

• 骨骼肌肉影像学 •

基于 MRI 的直方图分析评估多发性骨髓瘤治疗反应

张雨柔,朱心雨,郭立,黄鹏

【摘要】 目的:探究基于磁共振成像的直方图分析评价多发性骨髓瘤治疗反应的价值。方法:将 47 例经血液学和组织学证实的多发性骨髓瘤患者根据 IMWG 标准分为反应良好组和反应不良组。收集两组间治疗前的临床基线数据和治疗前后的 T₁WI、T₂WI 和 STIR 图像,并将图像导入 MaZda 软件提取两组的直方图参数。最后将直方图参数与人工判别结果进行比较。结果:反应良好组与反应不良组治疗前基线数据和直方图参数差异均无统计学意义。反应良好组治疗后 T₁WI、T₂WI 两个序列的 Perc.99%、Perc.90%、Perc.50%、变异度和均值以及 STIR 序列的峰度和偏度于治疗后数值升高,而 T₁WI 序列的峰度和偏度于治疗后数值降低。反应不良组 T₁WI 序列的 Perc.1% 和 Perc.10% 治疗后数值升高,STIR 序列的 Perc.1% 治疗后数值降低。直方图参数评估效能优于人工判别。结论:基于磁共振成像的直方图分析,可用于影像客观评估 MM 治疗反应,有助于多发性骨髓瘤治疗反应的初步评价。

【关键词】 磁共振成像;直方图分析;多发性骨髓瘤;治疗反应

【中图分类号】 R445.2;R733.3 **【文献标志码】** A **【文章编号】** 1000-0313(2024)07-0935-07

DOI:10.13609/j.cnki.1000-0313.2024.07.014

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



MRI-based histogram analysis for treatment response assessment in patients with multiple myeloma

ZHANG Yu-rou, ZHU Xin-yu, GUO Li, et al. Department of Radiology, the Second Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Kunming 650106, China

【Abstract】 Objective: To investigate the value of magnetic resonance imaging (MRI)-based histogram analysis in the evaluation of treatment response for multiple myeloma. **Methods:** 47 patients with hematologically and histologically confirmed multiple myeloma were included and divided into good response and poor response groups according to IMWG criteria. Pre-treatment clinical baseline data and pre- and post-treatment T₁WI, T₂WI, and STIR images were collected and imported into MaZda software to extract histogram parameters for both groups. Finally, the histogram parametric discrimination efficacy was compared with the manual discrimination results. **Results:** The differences in pre-treatment baseline data and histogram parameters between the good and poor response groups were not statistically significant. Perc.99%, Perc.90%, Perc.50%, variability and mean, and Kurtosis and Skewness of the STIR sequence of the two sequences of T₁WI and T₂WI in the good response group increased in value after treatment, while the Kurtosis and Skewness of the T₁WI sequence were decreased in value after treatment. Perc.1% and Perc.10% values of T₁WI sequences in the poor response group were elevated after treatment, and Perc.1% values of STIR sequences were decreased after treatment. The histogram parameters evaluation efficacy was better than manual discrimination. **Conclusion:** MRI-based histogram analysis can be used for imaging objective assessment of treatment response in multiple myeloma, and can contribute to the initial evaluation of treatment response.

【Key words】 Magnetic resonance imaging; Histogram analysis; Multiple myeloma; Treatment response

作者单位:650106 昆明,昆明医科大学第二附属医院放射科

作者简介:张雨柔(1999—),女,四川乐山人,硕士研究生,主要从事医学影像技术研究。

通讯作者:郭立,E-mail:guolidoc@163.com

基金项目:云南省卫生健康委员会医学学科带头人培养计划(D-2019024)

多发性骨髓瘤(multiple myeloma, MM)是一种以浆细胞克隆性增殖为特征的恶性肿瘤,其生物学行为与临床和影像学表现存在显著异质性,因此治疗后准确评估其治疗反应回对其后续的精准治疗极其重

要^[1]。相较于 X 线和 CT, MRI 对骨髓浸润病灶最为敏感, 是目前 MM 最佳的影像检查方式^[2]。目前, 影像评价 MM 治疗效果多依靠影像医师主观经验和部分客观指标(病灶大小、数量及信号的变化)进行, 该方法对治疗反应不明显者的评估效果不佳。研究证明, 直方图分析可用于肿瘤性病变治疗效果的评价, 但该方法能否用于评估 MM 治疗反应暂时未见报道^[3,4]。因此, 本研究对经血液学和组织学证实的 MM 患者治疗前后的 MRI 图像进行直方图分析, 初步探究其评价 MM 治疗反应的价值。

