

• 临床研究 •

高危前列腺癌患者穿刺病理预测模型的构建及验证研究

钱哲¹, 臧攀¹, 丁磊¹, 王宇昊², 梁超¹, 李杰^{1*}¹南京医科大学第一附属医院泌尿外科, 江苏 南京 210029; ²徐州医科大学附属医院泌尿外科, 江苏 徐州 221000

[摘要] 目的: 通过分析高危前列腺癌患者的临床数据, 建立模型预测其前列腺病灶的病理性质, 识别可免于系统穿刺而单独进行靶向穿刺的患者, 优化当前前列腺穿刺活检策略。方法: 回顾性分析2022年1月—2024年6月于南京医科大学第一附属医院行前列腺穿刺患者的临床数据, 筛选出符合条件的患者分为训练集和验证集。单因素和多因素逻辑回归分析用于筛选前列腺靶向穿刺病理的显著相关因素。基于训练集的数据构建预测模型, 并在验证集中验证该模型效能。受试者工作特征(receiver operating characteristic, ROC)曲线用于评估模型在两个数据集中的诊断性能。结果: 年龄(X_1)、病灶数量(X_2)、病灶所在的组织学区域(X_3)、前列腺影像和数据报告系统(prostate imaging reporting and data system, PI-RADS)评分(X_4)以及前列腺特异性抗原密度(X_5)是与患者前列腺靶向穿刺病理相关的变量。预测模型的数学表达式为: $P=1/[1+e^{(-15.770+0.067\times X_1-0.658\times X_2+0.381\times X_3+2.271\times X_4+5.742\times X_5)}]$ 。预测模型在训练集中ROC曲线下面积(area under the curve, AUC)为0.856(95%CI: 0.812~0.900), 在验证集中AUC为0.886(95%CI: 0.776~0.995)。结论: 本研究构建的针对高危前列腺癌患者靶向穿刺病理预测模型能指导临床前列腺穿刺策略, 在保持良好诊断性能的同时减少穿刺数, 从而减少穿刺并发症, 节约医疗资源。

[关键词] 前列腺癌; 前列腺穿刺活检; 磁共振成像; 预测模型**[中图分类号]** R737.25**[文献标志码]** A**[文章编号]** 1007-4368(2025)08-1186-09**doi:** 10.7655/NYDXBNSN250388

Construction and validation study of a puncture pathology prediction model for high-risk prostate cancer patients

QIAN Zhe¹, ZANG Pan¹, DING Lei¹, WANG Yuhao², LIANG Chao¹, LI Jie^{1*}¹Department of Urology, the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Nanjing 210029; ²Department of Urology, the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University, Xuzhou 221000, China

[Abstract] **Objective:** To optimize the current strategy of prostate puncture biopsy by analysing the clinical data of high-risk prostate cancer patients, establishing a model to predict the pathological nature of their prostate lesions, and identifying patients who can be exempted from systematic biopsy and undergo targeted puncture alone. **Methods:** Clinical data of patients who underwent prostate puncture at the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University from January 2022 to June 2024 were retrospectively analyzed, and eligible patients were screened and divided into a training set and a validation set. Univariate and multivariate logistic regression analyses were used to screen the significant factors of the pathology of prostate targeted biopsy. A predictive model was constructed based on the data from the training set, and the model effectiveness was verified in the validation set. Receiver operating characteristic (ROC) curves were used to assess the diagnostic performance of the model in both data sets. **Results:** Age (X_1), number of lesions (X_2), histological region in which the lesions are located (X_3), prostate imaging reporting and data system (PI-RADS) score (X_4), and prostate-specific antigen density (X_5) were the variables associated with the patient's prostate targeted biopsy pathology. The mathematical expression of the predictive model was: $P=1/[1+e^{(-15.770+0.067\times X_1-0.658\times X_2+0.381\times X_3+2.271\times X_4+5.742\times X_5)}]$. The area under the curve (AUC) of the prediction model was 0.856 (95%CI: 0.812–0.900) in the training set and 0.886 (95%CI: 0.776–0.995) in the validation set. **Conclusion:** The constructed prediction model for targeted biopsy pathology in high-risk prostate cancer patients can guide the clinical strategy of prostate puncture to maintain a good diagnostic performance while reducing the number of

[基金项目] 江苏省科教能力提升工程(ZDXK202219)

*通信作者(Corresponding author), E-mail: drc_ljje@126.com (ORCID: 0000-0003-0260-1611)

puncture needles, thus reducing the occurrence of complications and saving medical resources.

[Key words] prostate cancer; prostate puncture biopsy; magnetic resonance imaging; predictive model

[J Nanjing Med Univ, 2025, 45(08): 1186-1193, 1210]

前列腺癌(prostate cancer, PCa)是男性发病率较高的恶性肿瘤。近年来随着人口老龄化,我国PCa的发病率也呈现不断上升趋势,这给临床PCa的筛查诊断工作提出了新挑战^[1]。

临床上对疑似PCa患者的初步筛查手段是前列腺特异性抗原(prostate specific antigen, PSA)检测。当PSA水平升高时,临床医生将建议患者进行前列腺多参数核磁共振成像(multiparametric magnetic resonance imaging, mpMRI)。前列腺mpMRI是目前广泛使用的非侵入性PCa诊断工具,根据其成像结果构建的前列腺成像报告和数据系统(prostate imaging reporting and data system, PI-RADS)评分也在临床工作中被普遍认可^[2-3]。前列腺穿刺获得的组织病理是诊断PCa的金标准。前列腺穿刺通常在超声引导下融合前列腺mpMRI图像后进行,穿刺方式有两种,一种是对mpMRI所示病灶针对性取样的靶向穿刺(targeted biopsy, TB),另一种是对整个前列腺均匀取样的系统穿刺(systematic biopsy, SB)。与SB相比, TB显著提高PCa检出率,但关于是否舍弃SB单独使用TB仍存在争议^[4]。目前临床上常用的穿刺方案仍为TB联合SB,旨在通过较多的穿刺提高PCa的检出率。然而,较多的穿刺不仅会增加并发症发生的风险而且会造成医疗资源的浪费。因此需通过对前列腺TB的病理预测,以准确评估高危患者是否需要额外SB。

