

基于多参数 MRI 的前列腺癌计算机辅助检测方法

谌先敢^{1,2}, 刘海华^{1,2}, 李亮³, 潘宁^{1,2}

(1 中南民族大学 生物医学工程学院, 武汉 430074;

2 中南民族大学 医学信息分析及肿瘤诊疗湖北省重点实验室, 武汉 430074;

3 武汉大学人民医院放射科, 武汉 430060)

摘要 在前列腺癌的诊断过程中, 候选病灶的检测是一项重要步骤, 该步骤有时由医生手工完成, 这会带来一些问题. 为了实现候选病灶的自动检测, 训练了一个分类模型用于自动检测候选病灶. 获取候选病灶之后, 病灶区域的各种特征被用来表征候选病灶, 其中, 纹理特征在诊断过程中已经被证实是有效的, 为了进一步提升性能, 仍然需要候选病灶的更高水平的特征. 因此, 设计了新特征来描述候选病灶: 病灶-凸包比. 为了证实该特征的有效性, 设计了实验: 在加入新特征之前和之后分别测试计算机辅助检测方法的性能. 实验结果表明, 所设计的新特征有助于提升该方法的性能.

关键词 计算机辅助检测; 前列腺癌; 多参数磁共振成像

中图分类号 TP391.41 文献标识码 A 文章编号 1672-4321(2019)03-0466-06

DOI 10.12130/znmzdk.20190326

引用格式 谌先敢, 刘海华, 李亮, 等. 基于多参数 MRI 的前列腺癌计算机辅助检测方法[J]. 中南民族大学学报(自然科学版), 2019, 38(3): 466-471.

CHEN Xiangang, LIU Haihua, LI Liang, et al. Computer-aided detection of prostate cancer based on multiparametric MRI [J]. Journal of South-Central University for Nationalities(Natural Science Edition), 2019, 38(3): 466-471.

Computer-aided detection of prostate cancer based on multiparametric MRI

CHEN Xiangang^{1,2}, LIU Haihua^{1,2}, LI Liang³, PAN Ning^{1,2}

(1 College of Biomedical Engineering, South-Central University for Nationalities, Wuhan 430074, China; 2 Hubei Key Laboratory of Medical Information Analysis and Tumor Diagnosis & Treatment, South-Central University for Nationalities, Wuhan 430074, China; 3 Department of Radiology, Renmin Hospital of Wuhan University, Wuhan 430060, China)

Abstract In the diagnosis of prostate cancer, the detection of candidate lesions is an important step, which is sometimes delineated by experienced radiologist manually. This may bring observer variability. In order to achieve automatic detection of candidate lesions, a classification model for automatic detection of candidate lesions is trained. After obtaining the candidate lesion, various features of lesions are used to characterize the candidate lesion, in which texture feature has been proven to be effective in the diagnosis process. In order to further enhance the performance, the high-level description of tumor candidate lesions is still needed. Therefore, a novel feature to describe these candidate lesions: the ratio of lesion and convex hull is designed. In order to confirm the effectiveness of the novel feature, the experiments are designed: before and after adding the novel feature, the performance of the system is tested. The experimental results show that the novel feature can improve the performance of the system.

Keywords computer-aided detection; prostate cancer; multiparametric MRI

前列腺癌已经成为排名第二的威胁男性健康的癌症. 在美国, 约有 1/6 的男性在其生命周期内中被诊断患有前列腺癌, 1/36 的男性死于该疾病^[1]. 经

直肠活检(Transrectal ultrasound, TRUS) 和前列腺特异性抗原(Prostate specific antigen, PSA) 血液检查是目前重要的诊断方法^[2]. 与上述两种方法不同,

收稿日期 2018-12-23

作者简介 谌先敢(1980-) 男, 讲师, 博士, 研究方向: 医学图像处理, E-mail: chenxg@mail.scuec.edu.cn

基金项目 国家自然科学基金资助项目(81601461); 湖北省自然科学基金资助项目(2017CFB552)

