doi 10.12122/j.issn.1674-4500.2026.05.16 分子影像学杂志, 2026, 49(5): 672-678

T2 mapping联合影像组学在骨关节炎中的研究进展

岑佳卉[1],李 伟[1],李薪茹[2],全 佳[1],郭自强[3],梁艳霞[1]
[1]内蒙古医科大学第二附属医院影像科,内蒙古 呼和浩特 010000;[2]巴彦淖尔市医院影像科,内蒙古 巴彦淖尔 015000;[3]呼和浩特市第一医院急诊医学科,内蒙古 呼和浩特 010000

摘要:骨关节炎是普遍多发的退行性关节病变,其主要病理特征是关节软骨退变。关节软骨细胞再生能力较差,早期发现并及时干预骨关节炎非常重要。T2 mapping可以监测早期软骨基质的变化,且T2 mapping不需要造影剂或特殊设备,故得到广泛的应用。由于人工智能的发展,影像组学在软骨分割和模型构建等方面取得了良好的进展。T2 mapping联合影像组学可以初步识别早期骨关节炎软骨病变、跟踪病情进展及评估修复效果。本综述阐述了T2 mapping的成像原理与技术特点,详述基于影像组学的图像采集与后处理方法,以及如何从影像中提取具有生物学意义的特征参数,并介绍基于这些参数构建诊断与预测模型的最新进展,旨在通过综述T2 mapping联合影像组学技术,为该领域的进一步研究与临床实践提供参考,推动早期骨关节炎的精准诊疗与动态评估。
关键词:T2 mapping;影像组学;骨关节炎

Advances in research on T2 mapping combined with radiomics in osteoarthritis

CEN Jiahui[1], LI Wei[1], LI Xinru[2], QUAN Jia[1], GUO Ziqiang[3], LIANG Yanxia[1]
[1]Department of Imaging, The Second Affiliated Hospital of Inner Mongolia Medical University, Hohhot 010000, China; [2]Department of Imaging, Bayannur Hospital, Bayannur 015000, China; [3]Department of Emergency, Hohhot First Hospital, Hohhot 010000, China

Abstract: Osteoarthritis is a common and frequently occurring degenerative joint disease, with its main pathological feature being the degeneration of articular cartilage. Articular chondrocytes have poor regenerative capacity, making early detection and timely intervention for osteoarthritis crucial. T2 mapping can monitor early changes in the cartilage matrix and does not require contrast agents or specialized equipment, which has led to its widespread application among medical professionals. With the advancement of artificial intelligence, radiomics has achieved significant progress in cartilage segmentation and model construction. The combination of T2 mapping and radiomics has shown promise in initially identifying early osteoarthritic cartilage lesions, tracking disease progression, and evaluating repair outcomes. This review begins by elucidating the imaging principles and technical characteristics of T2 mapping, followed by a detailed discussion of image acquisition and post-processing methods based on radiomics, as well as how to extract biologically meaningful feature parameters from the images. It also introduces the latest advances in constructing diagnostic and predictive models based on these parameters. By reviewing the integration of T2 mapping and radiomics, this paper aims to provide a reference for further research and clinical practice in this field, promoting the precision diagnosis and treatment as well as dynamic assessment of early-stage osteoarthritis.
Keywords: T2 mapping; radiomics; osteoarthritis

骨关节炎(OA)的全球患者总数已超过5亿,其中膝骨关节炎占比超过2.6亿例[1]。目前OA尚无根治手段,缓解疼痛及终末期关节置换是临床干预的主要对策。在OA疾病早期,及时识别并采取针对性措施有助于延缓OA进展。OA早期病理特征是关节透明软骨的退变,透明软骨组织由软骨细胞、Ⅱ型胶原纤维以及富含蛋白多糖的亲水基质共同构成,基质中大量带负电的糖胺聚糖侧链使其具有高度保水能力[2]。软骨退变的最早期病理变化为蛋白多糖与糖胺聚链的丢失,以及组织含水量增加和流动性上升,后期才出现胶原纤维网络的破坏[3]。软骨组织的自我修复能力极为有限,其退化进程一般呈进行性且不可逆[4]。所以在软骨结构发生明确破坏之前,识别早期OA软骨结构改变具有重要意义。

MRI无创性检测关节软骨的结构破坏,因此定量MRI技术是早期检测OA的重要手段[5]。定量MRI技术涵盖弛豫时间成像(包括T2、T2*和T1ρ mapping)、钠成像、延迟钆增强软骨MRI以及化学交换饱和转移成像。其中T2弛豫时间为OA软骨早期改变的敏感指标,可初步识别软骨病变,还能跟踪病情进展及评估修复效果[6-8]。影像组学于2012年被正式提出,其将医学图像从医务人员的主观判读转化为人工智能的客观定量数据,这种技术为OA的精确诊断提供了新方法。影像组学可以从常规人眼视觉无法辨识的影像图片中提取出大量定量特征,并借助人工智能算法总结分析这些特征,以此来识别OA的不同类型和阶段[9]。本文拟对T2 mapping联合影像组学相关研究进行综述,为该领域后

