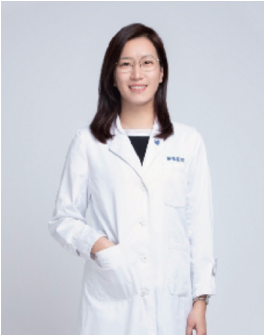




· 专题论著 ·



尤超，副主任医师，硕士研究生导师，复旦大学附属肿瘤医院放射诊断科医师。中华医学会放射学分会乳腺学组委员兼秘书，中国抗癌协会肿瘤影像专业委员会青年委员，中国研究型医院学会感染与炎症放射学专业委员会委员，中国医师协会互联网与大数据影像专业组委员兼秘书，上海市抗癌协会肿瘤影像专业委员会委员，复旦大学“仲英青年学者”。主持国家自然科学基金及市级课题4项，参与国家级及市级以上课题8项，获上海市“医苑新星”青年医学人才-医学影像项目。

数字乳腺断层摄影的影像组学对乳腺癌分子分型预测研究

李佳蔚¹，姜婷婷¹，汤振伟²，简嘉豪²，范明²，沈茜刚¹，厉力华²，顾雅佳¹，彭卫军¹，

尤超¹

1. 复旦大学附属肿瘤医院放射诊断科，复旦大学上海医学院肿瘤学系，上海 200032；
2. 杭州电子科技大学生物医学工程与仪器研究所，浙江 杭州 310018

[摘要] 目的：探讨基于数字乳腺断层摄影（digital breast tomosynthesis, DBT）的影像组学对乳腺癌分子分型的预测价值。方法：回顾并分析2019年1月—2020年8月于复旦大学附属肿瘤医院行DBT检查并经病理学检查证实为浸润性乳腺癌的380例患者资料，每例患者DBT影像包含头尾（craniocaudal, CC）位和内外斜（mediolateral oblique, MLO）位。通过提取380例基于DBT的病灶全瘤组学特征，经降维、筛选后，将保留的特征分别放入逻辑回归（logistic regression, LR）、支持向量机（support vector machine, SVM）及随机森林（random forest, RF）3个不同的机器学习模型，以受试者工作特征（receiver operating characteristic, ROC）曲线评价3种模型对乳腺癌4种分子分型的预测效能。结果：经病理学检查证实的380例病灶中，Luminal A型72例，Luminal B型175例，人表皮生长因子受体2（human epidermal growth factor receptor 2, HER2）过表达型54例，三阴性乳腺癌（triple-negative breast cancer, TNBC）79例。3种不同的算法模型均可有效鉴别乳腺癌分子分型，其中RF模型表现效果整体较好，在测试集中通过二分法预测Luminal A型、Luminal B型、HER2过表达型和TNBC的曲线下面积（area under curve, AUC）分别为0.82、0.71、0.70和0.71。DBT组学特征中，熵及与熵相关特征、形态特征与乳腺癌分子分型有关。结论：基于DBT的影像组学模型可较好预测乳腺癌的分子分型，其中表征异质性与形态的影像组学特征有助于乳腺癌分子分型的鉴别。

[关键词] 数字乳腺断层摄影；影像组学；分子分型；预测

中图分类号：R737.9；R445.4 文献标志码：A DOI: 10.19732/j.cnki.2096-6210.2023.01.002

Prediction of molecular subtypes of breast cancer by radiomics based on digital breast tomosynthesis LI Jiawei¹, JIANG Tingting¹, TANG Zhenwei², JIAN Jiahao², FAN Ming², SHEN Xigang¹, LI Lihua², GU Yajia¹, PENG Weijun¹, YOU Chao¹ (1. Department of Radiology, Fudan University Shanghai Cancer Center, Department of Oncology, Shanghai Medical College, Fudan University, Shanghai 200032, China; 2. Institute of Biomedical Engineering and Instrumentation, Hangzhou Dianzi University, Hangzhou 310018, Zhejiang Province, China)