患者PI-RADS评分是临床医生预测和诊断PCa的重要参考指标^[5],但是仅凭PI-RADS评分预测组织病理从而筛选患者进行穿刺,会有相当一部分低评分阳性患者被遗漏^[6]。然而当PI-RADS评分与前列腺特异性抗原密度(prostate specific antigen density, PSAD)联合使用时,可以进一步提高对PCa的预测能力以及检出率,并且两者都是穿刺病理的显著相关因素^[7]。一项研究整合了年龄、PSA以及PI-RADS评分构建的PCa预测模型也表现出良好的效能^[8]。此外在一些研究中,病灶数量、病灶所在的组织学区域以及睾酮也与前列腺穿刺病理结果显著相关^[9-12]。值得注意的是,以往研究大多关注对全体PCa的病理预测,而本研究更具有针对性,高危PCa患者前列腺TB病理是本研究重点关注的对象。

目前的穿刺方案过度强调TB基础上增加SB对提升PCa检出率的作用,而忽视其会导致较多穿刺并发症。本研究收集了前列腺穿刺患者的临床资料,应用逐步逻辑回归筛选出与TB病理显著相关的因素,并整合这些因素构建了标准化、可重复的模型来预测高危PCa患者TB病理性质,并验证该模型的效能。患者经模型评估mpMRI所示病灶为恶性肿瘤时,只需要进行TB来验证和明确诊断,从而能够减少不必要的SB。

1 对象和方法

1.1 对象

本研究收集整理2022年1月—2024年6月于南京医科大学第一附属医院泌尿外科进行前列腺穿刺的患者临床资料,包括年龄、PSA、PSAD、睾酮等实验室指标,PI-RADS评分,病灶所在组织学区域等前列腺mpMRI影像学表现以及前列腺穿刺术后组织病理结果。本研究经医院伦理委员会批准(2024-SR-947),所有患者均知情同意。

1.2 方法

1.2.1 筛选研究对象

本研究的纳入标准为:①进行前列腺穿刺前未确诊PCa;②前列腺穿刺前未进行其他PCa相关治疗,包括药物治疗和放疗;③有清晰的前列腺mpMRI图像,且PI-RADS评分4~5分;④临床资料完整。排除标准为:①于外院穿刺确诊PCa;②穿刺前已进行药物治疗或者放射治疗;③前列腺mpMRI图像中病灶模糊,或PI-RADS评分<4分;④临床资料不完整。

本研究对象为PI-RADS评分4~5分的高危PCa患者,较低PI-RADS评分患者的前列腺mpMRI图像上的病灶显像不明显,不能只进行TB,因此没有纳入研究。经筛选,本研究最后将2022年1月—2023年12月共424例符合条件的患者纳入训练集,2024年1—6月78例符合条件的患者纳入验证集。

1.2.2 mpMRI与穿刺活检

本研究中所有患者的mpMRI由至少两名经验丰富的放射科医生根据PI-RADS v2.1版本对成像结果进行标准解读^[13]。穿刺活检工作由穿刺前

列腺百例以上的医生实施,麻醉后医生将高危患者前列腺 mpMRI 图像与直肠内超声图像进行软件辅助融合。实时定位病灶后对患者进行经会阴前列腺 TB, TB 的数量由操作医生自行决定,取决于病变大小、前列腺体积,每个病灶至少穿刺 2 针;之后进行 SB,采用标准化模板对前列腺各分区进行采样,每个叶通常穿刺 6~7 针^[14]。

1.3 统计学方法

本研究中所有标本病理性质的判定参照国际泌尿病理协会 2019 年修订的标准。在患者病理报告的基础上,结合研究目的,本研究对患者的判定作出了一些调整,即患者是否为 PCa 只由患者 TB 获得的组织病理性质决定,也就是说当患者 TB 病理为阴性,SB 病理为阳性时,仍将患者视为 PCa 阴性。本研究将患者 PCa 阳性这一结果赋值为“1”,阴性赋值为“0”。根据研究显示,前列腺外周带的病灶相比其他区域的病灶,为癌的可能性更大,所以对患者病灶所在组织学区域进行描述,制定了 3 级分类标准:病灶处于前列腺外周带赋值为“3”,病灶处于移行带或中央带时赋值为“2”,处于其余区域时赋值为“1”^[15]。

本研究分别计算了连续变量的中位数和四分位数 [$M(P_{25}, P_{75})$] 和分类变量的频率和比例 [$n(\%)$], 使用卡方检验来检验训练集和验证集之间分类变量的差异,使用 T 检验来检验连续变量的组间差异。本研究对多个变量分别进行了单因素线性回归分析,计算了每个单因素模型中变量的显著性水平。通过计算 Pearson 系数进行相关性分析,检验变量之间是否存在明显共线性。随后基于逐步回归方法筛选出在多因素模型中的显著特征,并以此为基础构建了多因素线性回归模型。Box-Tidwell 方法验证连续变量与其 Logit 转换值是否呈现显著线性关联。通过多因素线性回归模型,本研究基于训练集的 424 例样本构建对高危 PCa 患者 TB 病理性质的预测模型并进行公式化表达,并基于该模型建立列线图,可视化各变量在预测模型中的贡献度,在验证集中检验模型效能,同时通过 Bootstrap 方法验证该预测模型的稳健性。通过约登指数来确定训练集和验证集中预测模型的最佳阈值,本研究也展示了两数据集中最佳阈值上下的患者分布。