收稿日期:2025-12-14
基金项目:内蒙古自治区首府地区公立医院高水平临床专科建设科技项目(2024SGGZ115);内蒙古自然科学基金(2022MS08012);呼和浩特市卫生健康科技计划项目(2024-呼卫科-013)
作者简介:岑佳卉,在读硕士研究生,住院医师,E-mail:3202980460@qq.com
通信作者:李 伟,硕士,主任医师,E-mail: 26476432@qq.com

续科研与临床应用提供参考，助力OA的早期精准诊断、治疗及动态监测。

1 T2 mapping成像技术基本原理

T2 mapping成像是基于组织横向弛豫过程的定量MRI技术，该技术通常采用多层面、多回波的自旋回波（SE）序列进行图像采集。T2 mapping成像通过在不同回波时间点测量组织的信号强度获取一系列T2加权图像，进而利用专用软件进行后处理计算得到反映组织T2值的定量图，最终生成以灰阶或彩色编码表示的T2图像。在正常关节软骨中，T2弛豫时间主要取决于水分和细胞外基质胶原结构的完整性，尤其T2值对于软骨基质内水分子的各向异性运动很敏感[10, 11]。对于关节软骨，T2值与胶原网状结构完整性呈负相关，与水分含量呈正相关。因此，在软骨退变的最早阶段，胶原网络完整性的丧失以及水分含量和流动性的增加，表现为T2弛豫时间的增加[12, 13]。研究发现，T2 mapping技术可检测出年轻轻度症状患者的膝关节软骨退变，其主要表现为髌股关节浅层软骨的T2值高于健康人群，这表明T2 mapping有助于早期诊断膝关节退行性病变[14]。有研究发现，T1rho和T2 mapping技术检测中老年膝骨关节炎患者的股骨与胫骨内侧软骨，其定量值显著升高且与西安大略和麦克马斯特大学骨关节炎指数评分正相关，证实这两种技术对评估软骨损伤的有效性[15]。一项多中心研究表明，不同中心的MRI设备与协议导致软骨T2绝对值存在差异，但T2 mapping技术本身在纵向评估中展现出良好的重复性[16]。因此，T2 mapping技术适用于多中心研究，但各中心的绝对T2值不能直接合并比较。当前多数临床MRI系统已配备获取定量T2值的特定脉冲序列及生成伪彩图的后处理分析工具，且其数据采集无需依赖专用射频线圈，故T2 mapping技术的应用与研究逐年增加。

2 影像组学

影像组学可以多算法、多角度的定量分析图像特征，能够实现OA精确诊断、预后评估及治疗效果预测[17]。当前，在OA的影像评估中，临床常规使用诸如Kellgren-Lawrence分级、MRI骨关节炎膝关节评分和全器官磁共振成像评分等预先定义的影像特征体系。这些评分系统依托于影像学检测指标，虽可以直观地表明临床数据，但可重复性较低，且判读人员间的一致性不高。影像组学拥有机器学习强大的数据挖掘能力，能够提取人眼不可见的客观定量数据，因而逐渐成为OA疾病诊断与预后研究中平衡性能与透明性的重要工具[18-20]。标准的影像组学分析流程主要包括图像采集、图像后处理、特征提取、模型构建等多个环节。

3 T2 mapping联合影像组学在OA中的应用

3.1 图像采集

SE序列是扫描应用的金标准但采集耗时较长，目前多种磁共振序列优于SE序列，主要包括多回波自旋回波（MESE）、双回波、三回波及多回波稳态成像（DESS/TESS/MESS）等序列[21]。这些磁共振序列能够在临床可接受的扫描时间内实现软骨T2值的定量测量。然而，不同序列在T2值计算上存在差异，在软骨评估中彼此不可互换或合并应用。各序列采集时间大多仍维持在6~11 min范围内，因此当前研究的重点方向是进一步优化和加速这些序列的采集效率[22]。在关节软骨T2 mapping成像方面，MRI扫描时间过长一直是制约其从科研转化为临床应用的重要瓶颈[23]。扫描时间的缩短具有多重优势，包括降低医疗成本、提升患者舒适度以及减少运动伪影。研究人员在缩短定量MRI技术的扫描时间的同时，也要尽量保持高空间分辨率。