多参数磁共振成像检查可以检测前列腺的解剖结构和功能,这已成为前列腺癌的更好诊断方法^[3]。与前列腺癌诊断相关的 MRI 序列由 T2 加权成像 (T2WI), 扩散加权成像 (DWI), 动态对比度增强 (DCE), 磁共振光谱 (MR 光谱) 等组成。放射科医师综合这些不同类型的序列进行诊断。在前列腺癌的 MR 图像诊断过程中,需要经验丰富的放射科医生分析各种 MRI 序列数据,劳动量十分巨大。而且,在诊断过程中,人为疏忽和感知错误也会造成一定的误诊^[2]。不同放射科医生对同一病例的判断也会由于经验不同而存在一定的差异。对于经验不足的放射科医生来说,根据各种 MRI 序列对前列腺癌进行诊断非常具有挑战性。

计算机辅助检测 (Computer-aided detection, CAD) 是指利用计算机对医学图像进行分析,将获得的结果提供给医生作为“参考”。在诊断过程中,CAD 系统可以帮助放射科医师处理多参数 MRI 序列,以改善决策,减少由于阅片者不同造成的差异并节省阅片时间。近年来,关于前列腺癌的计算机辅助诊断,产生了许多高质量的研究工作。CAMERON 提出一种定量的特征模型:将特征组成更高水平的特征:形态,不对称,生理参数,尺寸,使用多参数 MRI 用来进行前列腺癌的检测^[4]。KWAK 使用来自 T2 和高 b 值 DWI 的 LBP 纹理特征来进行前列腺癌的检测^[5]。WIBMER 使用 T2WI 和 ADC 序列的 Haralick 纹理特征来检测前列腺癌和区分 Gleason 分数^[6]。还出现了几篇综述文献对本领域的工作进行了总结。LIU 综述回顾了多参数 MRI 前列腺癌检测 CAD^[7]。高歌介绍 CAD 在前列腺癌诊断中的进展^[8]。

前列腺癌的 CAD 通常由多个阶段的步骤组成。在第一阶段,从体素点分类产生的概率图检测候选病灶。在第二阶段,从每个候选病灶中提取基于区域的特征,并执行最终的病灶分类,获得每个候选病灶的癌症概率值。大多数研究人员的工作集中在 CAD 的体素点分类阶段。但是,我们重点关注区域分类阶段。在一些基于区域的方法中,候选病灶由放射科医师描绘,然而这种方式会因为病灶分割的差异而带来最终诊断的差异。在本文中,我们训练了一个点分类器用于自动候选病灶检测。在获得候选病灶之后,从候选病灶提取纹理特征。纹理特征已经被证实对前列腺癌的诊断是有帮助的。为了提高 CAD 系统的性能,还需要表征放射科医师知识的高级特征。

本研究的目的是研究一种计算机辅助检测方法

来评估前列腺可疑病灶的恶性程度。该系统的主要新颖之处在于,该方法可以自动检测前列腺中的可疑病灶,并且提出了一种新的特征来辅助纹理特征以提高 CAD 系统的性能。

1 基于多参数 MRI 的计算机辅助检测方法

图 1 显示了计算机辅助检测方法的流程图。该方法包括多个步骤,最终得到前列腺中可疑病灶的恶性概率。首先,对不同的 MRI 序列进行预处理,并在 T2 加权图像上对前列腺进行分割,并且使用分割结果来限制前列腺中的候选病灶的检测。接下来,从不同的 MRI 序列中提取体素点特征并执行体素点的分类,得到每个体素点的恶性概率值,在此基础上得到候选病灶。最后,提取候选病灶的区域特征,输入分类器,得到候选病灶的恶性概率。下面将更详细地解释每个步骤。

体素点分类的目的是排除病例中的非癌样本点并找到可能的癌症样本点以获得候选病灶,这可以降低后续候选病灶分类的分类难度,候选病灶分类的目的是找到真正的癌症病灶。

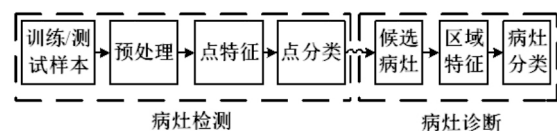


图 1 计算机辅助检测方法的流程图

Fig.1 The flowchart of computer-aided detection system

1.1 预处理与前列腺分割

我们需要从不同的 MRI 序列中提取特征,例如 T2 加权 (T2) MRI,扩散加权 (DW) MRI 和来自 DWI 的表观扩散系数 (ADC)。然而,三个 MRI 序列的分辨率和大小不同。为了从不同 MRI 序列的人体的相同位置提取特征,需要将不同的 MRI 序列预处理为相同的分辨率和大小。DWI 被放大并剪切,使其分辨率和大小与 T2MRI 相同。