Correspondence to: YOU Chao E-mail: youchao8888@aliyun.com

基金项目：国家癌症中心攀登基金（NCC201909B06）；上海市卫生健康委员会面上科研项目（202240241）

通信作者：尤超 E-mail: youchao8888@aliyun.com

[**Abstract**] **Objective:** To investigate the predictive value of radiomics based on digital breast tomosynthesis (DBT) in molecular subtypes of breast cancer. **Methods:** The data of 380 patients with invasive breast cancer confirmed by pathology after DBT examination in the Fudan University Shanghai Cancer Center from January 2019 to August 2020 were retrospectively analyzed. The DBT images of each patient included craniocaudal (CC) position and mediolateral oblique (MLO) position. And 380 whole-tumor features of lesions based on DBT were extracted, after performing dimensionality reduction and screening, the final retained features were put into three different machine learning models, including logistic regression (LR), support vector machine (SVM) and random forest (RF), respectively. Receiver operating characteristic (ROC) curve was used to evaluate the predictive efficacy of three models based on DBT images for the four molecular classification of breast cancer. **Results:** Of the 380 lesions confirmed by pathology, 72 were Luminal A type, 175 were Luminal B type, 54 were human epidermal growth factor receptor 2 (HER2) over-expression type, and 79 were triple-negative breast cancer (TNBC). The three models all can predict the molecular subtypes of breast cancer efficiently. Among the three different models, RF model had a better performance, and in the test set, AUC values predicted by dichotomy were 0.82, 0.71, 0.70, and 0.71 for Luminal A type, Luminal B type, HER2 over-expression type, and TNBC respectively. Among DBT radiomics features, the entropy and entropy-related features, as well as the morphological features are related to the molecular subtypes of breast cancer. **Conclusion:** The radiomics model based on DBT imaging can predict the molecular subtypes of breast cancer, and the radiomics features that represent the heterogeneity and morphology are helpful for the differentiation of breast cancer molecular subtypes.

[**Key words**] Digital breast tomosynthesis; Radiomics; Molecular subtype; Prediction

乳腺癌是威胁女性健康常见的恶性肿瘤之一^[1-2]。根据《中国抗癌协会乳腺癌诊治指南与规范(2021年版)》^[3]可将乳腺癌分为以下4种分子亚型: Luminal A型、Luminal B型、人表皮生长因子受体2(human epidermal growth factor receptor 2, HER2)过表达型和三阴性乳腺癌(triple-negative breast cancer, TNBC)。不同分子分型乳腺癌的疗效、预后、复发转移模式各异,如何在手术前准确地预测乳腺癌的分子分型仍是临床的关注点^[2]。

数字乳腺断层摄影(digital breast tomosynthesis, DBT)从不同投影角度快速采集并重建乳腺薄层图像,能够显著提高乳腺病变的检出率,更清晰地显示病灶的形态特征,有助于病灶性质的判断^[4-5]。随着精准医学的提出,影像组学在临床医学中的应用越来越受重视^[6]。目前,大多数研究集中于DBT鉴别病变良恶性,对分子分型的预测研究较少。本研究将针对DBT影像组学研究,探讨从乳腺DBT图像提取的组学特征能否预测乳腺癌分子亚型。

1 资料和方法

1.1 临床资料

回顾并分析2019年1月—2020年8月于复旦大

学附属肿瘤医院就诊、行DBT检查后证实病变为肿块或肿块伴钙化且经手术后病理学检查确诊为乳腺癌的380例患者资料,共380个病灶。其中Luminal A型72例,Luminal B型175例,HER2过表达型54例,TNBC 79例。

1.2 方法

1.2.1 图像采集及常规形态记录

采用美国Hologic公司的Selenia Dimensions全数字化乳腺X线摄影机进行DBT检查。检查体位包括头尾(craniocaudal, CC)位和内外斜(mediolateral oblique, MLO)位。DBT摄影过程中,X射线管以受检乳房为中心,从 -7.5° 至 7.5° 扫描角度旋转,每旋转 1° 进行1次低剂量曝光,共曝光15次,最后将获得的图像重建生成厚为1 mm的断层图像。

放射科医师在对病理学检查结果不知情的情况下,依据美国放射学会提出的乳腺影像报告和数据系统(Breast Imaging Reporting and Data System, BI-RADS)^[7]对病灶进行描述并记录,包括病灶的形状、边缘、密度、有无钙化和纤维腺体密度等。

1.2.2 病灶标注及掩模矩阵构建

应用开源软件(VGG Image Annotator)图像标注工具(Visual Geometry Group)对采集的图像进行勾画,由2名经验丰富的放射科医师(分