材料与方法

1.一般资料

本研究为回顾性研究, 已获得本院伦理委员会批准, 委员会同意免除患者知情同意书的签署(审-PJ-科-2023-68)。收集 2016 年 1 月—2022 年 10 月在昆明医科大学第二附属医院初次诊断为 MM 的 47 例患者的病例资料。所有患者均经血液学和组织学证实为Ⅲ期 MM(Durie-Salmon 分期)。收集患者经系统化疗前和化疗 3 个月后矢状面 T₁ 加权成像(T₁ weighted imaging, T₁WI)、T₂ 加权成像(T₂ weighted imaging, T₂WI)与短时间反转恢复序列(short term inversion recovery, STIR)图像。依据国际骨髓瘤工作组标准(血清、尿液中的单克隆 M 蛋白水平、血清游离轻链和骨髓浆细胞百分比), MM 的治疗反应被分为完全缓解(12 例)、非常好的部分缓解(11 例)、部分缓解(13 例)、疾病稳定(3 例)或疾病进展(8 例)。将完全缓解、非常好的部分缓解定义为反应良好组(23 例), 部分缓解、疾病稳定和疾病进展定义为反应不良组(24 例)。47 例 MM 患者中, 男 28 例、女 19 例, 年龄 37~77 岁(平均 63.3±9.1 岁), IgG 型 15 例、IgA 型 14 例、IgD 型 4 例、IgM 型 1 例、轻链型 11 例、不分泌型 2 例。

2.纳入及排除标准

纳入标准:①经组织学和血液学证实的Ⅲ期 MM(Durie-Salmon 分期)成年患者;②新诊断的 MM, 既往无系统化疗或放疗;③MRI 检查有完整的矢状面 T₁WI、T₂WI 和 STIR 图像, 且腰椎存在 MM 病灶。

排除标准:①患有其他恶性肿瘤或血液病的患者;②同时患有骨梗死、甲状旁腺功能亢进等骨相关疾病的患者;③MRI 图像有伪影, 影响图像分析;④诱导化疗少于 3 个周期、没有每 2 或 3 个周期定期评估治疗反应的患者。

3.基线资料

收集患者治疗前最近一次检查(间隔时间小于 1 周)M 蛋白、β2-微球蛋白、白蛋白、球蛋白、碱性磷酸酶、乳酸脱氢酶水平、血肌酐、钙、24 h 尿蛋白含量、白

细胞计数、血红蛋白、血小板计数、K/λ 游离轻链比例、国际分期系统(ISS)分期以及异常浆细胞比例。

4.检查设备及方法

采用 Siemens Sonata 1.5T 超导磁共振扫描仪, 患者仰卧位, 视野 28.0 cm×28.0 cm。腰椎 MRI 平扫序列包括:T₁WI 序列, 层厚 4.5 mm, 矩阵 192×184, TR 516.00 ms, TE 12.00 ms; T₂WI 序列, 层厚 4.5 mm, 矩阵 192×384, TR 3700.00 ms, TE 95.00 ms; STIR 序列, 层厚 4.5 mm, 矩阵 192×256, TR 3990.00 ms, TE 77.00 ms。

5.图像处理与分析

所选图像以 DICOM 格式导入计算机辅助诊断平台 MaZda(The Technical University of Lodz, Institute of Electronics, <http://www.eletel.p.lodz.pl/mazda/>)。在治疗前后的 MRI 图像上, 对 L₁~L₅ 的正中矢状面一个层面的椎体进行感兴趣区(region of interest, ROI)的手动分割, 感兴趣区分割时, 边缘离骨皮质 2 mm, 避开了皮质骨、退行性病变及椎基底静脉进入椎体区(图 1)。提取了 9 个直方图参数: 均值(Mean)、变异度(Variance)、峰度(Kurtosis)、偏度(Skewness)、第 99 位百分数(Perc. 99%)、第 90 位百分数(Perc. 90%)、第 50 位百分数(Perc. 50%)、第 10 位百分数(Perc. 10%)、第 1 位百分数(Perc. 1%), 见图 2。

6.人工判别

人工判别由两名具有骨肌影像工作经验的医师(医师 1 具有 16 年诊断经验, 医师 2 具有 12 年诊断经验)在双盲条件下对两组病例的 MRI 平扫图像进行观察。反应良好的判别标准:①最大的病灶大小较治疗前缩小;②病变数目减少;③数目不变, STIR 序列上原病变信号降低。反应不良的判别标准:①最大的病灶大小较治疗前增大;②病变数目增多;③大小或数目不变, STIR 序列上原病变信号无明显改变。