研究人员采用k空间欠采样数据采集、压缩感知（CS）等影像组学的先进重建技术消除混叠伪影，可实现扫描时间的缩短，这种方法被称为加速MRI[24]。CS是基于高度欠采样数据重建图像的新兴技术，在定量软骨成像序列等领域具有广泛应用前景，可显著缩短扫描时间[25]。CS利用适当的重建算法，能够从高度压缩的k空间数据中准确恢复特定类型的信号或图像，仅需数分钟即可获得高分辨率的组织生化成分的定量信息。CS实现这一目标需满足3个条件：稀疏性、采样轨迹的不相干性以及非线性重建。并行成像与CS的结合应用十分有效，二者通过对k空间进行低于奈奎斯特采样率的欠采样，可大幅加速软骨定量成像的采集速度。研究显示，应用CS技术的T2成像仅需2 min 12 s，而传统金标准方法耗时达17 min 8 s，CS技术可显著缩短扫描时间，且T2值测量准确、图像质量可靠，为快速MRI提供可行方案[26]。但其算法复杂度高，缺乏大样本量，且与其他快速方法对比临床普适性有待进一步验证。有研究进一步指出，在模拟人体软骨临床MRI分辨率的宏观MRI中，即使加速因子达到4倍，T2 mapping结果的偏差仍可忽略不计[27]。因此，CS技术能够在软骨T2量化分析中保持较高的准确性，且大大提升了采集速度，其在临床MRI图像采集中具有重要应用价值。

磁共振指纹成像（MRF）是新型多功能非侵入性测量技术，可通过动态信号模式同时量化多个重要MR参数（如T1和T2）。MRF通过快速、参数伪随机变化的扫描，使不同组织产生独一无二的信号演化轨迹指纹。扫描后，系统将每个像素的实际信号与预先海量计算好的字典进行匹配，从而同时、精确地获取组织MR参数的绝对数值图。MRF将定量MRI的流程转化为针对高度

欠采样数据的处理模式：先进行逐帧图像重建，再实施逐体素模型拟合。已有研究采用MRF联合T2 mapping对关节软骨实现快速成像，结果显示成像时间显著缩短，定量值可重复性好，能高效获取关节软骨参数图，为软骨病变快速评估提供新思路。但实验的样本量较小，与传统定量序列对比不足，临床适用性仍需验证[28]。

CS、MRF等先进的影像组学技术，可以大大压缩成像时间，T2 mapping实现了超过20倍的高加速比，且与全采样参考图像表现出良好的一致性[29]。但是高加速因子下仍存在信号偏差与重建稳定性问题，且不同平台参数不统一，影响结果可比性。 T2 mapping 技术在提速的同时，仍面临标准化不足、异质性明显等问题，直接影响后续影像组学特征的可靠性。目前大多数快速成像技术仍处于研发阶段，尚未广泛应用于临床常规扫描中。

3.2 图像后处理

3.2.1 手动与自动软骨分割 T2 mapping定量分析需要通过软骨分割从图像中提取各软骨像素的数值。手动分割通常基于特定平台（如MATLAB或ITK-SNAP），对MESE序列中第一回波的T2加权图像进行全面分割。手动分割MR图像存在多项困难：该过程耗时耗力，临床医师手动分割一组三维膝关节MR图像可能需要长达6 h；结果易受操作者知识与经验的影响，存在主观差异；软骨分割软件的使用常需经过大量培训，进一步增加时间与经济成本。

近年来，人工智能的软骨分割与分析工具显著提升了该领域的自动化水平。一项大规模研究采用机器学习分割模型成功实现对整个骨关节炎倡议数据集的自动软骨分割，并在25 729例膝关节MRI中计算出T2弛豫时间值，研究表明机器学习模型计算的关节软骨T2值与手动或半自动分割所得结果具有高度可比性[30]。其他研究也证实了机器学习的软骨分割方法在膝关节MRI数据集中的可行性及良好性能[31, 32]。

分割叠加技术（SST）是通过坐标对齐与分割掩膜叠加实现软骨分割的方法，可用于降低手动分割难度并实现对MESE图像的自动软骨分割。一种SST方法是将各目标软骨的MESE图像与对应DESS序列图像，在同一坐标系中进行配准。该方法首先对目标软骨DESS图像的每一层面进行手动或半自动分割，随后将其切片数量缩减至MESE图像中一组TE时间的切片数，最后将DESS图像中所得的分割软骨掩膜注册到相应的MESE图像中。研究显示，该方法分割获得的软骨深层与浅层结构均具有良好的可靠性[33]。除DESS序列外，SST技术亦可采用其他高分辨率序列图像（如三维快速自旋回波序列）进行类似操作[34]。另一种SST方法是从所有目标软骨图像中选择一幅作为参考图像，将全部图像与参考图像对齐，对参考软骨图像的MESE图像进行手动或半自动分割，并将所得参考软骨分割掩膜注册到所有其他软骨图像中。有研究通过迭代过程选择参考图像，以此来减少数据集的整体形变[35, 36]。在高分辨率DESS等序列图像中，软骨自动分割已具备较高准确性，目前已出现DESS或其他序列图像的自动分割方法，SST也因此逐渐用于MESE图像中软骨的全自动分割[37]。