别有10年和8年的经验)分别手动勾勒出每个乳腺肿瘤的起始、中间和终止层面的病灶轮廓。当意见不统一时,由2名医师共同商议后得出一致结论。其中对于肿块伴钙化患者的病灶勾画,若钙化位于肿块内部,则勾画肿块轮廓;若钙化位于肿块周围,则将肿块与周围钙化视为整体进行勾画。具体病灶标注如图1所示。

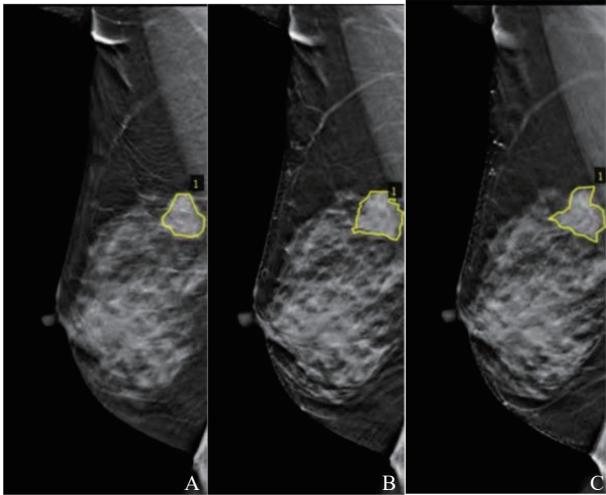


图1 3层病灶轮廓勾画图示

A: 病灶的起始层面,即首次出现病灶的切片标注;B: 病灶的中间层面,一般为病灶最大直径所在层面的切片标注;C: 病灶的终止层面,即最后出现病灶的切片标注。

本研究采用与既往研究^[8-9]相似的方法构建病灶掩模矩阵。首先,生成一个与原始图像宽、高相同的二维全零矩阵。然后从原始图像对应的数据文件中提取对应病灶的具体位置坐标,根据坐标数据,将之前生成的二维全零矩阵上对应的位置设置为1,得到二维掩模矩阵。最后将1个DBT图像序列中的所有二维掩模矩阵按顺序进行堆叠,构建出最终病灶的掩模矩阵。

1.2.3 DBT影像组学模型构建

影像组学模型构建包括特征筛选和优化、模型训练和评价。将队列按照7:3划分为训练集与测试集,分别包含患者266例和114例。使用pyradiomics包在病灶CC位、MLO位的掩模矩阵中提取病灶影像学特征,每个体位分别获得特征107个,包括形态学特征(7个)、一阶特征(9个)及纹理特征(91个)。本研究融合

2个体位提取的214个(107×2)影像组学特征作为特征数据集。先在特征之间通过 t 检验筛去差异无统计学意义的特征,再通过特征递归消除(recursive feature elimination, RFE)方法筛选特征,每次筛选时使用5折交叉验证进行参数调优,同时产生一个相应的准确度的值,筛选完成后取最高的准确度所对应的特征数量为最佳特征数,数目为15~33个不等。本研究采用二分法,分别针对Luminal A型和非Luminal A型、Luminal B型和非Luminal B型、HER2过表达型和非HER2过表达型、TNBC和非TNBC,利用训练集进行两两比较训练模型,进而通过测试集对模型进行评价。以受试者工作特征(receiver operating characteristic, ROC)曲线的曲线下面积(area under curve, AUC)分析3种算法模型在测试集上对乳腺癌分子分型的诊断效能。应用逻辑回归(logistic regression, LR)、支持向量机(support vector machine, SVM)和随机森林(random forest, RF)3个不同的机器学习模型。

1.3 病理学检查

病理学诊断参照第5版世界卫生组织(World Health Organization, WHO)乳腺肿瘤病理学分类诊断标准^[10],根据雌激素受体(estrogen receptor, ER)、孕激素受体(progesterone receptor, PR)、HER2表达状态和Ki-67增殖指数将乳腺癌分为Luminal A型、Luminal B型、HER2过表达型和TNBC。

1.4 统计学处理

采用SPSS 26.0进行统计学分析。对乳腺癌4种分子分型的患者年龄等计量资料采用方差分析进行组间比较,对乳腺癌4种分子分型的病理学特征、常规DBT特征等计数资料采用 $R \times C$ 列联表的 χ^2 检验或Fisher精确概率检验进行比较。采用LR、SVM和RF这3个机器学习模型建模,预测模型ROC曲线的AUC作为主要预测模型效能的评价方法。所有 P 值均为双侧检验结果, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结 果