7.统计学分析

采用 SPSS(26.0 版)和 MedCalc(20.1.4 版)进行统计学分析。采用 Shapiro-Wilk 检验分析测量数据是否符合正态分布。正态分布的计量资料采用配对样本 t 检验, 非正态分布采用威尔科克森符号秩检验; 计数资料采用 χ² 检验。人工判别和直方图参数性能以准确率、敏感度、特异度、阳性预测值(positive predictive value, PPV)和阴性预测值(negative predictive value, NPV)来进行比较。直方图参数诊断效能采用受试者操作特征(receiver operating curve, ROC)曲线进行分析, 并采用 ROC 曲线下面积(area under curve, AUC)进行量化分析。以 P<0.05 为差异具有统计学意义。

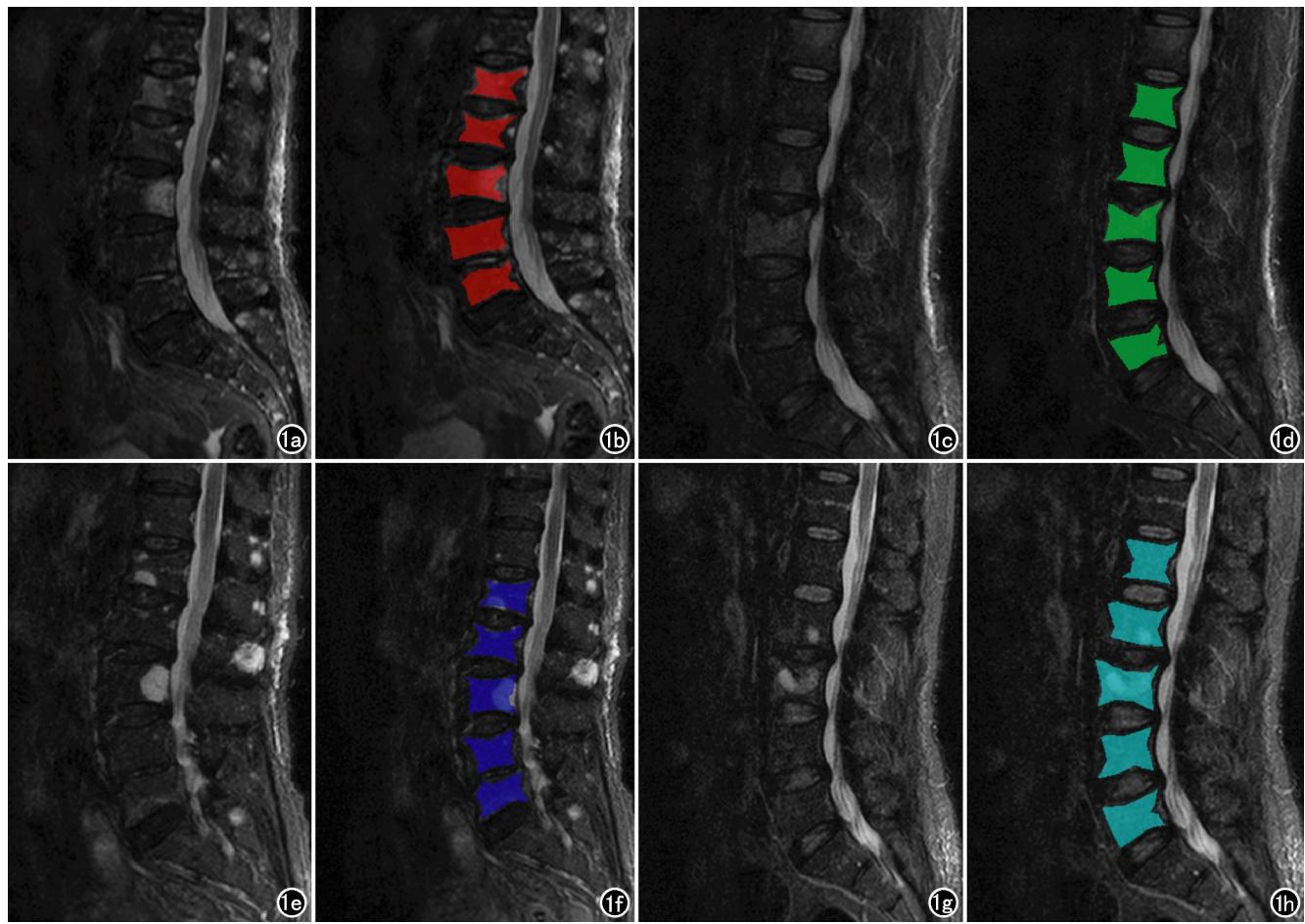


图 1 原始图片和 ROI 示意图。a) 治疗前反应良好组；b) 治疗前反应良好组 ROI；c) 治疗前反应不良组原始图片；d) 治疗前反应不良组 ROI；e) 治疗后反应良好组原始图片；f) 治疗后反应良好组 ROI；g) 治疗后反应不良组原始图片；h) 治疗后反应不良组 ROI。