统计分析采用 R 语言(4.0.3 版)与 Excel 软件完成,显著性阈值设定为 $P < 0.05$ 。受试者工作特征(receiver operating characteristic, ROC)曲线分析借

助 R 平台 pROC 程序包完成。

2 结果

2.1 患者临床特征

表 1 详细呈现了训练集与验证集患者的临床特征,包括患者临床资料、活检病理结果等核心信息。结果显示训练集中患者年龄为 69(42, 86)岁;前列腺病灶数量为 1 个的有 310 例(73.11%),病灶数量 ≥ 2 个的有 114 例(26.89%);病灶处于外周带的有 222 例(52.36%),处于其他组织学区域的有 202 例(47.64%);PI-RADS 评分为 4、5 分的分别有 245 例(57.78%)、179 例(42.22%);PSA 为 11.62(0.31, 155.00)ng/mL;PSAD 为 0.34(0.02, 6.21)ng/mL²;睾酮为 9.98(0.00, 35.71)ng/mL;穿刺结果为阳性和阴性的患者数量分别为 372 例(87.74%)、52 例(12.26%)。

验证集中患者年龄为 71(53, 82)岁;病灶数量为 1、 ≥ 2 的患者数量分别为 62 例(79.49%)、16 例(20.51%);病灶处于外周带和其他组织学区域的患者数量分别为 41 例(52.56%)、37 例(47.44%);PI-RADS 评分为 4、5 个的患者数量分别为 50 例(64.10%)、28 例(35.90%);PSA 为 11.48(0.06, 74.48)ng/mL;PSAD 为 0.37(0.00, 2.86)ng/mL²,睾酮为 7.06(0.00, 21.14)ng/mL;穿刺结果阳性 70 例(89.74%)、阴性 8 例(10.26%)。结果显示,除睾酮($P=0.041$)外,两组之间其他临床特征的差异无统计学意义(表 1)。

2.2 单因素与多因素回归分析

单因素回归分析结果显示,本研究中高危 PCa 患者 TB 病理相关因素为年龄、PSA、PSAD、病灶数量、病灶所在组织学区域以及 PI-RADS 评分。睾酮不是穿刺病理相关因素(图 1A)。同时连续变量经验证与其 Logit 转换值呈现显著的线性关联。各因素的比值比(odds ratio, OR)及 95%CI 分别为:年龄(OR=1.051, 95%CI: 1.032~1.070, $P < 0.001$);病灶数量(OR=0.510, 95%CI: 0.398~0.649, $P < 0.001$);组织学区域评分(OR=1.372, 95%CI: 1.085~1.739, $P=0.008$);PI-RADS 评分(OR=10.660, 95%CI: 7.203~16.225, $P < 0.001$);PSAD 值(OR=5.880, 95%CI: 4.877~6.963, $P < 0.001$);PSA(OR=1.082, 95%CI: 1.062~1.104, $P < 0.001$)。相关性分析结果显示 PSA 与 PSAD 之间具有明显的共线性,同时将两者纳入研究很大可能会导致模型稳定性和可信度较差,因此舍去 PSA 保留了 PSAD,一方面是因为单因素分析结果显示 PSAD 的 OR 值更大,置信区间离无效线更远;另一方面是 PSAD 同时包含了体积信息,可以

表1 训练集和验证集中患者基线资料对比

Table 1 Comparison of clinical characteristics of the patients in the training and validation sets

Clinical characteristics	Training set(n=424)	Validation set(n=78)	P
Biopsy result[n(%)]			0.755
+	372(87.74)	70(89.74)	
-	52(12.26)	8(10.26)	
Age[years, M(P ₂₅ , P ₇₅)]	69(42, 86)	71(53, 82)	0.409
PSA[ng/mL, M(P ₂₅ , P ₇₅)]	11.62(0.31, 155.00)	11.48(0.06, 74.48)	0.161
PSAD[ng/mL ² , M(P ₂₅ , P ₇₅)]	0.34(0.02, 6.21)	0.37(0.00, 2.86)	0.833
PI-RADS score[n(%)]			0.359
4	245(57.78)	50(64.10)	
5	179(42.22)	28(35.90)	
Lesions number[n(%)]			0.298
1	310(73.11)	62(79.49)	
≥2	114(26.89)	16(20.51)	
Histological region[n(%)]			1.000
Peripheral zone	222(52.36)	41(52.56)	
Other	202(47.64)	37(47.44)	
Testosterone[ng/mL, M(P ₂₅ , P ₇₅)]	9.98(0.00, 35.71)	7.06(0.00, 21.14)	0.041

