in breast cancer patients[J].Contrast Media Mol Imaging,2023,2023:9756472.

[11]Kaiyin M,Lingling T,Leilei T,et al.Head-to-head comparison of contrast-enhanced mammography and contrast-enhanced MRI for assessing pathological complete response to neoadjuvant therapy in patients with breast cancer:a meta-analysis[J].Breast Cancer Res Treat,2023,202(1):1-9.

[12]Lafci O,Celepli P,Seher O P,et al.DCE-MRI radiomics analysis in differentiating luminal A and luminal B breast cancer molecular subtypes[J].Acad Radiol,2023,30(1):22-29.

[13]Li X,Fan Z,Jiang H,et al.Synthetic MRI in breast cancer:differentiating benign from malignant lesions and predicting immunohistochemical expression status[J].Sci Rep,2023,13(1):17978.

[14]Li Z,Ma Q,Gao Y,et al.Diagnostic performance of MRI for assessing axillary lymph node status after neoadjuvant chemotherapy in breast cancer:a systematic review and meta-analysis[J].Eur Radiol,2023.

[15]Liu J,Xu M,Ren J,et al.Synthetic MRI,multiplexed sensitivity encoding,and BI-RADS for benign and malignant breast cancer discrimination[J].Front Oncol,2022,12:1080580.

[16]Lo G R,Marcus E,Huayanay J,et al.Artificial intelligence-enhanced breast MRI:Applications in breast cancer primary treatment response assessment and prediction[J].Invest Radiol,2023.

[17]Lother D,Robert M,Elwood E,et al.Imaging in metastatic breast cancer,CT,PET/CT,MRI,WB-DWI,CCA:review and new perspectives[J].Cancer Imaging,2023,23(1):53.

[18]Narongrit F W,Rispoli J V.Editorial for "MRI-Based Breast Cancer Classification and Localization by Multiparametric Feature Extraction and Combination Using Deep Learning"[J].J Magn Reson Imaging,2023.

[19]Nissan N,Massasa E,Bauer E,et al.MRI can accurately diagnose breast cancer during lactation[J].Eur Radiol,2023,33(4):2935-2944.

[20]Nonnemacher C J,Dale P,Scott A,et al.Pathologic tumor size versus mammography,sonography,and MRI in breast cancer based on pathologic subtypes[J].Am Surg,2023,89(8):3652-3654.

(收稿日期：2023-12-08)
(校对编辑：姚丽娜)