软骨分割是T2 mapping定量分析的前提，人工智能与分割技术SST有效提升了分割效率，机器学习模型已在大规模膝关节数据中实现自动分割，所得T2值与手动结果一致性良好。SST 通过高分辨率序列配准与掩膜注册，可简化MESE图像的软骨分割流程，具备较好的可靠性。但目前自动分割方法仍存在明显不足：机器学习模型受序列、设备及数据来源影响，泛化能力与外部验证仍有待加强；SST 的精度高度依赖图像配准效果，容易因结构形变引入误差。

3.2.2 深度学习（DL） DL是机器学习的特殊分支，是更先进的人工智能形式，它通过组合多个简单模块，学习数据的多层次表征[38]。卷积神经网络（CNN）是DL中的重要子类，在计算机视觉与医学影像领域中占据主导地位，并在多项关键任务中的表现超越人类水平[39]。近年来，CNN在图像处理与分析领域取得显著进展，并获得广泛研究[40-42]。有学者开发了基于CNN的新型全自动膝关节MRI分割系统，能快速精准地计算关节软骨体积、厚度和最小关节间隙宽度等OA相关生物标志物，展现出良好的临床辅助应用能力[43]。有研究通过整合CNN、AlexNet、ResNet34及ResNet50这4种预训练模型，采用深度堆叠集成技术去实现对膝骨关节炎严重程度的高精度预测，准确率达99.71%[44]。近来CNN架构相继涌现，其中U-Net因其独特的编码器-解码器结构，在医学影像领域应用广泛。编码器负责提取图像特征，解码器则将这些特征还原为精细的像素级分割图，U-Net通过层层卷积来增强目标区域的对比度[45]。有学者基于U-Net卷积网络架构开发出DL模型，首次实现T2图中软骨各分区的自动分割，该模型至今仍被应用[46]。有研究基于UNet++架构开发出一种自动化的高效分割算法，结合骨与软骨的定位信息构建出由粗到精的分割框架，该算法显著提升了分割性能[47]。有研究利用三维V-Net架构处理分割问题，并对骨关节炎倡议项目中所有T2图进行分析，证明DL在该领域的能力与可行性[30]。

研究表明，基于DL的技术在分割性能上优于传统方法。其中，将DL与传统模型相融合的方案表现最佳，

其平均Dice相似系数介于85.8%~90%[48]。目前MR图像中软骨的自动分割研究,主要仍集中于形态学评估的结构序列(如分析厚度和体积的序列)[49]。而在T2图像上,由于软骨与周围软组织对比不明显,加之其处理效果受操作者经验影响较大,因此基于DL的自动分割研究仍较为有限。

3.3 特征提取

医学影像纹理分析(TA)是一种基于计算机的图像处理方法,它可以量化图像中像素或体素灰度级的空间分布模式与相互关系。TA能够提取人眼难以辨识的定量纹理特征,从而提供关于病灶的早期无创定性、治疗效果评估及疾病预后判断的客观依据[50]。灰度共生矩阵(GLCM)TA技术近年来被应用于早期OA变化的检测研究[51]。GLCM通过统计影像图像特定偏移距离下,不同信号强度的共现规律生成共生矩阵,并从中提取多种定量特征。这些二阶图像统计量能够反映像素对之间的线性关系。GLCM计算涉及3个关键参数:位移距离决定相邻像素间距,计算角度影响纹理取向敏感性,而灰度级数量控制量化精度。由于软骨结构具有方向异质性,计算角度的选择尤为重要。

有研究得出,GLCM可作为T2 mapping的有效辅助手段,在评估基质诱导自体软骨细胞移植术后的膝关节软骨时,GLCM能显著增强对软骨结构变化的检测敏感性[52]。研究结果表明,修复区邻近的软骨组织会伴随软骨植入物实现同步修复。TA与T2 mapping相结合,可通过分析弛豫时间实现定量评估,从而在T2 mapping图像中揭示出更深层的组织结构信息。然而,纹理特征虽能有效反映图像局部的灰度变异,却无法在体素尺度上定位这些变化的具体空间位置。这一局限导致其难以区分不同区域的特性,也无法直接提取具有明确生物学意义的弛豫分布模式。因此,这类任务目前仍需依赖人工或自动分割方法来完成[35, 53]。DL在特征提取方面同样表现出色,然而由于模型内在机制不透明,其提取到的特征可解释性较差。因此,开发透明性更高的DL模型已成为重要的研究方向。

