## ・综述・

# MRI影像组学对胶质母细胞瘤分型及预后预测的研究进展

王天达,高丽娟,袁涛,全冠民

【摘要】 胶质母细胞瘤(GBM)是颅内最常见的原发肿瘤,异质性明显,生存预后不良。近年来研 究表明,GBM 的治疗方式以及预后与基因分型密切相关,术前无创评估 GBM 基因分型具有重要意义。 影像组学作为新兴的多学科及多领域交叉新技术,通过提取医学影像特征和分析量化肿瘤的异质性,捕 捉肉眼无法识别的信息,有助于无创性预测 GBM 基因分型以及评估预后。本文对 GBM 基因分型及预 后评估的基于治疗前 MRI 的影像组学研究进展进行综述。

【关键词】 胶质母细胞瘤;脑肿瘤;影像组学;基因分型;生存;预后

【中图分类号】R445.2; R730.264; R739.41 【文献标志码】A

【文章编号】1000-0313(2024)11-1521-05

DOI:10.13609/j.cnki.1000-0313.2024.11.015

胶质母细胞瘤(glioblastoma,GBM)是颅内最常 见的原发恶性肿瘤<sup>[1]</sup>,生存预后不良且差异较大<sup>[2]</sup>。 GBM 预后不但受年龄、肿瘤部位、是否累及室管膜、切 除范围等因素影响,而且与基因表型密切相关[3],一些 重要基因可导致 GBM 恶性生物学行为,其中研究最 为广泛且与 GBM 预后密切相关的基因是异柠檬酸脱 氢酶(isocitrate dehydrogenase, IDH)。IDH 基因分 型包括野生型和突变型,突变型可影响 IDH 供能途 径,预后较好<sup>[4]</sup>。因此,确定 GBM 基因分型具有重要 临床价值,GBM 预后评估应纳入其基因信息。目前免 疫组织化学染色和基因测序分析是检测 GBM 基因分 型的金标准,但需要手术或活检取得标本,可能因肿瘤 异质性导致取材误差,影响判断准确性[5];目少数病例 不适合手术或活检,不能获得病理学标本。近年来研 究[6]表明,影像组学作为新兴的多学科及多领域交叉 的新技术,可通过提取医学影像特征和分析量化肿瘤 异质性(图 1),捕捉肉眼无法识别的信息,有助于无创 性推测 GBM 基因分型,同时,有利于预测 GBM 生存 预后。目前,影像组学已用于 GBM 治疗前多方面研 究,主要基于 MRI 影像数据,对于 GBM 患者个体化 治疗决策具有一定价值。本文对 GBM 基因分型及预 后评估的基于治疗前 MRI 的影像组学研究进展进行 综述。

### 基因分型预测

#### 1.IDH 基因分型

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



IDH 是三羧酸循环的重要生物酶,其作用是催化 异柠檬酸生成α-酮戊二酸。IDH 突变后催化异柠檬 酸产生2-羟戊二酸(2-hydroxyglutarate,2-HG),高水 平2-HG 正向诱导基因组全局甲基化,导致基因表达 和表型改变,从而抑制肿瘤增殖;反之,无 IDH 突变即 IDH 野生型肿瘤增殖不受此种抑制<sup>[7]</sup>。因此,IDH 突 变型 GBM 预后优于 IDH 野生型者。目前 IDH 相关 的影像组学研究包括基于常规或结构 MRI 序列以及 基于功能成像序列图像的信息提取和分析。