结 果

1. 反应良好组与反应不良组基线资料及治疗前直方图参数比较结果

反应良好组与反应不良组治疗前基线数据(表 1)和直方图参数差异均无统计学意义。

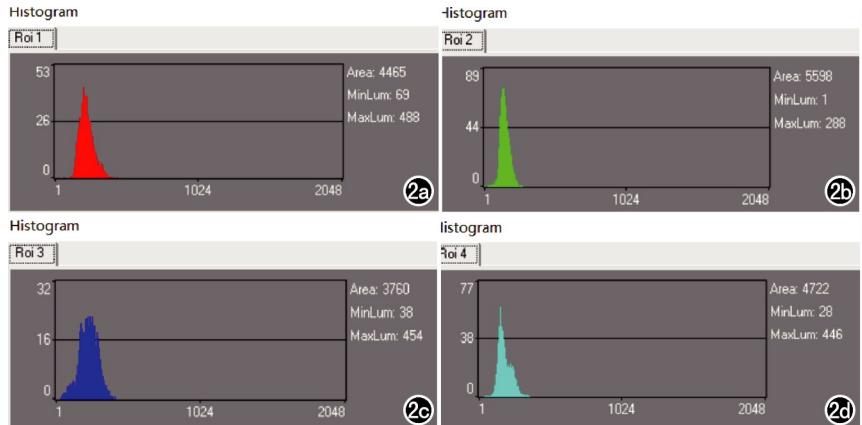


图 2 直方图和直方图参数示意图。a) 治疗前反应良好组；b) 治疗前反应不良组；c) 治疗后反应良好组；d) 治疗后反应不良组；e) 提取的直方图参数。

2. 反应良好组与反应不良组治疗前后直方图参数比较

反应良好组治疗后的 T_1 WI、 T_2 WI 上的 Perc. 99%、Perc. 90%、Perc. 50%、变异度和均值，以及 T_1 WI、STIR 上的峰度、偏度均与治疗前差异有统计学意义。其 T_1 WI、 T_2 WI 两个序列的 Perc.99%、Perc.

Feature name	
Area	5355
Mean	94.4
Variance	462.55
Skewness	0.10059
Kurtosis	1.8079
Perc.01%	37
Perc.10%	68
Perc.50%	94
Perc.90%	123
Perc.99%	145

表 1 两组治疗前基线数据情况

参数	反应良好组	反应不良组	检验值	P 值
年龄/岁	64.39±7.76	61.58±9.60	-1.140	0.254
性别/例			1.024	0.312
男	12	16		
女	11	8		
M 蛋白/g/L	25.56±24.72	24.78±28.73	-0.166	0.868
β2-微球蛋白/mg/L	4.59±4.07	5.89±7.91	-0.534	0.599
白蛋白 ALB/g/L	35.02±7.42	33.94±6.95	0.518	0.607
球蛋白 GLO/g/L	47.22±27.70	47.71±29.56	-0.059	0.953
碱性磷酸酶/U/L	93.17±43.36	116.04±97.18	-0.373	0.710
乳酸脱氢酶/U/L	264.39±233.93	384.54±335.75	-1.418	0.163
肌酐/μmol/L	131.43±89.15	218.04±219.62	-1.757	0.086
钙含量/mmol/L	2.31±0.38	2.39±0.53	-0.548	0.586
白细胞计数/10 ⁹ /L	5.97±1.34	6.30±3.03	-0.032	0.975
血红蛋白/g/L	92.57±27.98	90.50±23.15	0.276	0.784
血小板计数/10 ⁹ /L	188.52±83.30	195.13±105.16	-0.238	0.813
K/λ	36.21±65.70	56.05±162.96	-0.532	0.597
24 小时尿蛋白/g/24h	3.76±6.32	2.60±4.74	0.672	0.506
ISS 分期/例			/	0.461
I 期	3	2		
II 期	18	20		
III 期	3	1		
异常浆细胞/%	40.55±28.46	31.92±28.44	0.894	0.378

