

基于机器学习的 MRI 影像组学鉴别临床显著与非显著前列腺癌

张沥^{1,2} 折霞¹ 张鑫¹ 汤敏¹ 雷晓燕¹ 闵智乾¹ 李陇超¹ 宦怡²

【摘要】 目的 建立基于 R-Tree 和 Logistic 回归 2 种机器学习算法的影像组学模型,探讨 2 种算法鉴别临床显著前列腺癌(CsPCa)与非显著癌(CiPCa)的诊断效能。**方法** 回顾性收集经病理证实为 PCa 的病人 142 例,年龄 65~86 岁,平均(73.7±8.24)岁,其中 CsPCa 101 例,CiPCa 41 例。所有病人术前均进行双参数(T₂WI+ADC)MRI 检查。由 2 位放射医师采用 ITK-SNAP 软件手动勾画病灶的三维兴趣区(VOI)。采用 A.K 软件对获得的 VOI 进行特征提取、降维、筛选,并根据机器学习算法(R-Tree 和 Logistic 回归分析法)构建 4 组模型(ADC、T₂WI、ADC/T₂WI、ADC+T₂WI)。采用 *t* 检验、Mann-Whitney *U* 检验、卡方检验分别比较 CsPCa 组和 CiPCa 组年龄、前列腺特异性抗原(PSA)、PSA 密度(PSAD)、病灶分布的差异。采用组内相关系数(ICC)分析 2 名医师勾画 VOI 结果的一致性以及 1 位医师 2 次勾画 VOI 结果的一致性。采用受试者操作特征(ROC)曲线评估诊断效能,并计算曲线下面积(AUC)、准确度、特异度、敏感度。**结果** CsPCa 组的 PSA 值高于 CiPCa 组($P<0.05$),CsPCa 组同时累及外周带与移行带的病灶数多于 CiPCa 组($P<0.05$)。T₂WI、ADC 图上 2 名医师勾画 VOI 一致性检验的 ICC(95%CI)值分别为 0.963(0.925~0.982)和 0.919(0.836~0.960),T₂WI、ADC 图上同一名医师前后 2 次勾画 VOI 一致性检验的 ICC(95%CI)值分别为 0.977(0.925~0.989)和 0.925(0.845~0.963)。验证组中应用 Logistic 回归算法 4 种模型中 ADC 模型的 AUC 最高,其次为 T₂WI+ADC、T₂WI 模型,T₂WI/ADC 模型的 AUC 最低;T₂WI 模型的敏感度最高,T₂WI+ADC 模型的特异度最高。应用 Logistic 回归算法 4 种模型的 AUC 均高于 R-Tree 算法。**结论** 基于 T₂WI 和 ADC 机器学习的影像组学模型可较好地鉴别 CsPCa 和 CiPCa,Logistic 回归算法的诊断效能更佳。

【关键词】 前列腺癌;磁共振成像;影像组学;Gleason 分级;机器学习

中图分类号:R737.25;R445.2 文献标志码:A

Machine learning-based MRI radiomics differentiation of clinically significant and insignificant prostate cancers ZHANG Li^{1,2}, ZHE Xia¹, ZHANG Xin¹, TANG Min¹, LEI Xiaoyan¹, MIN Zhiqian¹, LI Longchao¹, HUAN Yi². 1 Department of MRI, Shaanxi Provincial People's Hospital, Xi'an 710000, China; 2 Department of Radiology, Xijing Hospital, Air Force Military Medical University