常规 MRI 影像组学分析主要基于增强 T<sub>1</sub>WI (contrast enhancement T<sub>1</sub>WI, CE-T<sub>1</sub>WI)和液体反转 恢复序列 (fluid-attenuated inversion recovery, FLAIR)。Taha 等[8] 研究了 326 例 GBM 基于 CE- $T_1$ WI图像的组学特征,单分类支持向量机(one-class SVM, OSSVM)、高斯混合模型(Gaussian mixture model,GMM)和生成性对抗性网络(generative adversarial network,GAN)区分 IDH 基因分型的准确 率分别为 75.0%、69.9%、69.8%, 优于随机森林(random forest, RF)和支持向量机(support vector machine,SVM)方法(67.9%、67.6%),但其准确率较低, 可能是由于仅提取了 CE-T<sub>1</sub>WI 图像中的特征。基于 多序列 MRI 的影像组学诊断效能高于基于单一成像 序列者。Li 等<sup>[9]</sup>研究 225 例 GBM 术前 MRI(T<sub>1</sub>WI、 T<sub>2</sub>WI、FLAIR、CE-T<sub>1</sub>WI)图像中的强化、非强化、坏 死及水肿等区域,采用灰度共生矩阵(grav-level cooccurrence matrix,GLCM)、灰度游程矩阵(gray-level run-length matrix, GLRLM)、灰度大小区域矩阵 (gray-level size zone matrix,GLSZM)和邻域灰度差 矩阵(neighbourhood gray-tone difference matrix,邻 域灰度差矩阵)方法提取纹理特征,发现上述4个区域

作者单位:050000 河北,河北医科大学第二医院影像科 作者简介:王天达(1995-),男,河北保定人,硕士,住院医 师,主要从事神经影像学诊断工作。

**通讯作者**:全冠民,E-mail:quanguanmin@hebmu.edu.cn **基金项目**:河北省政府资助专科能力建设和专科带头人培 养项目(361004);河北省医学科学研究重点课题(20170620)



图1 GBM 治疗前评估的影像组学流程。

影像组学中,FLAIR 水肿区域影像组学准确率最高 (96%),综合所有区域(强化、非强化、坏死、水肿、肿瘤 核心、整个肿瘤)纹理特征的模型预测 IDH 突变效能 最佳,准确率为 97%,受试者操作特性(receiver operating characteristic curve,ROC)曲线下面积(area under curve,AUC)为 0.96。因此,基于常规 MRI 序列 的影像组学特征评估 IDH 基因分型具有一定价值,但 不同区域及模型的诊断效能差别较大,且缺乏外部验 证,而基于功能成像的影像组学有助于改善评估效能。

用于 GBM 影像组学研究的功能 MR 序列包括扩 散成像与灌注加权成像(perfusion-weighted imaging, PWI),这些功能成像与基于 MRI 常规成像序列的影 像组学结合可进一步改善鉴别 IDH 状态的诊断效能。 Alis 等<sup>[10]</sup>从 142 例 GBM 的 FLAIR、CE-T<sub>1</sub>WI、扩散 加权成像(diffusion-weighted imaging, DWI)图像中 提取纹理特征,基于常规序列的组学模型(15个纹理 特征)评估 IDH 基因分型的准确率为 93.75%, 而基于 表观扩散系数(apparent diffusion coefficient, ADC)图 (14个纹理特征)的组学模型准确率可达 95.8%,两者 联合的准确率增加至 96.8%。但也有研究显示,基于 扩散成像序列的影像组学预测 IDH 分型效能较差。 如 Pasquini 等<sup>[11]</sup>对 100 例 GBM 采用深度学习方法进 行研究,其中基于动态磁敏感对比增强(dynamic susceptibility contrast, DSC) PWI 的相对脑血流量(relative cerebral blood volume,rCBV)图的影像组学模型 诊断效能最高(AUC 为 0.86±0.05), 优于其他序列 (T<sub>1</sub>WI、T<sub>2</sub>WI、FLAIR、DWI),基于 ADC 图的影像组

学诊断效能较低(AUC 为 0.56± 0.11),该研究纳入患者数量较少, 且使用深度学习方法,与既往研究 结果有差异。其他扩散成像技术 如扩散峰度成像(diffusion kurtosis imaging, DKI)也应用于鉴别 IDH 基因状态的研究。目前 IDH 基因相关的影像组学研究的主要 问题是基于功能成像的研究较少、 成像序列单一、样本量较小且图像 处理方式不一致,导致结果差异甚 大,将来的研究方向可能是纳入 MRI 多种常规成像和功能成像序 列、进行多中心大样本分析并规范 图像预处理方法。