3.4 骨关节炎诊断与预测模型的构建

通过构建早期诊断与预测模型,可以精准评估OA的发病与进展风险,从而采取前瞻性干预策略,有效避免OA功能障碍和疼痛的发生。在早期诊断方面,有学者采用密集连接卷积神经网络对软骨T2 mapping数据进行诊断研究[35]。该研究指出,相较于传统的平均T2值分析或分层评估方法,基于特征学习的模型能够有效地检测出更有价值的OA影像学信息。另有研究将TA应用于软骨T2 mapping图像,系统地比较了K近邻、支持向量机及神经网络等分类器在结合了GLCM与局部二值模式特征时的OA诊断效能,结果显示浅层前馈神经网络的分类准确率最佳[51]。在预测模型方面,有研究基于FNIH OA生物标志物联盟项目数据,通过logistic回归构建并评估了膝关节OA影像学进展与疼痛加重的预测模型。该模型明确了2~4年内疾病进展的危险因素,为识别高风险患者提供了有效工具[54]。有团队将T2弛豫时间作为预测变量纳入模型,用于评估未来OA发病风险及后期全膝关节置换可能性,结果显示所有模型的预测性能均得到提升,尤其在预测2年内发病风险的模型中改善最为显著[30]。但是构建早期诊断与预测模型也有多种障碍,包括缺乏标准化的图像采集和预处理方案、频繁使用小样本或单中心数据集导致泛化能力受限。诊断与预测模型目前缺乏大型的、多样化的且标注完善的队列研究,后续需要进一步深入。

4 局限性与展望

T2 mapping联合影像组学在OA评估中已展现出显著潜力,但这些技术在从研究向临床实践转化过程中仍面临诸多挑战:第一,技术可重复性和标准化是目前面临的主要挑战之一。由于影像组学特征易受图像采集、重建方法等多种因素影响,同一患者使用不同扫描仪或参数获取的图像可能会产生差异显著的特征值,这严重影响模型的泛化能力[55]。因此临床应用的前提是建立标准化的图像采集方案和系统化的特征提取流程。图像质量评估(IQA)对于确保影像组学应用的可靠性和可重复性至关重要[56]。IQA涵盖对图像各方面的评估,包括分辨率、对比度、噪声和伪影等,这些因素会显著影响特征提取及后续分析的可靠性。IQA可作为质量控制筛选工具,精准筛选图像并排除未达到最低质量标准的图像;另外,它能确保进入影像组学流程的数据质量足够高,以产生有意义的研究见解。LIFEx等工具通过为不同成像模态提供标准化且用户友好的工作流程,解决了图像采集、重建、感兴趣区分割等上游环节的异质性,提升了影像组学特征提取的可及性、透明度和可重复性[57]。第二,诊断与预测模型的研发面临数据可获得性和可靠性的双重挑战。受法规限制、数据安全等因素制约,许多研究未能开展外部验证。同时,数据处理与特征提取过程缺乏透明度和标准化流程,同样阻碍了第三方验证的顺利进行。这也凸显了多机构合作及建立集中式影像数据库的重要性,以确保能够获取多样化、高质量的数据[58]。第三,数据泄漏指的是评估过程中可获得的信息被无意纳入训练过程,导致训练数据与评估数据不再真正独立[59]。由于数据泄漏发生在训练阶段,会人为提高模型报告的性能,使得评估指标与模型实际推理时的表现存在偏差,产生误导性结果。数据泄漏控制措施包括:在进行任何标准化、特征选择、超参数调优或模型训练之前,先定义独立的测试集;测试集

仅可用于最终模型评估，且仅使用1次，以避免出现有偏倚或过于乐观的结果。因此开展前瞻性研究以验证模型性能、提升其泛化能力，这是推动其临床应用的关键。第四，T2 mapping联合影像组学的系列研究，频繁使用小样本或单中心数据集导致泛化能力受限。未来需要更多大样本的实验以及建立一个可靠、容易获取的数据库。第五，DL模型的“黑箱”特性及其可解释性不足，也是限制其临床应用的关键因素。因此，研发可解释人工智能技术是未来研究的主要方向[60]。模型可解释性是其临床应用的重要前提，研究人员可通过激活图、特征重要性分析、沙普利可加解释以及对分类错误病例的系统性失败分析等方法加以提升。通过共享代码、原始数据及完整的方法学描述，研究人员可进一步提高研究的透明度和可重复性。