【Abstract】 Objective To assess the diagnostic value of machine learning-based MRI radiomics (R-Tree and Logistic regression algorithm) in differentiating clinically significant prostate cancer (CsPCa) from clinically insignificant prostate cancer (CiPCa). **Methods** In this retrospective study, 142 patients (mean age, 73.7±8.24 years; range 65–86 years) including pathologically confirmed 101 patients with CsPCa and 41 patients with CiPCa. All the patients underwent biparametric-MRI (T₂WI+ADC) before biopsy. Volumes of interest (VOIs) were manually drawn by two radiologists using ITK-SNAP software. A list of radiomics features were extracted using the A. K software, and the corresponding radiomics signature was constructed. R-Tree and Logistic regression were used to develop 4 prediction models (ADC, T₂WI, ADC/T₂WI, and ADC+T₂WI). The differences in age, prostate specific antigen (PSA), prostate specific antigen density (PSAD), and locations of lesion were tested with *t* test, Mann-Whitney *U* test, and chi-square test between the two groups when appropriate. The intra-group correlation coefficient (ICC) was used to analyze the inter-observer and intra-observer variabilities of drawing VOIs. The predictive ability of each model was tested by receiver operating characteristic (ROC) curve, and the areas under the curve (AUC), accuracy, sensitivity, and specificity were calculated. **Results** The CsPCa group had higher PSA and more

作者单位:1 陕西省人民医院 MRI 室,西安 710000;2 空军军医大学附属西京医院放射科
通信作者:李陇超,E-mail:18202990355@139.com
基金项目:陕西省重点研发计划项目(2018SF-169)
DOI:10.19300/j.2020.L18016

lesions in both peripheral zone and transition zone than the CiPCa group ($P<0.05$). The ICC (95%CI) values of the VOI consistency test drawn by the two readers on the T₂WI images and ADC maps were 0.963 (0.925–0.982) and 0.919 (0.836–0.960), respectively. The ICC (95%CI) values of the VOI consistency test drawn by the same reader on the T₂WI images and ADC maps were 0.977 (0.925–0.989) and 0.925 (0.845–0.963), respectively. In the validation dataset, the ADC model achieved the highest AUC among the four models when using Logistic regression algorithm, followed by the T₂WI+ADC and T₂WI models. The T₂WI/ADC model had the lowest AUC. The T₂WI model achieved the highest sensitivity, and the T₂WI+ADC model achieved the highest specificity. The AUCs of the four models using Logistic regression algorithm was higher than that using R-Tree algorithm. **Conclusion** Using machine learning-based T₂WI and ADC-MRI radiomics can well identify CsPCa and CiPCa, especially when the Logistic regression algorithm is used.

【Keywords】 Prostate cancer; Magnetic resonance imaging; Radiomics; Gleason grade; Machine learning

Int J Med Radiol, 2020, 43(5): 514–519

前列腺癌(prostate cancer, PCa)是男性常见的恶性肿瘤^[1]。临床显著 PCa(clinically significant PCa, CsPCa)是指 Gleason 评分 ≥ 7 分、伴或不伴体积 $\geq 0.5\text{ cm}^3$ 、伴或不伴前列腺包膜外侵犯的 PCa, 此类肿瘤恶性程度高, 侵袭性强, 需要积极治疗^[2-3]。临床非显著 PCa (clinically insignificant PCa, CiPCa) 是指 Gleason 评分 < 7 分的肿瘤, 侵袭性较低, 进展缓慢, 可采取随访观察和主动监测的治疗方式, 而对其过度诊断和治疗反而会增加病人的负担、降低生存质量^[4-5], 因此术前准确鉴别 CsPCa 和 CiPCa 对于病人选择合适的治疗方案和评估预后具有十分重要的价值。影像组学可以反映整个瘤体信息, 分析肿瘤异质性, 辅助肿瘤的鉴别诊断, 但其在前列腺肿瘤临床应用方面的报道较少^[6]。本研究探讨基于机器学习的双参数 MRI (T₂WI+ADC) 影像组学模型对 CsPCa 和 CiPCa 的诊断价值, 以期为两者的鉴别诊断提供依据。