90%、Perc.50%、变异度和均值以及 STIR 序列的峰度和偏度于治疗后数值升高,而 T₁ WI 序列的峰度和偏度于治疗后数值降低(图 3a~g)。反应不良组 T₁ WI 和 STIR 序列的 Perc.1% 和 T₁ WI 序列的 Perc.10% 均与治疗前差异有统计学意义。T₁ WI 序列的 Perc.1% 和 Perc.10% 治疗后数值升高,STIR 序列的 Perc.1% 治疗后数值降低(图 3h~i)。

3. 治疗前后直方图参数和人工判别的诊断效能比较

T₁ WI 序列直方图参数的准确率、敏感度、特异度、PPV 和 NPV 优于人工判别结果。反应良好组 T₁ WI 序列 Perc.50% 诊断效能最佳(AUC=0.818), T₂ WI 序列 Variance 诊断效能最佳(AUC=0.807), STIR 序列偏度诊断效能最佳(AUC=0.698)。反应不良组 T₁ WI 序列 Perc.10% 诊断效能最佳(AUC=0.678), STIR 序列 Perc.1% 诊断效能最佳(AUC=0.672)。

表 2 直方图参数评估效能比较

分组/参数/模型	AUC	准确率	敏感度	特异度	PPV	NPV
反应良好组						
Perc.99% T ₁ WI	0.788	80.43%	73.91%	86.96%	85.00%	76.92%
Perc.90% T ₁ WI	0.811	80.43%	73.91%	86.96%	85.00%	76.92%
Perc.50% T ₁ WI	0.818	76.09%	78.26%	73.91%	75.00%	77.27%
Kurtosis T ₁ WI	0.667	56.52%	43.48%	69.57%	58.82%	55.17%
Skewness T ₁ WI	0.673	60.87%	56.52%	65.22%	61.90%	60.00%
Variance T ₁ WI	0.775	67.39%	78.26%	56.52%	64.29%	72.22%
Mean T ₁ WI	0.811	71.74%	69.57%	73.91%	72.72%	70.83%
Perc.99% T ₂ WI	0.787	69.57%	69.57%	69.57%	69.57%	69.57%
Perc.90% T ₂ WI	0.758	71.74%	69.57%	73.91%	72.72%	70.83%
Perc.50% T ₂ WI	0.755	65.22%	65.22%	65.22%	65.22%	65.22%
Variance T ₂ WI	0.807	65.22%	78.26%	52.17%	62.07%	70.59%
Mean T ₂ WI	0.747	65.22%	65.22%	65.22%	65.22%	65.22%
Kurtosis STIR	0.686	63.04%	78.26%	47.83%	60.00%	68.75%
Skewness STIR	0.698	58.70%	69.57%	47.83%	57.14%	61.11%
反应不良组						
Perc.10% T ₁ WI	0.678	68.75%	75.00%	62.50%	66.67%	65.22%
Perc.1% T ₁ WI	0.674	60.42%	70.83%	50.00%	58.62%	63.16%
Perc.1% STIR	0.672	75.00%	79.17%	70.83%	73.08%	77.27%
人工判别						
医师 1	/	67.57%	77.27%	62.50%	65.38%	75.00%
医师 2	/	71.73%	69.57%	73.91%	64.00%	80.95%