2.MGMT 甲基化状态

O6-甲基鸟嘌呤-DNA 甲基转 移酶(O-6-methylguanine DNA methyltransferase, MGMT)是迄

今为止发现的唯一能修复 DNA 中 6 氧甲基鸟嘌呤损 伤的生物酶, MGMT 启动子甲基化可能与 GBM 的发 生、发展及肿瘤抑制基因如磷酸酯酶与张力蛋白同源 物(phosphatase and tensin homolog deleted on chromosome ten, PTEN)突变有关, MGMT 启动子甲基化 者对于抗肿瘤活性的烷化剂类化疗药物如替莫唑胺, 具有化疗协同作用,因此预测 MGMT 甲基化状态对 于 GBM 预后及治疗决策均有一定价值,影像组学已 用于无创性评估 MGMT 甲基化状态的研究。而 Li 等<sup>[12]</sup>研究 193 例 GBM,建立最小全相关特征集的影 像组学模型以及具有单变量预测性和非冗余特征的影 像组学模型,其中6个全相关特征的影像组学模型可 有效预测 MGMT 甲基化(AUC 为 0.88), 优于 8 个单 变量预测和非冗余特征模型的效能(AUC为 0.76)。 基于功能成像的影像组学模型预测 MGMT 甲基化的 效能同样较高,如 Crisi 等<sup>[13]</sup>研究 59 例 GBM,从 rCBV 及相对脑血流量(relative cerebral flow, rCBF) 图提取 92 个影像组学特征,建立了多层感知器深度学 习模型,预测 MGMT 甲基化的效能较高(敏感度 75%,特异度85%,AUC为0.84)。以上研究提示,影 像组学有助于 GBM 的 MGMT 表型预测,且基于多序 列的联合模型能进一步改善这种预测能力。

## 3.EGFR 突变状态

表皮生长因子受体(epidermal growth factor receptor,EGFR)为细胞表面蛋白和跨膜酪氨酸激酶受 体,是调节细胞分裂和死亡的关键因子,其最常见基因 异常为 EGFR 突变体 3(EGFRvIII),可导致 GBM 肿 瘤细胞增殖能力增强和侵袭性增大[14],因此确定 HGG 的 EGFR 突变状态对于预后评估和治疗反应预 测有一定意义。目前影像组学已可较准确预测 EGFR 突变状态。如董飞等[15]分析 80 例 GBM,提取强化区 和水肿区 542 个组学特征,并筛选出 31 个特征建模, 采用 3 种方法(RF 模型、SVM 模型和神经网络模型) 预测 EGFR 基因突变状态的 AUC 分别为 0.74、0.69 和 0.63。EGFRvIII 与 GBM 血管生成及血流量增加 有关<sup>[16]</sup>。Hu 等<sup>[16]</sup>对肿瘤增强和非增强区进行术中 活检的分析表明,与非增强区域相比,增强区肿瘤 EG-FR 扩增更为普遍,且 rCBV 图纹理特征(代表微血管 体积和血管生成)与少数基于 T<sub>2</sub>WI 图像特征(表示水 肿)相关。此外, Akbari 等[17] 129 例 GBM 研究中, 应 用基于多序列 T<sub>1</sub>WI、T<sub>2</sub>WI、FLAIR、CE-T<sub>1</sub>WI、扩散 张量成像(diffusion tensor imaging, DTI)、动态磁敏 感对比灌注成像(dynamic contrast-sensitive perfusion-weighted imaging, DSC-PWI)支持向量机集成影 像组学特征预测 EGFR 突变状态,准确率达 85.3%, 特异度为 86.3%, 敏感度为 83.3%, AUC 为 0.85。 Akbari 等同样发现 EGFRvIII 突变组 rCBV 和部分各 向异性(partial anisotropy,FA)值较高,且 ADC 值较 低,提示 EGFRvIII 突变型 GBM 的新生血管更多和细 胞密度更高。

