

论 著

基于MR组学特征对乳腺癌HER2表达状态的研究*

李昊^{1,2,4} 殷小平^{1,2,*} 侯岩^{1,2}
薛林雁^{3,*} 范文龙³

- 1.河北大学附属医院放射科
- 2.河北省炎症相关肿瘤精准影像诊断学重点实验室
- 3.河北大学质量技术监督学院
- 4.保定市第一中心医院超声一科
(河北保定 071000)

【摘要】目的 讨论基于乳腺癌的MR影像组学特征建立组学模型,用以预测HER-2表达状态的价值。

方法 收集并回顾性分析了河北大学附属医院自2018年至2022年期间,且经过病理证实为乳腺癌浸润性导管癌(非特殊类型)的病例, IHC明确了HER-2表达状态的151例患者的临床及影像资料。利用其中的DCE-T1WI序列图像、脂肪抑制T2WI序列以及二者联合序列建立三个影像组学模型,进而预测HER-2表达状态。使用ACC等指标来评估以上三个模型的诊断效能。**结果** 在预测HER-2的阴性和阳性表达状态时,验证集中的DCE-T1WI序列模型、脂肪抑制T2WI序列模型以及两个序列联合模型的AUC值($P<0.05$)分别为0.71, 0.77, 0.92, 在训练集和验证集中,第三种联合模型的预测效能均高于前两种单一模型。**结论** 本研究构建的联合预测模型,能够准确判别HER-2的表达状态,不仅能避免患者接受不必要的有创活检,减轻其身体负担与心理压力,还为临床医生提供了无创、高效的诊断新路径。

【关键词】 影像组学; 乳腺癌; 磁共振; HER-2

【中图分类号】 R445.2; R737.9

【文献标识码】 A

【基金项目】 河北省高水平人才资助项目
(B20231008)

DOI:10.3969/j.issn.1672-5131.2025.05.024

Study on the Expressing Status of HER2 in Breast Cancer Based on MR Radiomics*

LI Hao^{1,2,4}, YIN Xiao-ping^{1,2,*}, HOU Yan^{1,2}, XUE Lin-yan^{3,*}, FAN Wen-long³.

1.Department of Radiology, Affiliated Hospital of Hebei University, Baoding 071000, Hebei Province, China

2.Hebei Key Laboratory of Precise Imaging of Inflammation Related Tumors, Baoding 071000, Hebei Province, China

3.College of Quality and Technical Supervision, Hebei University, Baoding 071000, Hebei Province, China

4.First Department of Ultrasound, Baoding NO.1 Central Hospital, Baoding 071000, Hebei Province, China

ABSTRACT

Objective To discuss the value of establishing a histological model based on MR radiomics of breast cancer to predict the expressing status of HER-2. **Methods** The clinical and imaging data of 151 patients with invasive ductal carcinoma of the breast (non-special type) confirmed by pathology in the Affiliated Hospital of Hebei University from 2018 to 2022 were retrospectively analyzed. The expression status of HER-2 was determined by immunohistochemistry (IHC). Three radiomics models were established using the DCE-T1WI sequence images, fat-suppressed T2WI sequence, and the combination of the two sequences to predict the expression status of HER-2. Indices such as the accuracy (ACC) were used to evaluate the diagnostic efficacy of the above three models. **Results** When predicting the negative and positive expression status of HER-2, the area under the curve (AUC) values ($P<0.05$) of the DCE-T1WI sequence model, fat-suppressed T2WI sequence model, and the combined sequence model in the validation set were 0.71, 0.77, and 0.92 respectively. In both the training set and the validation set, the predictive efficacy of the third combined model was higher than that of the first two single models. **Conclusion** The combined predictive model constructed in this study can accurately identify the expression status of HER-2. It can not only prevent patients from undergoing unnecessary invasive biopsies, reducing their physical burden and psychological stress, but also provide clinicians with a non-invasive and efficient new diagnostic approach.