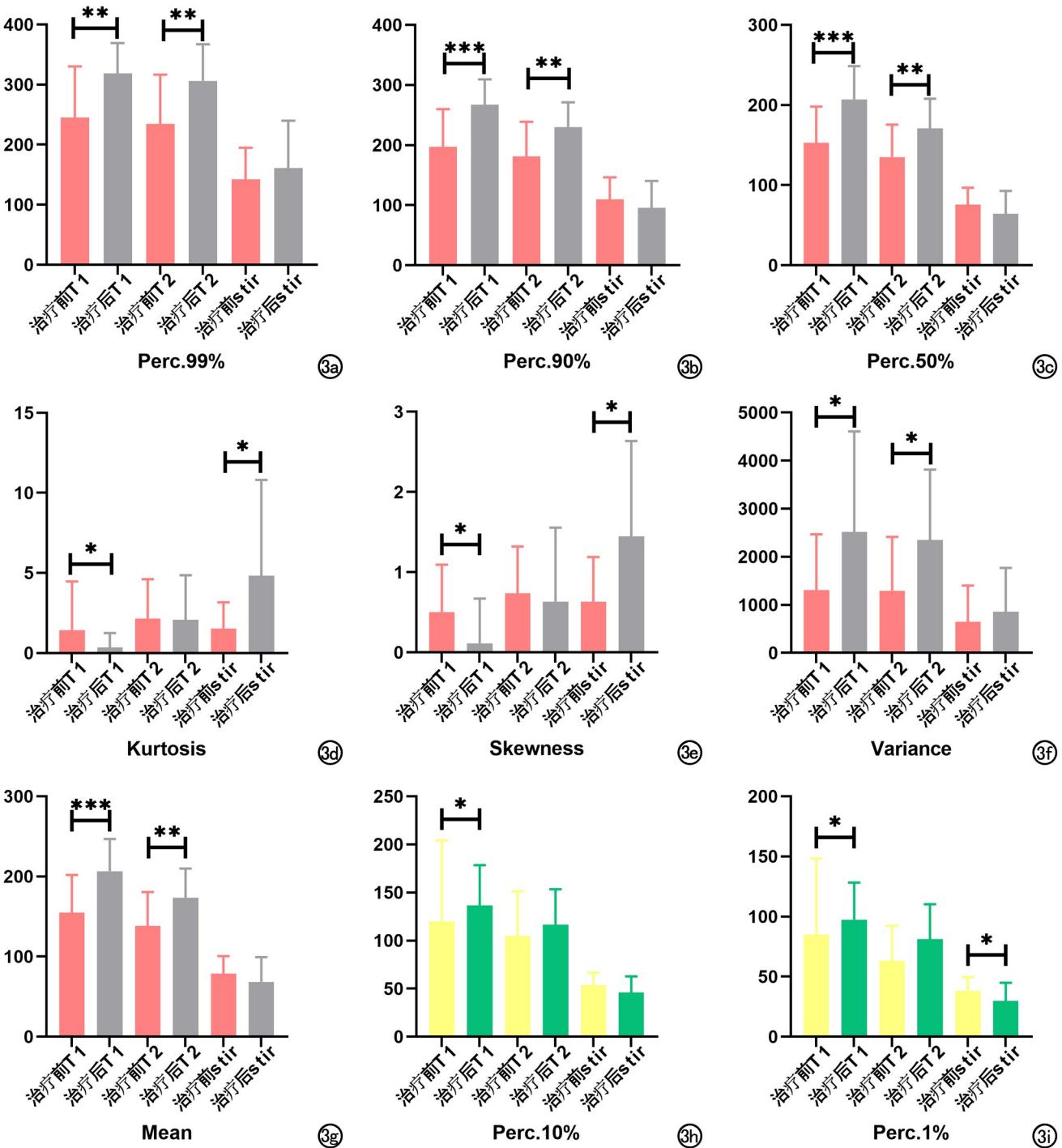


图 3 反应良好组与反应不良组治疗前后直方图参数比较。a) Perc.99%；b) Perc.90%；c) Perc.50%；d) Kurtosis；e) Skewness；f) Variance；g) Mean；h) Perc.10%；i) Perc.1%。* 为 $P < 0.05$ ；** 为 $P \leq 0.01$ ；*** 为 $P \leq 0.001$ 。

讨 论

临幊上多采用血清、尿液中的单克隆 M 蛋白水平、血清游离轻链和骨髓浆细胞百分比等指标来判别 MM 治疗的疗效^[5]。影像进行 MM 疗效的肉眼判别时, 多依靠影像医师个人经验进行主观判别, 反应不良患者判别效果欠佳。直方图分析对灰阶的分布和每个

灰阶对应像素的出现频率进行统计, 用于描述 ROI 内像素值的灰度分布情况, 常用参数有均值、百分位数、偏度、峰度等^[6-8]。MM 属于弥漫性病变, 整个椎体都可能发生了不同程度的改变。并且, 笔者认为 MM 并非仅存在于 STIR 上肉眼所能识别的高信号区, 其他信号不明显的地方也可能有病变的存在。故本研究选取 L₁~L₅ 的整个椎体区进行研究, 这样不容易遗漏

肉眼辨别不出的病灶,能更加全面地评价病变,且此种方法克服了病灶呈弥漫性浸润的患者,感兴趣区难以勾画的问题,本研究结果显示基于 MRI 的直方图分析要明显优于常规人工的影像评估。