综上所述,利用影像组学方法分析 GBM 患者 MRI 特征,使用合适模型对 GBM 患者 EGFR 基因状 态预测价值较高,但不同研究的诊断效能差别较大,且 文献较少,可能由于纳入 MR 序列不同,将来研究需 扩大样本量及增加不同 MRI 技术。

4.ATRX 突变状态

α地中海贫血伴智力低下综合征 X 连锁(Xlinked alpha thalassemia mental retardation syndrome, ATRX) 基因是位于 X 染色体 α 地中海贫血伴 智力低下综合征的致病基因,在维持基因组和端粒稳 定性方面具有重要作用,其突变可导致端粒不稳定,理 论上可出现肿瘤细胞无限分裂。目前已有少量研究应 用影像组学方法预测 ATRX 突变状态。如 Sohn 等<sup>[18]</sup>研究 418 例 GBM,分析术前常规 MRI 序列 (T<sub>1</sub>WI、T<sub>2</sub>WI、FLAIR、CE-T<sub>1</sub>WI),提取 660 个影像 组学特征,建立用于多指标分类的二元相关性(binary relevance, BR) 和集成分类器链(ensemble classifier chain, ECC)模型,结果表明, ECC模型预测 ATRX 突 变的效能(AUC 为 0.822)高于 BR(AUC 为 0.755)。 另外,增加功能成像序列可提高基于常规 MRI 序列预 测 ATRX 突变状态的效能,如 Calabrese 等[19]分析 199 例 GBM 术前 MRI 图像,包括功能成像序列 CE-T<sub>1</sub>WI、FLAIR、磁敏感加权成像(susceptibility weighted imaging,SWI)、DWI、动脉自旋标记(arterial spin labeling,ASL)等,应用基于深度学习的全自动肿瘤分 割法提取 5170 个影像组学特征,应用随机森林法分析 预测 ATRX 突变状态的 AUC 为 0.97±0.02。因此, 将来研究中应联合常规及功能 MRI 序列,进一步提高 影像组学的诊断效能。

### 生存预后评估

对 GBM 进行生存预后分析有助于制定个性化治 疗方案,复发和进展风险较大病例的早期干预可能有 助于提高生存率和生存质量。目前研究表明,提取 T<sub>2</sub>WI、FLAIR 及其他常规 MRI 序列信息的影像组学 可用于评估 LGG 生存预后<sup>[20]</sup>。Wang 等<sup>[20]</sup>研究 134 例 GBM,采用多模态 MRI(T1 WI、T2 WI、FLAIR、CE-T<sub>1</sub>WI),在5个亚区提取5152个组学特征,并使用最 小绝对收缩和选择算子(least absolute shrinkage and selection operator, LASSO)进行特征筛选, Cox 比例 风险模型分析显示,验证组最佳模型预测总生存(overall survival, OS) 和无进展生存 (progression-free survival, PFS)的一致性指数(concordance index, Cindex)分别为 0.755、0.677、0.724。另外,影像组学诺 模图联合临床因素的诺模图可更为准确地预测生存。 Yang 等[21] 对 129 例 GBM 研究发现,结合基于整个肿 瘤区域影像组学特征构建的诺模图与各种临床因素构 建的诺模图,可将临床模型预测预后的效能(C-index, 0.633) 提升至 0.717。此外,影像组学联合常规 MRI 特征同样可提升诊断效能。徐玉芸等[22]研究了 163 例 GBM,5 个感兴趣区共提取 7920 个纹理特征,经降 维后筛选出 26 个最优特征构建影像组学模型,并结 合 GBM 常规 MRI 伦勃朗视觉感受图像特征(visually accessible Rembrandt images, VASARI)及临床因 素进行预后分层,训练组和测试组中该模型预测生存 分层的准确率分别达 0.848 和 0.800。因此,影像组学 联合临床因素的综合模型可较为精准地评估 GBM 患 者预后。但不同研究的评估效能差别较大,将来研究 中需进行多中心大样本、且应规范图像分割、指标提取 方法进一步研究验证上述结论。