5 临床转化与应用前景

T2 mapping联合影像组学可以降低研究中图像采集与分析的变异性，其自动分割算法可精准勾勒软骨边界，软骨结构的自动分割结果与放射科专家及临床医生的手动分割结果高度一致。这类算法能够从大型数据集中学习复杂的模式和特征，从而适应成像方案与扫描仪特性的差异。通过实现分割过程的自动化，影像组学工具可确保不同MR扫描仪、采集参数及研究人群间测量结果的标准化与可重复性，进而降低变异性，提升不同来源MRI和T2 mapping数据的可靠性与可比性[7]。未来，DL有望在图像重建中发挥关键作用，以减轻图像采集的变异性。然而，这一方面尚未得到深入探索，基于DL的图像重建算法主要应用于缩短临床场景中的扫描时间。近年来，T2成像的GLCM-TA已被用于评估基质相关软骨细胞移植后修复组织及修复部位邻近组织的状态。TA有望提高MRI对软骨病变的敏感度；然而，其仍需基础研究进一步验证，且目前尚不清楚不同纹理特征具体反映哪些生化变化。综上所述，T2 mapping联合影像组学从传统形态学成像拓展至间接评估软骨微观结构、生化成分及功能的层面。其中多项技术已在软骨研究中得到广泛验证，为基础研究和转化研究提供了重要工具，助力深入理解疾病机制、软骨退变与修复过程。此外，T2 mapping联合影像组学在推动软骨相关疾病创新治疗方法的研发方面也具有重要潜力。T2 mapping联合影像组学的无创性可实现长期重复测量，为追踪疾病进展、监测治疗干预效果的纵向研究提供便利。

参考文献：

[1] Hunter DJ, March L, Chew M. Osteoarthritis in 2020 and beyond: a lancet commission[J]. Lancet, 2020, 396(10264): 1711-2.

[2] Mallio CA, Bernetti C, Agostini F, et al. Advanced MR imaging for knee osteoarthritis: a review on local and brain effects[J]. Diagnostics, 2023, 13(1): 54.

[3] Jeyaraman M, Jeyaraman N, Nallakumarasamy A, et al. Insights of cartilage imaging in cartilage regeneration[J]. World J Orthop, 2025, 16(7): 106416.

[4] Imamura R, Teramoto A, Murahashi Y, et al. Ultra-short echo time–MRI T2* mapping of articular cartilage layers is associated with histological early degeneration[J]. Cartilage, 2025, 16(1): 118-24.

[5] Retzky JS, Koff MF, Nwawka OK, et al. Novel noninvasive imaging techniques to assess structural, functional, and material properties of tendon, ligament, and cartilage: a narrative review of current concepts[J]. Orthop J Phys Med, 2025, 13(2): 23259671251317223.

[6] Nischal N, Iyengar KP, Herlekar D, et al. Imaging of cartilage and chondral defects: an overview[J]. Life, 2023, 13(2): 363.

[7] Casula V, Kajabi AW. Quantitative MRI methods for the assessment of structure, composition, and function of musculoskeletal tissues in basic research and preclinical applications[J]. Magn Reson Mater Phys Biol Med, 2024, 37(6): 949-67.

[8] Ehmig J, Engel G, Lotz J, et al. MR-imaging in osteoarthritis: current standard of practice and future outlook[J]. Diagnostics, 2023, 13(15): 2586.

[9] Alkhatatbeh T, Alkhatatbeh A, Guo Q, et al. Interpretable machine learning and radiomics in hip MRI diagnostics: comparing ONFH and OA predictions to experts[J]. Front Immunol, 2025, 16: 1532248.

[10] Banjar M, Horiuchi S, Gedeon DN, et al. Review of quantitative knee articular cartilage MR imaging[J]. Magn Reson Med Sci, 2022, 21(1): 29-40.

[11] Marchiori G, Cassiolas G, Berni M, et al. A comprehensive framework to evaluate the effects of anterior cruciate ligament injury and reconstruction on graft and cartilage status through the analysis of MRI T2 relaxation time and knee laxity: a pilot study[J]. Life, 2021, 11(12): 1383.

[12] Eck BL, Yang MR, Elias JJ, et al. Quantitative MRI for evaluation of musculoskeletal disease: cartilage and muscle composition, joint inflammation, and biomechanics in osteoarthritis[J]. Invest Radiol, 2023, 58(1): 60-75.

[13] Mallio CA, Vadalà G, Russo F, et al. Novel magnetic resonance imaging tools for the diagnosis of degenerative disc disease: a narrative review[J]. Diagnostics, 2022, 12(2): 420.

[14] Zhao HY, Li HQ, Liang S, et al. T2 mapping for knee cartilage degeneration in young patients with mild symptoms[J]. BMC Med Imaging, 2022, 22(1): 72.

[15] Tang L, Gao Y, Deng C, et al. Application of magnetic resonance T1rho and T2 mapping in evaluating cartilage injury in middle-aged and elderly patients with knee osteoarthritis[J]. Altern Ther Health Med, 2024, 30(10): 308-13.

[16] Verschueren J, Eijgenraam SM, Klein S, et al. T2 mapping of healthy knee cartilage: multicenter multivendor reproducibility[J]. Quant Imaging Med Surg, 2021, 11(4): 1247-55.

[17] Ahmad R. Reviewing the relationship between machines and radiology: the application of artificial intelligence[J]. Acta Radiol Open, 2021, 10(2): 2058460121990296.

[18] Davey MS, Davey MG, Kenny P, et al. The use of radiomic analysis

of magnetic resonance imaging findings in predicting features of early osteoarthritis of the knee: a systematic review and meta-analysis[J]. Ir J Med Sci, 2024, 193(5): 2525-30.