2.1 临床病理学特征

经病理学检查证实的380例患者，年龄27~87岁，平均年龄为53.12岁，中位年龄为54岁。纯肿块有249例，肿块伴钙化有131例。浸润性导管癌340例，浸润性小叶癌5例，乳头

状癌15例，导管原位癌伴微浸润16例，黏液癌2例，化生性癌2例。各个分子分型的肿瘤最大直径、淋巴结转移和Ki-67增殖指数差异有统计学意义，Luminal A型乳腺癌病灶偏小而TNBC病灶较大；相较于其他分型，Luminal A型乳腺癌多表现为无淋巴结转移及Ki-67增殖指数低。家族史、是否绝经差异无统计学意义（表1）。

表1 研究人群的临床和病理学特征

特征	Luminal A型 (n=72)	Luminal B型 (n=175)	HER2过表达型 (n=54)	TNBC (n=79)	n (%)	
					检验值	P值
年龄/岁 $\bar{x} \pm s$	53.47 ± 12.2	54.14 ± 11.2	54.44 ± 7.1	52.14 ± 11.8	0.707 ^a	0.548
家族史					8.469 ^b	0.162
有	61 (84.72)	146 (83.43)	44 (81.48)	56 (70.89)		
无	10 (13.89)	23 (13.14)	10 (18.52)	20 (25.31)		
未知	1 (1.39)	6 (3.43)	0 (0.00)	3 (3.80)		
是否绝经					6.658 ^b	0.326
是	41 (56.94)	89 (50.86)	35 (64.81)	49 (62.03)		
否	30 (41.67)	79 (45.14)	19 (35.19)	27 (34.18)		
未知	1 (1.39)	7 (4.00)	0 (0.00)	3 (3.80)		
肿瘤最大直径/cm					21.000 ^b	<0.001
≤2	43 (59.72)	64 (36.57)	20 (37.04)	19 (24.05)		
>2	29 (40.28)	111 (63.43)	34 (62.96)	60 (75.95)		
淋巴结转移					18.360 ^b	<0.001
无	63 (87.5)	108 (61.71)	38 (70.37)	61 (77.22)		
有	9 (12.5)	67 (38.29)	16 (29.63)	18 (22.78)		
Ki-67增殖指数					124.544 ^b	<0.001
过表达 (≥20%)	7 (9.72)	124 (70.86)	49 (90.74)	65 (82.28)		
低表达 (<20%)	65 (90.28)	51 (29.14)	5 (9.26)	14 (17.72)		

a: F值; b: χ^2 值。

2.2 DBT影像学特征

380例乳腺癌患者病灶的DBT影像学特征见表2，研究发现仅凭常规DBT影像学特征无法很好地区分乳腺癌的分子分型，仅在形状和有无钙化上有一定差异，而在边缘、密度和纤维腺体密度上差异无统计学意义。Luminal B型乳腺癌相较于其他分型更易伴有钙化。

2.3 DBT影像组学特征的筛选及特征分布特点

使用特征逐步回归对影像组学特征进行筛选，计算拥有不同特征数的算法模型所对应的准确度，在测试集上准确度最高时所对应

的特征数目为最佳特征数，最佳特征子集分布见表3。在最终构建的4组DBT影像组学模型中，熵或与熵相关的特征与乳腺癌4种分子分型关系较密切，在TNBC中熵和与熵相关的特征最多，Luminal B型乳腺癌次之。同时，根据RF模型最后保留的最佳特征，形态特征多见于Luminal A型和Luminal B型乳腺癌，如最大轴长度 (major axis length)、最大2D直径 (maximum 2D diameter)、最大3D直径 (maximum 3D diameter) 等，而在其余两种分子分型中未见。

2.4 模型构建

将经筛选后保留的最佳特征放入3种算法模型进行模型训练, 再在测试集上对各个分类器模型进行测试, 并绘制其对应的ROC曲线(图2)。其中, 预测Luminal A型、Luminal B型、HER2过表达型和TNBC中, LR模型在训练集和测试集上的AUC分别为0.73、0.69、0.66、