1 资料与方法

1.1 研究对象 回顾性收集陕西省人民医院 2014 年 10 月—2019 年 10 月经病理证实为 PCa 的病人 142 例, 年龄 65~86 岁, 平均 (73.7 \pm 8.24) 岁, 其中 CsPCa 101 例, CiPCa 41 例。前列腺特异性抗原 (prostate specific antigen, PSA) 中位数为 13.03 (7.38~30.88) ng/mL, PSA 密度 (PSA density, PSAD) 中位数为 0.19 (0.12~0.31) ng/(mL·g)。所有病人术前均进行双参数-MRI 检查。纳入标准: ①经穿刺或手术病理证实为 PCa; ②采用同一台设备进行 T₂WI 和扩散加权成像 (DWI) 检查, 且所有影像均于病人术前 10 d 内获取; ③影像清晰, 无明显伪影。排除标准: 术前进行放疗、化疗、内分泌等治疗者。

1.2 设备与方法 采用荷兰 Philips 3.0 T Ingenia

MR 扫描设备, 使用 16 通道相控阵腹部线圈。病人取仰卧位, 扫描范围从髂棘扫描到耻骨联合下缘。扫描序列及参数: ①快速自旋回波 (TSE) 序列, T₂WI: TR/TE = 5 202 ms / 100 ms, 层厚 3 mm, 层间距 0, 视野 20 cm \times 20 cm, 矩阵 260 \times 260, 激励次数 1。②DWI 序列: b 值取 0、1 000、2 000 s/mm², 由 b=1 000 s/mm² 的图像自动后处理重建 ADC 图。③动态增强 (DCE) 采用快速梯度序列, TR/TE=3.6 ms / 1.76 ms, 经肘前静脉团注对比剂 (钆布醇或钆喷酸葡胺, 浓度 1.0 mol/L) 0.1 mmol/kg 体质量, 注射流率 2~3 mL/s, 连续扫描 18 个期相。

1.3 肿瘤影像三维分割 首先将 T₂WI 和 ADC 图数据经 GE 医疗公司人工智能 Analysis-Kinetics (A.K) 软件进行影像预处理, 随后将所有预处理后的影像导入 ITK-SNAP 软件 (3.8 版本) 进行病灶分割, 由 1 名 5 年 MRI 诊断经验的医师手动逐层勾画三维体积兴趣区 (volume of interest, VOI) (图 1), 并由 1 名 10 年 MRI 诊断经验的副主任医师复审。然后由 1 名工作 8 年的副主任医师在 2 组病例中分别任意选取 15 例勾画 VOI, 再由第 1 位医师重复勾画上述 30 例病例的 VOI。

1.4 影像组学研究流程 ①数据预处理: 采用 A.K 软件对提取的影像组学特征数据进行异常值处理, 主要将异常值替换为所在列的中位数。通过随机分层抽样的方法将所有病例以 7:3 的比例分为训练组及验证组。②影像组学特征提取: 采用 A.K 软件对获得的 VOI 进行特征提取, 分别自动提取 6 大类共 402 个影像组学特征, 包括一阶统计特征直方图和二阶及高阶统计特征 (形态学矩阵、灰度共生矩阵参数、游程矩阵参数、灰度区域大小矩阵参数、Haralick 矩阵特征), 并对上述特征进行归一化处

理。③影像组学特征降维：采用相关性分析和 LASSO 算法对上述特征进行筛选。④机器学习建模：采用 R-Tree 和 Logistic 回归分析算法对上述筛选的特征参数构建模型。共构建 4 组模型：1)ADC 特征集；2) T_2WI 特征集；3) T_2WI/ADC 的联合特征集

(先筛选再联合)；4) $T_2WI+ADC$ 特征集 [2 种序列联合 804 个组学特征筛选获得的最优特征集(即先联合再筛选)]。⑤验证：使用训练组数据建立模型，通过验证组进行验证。影像组学研究流程见图 2。