放大方法通过双三次插值实现,其中插值像素值是最接近的 4×4 邻域中的像素的加权平均值。放大率是 DWI 中的像素间隔参数与 T2 中的像素间隔参数的比值,其中像素间距参数表示图像中的实际物理空间中的两个相邻像素的距离。DWI 的分辨率与放大后的 T2 分辨率相同。放大图像的中心点作为新图像的中心,并且图像中超出范围的部分被剪切,因此新 DWI 在剪切后具有与 T2 相同的尺寸。放大和

剪切后,三种不同的 MRI 序列具有相同的分辨率和大小,然后不同 MRI 序列中相同位置的像素通常对应于人体中的相同部分。

前列腺分割可以降低癌症检测和诊断的复杂性。通过一些前列腺分割方法可以实现前列腺的自动分割。为了使检测结果不受前列腺分割方法的影响,我们使用手动分割结果作为掩模来限制对前列腺癌的检测。经验丰富的放射科医师在 T2 加权 MRI 上描绘了前列腺的手动分割结果。T2 加权 MRI 上的前列腺分割结果可以扩展到其他 MRI 序列(DWI 和 ADC)。

1.2 体素点特征提取

在预处理步骤之后,我们从 MRI 序列计算体素点特征。纹理已经被证明在区分癌症和非癌症方面是有效的,我们通过计算以体素点为中心的 $k \times k$ 小块中的纹理特征来表征体素点特征。纹理特征分为一阶统计特征和二阶统计特征。一阶纹理特征将体素点与某个全局值进行比较,包括均值、中值、标准差和平均绝对偏差。二阶纹理特征测量图像中像素间亮度的分布,其由灰度共生矩阵计算,包括对比度、相关性、能量和均匀性。这些特征中的每一个都是根据不同的 MRI 序列计算的: T2、DWI 和 ADC。

一阶纹理特征曾在文献^[4]中被使用,其中均值、中位数和标准差特征是直接计算的。特征图像中的每个体素点 (i, j) 是 N_{ij} 上的函数的结果, N_{ij} 是原始图像 I 中体素点 (i, j) 周围的滑动窗口的体素点的集合。

$$f_{\text{mean}}(i, j) = \text{mean}(N_{ij}), \quad (1)$$

$$f_{\text{median}}(i, j) = \text{median}(N_{ij}), \quad (2)$$

$$f_{\text{stdev}}(i, j) = \sqrt{\text{var}(N_{ij})}, \quad (3)$$

平均绝对偏差特征图像是原始图像和平均特征图像之间差异的绝对值:

$$f_{\text{absdev}}(i, j) = |I(i, j) - \text{mean}(N_{ij})|, \quad (4)$$

二阶纹理特征计算如下:首先, MRI 序列上的信号被缩放到 0-255 灰度级。然后,计算以像素点为中心的 5×5 小块中的像素的灰度共生矩阵,并且将灰度共生矩阵的纹理描述符用作像素的特征:能量、对比、相关性、同质性。二阶纹理特征是根据共生矩阵计算得到,由下式给出:

$$\text{contrast} = \sum_{i,j} |i - j|^2 p(i, j), \quad (5)$$

$$\text{correlation} = \sum_{i,j} \frac{(i - \mu_i)(j - \mu_j) p(i, j)}{\sigma_i \sigma_j}, \quad (6)$$

$$\text{energy} = \sum_{i,j} p(i, j)^2, \quad (7)$$

$$\text{homogeneity} = \sum_{i,j} \frac{p(i, j)}{1 + |i - j|}, \quad (8)$$

其中 $p(i, j)$ 是共生矩阵的值。

1.3 体素点分类

在测试阶段,从每个患者的三个 MRI 序列都提取体素点特征。将提取的体素点特征送到训练好的模型,每个体素点得到相应的恶性概率值, 0 表示没有前列腺癌, 1 表示前列腺癌。在本节中,我们使用 SVM 分类器进行了实验。由于此步骤旨在获得候选病灶,而不是前列腺癌的确诊,我们不分析该分类器的性能。概率图的示例如图 2 和图 3 所示。图 2 是良性病例,图 3 是癌症病例。