与基于常规 MRI 序列组学特征模型相比,基于多 模态 MRI 影像组学模型联合常规影像学模型、基因分 型等信息可改善评估 GBM 生存预后效能。Choi 等<sup>[23]</sup>研究了 120 例 GBM 显示,提取强化区、非强化区 及水肿区等影像组学特征,影像组学模型预测不良 OS 和 PFS 的 AUC 分别为 0.649、0.616,加入临床特 征及基因特征(IDH、MGMT),可改善预测效能(AUC 分别为 0.725、0.670)。Beig 等<sup>[24]</sup>同样发现,当临床特 征(年龄、性别及 KPS 评分)与 270 个放射组学特征结

合时,生存预测 C-index 由 0.74 提升至 0.83。另一项 144 例 GBM 研究<sup>[25]</sup>同样发现,当影像组学特征联合 常规影像特征(术后体积及 rCBV)时,可将常规影像 特征预测不良 OS 的 AUC 从 0.61 提升至 0.73。此 外,基于 MRI 的深度学习方法可更为准确地自动分割 感兴趣区(region of interest, ROI)并预测 GBM 生存 预后。Huang 等<sup>[26]</sup>建立深度学习模型,该模型基于多 模态 MRI 分割不同亚区,从肿瘤区域提取强度、纹理、 小波、形状等组学特征,并利用卷积神经网络(convolutional neural networks, CNN)提取深层特征,特征 降维后与年龄、肿瘤分级等临床指标结合,采用随机森 林回归模型进行生存预测分析,显示脑肿瘤分割 ROI 的平均准确率可达 0.79, 生存预测任务的均方根误差 (root mean square error, RMSE)可低至 311.5。因 此,影像组学联合常规 MRI 及基因表型可提高诊断效 能,但此类研究较少且缺乏外部验证,且常规 MRI 征 象及临床指标纳入不全面,因此,今后 GBM 预后的研 究可进行多中心研究,并进一步纳入形态学 MRI 及临 床指标进行影像组学分析。

#### 小结与展望

综上所述,基于 MRI 的影像组学方法有助于预测 GBM 基因表型及生存预后。但存在样本量较小且多 为单中心研究的不足,多数研究成像序列单一,MR 设 备和参数差异较大。将来 GBM 影像组学的研究趋势 可能为:①多中心及大样本的研究,不同地区及种族病 例的验证研究;②基于多模态功能成像的 GBM 影像 组学研究,如纳入灌注加权成像(perfusion-weighted imaging,PWI)、多 b 值 DWI、DKI、化学饱和转移成 像、弛豫值参数图等影像组学特征。随着影像组学研 究的发展,通过机器学习采用系统分析和可重复的方 法,有望确定揭示 GBM 特征的影像组学指标,有利于 指导个体化靶向治疗。

#### 参考文献:

- [1] Chiesa S,Russo R,Beghella Bartoli F, et al.MRI-derived radiomics to guide post-operative management of glioblastoma: Implication for personalized radiation treatment volume delineation[J].Front Med (Lausanne),2023,10:1059712.
- [2] 汪洁,包善磊,胡月,等.动态对比增强磁共振成像影像组学评估胶 质瘤异柠檬酸脱氢酶1突变与微血管生成[J].放射学实践,2023, 38(6):685-692.
- [3] Elia A.Bertuccio A, Vitali M.et al.Is surgical resection predict overall survival in frail patients with glioblastoma, IDH-wildtype?
  [J].Neurochirurgie, 2023, 69(2):101417.
- [4] 高璐月,李元昊,李丽,等.多参数弥散磁共振成像评估胶质瘤 IDH1 基因型及肿瘤增殖活性[J].放射学实践,2023,38(1):39-46.
- [5] Kandalgaonkar P, Sahu A, Saju AC, et al. Predicting IDH subtype

of grade 4 astrocytoma and glioblastoma from tumor radiomic patterns extracted from multiparametric magnetic resonance images using a machine learning approach[J].Front Oncol, 2022, 12: 879376.