Keywords: Radiomics; Breast Cancer; MRI; HER2

2020年,世界卫生组织国际癌症研究机构(IARC)发布的全球最新癌症负担数据显示,女性乳腺癌发病人数首次超过肺癌,成为全球最常见癌症^[1]。通过早期准确识别乳腺癌的病理分型,尤其是明确HER-2的表达状态,医生可以为患者制定更加精准的靶向治疗方案,从而提高治疗效果,改善患者的预后^[2]。免疫组化(IHC)法作为乳腺癌病理诊断中常用的方法,虽被视为“金标准”的一部分,但确实存在一些不足之处,比如操作的有创性、标本取材的局限性以及因IHC检测流程较为复杂对检测时间要求的限制性等^[3]。影像组学是一门新近的技术,它通过从医学影像数据中提取大量的定量特征,来对肿瘤的生物学特性进行综合评价,具有无创性、简便等优点^[4],已广泛应用于乳腺癌鉴别肿瘤良恶性^[5]、区分乳腺癌的分子分型^[6]、预测锁骨、腋窝等淋巴结转移^[7],制订治疗方案^[8]、评估pCR疗效^[9]等方面。目前,在乳腺癌HER-2表达状态预测领域,基于MR影像组学模型的研究极为有限。因此,本研究将基于MR影像组学特征,探究其对乳腺癌HER-2表达状态的预测潜力及临床价值。

1 资料与方法

1.1 一般资料 本研究收集了自2018年12月至2022年7月期间于河北大学附属医院(本部及北院)的浸润性导管癌(非特殊类型)患者的影像学资料(包括DCE-T1WI序列和脂肪抑制T2WI序列)、临床及病理学(IHC)资料。依照本实验预先设定的严格纳入与排除标准,经全面筛查与严谨审核,最终成功纳入151例符合条件的有效数据。

纳入标准: (1)在完成乳腺核磁检查后的30天内,经病理诊断明确为乳腺癌的患者;(2)经活检标本进行病理评估,最终确诊为浸润性导管癌(非特殊类型)的患者;(3)具有清晰块状型肿瘤特征,从而为后续乳腺肿瘤分割工作提供便利条件的病例。排除标准:(1)在乳腺核磁检查前接受过穿刺活检、切检、放疗等治疗,进而导致原有病灶形态改变的个体;(2)病理资料不完善,HER-2表达状态未知的;(3)核磁共振影像质量欠佳,经三位放射科医生一致认定(比如,像存在运动伪影等状况)。

1.2 仪器与方法 河北大学附属医院本部GE 3.0T超导磁共振系统扫描序列如下:首先进行常规T1WI和抑脂T2WI扫描,然后进行T1WI增强扫描,步骤如下:(1)T1WI, TR为696 ms, 回波时间(echo time, TE)为6.98 ms, 视野(field of view, FOV)为35cm×45cm, 矩阵为350×484, 层厚为3 mm;(2)抑脂T2WI, TR为5236 ms, TE为80.26 ms, 矩阵为350×460, 层厚为3.0 mm, 层间距为0.3 mm;(3)动态增强扫描前进行一次压脂T1WI扫描,第1次增强序列图像采集在注射对比剂后20 s开始(注射对比剂后共采集7期,采集时间60 s/期);扫描参数: TR为3.91 ms, TE为1.67 ms, FOV为

【第一作者】 李昊,女,主治医师,主要研究方向:乳腺影像学诊断。E-mail: vickyhbd77@126.com

【通讯作者】 殷小平,女,主任医师,主要研究方向:人工智能应用及腹部肿瘤影像学。E-mail: yinxiaoping78@sina.com

薛林雁,女,副教授,主要研究方向:基于人工智能的医学影像处理、人工智能基础理论与应用。E-mail: lyxue@hbu.edu.cn

36cm×46cm, 矩阵为360×460, 层厚为1.5 mm。

河北大学附属医院北院Achieva1.5T磁共振系统扫描序列如下: 首先行抑脂T2WI和常规T1WI扫描, 然后进行T1WI增强扫描, 步骤如下: (1)T1WI, TR为456.54 ms, TE为10 ms, FOV为34cm×44cm, 矩阵为340×469; (2)抑脂T2WI, TR为3572 ms, TE为80 ms, 矩阵为340×469。层厚为3.0 mm、层间距为2.0 mm; (3)动态增强扫描前进行一次压脂T1WI扫描, 第1次增强序列图像采集在注射对比剂后30 s开始(注射对比剂后共采集7期, 采集时间74 s/期); 扫描参数: TR为7.42 ms, TE为3.67 ms, FOV为34cm×44cm, 矩阵为340×470, 层厚1.5 mm。