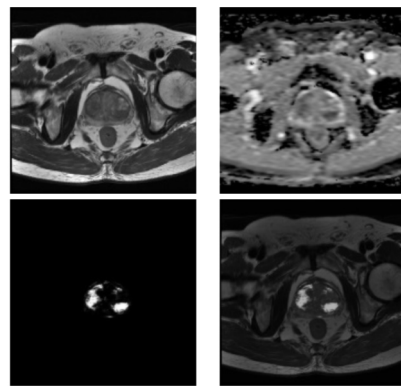


图 2 良性病例.T2 序列(左上) ADC 序列(右上), 概率图(左下)、T2 与概率的叠加图(右下)

Fig.2 Benign case. T2-weighted (first), ADC map (second), probability map(third), overlying of probability map and T2-weighted(fourth)

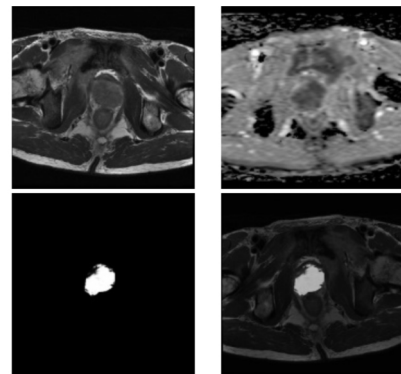


图 3 癌症病例.T2 序列(左上) ADC 序列(右上) 概率图(左下)、 T2 与概率的叠加图(右下)

Fig.3 Cancer case.T2-weighted (first), ADC map (second), probability map(third), overlying of probability map and T2-weighted(fourth)

从图 2 和图 3 可以看出,概率图的高值部分与 ADC 序列的低值部分大致一致,这与放射科医师根据 ADC 序列描绘候选病灶的原则一致。因此,可以从概率图获得令人满意的候选病灶。

1.4 候选病灶探测

根据图像上每个体素点的概率,首先将该区域

确定为可能的候选病灶,其中恶性概率大于某个阈值.然后去除小于 n 的像素数的候选病灶,其中 n 是从MRI观察到的最小肿瘤的像素数.消除比大多数肿瘤小的候选病灶可以被认为可以产生最终的一组肿瘤候选病灶.

前列腺中候选病灶之外的区域实际上被识别为非癌区域,并且候选病灶是否被判断为癌症,其由随后的病灶诊断部分确定.

1.5 基于区域的特征提取

计算每个候选病灶的区域特征,包括原始多参数MRI信号、纹理特征和我们设计的新特征.

(1) 原始多参数MRI信号

最直接的特征包括来自T2、ADC、DWI序列的MRI信号强度值.PI-RADS(Prostate Imaging, Reporting and Diagnosis System)方案中重要的T2生物标志物包括周边区域(PZ)中的“均匀高信号强度”和“均匀低信号强度”区域,以及过渡区(TZ)中相同的两个区域.DWI测量水分子通过周围组织扩散的能力, b 值可以改变采集过程中的扩散程度.不同 b 值的DWI用于估计ADC.与导致信号延迟的DWI(导致水分子可以扩散的暗区)不同,ADC测量组织扩散的速率,因此差的扩散区域看起来很暗.原始DWI和ADC值在PI-RADS被使用.

(2) 纹理特征

纹理特征分为一阶和二阶统计特征,与第1.3节的体素点特征计算步骤相同.一阶纹理特征包括均值、中值、标准差和平均绝对偏差.二阶纹理特征由共生矩阵计算,包括对比度、相关性、能量和同质性.候选病灶区域中所有像素的平均值用来作为区域特征.

(3) 我们设计的新功能

通过分析前列腺癌和良性前列腺增生的病例,我们发现两者的区别:良性前列腺增生的病灶是分散的,前列腺癌的病灶更加集中.根据这一特点,本文提出了一种新的特征,称为病灶-凸包比.

病灶-凸包比,即病灶与其凸包的面积比,表示为 F_r .在图4中,图像的前列腺中存在三个候选病灶,并且包含三个候选病灶的不规则形状是凸包.对于一个集合 H ,包含 H 的所有凸集的集合被称为 H 的凸包,并且凸包可以被想象为围绕所有点的橡皮筋.候选病灶的总面积表示为 A_c ,凸包的总面积表示为 A_h ,然后病灶和凸包的比值 F_r 为:

$$F_r = \frac{A_c}{A_h}, \quad (9)$$

对于多个候选病灶的患者,良性病灶一般较为分散,病灶与凸包的比例较小,恶性病灶一般集中,病灶与凸包的比例较大.因此,病灶和凸包的比例可以用来作良性和恶性病灶之间区别的指标.