[19] Scapicchio C, Gabelloni M, Barucci A, et al. A deep look into radiomics[J]. Radiol Med, 2021, 126(10): 1296-311.

[20] Shur JD, Doran SJ, Kumar S, et al. Radiomics in oncology: a practical guide[J]. RadioGraphics, 2021, 41(6): 1717-32.

[21] Zijlstra F, Seevinck PR. Multiple-echo steady-state (MESS): Extending DESS for joint T_2 mapping and chemical-shift corrected water-fat separation[J]. Magn Reson Med, 2021, 86(6): 3156-65.

[22] Link TM, Joseph GB, Li XJ. MRI-based T1rho and T2 cartilage compositional imaging in osteoarthritis: what have we learned and what is needed to apply it clinically and in a trial setting? [J]. Skeletal Radiol, 2023, 52(11): 2137-47.

[23] Chaudhari AS, Kogan F, Pedoia V, et al. Rapid knee MRI acquisition and analysis techniques for imaging osteoarthritis[J]. J Magn Reson Imaging, 2020, 52(5): 1321-39.

[24] Zibetti MVW, Menon RG, de Moura HL, et al. Updates on compositional MRI mapping of the cartilage: emerging techniques and applications[J]. J Magn Reson Imaging, 2023, 58(1): 44-60.

[25] Baur OL, Den Harder JM, Hemke R, et al. The road to optimal acceleration of Dixon imaging and quantitative T2-mapping in the ankle using compressed sensing and parallel imaging[J]. Eur J Radiol, 2020, 132: 109295.

[26] Huang C, Graff CG, Clarkson EW, et al. T2 mapping from highly undersampled data by reconstruction of principal component coefficient maps using compressed sensing[J]. Magn Reson Med, 2012, 67(5): 1355-66.

[27] Wang N, Badar F, Xia Y. Resolution-dependent influences of compressed sensing in quantitative T2 mapping of articular cartilage [J]. NMR Biomed, 2020, 33(12): e4260.

[28] Sharafi A, Zibetti MVW, Chang G, et al. 3D magnetic resonance fingerprinting for rapid simultaneous T1, T2, and T1ρ volumetric mapping of human articular cartilage at 3 T[J]. NMR Biomed, 2022, 35(12): e4800.

[29] Li HY, Yang MR, Kim JH, et al. SuperMAP: Deep ultrafast MR relaxometry with joint spatiotemporal undersampling[J]. Magn Reson Med, 2023, 89(1): 64-76.

[30] Razmjoo A, Caliva F, Lee J, et al. T2 analysis of the entire osteoarthritis initiative dataset[J]. J Orthop Res, 2021, 39(1): 74-85.

[31] Desai AD, Caliva F, Iriondo C, et al. The international workshop on osteoarthritis imaging knee MRI segmentation challenge: a multi-institute evaluation and analysis framework on a standardized dataset [J]. Radiol Artif Intell, 2021, 3(3): e200078.

[32] Gaj S, Yang MR, Nakamura K, et al. Automated cartilage and *Meniscus* segmentation of knee MRI with conditional generative adversarial networks[J]. Magn Reson Med, 2020, 84(1): 437-49.

[33] Fürst D, Wirth W, Chaudhari A, et al. Layer-specific analysis of femorotibial cartilage T2 relaxation time based on registration of segmented double echo steady state (dess) to multi-echo-spin-echo (mese) images[J]. MAGMA, 2020, 33(6): 819-28.

[34] Heilmeier U, Mamoto K, Amano K, et al. Infrapatellar fat pad abnormalities are associated with a higher inflammatory synovial fluid cytokine profile in young adults following ACL tear[J]. Osteoarthr Cartil, 2020, 28(1): 82-91.

[35] Pedoia V, Lee J, Norman B, et al. Diagnosing osteoarthritis from T2 maps using deep learning: an analysis of the entire Osteoarthritis Initiative baseline cohort[J]. Osteoarthr Cartil, 2019, 27(7): 1002-10.

[36] Liao TC, Bird A, Samaan MA, et al. Persistent underloading of patellofemoral joint following hamstring autograft ACL reconstruction is associated with cartilage health[J]. Osteoarthr Cartil, 2023, 31(9): 1265-73.

[37] Kijowski R, Fritz J, Deniz CM. Deep learning applications in osteoarthritis imaging[J]. Skeletal Radiol, 2023, 52(11): 2225-38.

[38] Gao S, Peng CB, Wang G, et al. Cartilage T2 mapping-based radiomics in knee osteoarthritis research: Status, progress and future outlook[J]. Eur J Radiol, 2024, 181: 111826.

[39] Rodriguez-Vila B, Gonzalez-Hospital V, Puertas E, et al. Democratization of deep learning for segmenting cartilage from MRIs of human knees: Application to data from the osteoarthritis initiative[J]. J Orthop Res, 2023, 41(8): 1754-66.