1.5 统计学方法 采用 SPSS 25.0 统计软件对数据

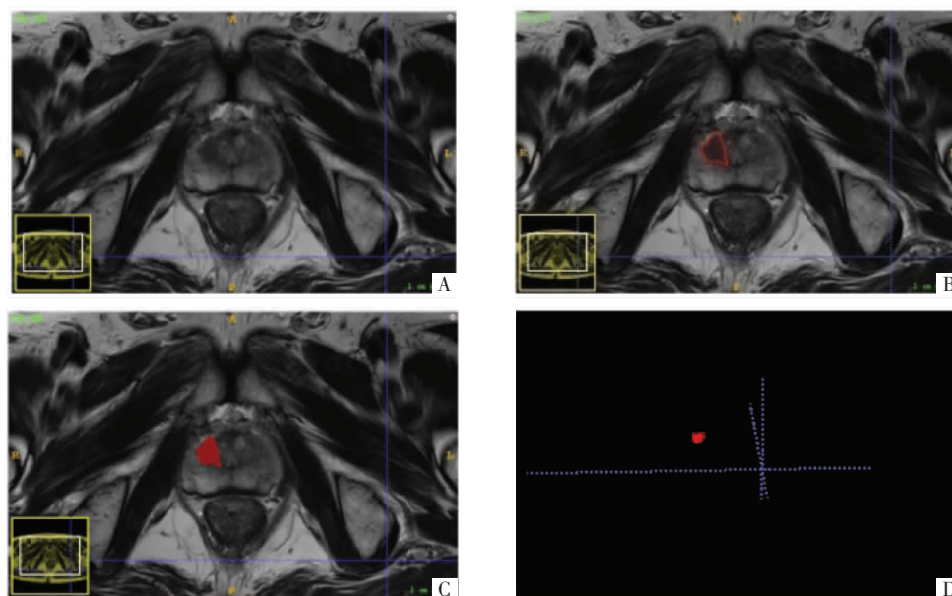


图 1 肿瘤影像分割。A 图, T_2WI 横断面影像。B 图, 基于像素沿肿瘤边界勾画二维兴趣区 (ROI)。C、D 图,ROI 融合后影像的三维 VOI。

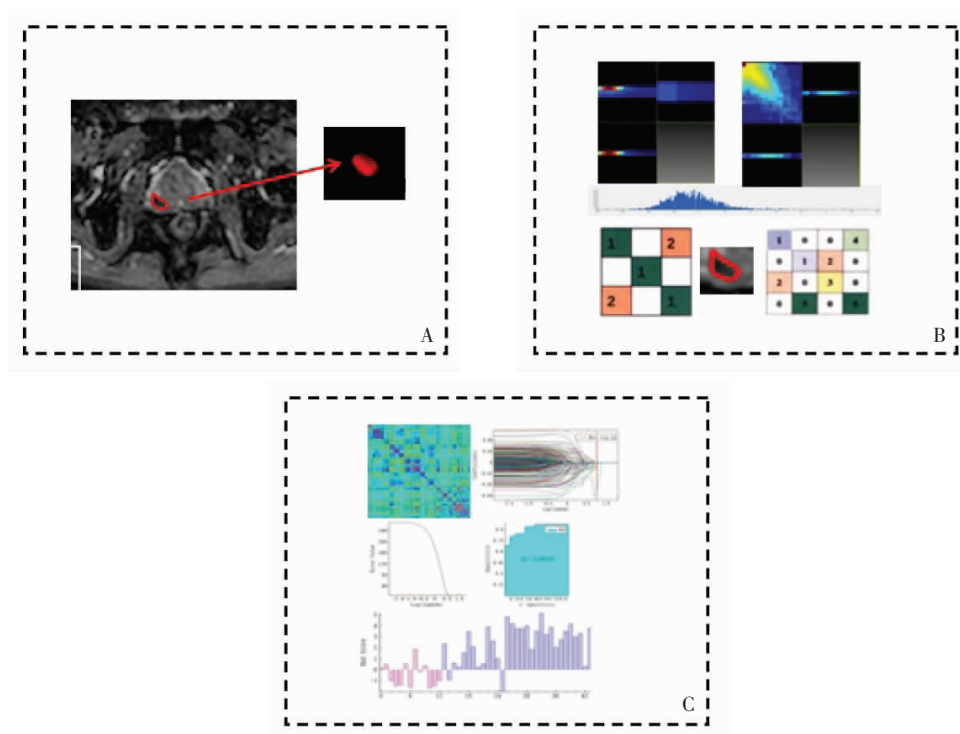


图 2 影像组学研究流程图。A 图,影像获取与病灶提取。B 图,影像组学特征提取。C 图,影像组学特征选择与鉴别诊断模型建立。

进行分析。符合正态分布的计量资料以均数 \pm 标准差($\bar{x}\pm s$)表示,2组间比较采用 t 检验;非正态分布的计量资料以中位数(四分位间距)[$M(P_{25},P_{75})$]表示,2组间比较采用 Mann-Whitney U 检验。计数资料以例表示,2组间比较采用 χ^2 检验。采用组内相关系数(interclass correlation coefficient, ICC)分析2名医师(组间)和第1位医师前后2次(组内)勾画 VOI 结果的一致性。 $ICC<0.4$ 代表一致性差, $0.4\leq ICC<0.75$ 表示一致性中等, $ICC\geq 0.75$ 表示一致性较高。采用受试者操作特征(ROC)曲线评估模型的诊断效能,并计算相应曲线下面积(AUC)、准确度、特异度、敏感度。 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 2组病人一般资料及病灶分布比较 CsPCa 组的 PSA 值高于 CiPCa 组 ($P<0.05$),CsPCa 组同时累及外周带和移行带的病灶数多于 CiPCa 组 ($P<0.05$)。2组病人年龄、PSAD 及其他部位分布的差异均无统计学意义(均 $P>0.05$)。详见表 1。