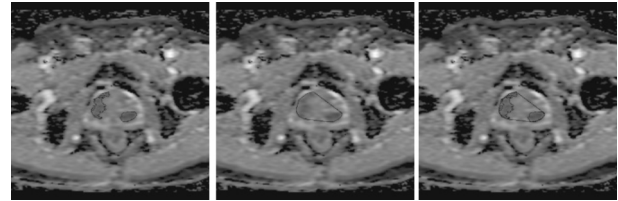


图4 良性病例

Fig.4 A benign case with the ratio of lesion and convex hull

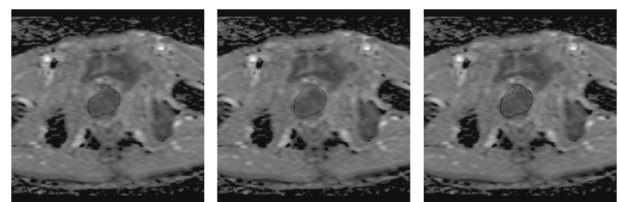


图5 恶性病例

Fig.5 A malignant case with the ratio of lesion and convex hull

1.6 候选病灶分类

在提取基于区域的特征之后执行候选病灶分类.使用三个分类器以获得最佳性能,SVM分类器,RandomForest分类器和GentleBoost分类器.我们在分类后获得每个候选病灶的0到1之间的癌症可能性, ρ 表示没有前列腺癌, λ 表示前列腺癌.

2 数据集和实验

2.1 数据集

我们的数据集包括2016年8月至2017年2月期间在武汉大学人民医院放射科就诊的49名患者.每位患者有三个MRI序列:T2、DWI和ADC.这些患者PSA升高,所有癌症患者都有活检证实的前列腺癌,用3.0T MR扫描仪(GE)获取图像.前列腺和恶性肿瘤由专家放射科医师描绘.根据TRUS活检报告,所有前列腺癌病例均为确诊恶性肿瘤.

在我们的实验中,每位患者的MR数据包括T2(尺寸 512×512 ,像素间距 0.4297×0.4297),DWI(尺寸 256×256 ,像素间距 1.1719×1.1719)和ADC(尺寸 256×256 ,像素间隔 1.1719×1.1719)由MR扫描仪生成.在前列腺分割的步骤中,需要将所有MR数据处理为相同的分辨率和大小,使得从不同MRI序列的相应位置获得的特征来自身体的相同位置.

经验丰富的前列腺放射科医师的诊断结果与MR引导的活组织检查样本的组织病理学相结合,

用于建立病灶定位的参考标准. 工作流程如下: 首先, 放射科医师筛选了前列腺癌的 MR 检查. 当未发现前列腺癌的证据时, 患者被认为是健康的. 其次, 记录放射科医师认为恶性的所有位置. 在那些位置, 进行活组织检查并建立随后的组织病理学以确定这些发现的真实性质. 病理学家不知道成像结果.

2.2 训练和测试

我们的主要兴趣是检测恶性前列腺癌. 良性前列腺增生未标注. 在体素点分类的步骤中, 放射科医师的肿瘤标注内的所有像素被用作前列腺癌样本, 其受到前列腺分割结果的限制. 将非癌症病例的前列腺分割结果中的所有像素用作良性样品, 其不需要放射学家的标注.

从数据集中随机选择 16 例(8 名癌症患者和 8 名非癌症患者). 这些案例用于训练 CAD 的体素点分类器; 而其他情况(33 例)的数据集被输入训练好的体素点分类器以获得恶性概率, 从中获得候选病灶.

将具有候选病灶的这些数据(33 个病例)随机进行 1000 次训练/测试分组, 使得相同的患者不会同时用在训练和测试阶段. 将具有候选病灶的癌症病例作为阳性样品. 将具有候选病灶的非癌症病例作为阴性样品. 这些阳性样品和阴性样品分别用于训练和测试候选分类器. 将这 1000 个划分的分类结果的平均 AUC(曲线下面积)值作为最终结果.