1.3 影像图像分割 首先, 由具备10年以上诊断经验且专精于乳腺影像诊断的医师 A 开展图像勾画工作。将注射对比剂后第 2 期(约90s)的 DCE-T1WI 图像与脂肪抑制T2WI图像, 导入ITK-SNAP软件(4.0.0版本, 官网www.itknap.org)。医师 A 在 DCE-T1WI 图像上, 针对病灶存在的每一个层面, 沿着病灶边缘进行半自动勾画, 形成感兴趣区域(ROI), 若病灶边缘模糊不清, 则转为手动细致勾画, 将各层ROI结果融合, 从而获取感兴趣区容积(VOI)。随后, 参照 DCE-T1WI 图像的勾画情况, 以相同的方式在脂肪抑制 T2WI 图像上逐层勾画病灶, 同样得到VOI。完成后, 由资历更深厚的医师B对 ROI 进行审核校对, 重点检查边缘是否精准, 若存在问题则要求医师A重新勾画。在ROI勾画时, 需遵循以下准

则: (1)仅选取 PACS 系统中DICOM格式的原始图像; (2)确保勾画区域最大限度地覆盖整个肿瘤组织(同时严格避免将肿瘤周围组织纳入勾画范围); (3)图像上病灶所在的所有层面逐层沿病灶边缘进行半自动勾画, 边缘不清者采用手动勾画, 获得病灶的VOI; (4)包括边缘细节修正及血管误勾排查等, 对不符合规范的区域要求重新勾画。

1.4 组学特征的提取、筛选及组学模型建立 首先, 将 *.dcm 格式的图像文件与 *.nii 格式的 ROI 勾画文件导入 pyradiomics 平台。接着进入组学特征提取环节, 针对三个模型共提取 1051 个特征。为避免模型过拟合, 确保所选特征兼具识别效能与研究价值, 需对提取的特征进行降维处理。

随后开展特征筛选工作: 第一步, 运用 t 检验筛选出 552 个具有显著性差异的特征; 第二步, 借助 LASSO 算法与相关矩阵分析, 去除相关性高的冗余特征, 最终为 T2WI、DCE-T1WI 及二者联合序列这三个模型, 分别确定最优特征集合。

在模型构建阶段, 结合机器学习领域的支持向量机(SVM)分类算法, 训练建立用于鉴别乳腺癌HER-2阴性和阳性表达状态的 LASSO-SVM预测模型。研究纳入151例患者, 按7:3的比例随机划分为训练集(106例)与验证集(45例)。训练过程中, 采用5折交叉验证法对模型进行反复训练优化; 在验证环节, 同样运用5折交叉验证法对模型性能进行评估, 确保模型的可靠性与泛化能力。