2.2 一致性分析 2名医师 T₂WI 上勾画 VOI 的平均值分别为 (1.5 ± 0.78) cm³ 和 (1.4 ± 0.63) cm³,ADC 图上勾画 VOI 的平均值分别为 (1.4 ± 0.88) cm³ 和 (1.37 ± 0.92) cm³,T₂WI、ADC 图上 2 名医师勾画 VOI 一致性检验的 $ICC(95\%CI)$ 值分别为 0.963(0.925~0.982) 和 0.919(0.836~0.960)。同一名医师在 T₂WI 和 ADC 图上第 2 次勾画 VOI 的平均值为 (1.5 ± 0.39) cm³ 和 (1.42 ± 0.74) cm³。T₂WI、ADC 图上同一名医师前后 2 次勾画 VOI 一致性检验的 $ICC(95\%CI)$ 值分别为 0.977(0.925~0.989) 和 0.925(0.845~0.963)。

2.3 影像组学诊断模型的诊断效能 验证组中应用 Logistic 回归算法 4 种模型中 ADC 模型的 AUC 最高,其次为 T₂WI+ADC、T₂WI 模型,T₂WI/ADC 模型的 AUC 最低;ADC 模型和 T₂WI 模型的敏感度较高,其中 T₂WI 模型的敏感度最高,但 2 种模型的特异度相对不高,T₂WI+ADC 模型的特异度最高,T₂WI/ADC 模型的特异度最低。应用 Logistic 回归算法,4 种模型的 AUC 均高于 R-Tree 算法。2 种机器学习算法的 ADC 模型的准确度以及 T₂WI/ADC、T₂WI+ADC 模型的特异度均相等(表 2)。验证组中基于 Logistic 回归算法的 4 种模型的 ROC 曲线见图 3。

3 讨论

前列腺 MRI 和 PSA 检查目前已成为筛查 PCa 较为常用的手段,但常规检查方法难以鉴别 CsPCa 和 CiPCa,导致临床过度穿刺活检。其次,由于传统阅片主观性较强,不同经验的医师对影像特征的把握具有一定的差异,影响疾病的诊断准确率。影像组学模型能定量反映 CsPCa 和 CiPCa 的病理学特征,而且不受主观经验的影响。目前基于 MRI 影像组学模型区分 CsPCa 和 CiPCa 的诊断价值国内未见相关报道,因此本研究对此内容进行初步探讨。