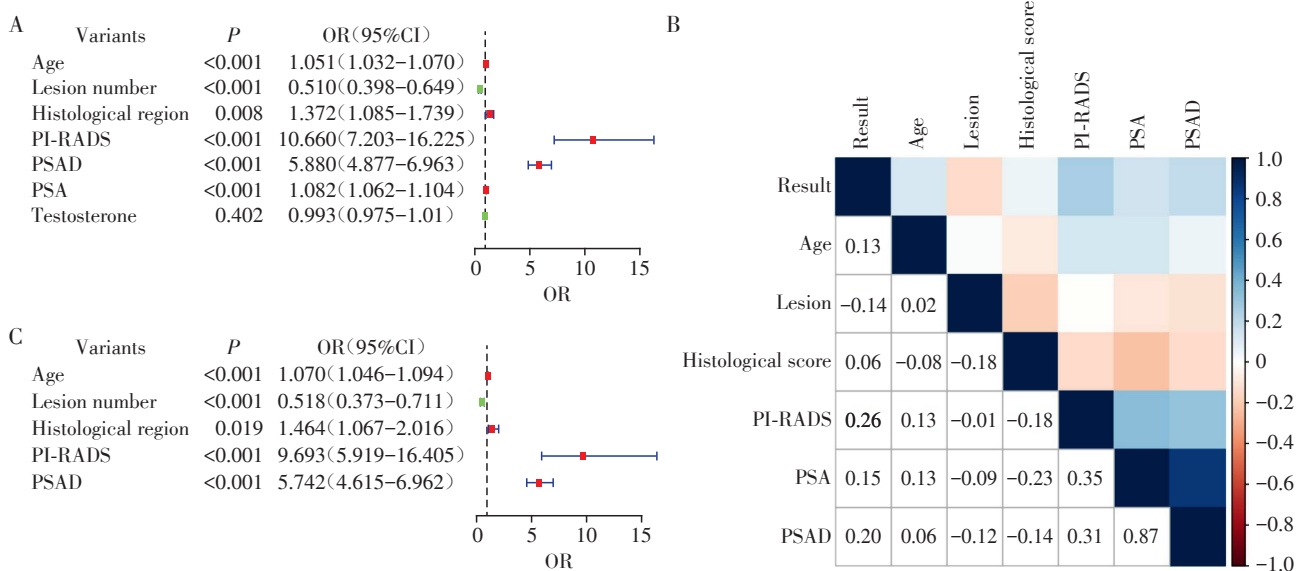
降低不同前列腺体积造成的PSA差异(图1B)。

多因素回归分析结果(图1C)为: 年龄(OR=1.070, 95% CI: 1.046~1.094, $P < 0.001$); 病灶数量(OR=0.518, 95% CI: 0.373~0.711, $P < 0.001$); 组织学区域评分(OR=1.464, 95% CI: 1.067~2.016, $P=0.019$); PI-RADS评分(OR=9.693, 95% CI: 5.919~16.405, $P < 0.001$); PSAD值(OR=5.742, 95% CI:

4.615~6.962, $P < 0.001$)。结果显示上述因素为患者TB病理的显著相关因素, 除病灶数量的OR值 < 1 且CI不包含1, 意味着为保护因素外, 患者年龄、PSAD、病灶所在组织学区域以及PI-RADS评分均为TB病理的危险因素。

2.3 通过训练集数据构建TB病理的预测模型

本研究通过应用逐步逻辑回归的方法对训练



A: Univariate logistic regression for initial analysis of variables related to puncture pathology. B: Pearson's coefficient characterising covariance between factors. C: Multivariate logistic regression controlling for confounding effects.

图1 单因素与多因素回归分析结果

Figure 1 Results of univariate and multivariate regression analyses

集患者数据进行分析,整合相关变量,建立了高危PCa患者TB病理性质的预测模型。预测模型由5项因素构成并用英文字母指代:年龄(X_1)、病灶数量(X_2)、病灶所在组织学区域(X_3)、PI-RADS评分(X_4)以及PSAD(X_5),其数学表达式为 $P=1/[1+e^{(-15.770+0.067\times X_1-0.658\times X_2+0.381\times X_3+2.271\times X_4+5.742\times X_5)}]$ 。结果表明,该预测模型的ROC曲线下面积(area under the curve, AUC)达0.856(95%CI: 0.812~0.900),通过约登指数确定最佳风险临界值为0.634,相应的诊断特异度与灵敏度分别为96.2%和65.6%(图2A)。将患者各项指标代入该模型可计算出该患者的风险评分,高于临界值时,该患者被判定为PCa患者(TB阳性),即mpMRI所示病灶的TB病理呈现典型肿瘤学特征,患者可以免除额外的SB仅进行TB。值得注意的是,该模型相对较低的灵敏度并不意味着较多漏诊,按照本研究目的,只有风险临界值以上的患者推荐单独TB,风险临界值以下的患者仍推荐TB联合SB穿刺。各因素单独分析时的预测效能对照曲线也同步展示,通过多维对比凸显综合预测模型的理论优势(图2A)。

本研究也展示了训练集中临界值上下的患者分布(图2B)。在风险评分高于临界值的患者中,TB阳性率可以达到99.2%,可见本研究构建的预测模型具有一定的临床价值(表2)。本研究也展示了预测模型中各因素的贡献度(图2C),同时建立了该模型的列线图便于临床应用(图2D)。

2.4 验证集中预测模型的效能

本研究在验证集中应用该预测模型,结果显示,AUC为0.886(95%CI: 0.776~0.995),当通过约登指数确定0.495作为最佳临界值时,该预测模型的特异度与灵敏度分别为87.5%和80.0%(图2E),可见该预测模型有较好的可重复性与泛用性。同时本研究也展示了验证集中临界值上下的患者分布(图2F)。值得关注的是,依据此界值判定的TB阳性患者中,经病理学验证的TB阳性率高达98.2%(表2),该模型的效能进一步得到体现。

2.5 Bootstrap方法验证预测模型的稳健性

本研究对训练集424例患者样本进行Bootstrap抽样来验证预测模型的稳健性,降低异常样本对模型可靠性的影响。经过500次Bootstrap抽样的分析结果显示:Bootstrap样本集模型各系数的分布与初始模型系数的差异较小(图3A~F);样本集模型的AUC均值为0.846,95%CI较窄,为0.823~0.857,与初始模型的AUC及CI值契合度高(图3G)。这一结