[40] Gatti AA, Maly MR. Automatic knee cartilage and bone segmentation using multi-stage convolutional neural networks: data from the osteoarthritis initiative[J]. MAGMA, 2021, 34(6): 859-75.

[41] Fan H, Xu P, Chen X, et al. Measuring chondrocyte viability of articular cartilage based on label-free two-photon microscopy and deep learning image analysis[J/OL]. bioRxiv, 2023. doi: 10.1101/2023.02.13.527931.

[42] Kok YE, Crisford A, Parkes A, et al. Classification of osteoarthritic and healthy cartilage using deep learning with Raman spectra[J]. Sci Rep, 2024, 14: 15902.

[43] Tang XF, Guo DM, Liu AE, et al. Fully automatic knee joint segmentation and quantitative analysis for osteoarthritis from magnetic resonance (MR) images using a deep learning model[J]. Med Sci Monit, 2022, 28: e936733.

[44] Panwar P, Chaurasia S, Gangrade J, et al. Optimizing knee osteoarthritis severity prediction on MRI images using deep stacking ensemble technique[J]. Sci Rep, 2024, 14: 26835.

[45] Feng L, Ma D, Liu F. Rapid MR relaxometry using deep learning: an overview of current techniques and emerging trends[J]. NMR Biomed, 2022, 35(4): e4416.

[46] Norman B, Pedoia V, Majumdar S. Use of 2D U-Net convolutional neural networks for automated cartilage and *Meniscus* Segmentation of knee MR imaging data to determine relaxometry and morphometry[J]. Radiology, 2018, 288(1): 177-85.

[47] Deng Y, You L, Wang YF, et al. A coarse-to-fine framework for automated knee bone and cartilage segmentation data from the osteoarthritis initiative[J]. J Digit Imaging, 2021, 34(4): 833-40.

[48] Ebrahimkhani S, Jaward MH, Cicuttini FM, et al. A review on segmentation of knee articular cartilage: from conventional methods towards deep learning[J]. Artif Intell Med, 2020, 106: 101851.

[49] Wirth W, Eckstein F, Kemnitz J, et al. Accuracy and longitudinal reproducibility of quantitative femorotibial cartilage measures derived from automated U-Net-based segmentation of two different MRI contrasts: data from the osteoarthritis initiative healthy reference cohort[J]. MAGMA, 2021, 34(3): 337-54.

[50] 钟 毅, 刘 欣, 肖云丹, 等. 医学影像纹理分析在骨肌系统疾病中的

研究进展[J]. 磁共振成像, 2020, 11(5): 394-7.

[51] Peuna A, Thevenot J, Saarakkala S, et al. Machine learning classification on texture analyzed T2 maps of osteoarthritic cartilage: Oulu knee osteoarthritis study[J]. Osteoarthr Cartil, 2021, 29(6): 859-69.

[52] Janacova V, Szomolanyi P, Kirner A, et al. Adjacent cartilage tissue structure after successful transplantation: a quantitative MRI study using T2 mapping and texture analysis[J]. Eur Radiol, 2022, 32 (12): 8364-75.

[53] Pedoia V, Majumdar S. Translation of morphological and functional musculoskeletal imaging[J]. J Orthop Res, 2019, 37(1): 23-34.

[54] Li XY, Li CP, Zhang P. Predictive models of radiographic progression and pain progression in patients with knee osteoarthritis: data from the FNIH OA biomarkers consortium project[J]. Arthritis Res Ther, 2024, 26(1): 112.

[55] Tonneau M, Phan K, Manem VSK, et al. Generalization optimizing machine learning to improve CT scan radiomics and assess immune checkpoint inhibitors' response in non-small cell lung cancer: a multicenter cohort study[J]. Front Oncol, 2023, 13: 1196414.

[56] Felicetti F, Lamonaca F, Carnì DL, et al. Image quality standardization in radiomics: a systematic review of artifacts, variability, and feature stability[J]. Sensors, 2026, 26(3): 1039.

[57] El-Jammal M, Chung C. Paving a path to clinical impact with radiomics: enabling reproducibility and reach[J]. Cancer Res, 2025, 85(13): 2353-5.

[58] Xu YZ, Li YX, Wang F, et al. Addressing the current challenges in the clinical application of AI-based Radiomics for cancer imaging [J]. Front Med, 2025, 12: 1674397.

[59] Maleki F, Ovens K, Gupta R, et al. Generalizability of machine learning models: quantitative evaluation of three methodological pitfalls[J]. Radiol Artif Intell, 2022, 5(1): e220028.

[60] Wong F, Omori S, Li A, et al. An explainable deep learning platform for molecular discovery[J]. Nat Protoc, 2025, 20(4): 1020-56.

（编辑:郎 朗）