本研究发现,CsPCa 组的 PSA 值高于 CiPCa 组,CsPCa 组病灶位于混合区的病灶数多于 CiPCa 组。这提示临床上对于高水平 PSA 的人群有必要进行 MRI 检查进一步明确诊断,而对于病灶范围同时累及外周带和移行带的混合区病灶应高度怀疑 CsPCa。

2 名医师虽然工作经验不同,但手工勾画 VOI

表 1 2 组病人一般资料及病灶分布比较

组别	例数	年龄(岁)	PSA(ng/mL)	PSAD[ng/(mL·g)]	病灶分布(例)		
					外周带	移行带	外周带+移行带
CsPCa	101	74.49 \pm 8.16	16.28(8.14,61.98)	0.19(0.13,0.29)	44	24	33
CiPCa	41	71.37 \pm 8.63	8.5(6.52,14.75)	0.18(0.11,0.3)	24	16	1
检验值		0.87 ^a	7.16 ^b	8.75 ^b	3.22 ^c	2.02 ^c	15.67 ^c
P		0.749	0.001	0.053	0.320	0.460	0.001

^a 为 t 值,^b 为 Z 值,^c 为 χ^2 值。

表 2 验证组中 4 种模型的 2 种机器学习算法的诊断效能

模型	R-Tree				Logistic 回归			
	AUC	准确度	敏感度	特异度	AUC	准确度	敏感度	特异度
ADC	0.889	0.841	0.903	0.692	0.908	0.841	0.935	0.615
T ₂ WI	0.789	0.773	0.839	0.615	0.864	0.886	0.968	0.692
T ₂ WI/ADC	0.698	0.682	0.806	0.385	0.762	0.705	0.839	0.385
T ₂ WI+ADC	0.811	0.773	0.774	0.769	0.868	0.795	0.806	0.769

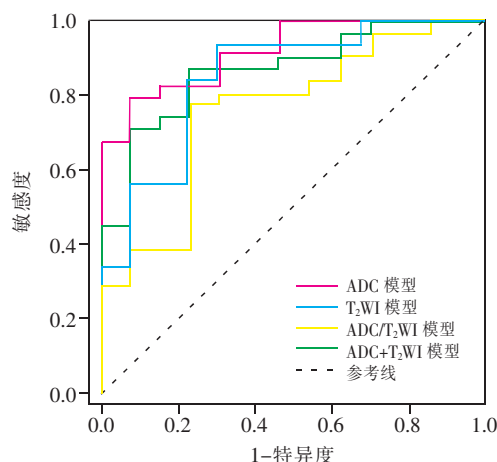


图3 应用 Logistic 回归算法 4 种验证模型的 ROC 曲线。ADC、T₂WI、ADC/T₂WI、ADC+T₂WI 模型的 AUC 分别为 0.908、0.864、0.762、0.868。

的影像组学特征结果一致性较高(*ICC* 均>0.91),表明影像组学分析受主观经验干扰少,具有很好的可重复性。

本研究基于 MRI 影像组学标签对 CsPCa 和 CiPCa 的鉴别进行了预测分析,结果显示,影像组学特征能有效地鉴别诊断 CsPCa 和 CiPCa。分析原因可能是不同 Gleason 分级的 PCa 在细胞内部成分、液体含量、胶原蛋白水平和纤维肌肉基质等方面表现均有差异。CsPCa 细胞密集,导致细胞外间隙减少,而 CiPCa 仍存留一些腺体结构,细胞外液存在空间,这些差异可通过影像组学模型定量反映其病理学特征^[7-8]。