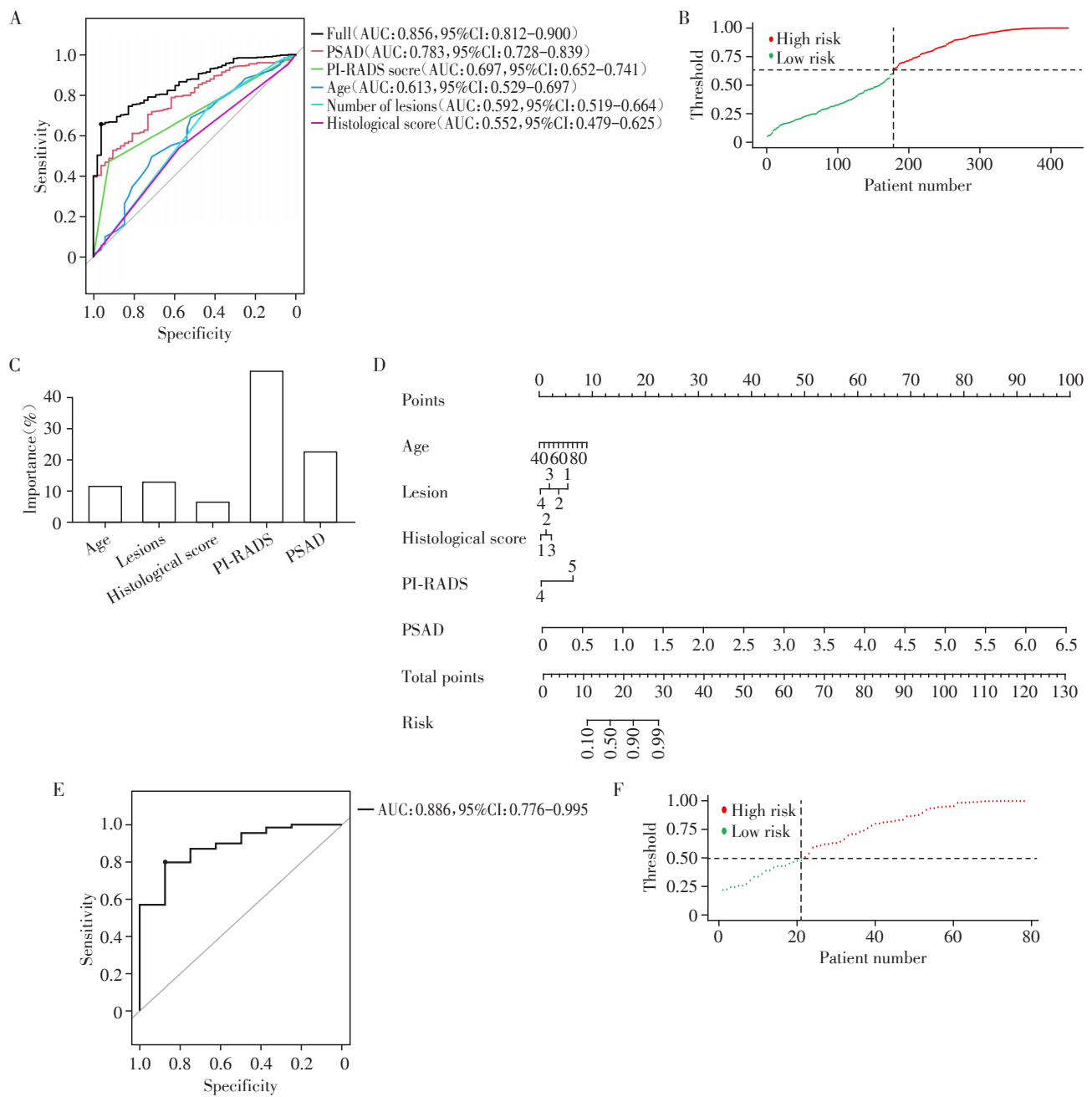
果表明训练集中的患者数据分布较均匀,模型在不同抽样下的表现一致,AUC和CI值稳定,说明基于训练集样本构建的预测模型具有较好的稳健性,在临床应用时较为可靠和稳定。

3 讨论

融合前列腺mpMRI图像的超声引导下前列腺穿刺是目前PCa诊断的常用手段。目前临床上普遍使用的仍是TB联合SB,联合穿刺可以有效提高PCa的检出率但也意味着穿刺针数较多,会增加穿刺并发症的风险,浪费医疗资源。为了能够在保持较高PCa检出率的同时减少穿刺数,本研究分析了患者前列腺mpMRI图像以及临床特征,整合相关因素建立了针对患者TB病理的预测模型来识别可以免除SB、只进行TB的患者。

本研究表明患者年龄、PSAD、PI-RADS评分、病灶所在组织学区域以及病变数量与前列腺病灶穿刺病理结果显著相关。PSA是经典的PCa血清标志物,但其特异性较低,很多良性疾病如前列腺增生也会使其数值升高,因此本研究并没有将它纳入而是纳入特异性更高的PSAD。Ge等^[6]研究表明PSAD是PCa的重要预测因素,在本研究中也得到了类似结果。PI-RADS评分是解读前列腺mpMRI图像不可或缺的标准,它能够对PCa的风险进行分层,从而指导前列腺穿刺活检^[17]。先前研究发现,PI-RADS评分为4~5分患者的前列腺mpMRI所示病灶为恶性的可能性更高^[18]。然而,尽管PI-RADS评分在PCa预测方面有较大优势,但仍有局限性,不同评分者对mpMRI图像的主观性判断会导致评分结果的改变。因此本研究预测模型在纳入PI-RADS评分时也结合了前列腺mpMRI图像上的其他特征,降低主观影响,从而提高模型的客观可重复性。此外,Yu等^[19]研究发现前列腺各组织学区域中,当病灶处于外周带时为恶性肿瘤的可能性最大,这也与本研究结果类似。