0.72和0.76、0.66、0.71、0.71; SVM模型在训练集和测试集上AUC分别为0.74、0.68、0.97、0.99和0.80、0.64、0.70、0.74; RF模型在训练集和测试集上AUC分别为0.81、0.74、0.89、0.92和0.82、0.71、0.70、0.71。3种算法模型均能有效预测乳腺癌分子分型, RF模型对于乳腺癌分子分型的整体预测效能较好。

表2 研究人群的DBT影像学特征

分子特征	Luminal A型 (n=72)	Luminal B型 (n=175)	HER2过表达型 (n=54)	TNBC (n=79)	n (%)	
					χ^2 值	P值
形状					10.687	0.014
圆形/卵圆形	6 (8.34)	16 (9.14)	7 (12.96)	18 (22.78)		
不规则	66 (91.66)	159 (90.86)	47 (87.04)	61 (77.22)		
边缘					10.585	0.091
清楚	5 (6.94)	6 (3.43)	5 (9.26)	3 (3.80)		
模糊	31 (43.06)	85 (48.57)	31 (57.41)	48 (60.76)		
毛刺/分叶	36 (50.00)	84 (48.00)	18 (33.33)	28 (35.44)		
密度					7.604	0.215
高密度	47 (65.28)	139 (79.43)	38 (70.37)	55 (69.62)		
等密度	23 (31.94)	33 (18.86)	15 (27.78)	23 (29.11)		
密度不均	2 (2.78)	3 (1.71)	1 (1.85)	1 (1.27)		
纤维腺体密度					10.919	0.241
脂肪	0 (0.00)	5 (2.86)	0 (0.00)	1 (1.27)		
散在	19 (26.39)	47 (26.86)	21 (38.89)	15 (18.99)		
不均匀	39 (54.17)	101 (57.71)	28 (51.85)	49 (62.03)		
致密	14 (19.44)	22 (12.57)	5 (9.26)	14 (17.72)		
有无钙化					8.816	0.032
伴钙化	19 (26.39)	73 (41.71)	13 (24.07)	26 (32.91)		
不伴钙化	53 (73.61)	102 (58.29)	41 (75.93)	53 (67.09)		

注: 本研究中伴钙化包括肿块内钙化和肿块周围钙化两种情况。

表3 不同分类器区别乳腺癌分子分型的最佳子集特征数目分布

分子分型	模型	形态特征数	一阶特征数	纹理特征数	总特征数
Luminal A型 vs 非Luminal A型	LR	8	0	14	22
	SVM	5	3	25	33
	RF	9	1	19	29
Luminal B型 vs 非Luminal B型	LR	6	6	14	26
	SVM	2	3	12	17
	RF	2	3	10	15
HER2过表达型 vs 非HER2过表达型	LR	0	2	13	15
	SVM	0	4	11	15
	RF	0	3	14	17
TNBC vs 非TNBC	LR	1	0	14	15
	SVM	0	1	14	15
	RF	0	2	13	15