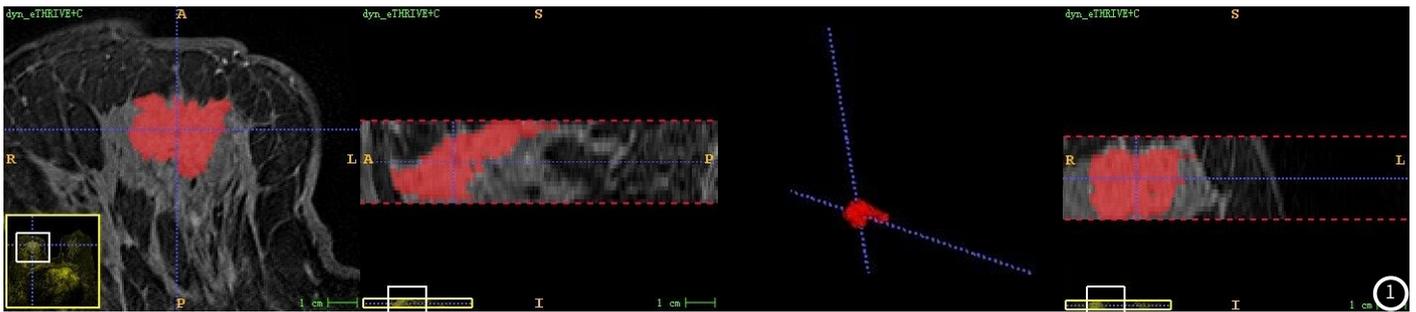


图1 利用ITK-snap软件勾画感兴趣区域。

1.5 免疫组化检测 根据免疫组织化学检测的结果, 可将其分为以下两类(具体分类情况如图2所示): (1)HER-2 阴性: ①免疫组织化学(IHC)检测结果显示为 0; ②免疫组织化学检测结果显示 HER-2 IHC 为 1+; ③免疫组织化学检测结果显示 HER-2 IHC 为 2+, 且原位杂交(ISH)检测结果为阴性。(2)HER-2 阳性: ①免疫组织化学检测结果显示 HER-2 IHC 为 3+; ②免疫组织化学检测结果显示 HER-2 IHC 为 2+, 且原位杂交(ISH)检测结果为阳性。

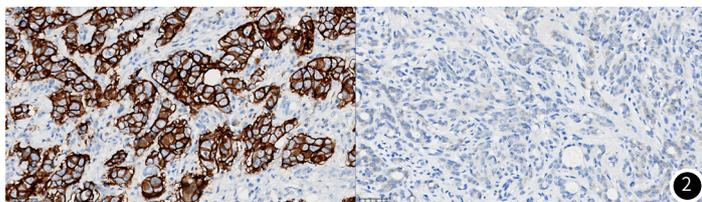


图2 病理图片: 两图均为40倍放大(左图: 阳性、右图: 阴性)。

1.6 统计学方法 在本研究中, 所有的统计分析工作均借助 SPSS 22.0 软件完成。对于计量资料(如患者年龄), 采用“均值±标准差($\bar{x} \pm s$)”的形式表示, 并运用t检验方法进行组间比较; 而计数资料, 包括月经状态、是否存在淋巴结转移、哺乳情况以及有无肿瘤家族史等, 则以例数(n)表示, 通过 χ^2 检验进行不同组间的比较分析。此外, 在对比训练集和验证集的计数资料时, 同样采用 χ^2 检验, 当 $P < 0.05$ 时, 认为差异具有统计学意义。

2 结果

2.1 患者临床基本资料比较 本研究共纳入 151 例数据样本, 其中 HER-2 阴性患者 101 例, HER-2 阳性患者 50 例。

根据临床资料分析结果显示(详见表1), 在训练集与验证集

之间, 患者的年龄($P=0.571$)、哺乳情况($P=0.539$)、淋巴结转移情况($P=0.086$)、肿瘤家族史($P=0.983$)、月经状态($P=0.605$)以及 HER-2 表达情况($P=0.733$)等方面的差异均无统计学意义($P > 0.05$)。

表1 训练集和验证集的临床资料比较

变量	训练集(n=106)	验证集(n=45)	P值
年龄(均值±标准差, 岁)	49.65±12.08	47.98±13.77	0.571*
哺乳情况			0.539#
有	101	41	
无	5	4	
淋巴结转移			0.086#
有	36	9	
无	70	36	
肿瘤家族史			0.983#
有	19	8	
无	87	37	
月经状态			0.605#
未绝经	66	26	
绝经	40	19	
HER-2状态			0.733#
阳性	36	14	
阴性	70	31	

注: #表示采用 χ^2 检验; *表示采用独立样本t检验。

2.2 影像组学特征 依据 HER-2 阳性和 HER-2 阴性这两种分类标准, 运用 LASSO 算法进行降维处理。经过筛选, 最终从最初的 552 个特征中, 为每个模型确定了最优特征集合。其中, DCE-T1WI 模型筛选出 6 个特征, T2WI 模型筛选出 5 个特征, 联合模型筛选出 7 个特征(详见表2)。

表2 二分类最优的特征集合

序列	特征
DCE-T1WI	
1	log-sigma-5-mm-3D_firstorder_Kurtosis
2	wavelet-HLH_firstorder_RootMeanSquared
3	wavelet-HHL_firstorder_10Percentile
4	wavelet-HHH_firstorder_Median
5	wavelet-HHH_firstorder_RootMeanSquared
6	wavelet-HHH_firstorder_Skewness
T2WI	
1	original_firstorder_RobustMeanAbsoluteDeviation
2	original_gldm_DependenceVariance
3	original_ngtdm_Contrast
4	wavelet-LLH_gldm_MaximumProbability
5	wavelet-LHL_firstorder_Kurtosis
联合序列	
1	log-sigma-3-mm-3D_gldm_DependenceVariance
2	log-sigma-5-mm-3D_glszm_SizeZoneNonUniformityNormalized
3	wavelet-LHL_firstorder_Kurtosis
4	wavelet-LHH_gldm_ClusterProminence
5	wavelet-HHH_firstorder_Skewness
6	wavelet-HHH_glszm_SizeZoneNonUniformityNormalized
7	wavelet-LLL_gldm_ClusterTendency