临床医生在进行前列腺穿刺时不应默认使用TB联合SB的穿刺方案,而是要对每个患者进行个体化评估来决定最优的穿刺策略^[20],应在保证高诊断率的同时最大限度减少患者的穿刺数。本研究训练集中全部PI-RADS 4~5分患者前列腺穿刺活检的阳性率为87.7%,而经过预测模型筛选出仅进行TB的高危患者后,这部分患者的活检阳性率可达到99.2%,对于风险评分高于临界值的患者,可以舍弃不必要的SB而只进行TB。目前关于PCa穿刺前诊



A: ROC curves of the puncture pathology prediction model constructed by each factor individually as well as integrally in the training set ($n=424$); The optimal risk threshold was 0.634, and the corresponding specificity and sensitivity of the model in the training set was 96.2% and 65.6%, respectively. B: Distribution of patients above and below the threshold in the training set. C: Comparison of the contribution of each factor in the prediction model. D: Nomogram constructed by integrating the variables in the model. E: ROC curves of the prediction model in the validation set ($n=78$). The optimal risk threshold was 0.495, and the corresponding specificity and sensitivity of the model in the validation set was 87.5% and 80.0%, respectively. F: Distribution of patients above and below the threshold in the validation set.

图2 预测模型在训练集和验证集中的表现

Figure 2 Performance of the predictive model in the training and validation sets

断的研究大多是基于对前列腺病理的预测^[21],然而这并不能为高危PCa患者前列腺穿刺时舍弃SB提供直观具体的证据。因此,本研究更有针对性地构建前列腺TB病理的预测模型,能够为模型筛选后的患者舍弃SB提供更直观的依据。此外,一些类似研

究纳入的因素较为繁琐,如磁共振波谱成像和4K评分等,相比之下,本研究纳入的因素更加简便,容易获取且整合后的模型有着更好的AUC表现^[22-23]。

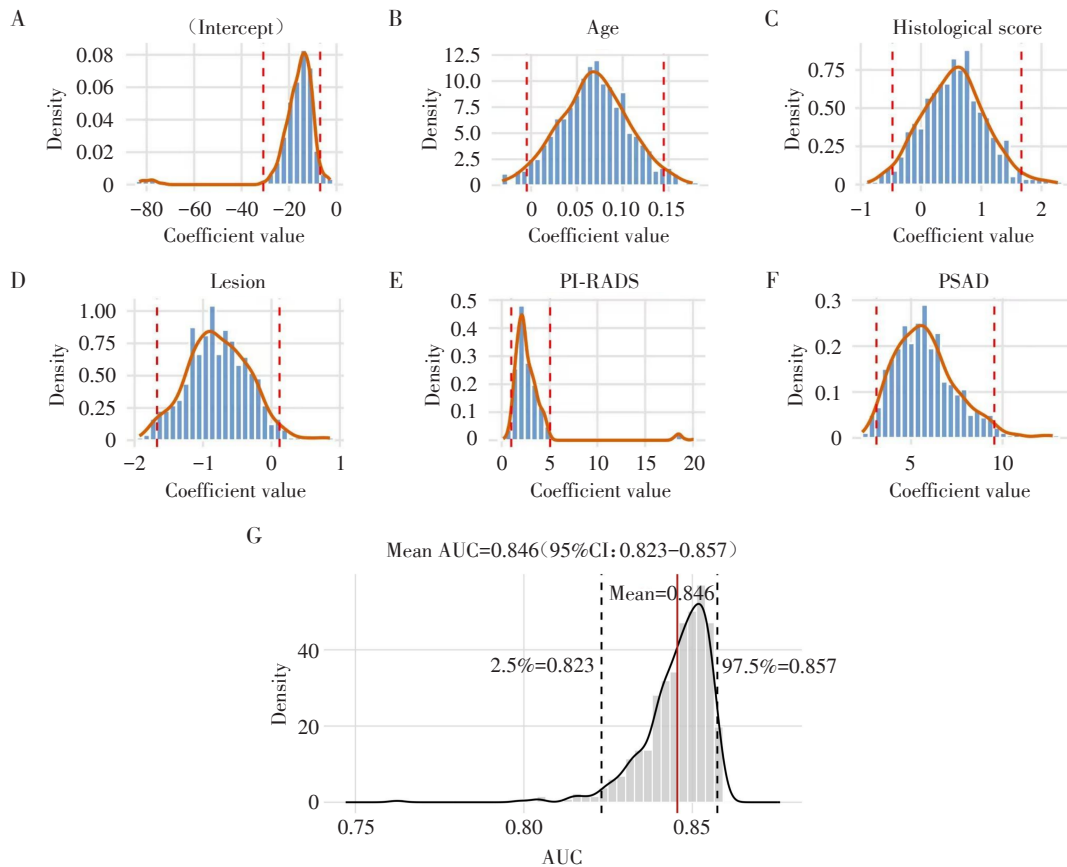
本研究为单中心回顾性分析,受研究特征制约,当前结论仍需多中心前瞻性研究予以佐证。值

表2 训练集和验证集中模型预测效率的相关统计指数
Table 2 Statistical indices related to the predictive efficiency of the models in the training and validation sets

Statistical indices	Training set (n=424)	Validation set (n=78)
Sensitivity(%)	65.6	80.0
Specificity(%)	96.2	87.5
Positive predictive value(%)	99.2	98.2
Negative predictive value(%)	28.1	33.3
Positive likelihood ratio	17.054	6.400
Negative likelihood ratio	0.358	0.229
Diagnostic odds ratio	47.656	28.000