在某些情况下没有候选病灶, 这意味着这些病例的前列腺中的所有体素点在体素点分类阶段被判断为非癌性的. 因此, 在候选病灶分类阶段不考虑这些没有候选病灶的病例. 这 33 例中有 1 例无候选病灶, 因此实际上有 32 例用于候选病灶的分类.

2.3 实验

使用 ROC 方法以评估 CAD 系统的检测精度. 通过 1000 次随机训练/测试划分的实验设置来估计 CAD 系统的性能. 进行了三种实验以评估 CAD 系统的性能.

(1) 使用不同分类器的性能

体素点分类的目标是获得候选病灶而不是前列腺癌的诊断, 因此不分析这些分类器在此阶段的表现. 为了获得最佳性能, 基于 ROC 曲线下的面积在候选水平评估三种不同的分类器.

(2) 候选病灶分类中 MR 序列的重要性

为了确定 MRI 序列对整体分类结果的重要性, 我们在候选病灶水平上进行了实验. 使用不同的分类器, 基于 ROC 曲线下面积, 我们建立了每个 MRI

序列和几个联合 MRI 序列的分类性能. 也就是说, 使用单个 MRI 序列或两种 MRI 序列计算特征, 例如仅使用 T2 特征或仅使用 DWI 特征, 或两者都用.

(3) 添加新特征前后的性能

在前列腺癌的诊断中, 纹理特征已被证明是有效的. 为了改善性能, 仍然需要对候选病灶进行高级描述. 我们设计了一个新的特征来描述候选病灶: 病灶-凸包比. 为了确认该特征的有效性, 我们设计了实验: 在添加新特征之前和之后, 分别测试了系统的性能.

3 结果

3.1 分类器的比较

我们使用 ROC 分析来比较候选病灶分类中的不同分类器. 我们在 1000 种不同的训练/测试集划分中测试了这些不同分类器的性能. 将这 1000 种划分的 AUC 值的平均值作为最终结果. 表 1 提供了使用不同分类器的结果. 该表的每个数字显示了在一些 MRI 序列上使用分类器的分类性能. 可以看出, SVM 分类器比其他两个分类器表现更好.

表 1 分类器比较和 MRI 序列重要性实验的 AUC 结果

Tab.1 AUC results for classifier comparison and MRI sequence importance experiment

MR sequence	SVM	Gentle boost	Random forest
T2	0.5664	0.6116	0.5889
DWI	0.7134	0.6973	0.7096
ADC	0.8483	0.7751	0.7812
T2+ DWI	0.7174	0.6697	0.6699
T2 +ADC	0.8508	0.7929	0.7850
T2+ DWI +ADC	0.8140	0.7901	0.7858

3.2 MRI 序列的重要性

基于使用三种不同分类器的分类性能的每个 MR 序列的排名也在表 1 中显示出来. 可以看出, ADC 序列在候选分类中比单个 T2 或 DWI 序列更重要. 这意味着 ADC 序列在诊断过程中起着最重要的作用. 这与放射科医师根据 ADC 序列描绘候选病灶并通过 ADC 序列确定良性或恶性病灶的原则一致. 另外, 我们可以看到多种 MR 序列的性能在候选病灶分类中超过单个 MR 序列, 表明多种 MR 序列超过单个 MR 序列. 最佳性能来自 T2 和 ADC 序列的组合.

3.3 新特征的有效性

病灶-凸包比的良性和恶性病例分别如图 4 和图 5 所示. 图 4 是良性病例, 其中良性前列腺增生(BPH)病灶分散. 然而, 前列腺癌(PCa)病灶更加集

中,这可以从图 5 中看出。

计算 32 例候选病灶的病灶-凸包比。图 6 是 32 例的病灶-凸包比的箱型图。每个箱都标有它所代表的案例的名称。很明显, BPH 和 PCa 的新特征之间存在显著差异。