2.3 SVM模型预测表现 利用每个序列筛选出的影像组学特征，分别构建 LASSO-SVM 模型。为有效规避模型出现过拟合的情况，本实验采用了 5 折交叉验证的方法。

图3显示三个模型ROC曲线结果，表3显示三个LASSO-SVM预测模型效能。

表3 Part I LASSO-SVM模型的分类效能

序列		AUC值	ACC	SEN	SPE	F1评分
T2WI	训练集	0.74	0.71	0.62	0.93	0.64
	验证集	0.71	0.65	0.59	0.88	0.62
DCE-T1WI	训练集	0.83	0.81	0.68	0.98	0.74
	验证集	0.77	0.72	0.60	0.92	0.71
联合序列	训练集	0.95	0.93	1.00	0.88	0.93
	验证集	0.92	0.88	1.00	0.83	0.85

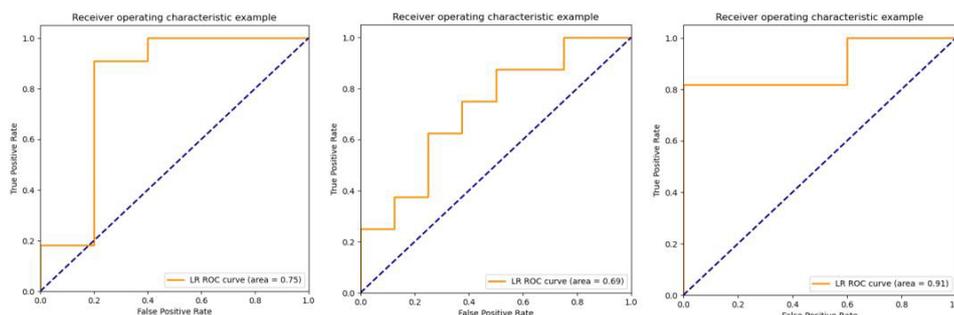


图3 每个模型验证集的ROC曲线(左至右: DCE-T1WI模型、T2WI模型、联合模型)。

3 讨论

长期以来, HER-2 分子检测评估一直沿用阳性或阴性的两分法。具体而言, 若免疫组织化学(IHC)评分达到 3+, 或者 IHC 评分为 2+ 且原位杂交(ISH)检测显示基因扩增的情况, 均被定义为 HER-2 阳性; 而将 IHC 评分为 0、1+, 或者 IHC 评分为 2+ 但 ISH 检测显示基因未扩增的情况, 定义为 HER-2 阴性。值得注意的是, 乳腺癌的诊断与治疗策略的制定, 均高度依赖于其分子分型情况^[10], 乳腺癌的分子分型包括 Luminal A 型、Luminal B 型、HER-2 过表达型以及三阴性(TN)型。其中, 依据 HER-2 的表达状态, Luminal B 型又可进一步细分为两种类型。乳腺癌的 HER-2 状态不仅对预后评估具有独立的指导意义, 还在治疗方案的选择上发挥着重要的预测作用^[11-16], 同时也是评估靶向药物治疗效果的关键预测指标。

近年来, 影像领域的学者们针对 HER-2 表达状态与影像组学之间的关联展开了一系列研究。然而, 受限于个人的文献检索能力和范围, 目前已有的关于影像组学在此方面的研究相对较少。

本研究旨在探究脂肪抑制 T2WI 序列、动态对比增强磁共振成像(DCE-T1WI)序列的组学特征, 以及二者联合序列模型, 在预测乳腺癌 HER-2 表达状态方面的价值。研究通过提取上述序列的组学特征, 构建 LASSO-SVM 模型。结果表明, 基于 MR 影像组学的这三个序列模型, 可用于乳腺癌患者 HER-2 表达状态的预测。训练集中 T2WI 序列, DCE-T1WI 序列, 联合序列的 AUC 值 ($P < 0.05$) 分别为 0.74, 0.83, 0.95, 验证集的 AUC 值 ($P < 0.05$) 分别为 0.71, 0.77, 0.92, 其中联合模型均效能最高。