得注意的是,按照本研究的目的,如果在高危患者中舍弃SB,有可能导致靶向病灶外更高级别的肿瘤组织漏诊,从而导致术后格里森评分升级,这也是未来研究的方向。此外,可预见的是,人工智能等新兴技术会进一步提高PCa穿刺前预测和诊断的效率。例如基于人工智能技术整合影像组学和病理组学等多模态信息,通过大量数据高强度标记病灶,提升对PCa病灶特征的解析能力,从而对可疑PCa病灶进行穿刺前诊断,这很可能成为PCa早期筛查的新路径^[24-28]。

本研究通过分析训练集中的患者数据构建了针对高危PCa患者TB病理诊断的预测模型,并通过



A-F: Distribution intervals for each coefficient of the Bootstrap(500 times)sample set model. (A: intercept ; B: age; C: histological score; D: lesion; E: PI-RADS score; F: PSAD). G: AUC means and confidence intervals for the Bootstrap sample set model.

图3 Bootstrap方法验证预测模型稳健性

Figure 3 Bootstrap method to validate the robustness of the prediction model

验证集患者数据验证了其具有良好的诊断预测效能。在前列腺穿刺前应用该预测模型能筛选出可以免除SB只进行TB的高危PCa患者,能够在保持良好PCa诊断效率的同时减少穿刺数,从而减少出血、感染等穿刺并发症,节约医疗资源。

利益冲突声明:

所有作者声明无利益冲突。

Conflict of Interests:

The authors declared no competing interests.

作者贡献声明:

钱哲、臧攀和王宇昊完成数据收集;李杰提供理论指导;

梁超和丁磊参与本文的审核和修改;钱哲对数据进行分析并撰写了本文。

Author's Contributions:

QIAN Zhe, ZANG Pan and WANG Yuhao collected the data; LI Jie provided theoretical guidance; LIANG Chao and DING Lei were involved in reviewing and revising this paper; QIAN Zhe analyzed the data and wrote the paper.

[参考文献]

- [1] WANG F Q, WANG C C, XIA H F, et al. Burden of prostate cancer in China, 1990-2019: findings from the 2019 global burden of disease study[J]. *Front Endocrinol(Lausanne)*, 2022, 13: 853623
- [2] FERNANDES M C, YILDIRIM O, WOO S, et al. The role of MRI in prostate cancer: current and future directions[J]. *MAGMA*, 2022, 35(4): 503-521
- [3] O'SHEA A, HARISINGHANI M. PI-RADS: Multiparametric MRI in prostate cancer[J]. *Magn Reson Mater Phys Biol Med*, 2022, 35(4): 523-532
- [4] SONG G, RUAN M J, WANG H, et al. How many targeted biopsy cores are needed for clinically significant prostate cancer detection during transperineal magnetic resonance imaging ultrasound fusion biopsy?[J]. *J Urol*, 2020, 204(6): 1202-1208
- [5] AHMED H U, BOSAILY A E, BROWN L C, et al. Diagnostic accuracy of multi-parametric MRI and TRUS biopsy in prostate cancer (PROMIS): a paired validating confirmatory study[J]. *Lancet*, 2017, 389(10071): 815-822
- [6] KASIVISVANATHAN V, RANNIKKO A S, BORGHI M, et al. MRI-targeted or standard biopsy for prostate-cancer diagnosis[J]. *N Engl J Med*, 2018, 378(19): 1767-1777
- [7] WEN J, TANG T T, JI Y G, et al. PI-RADS v2.1 combined with prostate-specific antigen density for detection of prostate cancer in peripheral zone[J]. *Front Oncol*, 2022, 12: 861928
- [8] HUANG J Q, HE C, XU P R, et al. Development and validation of a clinical-radiomics model for prediction of prostate cancer: a multicenter study[J]. *World J Urol*, 2024, 42(1): 275
- [9] MEYER A R, MAMAWALA M, WINOKER J S, et al. Transperineal prostate biopsy improves the detection of clinically significant prostate cancer among men on active surveillance[J]. *J Urol*, 2021, 205(4): 1069-1074
- [10] CONNOR M J, ELDRED-EVANS D, VAN SON M, et al. A multicenter study of the clinical utility of nontargeted systematic transperineal prostate biopsies in patients undergoing pre-biopsy multiparametric magnetic resonance imaging[J]. *J Urol*, 2020, 204(6): 1195-1201
- [11] MAI Z P, YAN W G, ZHOU Y, et al. Transperineal template-guided prostate biopsy: 10 years of experience[J]. *BJU Int*, 2016, 117(3): 424-429
- [12] DONG J X, ZHAO X H, WANG Y, et al. Evaluation on diagnostic value of ultrasonic elastography parameters and serum testosterone in the diagnosis of prostate cancer[J]. *Arch Esp Urol*, 2023, 76(9): 674-679
- [13] GIROMETTI R, GIANNARINI G, PERUZZI V, et al. MRI-informed prostate biopsy: what the radiologist should know on quality in biopsy planning and biopsy acquisition[J]. *Eur J Radiol*, 2023, 164: 110852
- [14] AHDOOT M, WILBUR A R, REESE S E, et al. MRI-targeted, systematic, and combined biopsy for prostate cancer diagnosis[J]. *N Engl J Med*, 2020, 382(10): 917-928
- [15] ZLOTTA A R, EGAWA S, PUSHKAR D, et al. Prevalence of prostate cancer on autopsy: cross-sectional study on unscreened Caucasian and Asian men[J]. *J Natl Cancer Inst*, 2013, 105(14): 1050-1058
- [16] GE Q Y, ZHANG S C, XU H W, et al. Development and validation of a novel nomogram predicting clinically significant prostate cancer in biopsy-naive men based on multi-institutional analysis[J]. *Cancer Med*, 2023, 12(24): 21820-21829
- [17] FUKUI Y D, YAMADA Y, SAKAMOTO S, et al. Preoperative PI-RADS v2.1 scoring system improves risk classification in patients undergoing radical prostatectomy[J]. *Anticancer Res*, 2023, 43(12): 5705-5712
- [18] GOMEZ-GOMEZ E, MORENO S S, VALERO-ROSA J, et al. Does adding standard systematic biopsy to targeted prostate biopsy in PI-RADS 3 to 5 lesions enhance the detection of clinically significant prostate cancer? Should all patients with PI-RADS 3 undergo targeted biopsy?[J]. *Diagnostics(Basel)*, 2021, 11(8): 1335
- [19] YU X D, LIU R J, SONG L Y, et al. Differences in the pathogenetic characteristics of prostate cancer in the transitional and peripheral zones and the possible molecular biological mechanisms[J]. *Front Oncol*, 2023, 13: 1165732
- [20] PORPIGLIA F, CHECCUCCI E, DE CILLIS S, et al. A prospective randomized controlled trial comparing target prostate biopsy alone approach vs. target plus standard in naïve patients with positive mpMRI[J]. *Minerva Urol Nephrol*, 2023, 75(1): 31-41
- [21] LACSON R, HAJ-MIRZAIAN A, BURK K, et al. A model for predicting clinically significant prostate cancer using prostate MRI and risk factors[J]. *J Am Coll Radiol*, 2024, 21(9): 1419-1427
- [22] ZHAO W J, HOU M Y, WANG J, et al. Interpretable machine learning model for predicting clinically significant