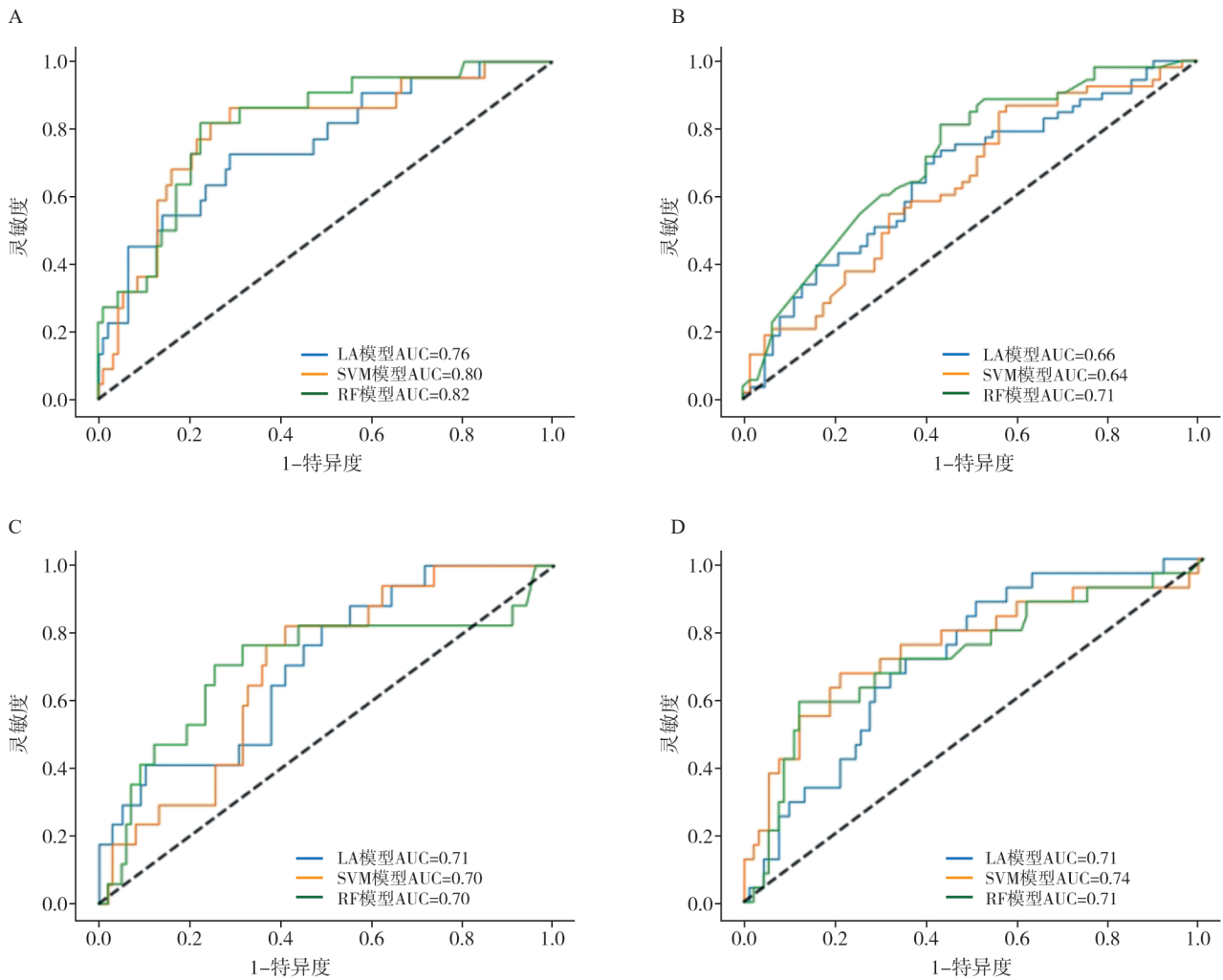


图2 3种算法模型在测试集上的ROC曲线

A~D分别代表3种算法模型区分Luminal A型和非Luminal A型乳腺癌、Luminal B型和非Luminal B型乳腺癌、HER2过表达型和非HER2过表达型乳腺癌、TNBC和非TNBC的ROC曲线。

3 讨论

在预测乳腺癌分子分型的模型构建中,本研究采用的LR、SVM和RF这3种模型算法均可较好地预测分子分型。LR模型的训练速度较快,既往吴佩琪等^[11]发现,基于MRI影像组学特征构建的LR模型可有效地无创性预测乳腺癌分子分型;SVM模型属于小样本学习方法且对缺失数据敏感,Xie等^[12]研究发现,SVM模型鉴别TNBC和非TNBC的准确度高达91%。而相较于LR和SVM,RF能够更好地处理高维数据,特别是对不平衡数据的处理,由于其随机特性,可在

一定程度上减少误差,即使部分特征缺失仍能维持一定精度^[8, 13]。既往关于构建RF模型预测乳腺癌分子分型的研究较少,本研究发现RF模型在Luminal B型的鉴别中AUC相较于LR和SVM模型更高,具有一定的优势。

在分析不同分型的组学特征中,本研究进一步发现最终纳入模型的影像组学特征中,熵相关特征、形态特征与乳腺癌的分子分型存在较多联系。首先,熵能够反映肿瘤内部结构的异质性^[14],本研究发现影像组学特征熵或与熵相关特征与TNBC关系最为密切,与Luminal B型乳腺癌的关系次之,这在一定程度上反映TNBC的复杂异质性。Li等^[15]也发现,增强纹理特征熵值