作为乳腺磁共振成像(MRI)检查中常用的序列之一, 动态对比增强磁共振成像(DCE-MRI)具有独特优势。它不仅能够清晰呈现病灶在形态学上的特征, 还能借助强化方式来展现肿瘤的血流灌注情况, 从中获取有关肿瘤新生血管的信息, 并将这些信息作

为识别肿瘤的特异性特征之一^[17]。高分辨率的图像能够展现更为丰富的细节信息, 基于此类图像所提取的特征, 不仅在数量上更为可观, 而且涵盖的细节也极为详尽。这些特征能够最大程度地与组织的微观结构产生关联, 同时也为放射学诊断流程提供了便利。正因如此, 相较于基于 T2WI 序列所构建的模型, 基于动态对比增强 T1WI(DCE-T1WI)序列建立的预测模型, 其曲线下面积(AUC)值往往更高。

与本研究运用的序列有所差异, 马晓雯^[18]曾仅基于 DCE-MRI 这个单一序列组学特征, 对乳腺癌的分子分型进行预测, 其得到的曲线下面积(AUC)值均小于 0.60。Jiang^[19]则探究了乳腺 DCE-MR 图像纹理分析在鉴别 HER-2 阳性表达状态方面的应用价值, 结果显示基于支持向量机(SVM)分类器的 AUC 值为 0.865。深入剖析其 AUC 值高于本研究的原因, 可能存在以下三点: 其一, 该学者的研究仅纳入了 73 例患者, 样本量相对较小, 这可能导致模型的稳定性和泛化能力受限; 其二, 在数据处理方面, 该研究仅对每个患者的一张切片图像(处于 2D 水平)进行分析, 与本研究从肿瘤全貌进行采集(达到 3D 水平)的方式存在一定差距, 难以全面反映肿瘤的真实特征; 其三, 从特征分析的角度来看, 该学者仅运用了 DCE-MRI 所测量的纹理特征, 未将其他类型的 DCE-MRI 定量参数纳入分析范畴。

综上所述, 本研究结果表明, 相较于单一序列, 联合序列能够更全面地挖掘病灶内部的微观信息, 为乳腺癌的诊断和研究提供更为丰富的生物学信息。

在组学特征选取及模型建立的过程中, 本研究运用 LASSO 等方法开展特征筛选与降维工作, 获取了相关性较高的影像组学特征。这一研究模式与李薇^[20]团队的研究存在相似之处, 二者均探讨了 T2WI 和 DCE-T1WI 两个序列联合建模的影像组学特征,

并且都得出了联合模型预测效能最优的结论。然而,本研究与李薇团队的研究也存在差异。由于李薇团队研究的病例数量较少,该团队采用了自身建模验证的方法。相比之下,本研究的样本量更为充足,研究结果也更具普遍意义。李玉舟^[21]团队构建了临床模型、影像模型以及临床与影像联合的三种模型,旨在无创预测三阴性乳腺癌(TNBC)保乳术后的肿瘤复发情况。该团队的研究结果表明,联合影像与临床模型的效果优于单一模型,这一结论与本研究联合序列模型表现更优的观点相呼应。薛珂^[22]团队同样运用了本研究采用的支持向量机(SVM)分类器。SVM是一种具有良好泛化能力和优越性能的二分类器^[23],该团队提取了ADC图及DCE-MRI 剪影图像的信息,并剔除了HER-2 过表达组和非HER-2 过表达组之间无意义以及高度相关的特征,最终得出在训练集和验证集中的曲线下面积(AUC)分别为0.79和0.81,显示出良好的诊断效能和一致性。SVM分类器通过减少特征冗余、降低模型过拟合程度,从而能够选取更具辨识度的组学特征进行训练和验证,有效提升了模型的综合性能和泛化能力。此外,在模型训练过程中,本研究选择了五折交叉验证法^[24],其基本原理是将原始数据按照一定规则划分为若干组,一部分数据作为训练集用于训练分类器,另一部分数据作为验证集用于测试训练得到的模型,以评估分类器的性能指标。这种方法使得训练出的模型结果更加准确可靠。