(下转第1210页)

- Surg Oncol, 2022, 20: 289
- [53] WANG Y, LU J, CHONG X, et al. PD-1 antibody camrelizumab plus apatinib and SOX as first-line treatment in patients with AFP-producing gastric or gastro-esophageal junction adenocarcinoma (CAP 06): a multi-center, single-arm, phase 2 trial [J]. Signal Transduct Target Ther, 2025, 10: 100
- [54] DENG T, WANG F, ZHANG L, et al. Combinational zimberelimab plus lenvatinib and chemotherapy for alpha-fetoprotein elevated, advanced gastric cancer patients (AFP-GC): a phase 1 dose-escalation study [J]. Cancer Immunol Immunother, 2024, 73(8): 154
- [55] ZHAO J, LIN L, LUO Y, et al. Optimization of GPC3-specific chimeric antigen receptor structure and its effect on killing hepatocellular carcinoma cells [J]. Bioengineered, 2021, 12(1): 3674-3683
- [56] 刘莉, 罗丹. GPC3-CAR-T疗法干预甲胎蛋白阳性胃癌的体外研究 [J]. 现代免疫学, 2022, 42(1): 25-30
- LIU L, LUO D. *In vitro* study on the intervention of alpha-fetoprotein producing gastric carcinoma with GPC3-CAR-T therapy [J]. Current Immunology, 2022, 42(1): 25-30
- [57] SAHIN U, TÜRECI Ö, MANIKHAS G, et al. FAST: a randomised phase II study of zolbetuximab (IMAB362) plus EOX versus EOX alone for first-line treatment of advanced CLDN18.2-positive gastric and gastro-oesophageal adenocarcinoma [J]. Ann Oncol, 2021, 32(5): 609-619
- [58] LIU S, ZHANG Z, JIANG L, et al. Claudin-18.2 mediated interaction of gastric cancer cells and cancer-associated fibroblasts drives tumor progression [J]. Cell Commun Signal, 2024, 22: 27
- [59] MEYER T, SANGRO B, MAHIPAL A, et al. Updated data from an ongoing study with ADP-A2AFP spear T-cells [J]. J Hepatol, 2020, 73: S910-S911
- [收稿日期] 2025-04-13
(本文编辑: 唐震)

(上接第 1193 页)

- prostate cancer: integrating intratumoral and peritumoral radiomics with clinical and metabolic features [J]. BMC Med Imaging, 2024, 24(1): 353
- [23] THOMAS J, ATLURI S, ZUCKER I, et al. A multi-institutional study of 1 111 men with 4K score, multiparametric magnetic resonance imaging, and prostate biopsy [J]. Urol Oncol Semin Orig Investig, 2023, 41(10): 430. e9-430. e16
- [24] ZHOU C, ZHANG Y F, GUO S, et al. Multimodal data integration for predicting progression risk in castration-resistant prostate cancer using deep learning: a multicenter retrospective study [J]. Front Oncol, 2024, 14: 1287995
- [25] GUERRA A, WANG H, ORTON M R, et al. Prediction of extracapsular extension of prostate cancer by MRI radiomic signature: a systematic review [J]. Insights Imaging, 2024, 15(1): 217
- [26] ZHANG Y F, ZHOU C, GUO S, et al. Deep learning algorithm-based multimodal MRI radiomics and pathomics data improve prediction of bone metastases in primary prostate cancer [J]. J Cancer Res Clin Oncol, 2024, 150(2): 78
- [27] HU C H, QIAO X M, HUANG R P, et al. Development and validation of a multimodality model based on whole-slide imaging and biparametric MRI for predicting postoperative biochemical recurrence in prostate cancer [J]. Radiol Imaging Cancer, 2024, 6(3): e230143
- [28] NING J, SPIELVOGEL C P, HABERL D, et al. A novel assessment of whole-mount Gleason grading in prostate cancer to identify candidates for radical prostatectomy: a machine learning-based multiomics study [J]. Theranostics, 2024, 14(12): 4570-4581
- [收稿日期] 2025-03-01
(本文编辑: 陈汐敏)