在乳腺癌不同亚型之间差异有统计学意义, 与非TNBC相比, TNBC的病变异质性更高^[15-16]。Tagliafico等^[17]从20例乳腺癌患者和20位正常女性乳腺的DBT图像中共提取104个影像组学特征, 最终研究结果显示, 特征熵与ER状态密切相关, 这与本研究发现特征熵与Luminal B型乳腺癌密切相关的结果相吻合。其次, 肿瘤的大小、形状及边缘特征对分型诊断具有提示价值^[18]。本研究也发现在保留的影像组学特征中Luminal A型和Luminal B型乳腺癌中形态特征较其余两种亚型多见。而在常规DBT特征分析中也提示肿瘤大小和形状对分子分型的鉴别具有一定的提示作用, 与DBT组学特征结果相对应。这可能与Luminal型乳腺癌激素受体表达有关, 更易浸润破坏周围组织, 表现为不规则形。而TNBC缺乏激素受体表达, 缺乏与周围组织相互作用过程, 因而其肿瘤边缘较光整^[19-23], 表现为圆形/卵圆形, 当然这还有待进一步研究证实。

本研究也存在一些局限之处。首先, 研究的样本量较小, 未来考虑扩大样本量, 同时通过多中心协作进一步研究。其次, 本研究通过手工勾画感兴趣区进而构建DBT病灶的掩模矩阵, 后续可考虑采用深度学习的全自动分割优化后处理流程。再次, 本研究仍以肿块征象为主, 对于钙化分析仅简单纳入肿块内钙化和周围钙化, 未来可考虑对钙化、不对称或结构扭曲征象细化分析。最后, 本研究聚焦于乳腺癌分子分型, 后续将拓宽研究, 例如纳入Ki-67增殖指数预测分析^[24-25], 或联合临床、DBT常规影像优化模型, 进一步探讨基于DBT影像组学对乳腺癌患者预后预测的价值。

综上, 基于DBT影像组学模型能够较好地预测乳腺癌的分子分型, 表征异质性与形态的影像组学特征对分型鉴别的价值较大, 可为无创性预测乳腺癌分子分型提供可视化信息。

[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] DILAVERI C, KLASSEN C, FAZZIO R, et al. Breast cancer screening for women at average risk [J]. *Curr Breast Cancer Rep*, 2019, 11(3): 123–128.
- [3] 中国抗癌协会乳腺癌专业委员会. 中国抗癌协会乳腺癌诊治指南与规范(2021年版) [J]. *中国癌症杂志*, 2021, 31(10): 954–1040.
- [4] JOHNSON K, ZACKRISSON S, ROSSO A, et al. Tumor characteristics and molecular subtypes in breast cancer screening with digital breast tomosynthesis: the Malmö Breast Tomosynthesis Screening Trial [J]. *Radiology*, 2019, 293(2): 273–281.
- [5] FAN M, ZHENG H Z, ZHENG S, et al. Mass detection and segmentation in digital breast tomosynthesis using 3D-mask region-based convolutional neural network: a comparative analysis [J]. *Front Mol Biosci*, 2020, 7: 599333.
- [6] 朱 陈, 王 乐, 杜灵彬, 等. 乳腺X线摄影技术应用于人群筛查准确度的meta分析 [J]. *中华流行病学杂志*, 2016, 37(9): 1296–1305.
- [7] MAGNY S J, SHIKHMAN R, KEPPEKE A L. Breast Imaging Reporting and Data System [M]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing, 2022.
- [8] 简嘉豪. 基于数字乳腺断层影像的乳腺癌智能诊断方法研究 [D]. 杭州: 杭州电子科技大学, 2022.
- [9] 尤 超, 郑惠中, 姜婷婷, 等. 基于影像组学对数字化乳腺断层摄影中肿块病变的鉴别诊断研究 [J]. *中国癌症杂志*, 2021, 31(12): 1162–1167.
- [10] 杨文涛, 步 宏. 第5版WHO乳腺肿瘤分类解读 [J]. *中华病理学杂志*, 2020, 49(5): 400–405.
- [11] 吴佩琪, 赵 可, 吴 磊, 等. 基于弥散加权成像和动态增强MRI的影像组学特征与乳腺癌分子分型的关系初探 [J]. *中华放射学杂志*, 2018, 52(5): 338–343.
- [12] XIE T W, WANG Z, ZHAO Q F, et al. Machine learning-based analysis of MR multiparametric radiomics for the subtype classification of breast cancer [J]. *Front Oncol*, 2019, 9: 505.
- [13] SAVARGIV M, MASOUMI B, KEYVANPOUR M R. A new random forest algorithm based on learning automata [J]. *Comput Intell Neurosci*, 2021, 2021: 5572781.
- [14] BI W L, HOSNY A, SCHABATH M B, et al. Artificial intelligence in cancer imaging: clinical challenges and applications [J]. *CA Cancer J Clin*, 2019, 69(2): 127–157.
- [15] LI H, ZHU Y T, BURNSIDE E S, et al. Quantitative MRI radiomics in the prediction of molecular classifications of breast cancer subtypes in the TCGA/TCIA data set [J]. *NPJ Breast Cancer*, 2016, 2: 16012–.
- [16] WAUGH S A, PURDIE C A, JORDAN L B, et al. Magnetic resonance imaging texture analysis classification of primary breast cancer [J]. *Eur Radiol*, 2016, 26(2): 322–330.
- [17] TAGLIAFICO A S, VALDORA F, MARISCOTTI G, et al. An exploratory radiomics analysis on digital breast tomosynthesis in women with mammographically negative dense breasts [J]. *Breast*, 2018, 40: 92–96.
- [18] NIU S X, JIANG W Y, ZHAO N N, et al. Intra- and peritumoral