鉴于肿瘤存在空间异质性,许多学者在研究肿瘤内部特征的同时,也开始关注肿瘤周围的组织,开创了“瘤内+瘤周”的研究新模式。部分研究甚至进一步扩大了瘤周范围,这种全新的研究模式为肿瘤研究提供了更多维度的信息^[25-26],有学者基于肿瘤内部和瘤周结构模式,对HER-2 IHC 2+的乳腺癌进行了放射基因组分型,并将其应用于评估对特定靶向治疗的反应,深入探索了这种独特放射特征背后的潜在生物学基础。另外,相关研究结论还表明,MRI影像组学有助于临床评估早期浸润性乳腺癌腋窝淋巴结的转移状态^[27]。

从创新性角度来看,本研究具备两大显著创新点。其一,在预测乳腺癌HER-2表达状态方面,本研究深入挖掘了脂肪抑制T2WI序列与动态对比增强磁共振成像(DCE-T1WI)序列的组学特征价值,尤为突出的是,创新性地构建了二者的联合序列模型,以此更全面、精准地剖析HER-2表达状态的相关信息。

其二,在数据收集层面,本研究的数据集来源广泛且具有多样性。数据采集自两个不同院区,分别运用了Achieva1.5T磁共振以及GE 3.0T超导磁共振这两种不同设备。由于设备的差异,其扫描参数也不尽相同。这种多设备、多参数的数据采集方式,极大地丰富了实验数据的多样性,有效避免了因单一设备或参数导致的数据偏差,使得本研究的实验数据结果更具普遍意义和科研价值,能够更好地反映实际临床场景中的情况,为后续的研究和临床应用提供了更可靠的依据。

尽管本研究取得了一定成果,但仍存在局限性。首先,作为一项回顾性研究,数据选取过程中可能存在潜在的选择偏倚,从而影响研究结果的客观性和普遍性。其次,虽然研究数据来源于两个院区的多种扫描设备,体现了数据的多样性,但缺乏多中心数据支持以及外部验证数据,难以充分证明研究结果的广泛适用性。未来需要开展更大样本量的多中心外部验证研究,以进一步证实影像组学在乳腺癌研究中的临床价值和方法的可重复性。此外,目前的样本量相对有限,在一定程度上削弱了研究结论的说服力,扩充样本数量仍是后续研究的重要方向。

总体而言,基于乳腺MR的T2WI和DCE-MRI序列构建的组学联合模型,在预测HER-2表达状态方面展现出优于单一模型的价值。该研究为临床无创、便捷地评估HER-2表达状态提供了全新的思路与方法,有助于临床医师更精准地制定个性化诊疗方案,对乳腺癌的早期诊断与治疗具有积极的指导意义。