本研究采用了相关性分析和 LASSO 2 种方法来筛选特征,从而确保特征选择的稳定性和可重复性,保证所选特征对于分类器的有效价值^[9]。基于 ADC 和 T₂WI 的单序列模型的 AUC 值均较高,该结果表明在某些病人中鉴别 CsPCa 和 CiPCa 时,并不需要更多更复杂的序列,这将有助于简化扫描方案^[10]。此外,对于放射科医生而言,T₂WI 和 DWI/ADC 序列在 PCa 的诊断中具有重要作用,也是研究者在影像组学研究中最常应用的序列。而且,使用过多序列会因为图像分割耗时、费力而影响其在临床中的应用。因此,选择最有价值的序列更为重要。T₂WI+ADC 2 种序列联合 804 个组学特征筛选获得的特征集 AUC 值高于先筛选再联合的 T₂WI/ADC 特征集,这可能与不同序列之间特征相互作用有关。

机器学习 R-Tree 和 Logistic 回归算法均可用于构建预测模型,选择适当的算法可提高模型的稳

定性和预测效能。本研究结果显示应用 Logistic 回归算法 4 种模型的 AUC 均高于 R-Tree 算法,可能是由于 Logistic 算法是线性模型,在相同条件下线性模型的稳定性要优于非线性模型。一般认为上述 2 种算法均比较适合小样本和二分类变量的模型构建,但本小样本研究结果更推荐使用 Logistic 回归算法。同时,Logistic 回归算法也是目前最常用的算法,而且易于操作。

为寻找 CsPCa 和 CiPCa 的最佳鉴别特征,Kesch 等^[11]通过提取多参数(包括 T₂WI、ADC、DCE 序列)MRI 和 PET/CT 的 315 个纹理特征,结果显示较低的平均 ADC 值与肿瘤侵袭性增加有明显的关联,因此影像组学模型在未来可能有助于更好地区分惰性和侵袭性 PCa;但该研究未对模型进行验证,而且只包括了纹理特征。本研究除了分析纹理特征,还分析了其他高阶特征,并将病人分为训练组和验证组,提高了该模型在临床中的泛化能力。

Min 等^[12]研究显示,基于多参数 MRI 的影像组学特征可无创地区分 CsPCa 和 CiPCa,表明多参数 MRI 影像组学特征对病理分级具有良好的价值;但是该研究使用多参数序列中的 DCE 为多期相,而且研究只分析了多参数联合诊断结果,没有对单一序列影像组学进行分析比较,研究存在一定的局限性。也有研究者^[13-14]报道,在进行病灶分割时,DCE 序列期相选择难以统一,且图像分割费时费力。

还有研究者^[15]基于 T₂WI 序列的影像组学机器学习模型的方法构建了 PCa 有无包膜侵犯的预测模型,结果表明该模型具有较好的临床实用性。与影像诊断医生的目测评估相比,影像组学诊断价值更高。该模型有助于影像诊断医生报告肿瘤是否存在包膜外扩展,以及促进 PCa 管理的临床决策。但是该研究仅使用了单序列分析,且仅针对包膜侵犯病例进行预测,未能有效地鉴别 CsPCa 和 CiPCa。

本研究尚存在以下局限性:①本研究为单中心回顾性研究,将来需要行前瞻性研究并进行外部验证。②本研究尽管使用了三维 VOI,且组内及组间一致性均较高,但不排除手动勾画 VOI 时主观因素引起的偏差^[16]。③部分病理为穿刺活检结果,今后的研究应尽量基于病理组织切片,细化病理分级,建立不同分级的预测模型。④由于本研究未将影像组学特征与临床特征联合建模,还需要扩大样本量进一步研究。

综上所述,本研究使用机器学习算法常用的

R-Tree 和 Logistic 回归构建预测模型, 研究结果表明基于 T₂WI 和 ADC 影像的影像组学模型能够稳定、有效且无创地鉴别诊断 CsPCa 和 CiPCa, 应用 Logistic 回归算法效果更佳。

参考文献:

- [1] Siegel RL, Miller KD, Jemal A. Cancer statistics, 2017 [J]. CA Cancer J Clin, 2017,67:7-30.
- [2] Turkbey B, Rosenkrantz AB, Haider MA, et al. Prostate imaging reporting and data system version 2.1: 2019 update of prostate imaging reporting and data system version 2 [J]. Eur Urol, 2019, 76: 340-351.
- [3] Mohler JL, Armstrong AJ, Bahnson RR, et al. Prostate cancer, version 1[J]. J Natl Compr Canc Netw, 2016, 14:19-30.
- [4] Pokorny MR, de Rooij M, Duncan E, et al. Prospective study of diagnostic accuracy comparing prostate cancer detection by transrectal ultrasound-guided biopsy versus magnetic resonance (MR) imaging with subsequent MR-guided biopsy in men without previous prostate biopsies[J]. Eur Urol, 2014,66: 22-29.
- [5] Zaytoun OM, Anil T, Moussa AS, et al. Morbidity of prostate biopsy after simplified versus complex preparation protocols: assessment of risk factors[J]. Urology, 2011,77: 910-914.
- [6] Algohary A, Viswanath S, Shiradkar R, et al. Radiomic features on MRI enable risk categorization of prostate cancer patients on active surveillance: preliminary findings [J]. J Magn Reson Imaging, 2018,48:818-828.
- [7] Hegde JV, Mulkern RV, Panych LP, et al. Multiparametric MRI of prostate cancer: an update on state-of-the-art techniques and their performance in detecting and localizing prostate cancer [J]. J Magn Reson Imaging, 2013,37:1035-1054.
- [8] Donati OF, Mazaheri Y, Afaq A, et al. Prostate cancer aggressiveness: assessment with whole-lesion histogram analysis of the apparent diffusion coefficient[J]. Radiology, 2014,271:143-152.
- [9] Fetit AE, Novak J, Rodriguez D, et al. Radiomics in paediatric neuro-oncology: a multicentre study on MRI texture analysis [J]. NMR Biomed, 2017:e3781.
- [10] Kuhl CK, Bruhn R, Krämer N, et al. Abbreviated biparametric prostate MR imaging in men with elevated prostate-specific antigen [J]. Radiology, 2017,285:493-505.
- [11] Kesch C, Radtke JP, Wintsche A, et al. Correlation between genomic index lesions and mpMRI and Ga-PSMA-PET/CT imaging features in primary prostate cancer[J]. Sci Rep, 2018, 8: 16708.
- [12] Min X, Li M, Dong D, et al. Multi-parametric MRI-based radiomics signature for discriminating between clinically significant and insignificant prostate cancer: cross-validation of a machine learning method[J]. Eur J Radiol, 2019, 115:16-21.
- [13] Athanazio D, Gotto G, Shea BM, et al. Global gleason grade Groups in prostate cancer: concordance of biopsy and radical prostatectomy grades and predictors of upgrade and downgrade[J]. Histopathology, 2017,70:1098-1106.
- [14] He B, Chen R, Gao X, et al. Nomograms for predicting Gleason upgrading in a contemporary Chinese cohort receiving radical prostatectomy after extended prostate biopsy: development and internal validation[J]. Oncotarget, 2016, 7:17275-17285.
- [15] Ma S, Xie H, Wang H, et al. MRI-based radiomics signature for the preoperative prediction of extracapsular extension of prostate cancer [J]. J Magn Reson Imaging, 2019, 50:1914-1925.
- [16] 张文杰, 毛宁, 王滨. 影像组学在前列腺癌中的研究进展[J]. 国际医学放射学杂志, 2019,42:692-695.

(收稿 2020-02-24)

《国际医学放射学杂志》协办刊单位

(排名不分先后)

天津医科大学总医院

天津市第一中心医院

东部战区总医院

陆军军医大学第一附属医院

天津市环湖医院

天津医科大学医学影像学院

滨州医学院