- [6] Khalid F,Goya-Outi J,Escobar T,et al.Multimodal MRI radiomic models to predict genomic mutations in diffuse intrinsic pontine glioma with missing imaging modalities [J]. Front Med (Lausanne).2023,10:1071447.
- [7] Halefoglu AM, Camurcuoglu E, Tanik C, et al. Predictive role of magnetic resonance imaging in the distinction of isocitrate dehydrogenase (IDH) mutant grade 4 astrocytomas versus glioblastomas[J]. Acta Radiol, 2023, 64(6): 2074-2086.
- [8] Taha B, Li T, Boley D, et al. Detection of isocitrate dehydrogenase mutated glioblastomas through anomaly detection analytics [J]. Neurosurgery, 2021, 89(2): 323-328.
- [9] Li ZC, Bai H, Sun Q, et al. Multiregional radiomics profiling frommultiparametric MRI: Identifying an imaging predictor of IDH1 mutationstatus in glioblastoma [J]. Cancer Med, 2018, 7 (12): 5999-6009.
- [10] Alis D, Bagcilar O, Senli YD, et al. Machine learning-based quantitative texture analysis of conventional MRI combined with ADC maps for assessment of IDH1 mutation in high-grade gliomas[J].Jpn J Radiol, 2020, 38(2):135-143.
- [11] Pasquini L, Napolitano A, Tagliente E, et al. Deep learning can differentiate IDH-mutant from IDH-wild GBM[J].J Pers Med, 2021,11(4):290.
- [12] Li ZC.Bai H.Sun Q.et al.Multiregional radiomics features from multiparametric MRI for prediction of MGMT methylation status in glioblastoma multiforme: A multicentre study[J].Eur Radiol,2018,28(9):3640-3650.
- [13] Crisi G, Filice S. Predicting MGMT promoter methylation of glioblastoma from dynamic susceptibility contrast perfusion: a radiomic approach[J].J Neuroimaging, 2020, 30(4):458-462.
- [14] Hedyehzadeh M, Maghooli K, MomenGharibvand M, et al. A comparison of the efficiency of using a deep CNN approach with other common regression methods for the prediction of EGFR expression in glioblastoma patients[J].J Digit Imaging, 2020, 33 (2):391-398.
- [15] 董飞,李倩,蒋飚,等.磁共振成像强化信号特征预测胶质母细胞 瘤 EGFR 基因扩增状态的影像组学研究[J].浙江大学学报(医 学版),2017,46(5);492-497.
- [16] Hu LS, Wang L, Hawkins-Daarud A, et al. Uncertainty quantification in the radiogenomics modeling of EGFR amplification in glioblastoma[J].Sci Rep, 2021, 11(1): 3932.
- [17] Akbari H.Bakas S.Pisapia JM, et al. In vivo evaluation of EGFRvIII mutation in primary glioblastoma patients via complex multiparametric MRI signature[J].Neuro Oncol, 2018, 20(8): 1068-1079.
- [18] Sohn B. An C. Kim D. et al. Radiomics-based prediction of multiple gene alteration incorporating mutual genetic information in glioblastoma and grade 4 astrocytoma, IDH-mutant[J]. J Neurooncol, 2021, 155(3): 267-276.
- [19] Alabrese E, Villanueva-Meyer JE, Cha S.A fully automated artificial intelligence method for non-invasive, imaging-based identification of genetic alterations in glioblastomas[J].Sci Rep, 2020,

10(1):11852.