参考文献

[1]SUNG H,FERLAY J,SIEGEL R L,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]CURIGLIANO G,CRISCITIELLO C,ANDRE F,et al.Highlights from the 13th St Gallen International Breast Cancer Conference 2013.Access to innovation for patients with breast cancer:how to speed it up?[J].Ecanermedicalscience,2013,7:299.
- [3]刘月平,步宏,杨文涛.2019版中国乳腺癌HER2检测指南更新解读[J].中华病理学杂志,2019,(3):182-185.
- [4]LAMBIN P,RIOS-VELAZQUEZ E,LEIJENAAR R,et al.Radiomics:extracting more information from medical images using advanced feature analysis[J].European Journal of Cancer,2012,48(4):441-446.
- [5]PAREKH V S,JACOBS M A.Integrated radiomic framework for breast cancer and tumor biology using advanced machine learning and multiparametric MRI[J].Npj Breast Cancer,2017,3:43.
- [6]WANG Q L,MAO N,LIU M J,et al.Radiomic analysis on magnetic resonance diffusion weighted image in distinguishing triple-negative breast cancer from other subtypes:a feasibility study[J].Clinical Imaging,2021,72:136-141.
- [7]MAO N,DAI Y,LIN F,et al.Radiomics nomogram of DCE-MRI for the prediction of axillary lymph node metastasis in breast cancer[J].Frontiers in Oncology,2020,10:541849.
- [8]ZHUANG X S,CHEN C,LIU Z Y,et al.Multiparametric MRI-based radiomics analysis for the prediction of breast tumor regression patterns after neoadjuvant chemotherapy[J].Translational Oncology,2020,13(11):100831.
- [9]CABALLO M,SANDERINK W B G,HAN L Y,et al.Four-dimensional machine learning radiomics for the pretreatment assessment of breast cancer pathologic complete response to neoadjuvant chemotherapy in dynamic contrast-enhanced MRI[J].Journal of Magnetic Resonance Imaging,2023,57(1):97-110.
- [10]孙正魁,江泽飞.2022版《中国临床肿瘤学会乳腺癌诊疗指南》更新解读[J].中国肿瘤外科杂志,2022,14(3):212-218.
- [11]ROSS J S,FLETCHER J A,LINETTE G P,et al.The HER-2/neu gene and protein in breast cancer 2003:biomarker and target of therapy[J].Oncologist,2003,8(4):307-323.
- [12]CHOONG G M,CULLEN G D,O'SULLIVAN C C.Evolving standards of care and new challenges in the management of HER2-positive breast cancer[J].Ca-a Cancer Journal for Clinicians,2020,70(5):355-374.
- [13]SWAIN S M,BASELGA J,KIM S B,et al.Pertuzumab, trastuzumab, and docetaxel in her2-positive metastatic breast cancer[J].New England Journal of Medicine,2015,372(8):724-734.
- [14]WOLFF A C,HAMMOND M E H,ALLISON K H,et al.Human epidermal growth factor receptor 2 testing in breast cancer:American Society of Clinical Oncology/College of American Pathologists Clinical Practice Guideline Focused Update[J].Journal of Clinical Oncology,2018,36(20):2105-2122.
- [15]CAMP R L,DOLLEDFILHART M,KING B L,et al.Quantitative analysis of breast cancer tissue microarrays shows that both high and normal levels of HER2 expression are associated with poor outcome[J].Cancer Research,2003,63(7):1445-1448.
- [16]GILCREASE M Z,WOODWARD W A,NICOLAS M M,et al.Even low-level HER2 expression may be associated with worse outcome in node-positive breast cancer[J].American Journal of Surgical Pathology,2009,33(5):759-767.
- [17]JIANG Y L,EDWARDS A V,NEWSTEAD G M.Artificial intelligence applied to breast MRI for improved diagnosis[J].Radiology,2021,298(1):38-46.
- [18]马晓雯.基于乳腺DCE-MRI的影像组学特征预测乳腺癌分子分型的初步研究[D].中国医科大学,2019.
- [19]JIANG Z J,SONG L R,LU H C,et al.The potential Use of DCE-MRI texture analysis to predict HER2 2+ status[J].Frontiers in Oncology,2019,9:242.
- [20]李薇,平学军,刘宇豪,等.MRI影像组学特征预测乳腺癌分子分型的价值[J].临床放射学杂志,2021,40(9):1709-1714.
- [21]李玉舟,隋愿,金红瑞,等.基于MRI影像组学三阴性乳腺癌保乳术后肿瘤复发的预测模型构建及其应用价值[J].中国CT和MRI杂志,2023,21(3):103-106.
- [22]薛珂,李卓琳,李振辉,等.多参数MRI影像组学特征识别HER-2过表达型乳腺癌[J].放射学实践,2020,35(2):186-189.
- [23]ANAISSI A,GOYAL M,CATCHPOOLE D R,et al.Ensemble feature learning of genomic data using support vector machine[J].Plos One,2016,11(6):e0157330.
- [24]GEISSER S.The predictive sample reuse method with applications[J].Journal of the American Statistical Association,1975,70(350):320-328.
- [25]LI C L,SONG L R,YIN J D.Intratumoral and peritumoral radiomics based on functional parametric maps from breast DCE-MRI for prediction of HER-2 and Ki-67 status[J].Journal of Magnetic Resonance Imaging,2021,54(3):703-714.
- [26]BRAMAN N,PRASANNA P,WHITNEY J,et al.Association of peritumoral radiomics with tumor biology and pathologic response to preoperative targeted therapy for HER2 (ERBB2)-positive breast cancer[J].Jama Network Open,2019,2(4):e192561.
- [27]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(7):88-91.

(收稿日期:2024-04-10)

(校对编辑:韩敏求)