百分位数反映像素排列的特征,均值反映直方图的平均趋势^[9,10]。本研究结果显示,治疗后 T₁WI、T₂WI 两个序列的 Perc.99%、Perc.90%、Perc.50% 和均值数值升高,可能提示患者治疗反应良好。百分位数和均值的变化,可能是因为患者骨髓中的肿瘤细胞经治疗后逐渐被正常的红黄骨髓所取代的结果^[11]。我们知道,正常人儿童时期的骨髓脂肪成分较少而呈高度细胞化,随着年龄的增加,高度细胞化的骨髓逐渐发生部分或完全的脂肪转化^[12],此时骨髓呈 T₁WI 高信号、T₂WI 略高信号、STIR 低信号。随着肿瘤细胞的浸润,MM 患者发生脂肪转化的骨髓逐渐被肿瘤细胞取代,骨髓中病灶区域脂肪成分减少,而细胞成分增加,病灶区 T₁WI 呈低信号、T₂WI 和 STIR 呈高信号^[13,14]。对于治疗有反应的患者,其骨髓瘤内的肿瘤细胞会逐渐被红骨髓和黄骨髓取代(先是红骨髓,后是黄骨髓),骨髓内脂肪含量显著增加^[15]。故治疗后反应良好组 T₁WI 和 T₂WI 较高百分位数(Perc.99%、Perc.90%、Perc.50%)和均值信号升高。

反应不良组 T₁WI、T₂WI 两个序列的 Perc.1% 和 T₁WI 序列的 Perc.10% 治疗后数值升高,STIR 序列 Perc.1% 数值降低。笔者认为椎体 T₁WI、T₂WI 两个序列上的信号主要是由椎体内的骨质(骨小梁)、骨髓(红骨髓和黄骨髓)和病变所构成,其中由于骨小梁内含有的 H 原子密度较低,故构成图像中信号较低的部分,而红骨髓、黄骨髓和病变组织所含 H⁺ 密度较高,构成了图像信号的中、高部分。当骨髓瘤进展时,会侵犯对应的骨组织,使骨组织量减少,并将相应部位低信号的骨组织转变为稍高信号的肿瘤组织^[16],这就引起治疗后 T₁WI、T₂WI 两个序列的 Perc.1% 和 T₁WI 序列的 Perc.10% 的升高。STIR 序列能将黄骨髓信号进行有效的抑制,其信号是由骨质(骨小梁)、红骨髓和病变所构成。当骨髓瘤进展时,会侵犯对应的骨组织,使其骨组织量减少,故治疗不良组 STIR 序列的 Perc.1% 数值降低^[17]。值得注意的是,反应不良组的大部分百分位数和均值在治疗前后差异无统计学意义,但其 T₁WI 和 T₂WI 序列的直方图参数的数值多稍有升高,STIR 序列的直方图参数的数值多稍有减低。这提示治疗效果虽不佳,但并非治疗完全无反应。综上,较高的直方图灰度水平和平均灰度水平更有助于骨髓瘤治疗反应良好的评估;反应不良组治疗后较低百分位数升高,提示较低灰度水平有利于反映治疗反应不良者腰椎椎体结构的细微差别。

变异度是反映图像灰度值围绕某个中心位置离散程度的指标^[18]。反应良好组 T₁WI 和 T₂WI 序列治疗后变异度升高,这可能是因为治疗后红、黄骨髓的增加,稍高和高信号部分的体素增多,数据离散程度增大。

峰度表示 ROI 内图像灰度值分布的幅度(陡缓程度),偏度反映图像灰度值分布的不均匀程度,峰度和偏度数值越大,提示骨髓内部异质性越大^[19,20]。反应良好组治疗后 T₁WI 序列的峰度和偏度数值降低,这可能是因为治疗引起的红、黄骨髓成分取代了病灶的细胞成分,且椎体内红黄骨髓的演变一体化,使椎体内部成分趋于一致,椎体内部异质性减小。STIR 序列的峰度和偏度数值升高,这可能与黄骨髓的脂肪信号被抑制、红骨髓成分增加有关。

本研究提取了三个序列的直方图参数,并将直方图参数的评估性能和人工判别相比较,T₁WI 序列的直方图参数准确率、特异度、敏感度均优于人工判别,其中 Perc.50% 诊断效能最佳,其 AUC 为 0.818。

本研究局限性:①本研究为单中心、小样本研究;②受样本量限制,本研究未讨论骨髓瘤的骨髓浸润模式对直方图分析的结果的影响;③本研究仅研究了腰椎椎体的变化,未研究颈椎、胸椎或其他好发部位直方图参数的变化;④本研究只分析了直方图的几个参数,提供的信息有限。未来将联合多个中心扩大样本量,对多发性骨髓瘤治疗反应的影像评估展开更深入的研究。

综上所述,基于磁共振成像的直方图分析,可用于客观评估多发性骨髓瘤治疗反应,为患者的后续治疗和预后提供线索。

参考文献:

- Rajkumar SV. Multiple myeloma: 2022 update on diagnosis, risk stratification, and management[J]. Am J Hematol, 2022, 97(8): 1086-1107.
- Mosebach J, Thierjung H, Schlemmer HP, et al. Multiple myeloma guidelines and their recent updates: implications for imaging[J]. Rofo, 2019, 191(11): 998-1009.
- Jiménez de Los Santos ME, Reyes-Pérez JA, Domínguez Osorio V, et al. Whole lesion histogram analysis of apparent diffusion coefficient predicts therapy response in locally advanced rectal cancer[J]. World J Gastroenterol, 2022, 28(23): 2609-2624.
- Perucho JAU, Wang M, Tse KY, et al. Association between MRI histogram features and treatment response in locally advanced cervical cancer treated by chemoradiotherapy [J]. Eur Radiol, 2021, 31(3): 1727-1735.
- 中华医学会血液学分会浆细胞疾病学组,中国医师协会多发性骨髓瘤专业委员会.中国首次复发多发性骨髓瘤诊治指南(2022 版)[J].中华血液学杂志,2022,43(10): 810-817.
- Zechmann CM, Trainor L, Meissner T, et al. Parametric histogram analysis of dynamic contrast-enhanced MRI in multiple myeloma:

- A technique to evaluate angiogenic response to therapy? [J]. Acad Radiol, 2012, 19(1): 100-108.
- [7] Wang Q, Zhang L, Li S, et al. Histogram analysis based on apparent diffusion coefficient maps of bone marrow in multiple myeloma: An independent predictor for high-risk patients classified by the revised international staging system [J]. Acad Radiol, 2022, 29 (6): e98-e107.
- [8] Zhang Z, Song C, Zhang Y, et al. Apparent diffusion coefficient (ADC) histogram analysis: differentiation of benign from malignant parotid gland tumors using readout-segmented diffusion-weighted imaging [J]. Dentomaxillofac Radiol, 2019, 48 (7): 20190100.
- [9] Chen X, Lin L, Wu J, et al. Histogram analysis in predicting the grade and histological subtype of meningiomas based on diffusion kurtosis imaging [J]. Acta Radiol, 2020, 61(9): 1228-1239.
- [10] 王婧轶, 刘潺湲, 李小明. 直方图分析鉴别骨巨细胞瘤与动脉瘤样骨囊肿 [J]. 放射学实践, 2022, 37(11): 1422-1427.
- [11] Takasu M, Kondo S, Akiyama Y, et al. Assessment of early treatment response on MRI in multiple myeloma: comparative study of whole-body diffusion-weighted and lumbar spinal MRI [J]. PLoS One, 2020, 15(2): e0229607.
- [12] Morris EV, Edwards CM. Adipokines, adiposity, and bone marrow adipocytes: dangerous accomplices in multiple myeloma [J]. J Cell Physiol, 2018, 233(12): 9159-9166.
- [13] Ji X, Huang W, Dong H, et al. Evaluation of bone marrow infiltration in multiple myeloma using whole-body diffusion-weighted imaging and T₁-weighted water-fat separation Dixon [J]. Quant Imaging Med Surg, 2021, 11(2): 641-651.
- [14] Karampinos DC, Ruschke S, Dieckmeyer M, et al. Quantitative MRI and spectroscopy of bone marrow [J]. J Magn Reson Imaging, 2018, 47(2): 332-353.
- [15] Koutoulidis V, Terpos E, Papanikolaou N, et al. Comparison of MRI features of fat fraction and ADC for early treatment response assessment in participants with multiple myeloma [J]. Radiology, 2022, 304(1): 137-144.
- [16] Davies MP, Fingas S, Chantry A. Mechanisms and treatment of bone pain in multiple myeloma [J]. Curr Opin Support Palliat Care, 2019, 13(4): 408-416.
- [17] 滕清良, 张春梅, 杨崇礼, 等. 多发性骨髓瘤骨小梁变化形态观察 [J]. 泰山医学院学报, 1997, 18(4): 289-291.
- [18] Xiao B, Wang P, Zhao Y, et al. Using arterial spin labeling blood flow and its histogram analysis to distinguish early-stage nasopharyngeal carcinoma from lymphoid hyperplasia [J]. Medicine (Baltimore), 2021, 100(8): e24955.
- [19] Chen C, Ren CP, Zhao RC, et al. Histogram analysis parameters ADC for distinguishing ventricular neoplasms of ependymoma, choroid plexus papilloma, and central neurocytoma [J]. Med Sci Monit, 2019, 25: 5886-5891.
- [20] 严金国, 朱建国, 李燕, 等. 常规 CT 特征联合直方图分析预测急性肾损伤的价值 [J]. 放射学实践, 2023, 38(3): 300-304.

(收稿日期: 2023-06-08 修回日期: 2023-09-06)