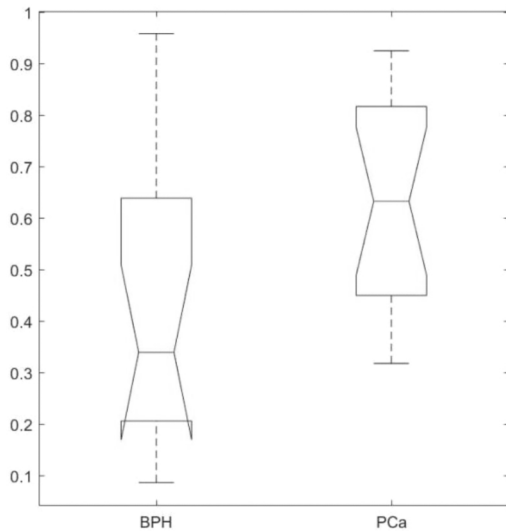


图 6 32 例的新特征的箱型图

Fig.6 The box plot of the ratio of lesion and convex hull of 32 cases

为了验证新特征的有效性,我们在添加新特征之前和之后测试该方法的性能。表 2 中显示了添加新特征之前和之后的 AUC 分类结果。第二行和第四行的值大于第一行和第三行的对应值,这意味着 CAD 系统的性能在添加新特征后得到了改善。

表 2 添加新特征前后的 AUC 结果

Tab.2 AUC results for classification before and after adding the novel feature

MR sequence	SVM	Gentle boost	Random forest
ADC	0.8483	0.7751	0.7812
ADC+new feature	0.8812	0.8704	0.8570
T2+ADC	0.8508	0.7929	0.7850
T2+ADC+new feature	0.8560	0.8629	0.8400

4 结语

介绍了一种从 MRI 序列中检测前列腺癌的 CAD 方法。在数据集上评估该方法的性能,其 AUC 为 0.8812。在前列腺癌的诊断中,多参数 MRI 通常被用作定量检查方法。在这项研究中,研究了每个 MRI 序列的重要性,并设计了新的特征来改善方法的性能。

该研究的局限性在于 ROC 评估偏向于放射科医师。因为可以通过 MR 引导的活组织检查清楚地定义癌区域,并且大多数正常区域必须依赖于放射科医师的意见。我们看起来正常的一些地区仍有一些风险实际上是癌症。此外,实验数据集不大,训练像素分类器的病例数量为 16,用于训练和测试候选分类器的病例数量为 32,需要拥有更多数据的数据集以进一步验证本方法。

研究了一种用于检测前列腺癌的计算机辅助检测方法,包括体素点分类、候选病灶检测和候选病灶分类。该系统可以帮助放射科医师检测前列腺癌位置,并且它将是放射科医师的潜在有价值的工具。

参 考 文 献

- [1] SIEGEL R L, MILLER K D, JEMAL A. Cancer statistics, 2016 [J]. CA Cancer J Clin, 2016, 66 (1) : 7-30.
- [2] LITJENS G, DEBATS O, BARENTSZ J, et al. Computer-aided detection of prostate cancer in MRI [J]. IEEE Trans Med Imaging, 2014, 33(5) : 1083-1092.
- [3] KITAJIMA K, KAJI Y, FUKABORI Y, et al. Prostate cancer detection with 3T MRI: comparison of diffusion-weighted imaging and dynamic contrast-enhanced MRI in combination with T2-weighted imaging [J]. J Magn Reson Imaging 2010, 31(3) : 625-631.
- [4] CAMERON A, KHALVATI F, HAIDER Ma, et al. MAPS: A quantitative radiomics approach for prostate cancer detection [J]. IEEE Trans Biomed Eng, 2016, 63 (6) : 1145-1156.
- [5] KWAK J T, XU S, WOOD B J et al. Automated prostate cancer detection using T2-weighted and high-b-value diffusion-weighted magnetic resonance imaging [J]. Med Phys, 2015, 42(5) : 2368-2378.
- [6] WIBMER A, HRICAK H, GONDO T, et al. Haralick texture analysis of prostate MRI: utility for differentiating non-cancerous prostate from prostate cancer and differentiating prostate cancers with different Gleason scores [J]. Eur Radiol, 2015, 25(10) : 2840-2850.
- [7] LIU L, TIAN Z, ZHANG Z, et al. Computer-aided detection of prostate cancer with MRI: technology and applications [J]. Acad Radiol, 2016, 23(8) : 1024-1046.
- [8] 高歌,王成彦,赵凯,等.前列腺癌多参数 MRI 计算机辅助诊断系统的构建 [J]. 肿瘤影像学, 2016(2) : 117-122.

(责任编辑 雷建云)