- [20] Wang B,Zhang S,Wu X, et al. Multiple survival outcome prediction of glioblastoma patients based on multiparametric MRI[J]. Front Oncol, 2021, 11:778627.
- [21] Yang Y, Han Y, Hu X, et al. An improvement of survival stratification in glioblastoma patients via combining subregional radiomics signatures[J].Front Neurosci, 2021, 15:683452.
- [22] 徐玉芸,石林,刘一骏,等.多模态颅脑 MRI 影像组学特征在预测 胶质母细胞瘤患者生存风险分层中的应用研究[J].浙江医学, 2021,43(22):2393-2399.
- [23] Choi Y, Nam Y, Jang J, et al. Radiomics may increase the prognostic value for survival in Glioblastoma patients when combined with conventional clinical and genetic prognostic models[J]. Eur

Radiol, 2021, 31(4): 2084-2093.

- [24] Beig N, Patel J, Prasanna P, et al. Radiogenomic analysis of hypoxia pathway is predictive of overall survival in glioblastoma [J].Sci Rep.2018,8(1):7.
- [25] Garcia-Ruiz A, Naval-Baudin P, Ligero M, et al. Precise enhancement quantification in post-operative MRI as an indicator of residual tumor impact is associated with survival in patients with glioblastoma[J].Sci Rep, 2021, 11(1):695.
- [26] Huang H,Zhang W,Fang Y, et al. Overall survival prediction for gliomas using a novel compound approach[J].Front Oncol,2021, 11,724191.

(收稿日期:2023-06-26 修回日期:2023-09-13)

## 奉利网站及远程稿件处理系统投入使用

本刊网站与远程稿件处理系统已开发测试完毕,已于2008年3月1号正式开通投入使用。

作者进行网上投稿及查稿具体步骤如下:请登录《放射学实践》网站(http://www.fsxsj.net)点击进 入首页 → 点击"作者投稿"→ 按提示注册(请务必按系统提示正确填写个人信息,同时记住用户名和密 码,以便查询稿件处理进度) → 用新注册的用户名和密码登录 → 点击"作者投稿"进入稿件管理页面 → 点击"我要投稿"→ 浏览文件→上传文件(浏览文件后请点击后面的"上传"按钮,只有系统提示"稿 件上传成功"方可进行下一步录入操作,文章须以 WORD 格式上传,图表粘贴在文章中)→录入稿件标 题、关键词等→最后点击"确定"即可完成投稿。投稿后请速寄审稿费(100 元/篇)以使稿件迅速进入审 稿处理。

作者自投稿之日起可不定期登录本刊网站查看稿件处理进度,不必打电话或发邮件查询,具体步骤 如下:用注册过的用户名和密码登录 → 点击"作者查稿"进入稿件管理页面→ 点击左侧导航栏"我的稿 件库"→"稿件状态"显示稿件处理进度→点击"查看"→ 选择"当前信息"或"全部信息"查看稿件处理 过程中的具体信息。稿件退修和催审稿费(版面费)的信息作者亦可在注册时填写的邮箱中看到,作者 在邮箱看到相关信息后须进入本系统进行相应处理。

作者如从邮箱和邮局投稿(或网上投稿成功后又从邮箱或邮局再次投稿),本刊须花费大量精力将 稿件录入系统中,部分稿件重复多次处理,这给我们的稿件统计及处理工作带来巨大困难。本刊作者需 登录本刊网站投稿,如果通过邮箱或邮局投稿,本刊会通知您通过网上投稿。

由于准备时间仓促及经验不足,网站及远程稿件处理系统必然会存在一些缺点和不足之处,希望各 位影像同仁不吝赐教,多提宝贵意见,予以指正。

如果您在投稿中遇到什么问题,或者对本系统及网站有好的意见和建议,请及时联系我们。

联系人:石鹤 明桥 联系电话:027-69378385 15926283035