- radiomics on assessment of breast cancer molecular subtypes based on mammography and MRI [J]. J Cancer Res Clin Oncol, 2022, 148(1): 97–106.
- [19] CAI S Q, YAO M M, CAI D L, et al. Association between digital breast tomosynthesis and molecular subtypes of breast cancer [J]. Oncol Lett, 2019, 17(3): 2669–2676.
- [20] 宁艳云, 崔曹哲, 武慧慧, 等. 乳腺癌DBT征象与不同分子亚型之间的相关性 [J]. 影像诊断与介入放射学, 2020, 29(1): 54–59.
- [21] 符平, 吴文萃. 不同免疫组织化学分子亚型老年乳腺癌患者影像学特征 [J]. 中国老年学杂志, 2022, 42(13): 3158–3162.
- [22] 杨敏, 赵鹏, 凌春香, 等. 数字乳腺X线摄影与断层摄影联合应用对乳腺癌的诊断价值 [J]. 医学影像学杂志, 2021, 31(7): 1184–1188.
- [23] LEE S H, CHANG J M, SHIN S U, et al. Imaging features of breast cancers on digital breast tomosynthesis according to molecular subtype: association with breast cancer detection [J]. Br J Radiol, 2017, 90(1080): 20170470.
- [24] ACHILONU O J, SINGH E, NIMAKO G, et al. Rule-based information extraction from free-text pathology reports reveals trends in South African female breast cancer molecular subtypes and Ki-67 expression [J]. Biomed Res Int, 2022, 2022: 6157861.
- [25] TAGLIAFICO A S, BIGNOTTI B, ROSSI F, et al. Breast cancer Ki-67 expression prediction by digital breast tomosynthesis radiomics features [J]. Eur Radiol Exp, 2019, 3(1): 16.
- (收稿日期: 2023-01-04 修回日期: 2023-02-10)

2023年《肿瘤影像学》专刊计划

《肿瘤影像学》计划于2023年出版以下栏目专刊, 欢迎涉及以下方面研究的作者来稿、读者关注。

刊期	出版时间	主题	内容
2023年第1期	2月28日	人工智能	影像人工智能在肿瘤诊断、疗效预测及预后中的价值
2023年第2期	4月28日	免疫治疗评价	影像学在免疫治疗评价中的应用
2023年第3期	6月28日	精准诊疗、诊疗一体化	分子影像精准诊疗、诊疗一体化的研究与应用
2023年第4期	8月28日	肝脏超声	肝脏弥漫性病变更弹性超声研究

另外影像学最新指南及指南解读, 诊断规范性、进展类文章不限刊期, 欢迎赐稿。

请登陆《肿瘤影像学》网站www.zhongliuyingxiangxue.com线上投稿, 投稿时请选择相应的专刊栏目或在附言中备注。

投稿指南(稿约)见www.zhongliuyingxiangxue.com/CN/column/column24.shtml。

联系方式: 上海市徐汇区东安路270号10号楼415室《肿瘤影像学》编辑部; 邮编: 200032;

电话: (021)64188274; E-mail: zlyxx@zhongliuyingxiangxue.com。

《肿瘤影像学》编辑部