

## 论 著 · 腹部

## 基于多参数MRI及临床指标的前列腺癌风险预测模型建立及其与PI-RADS的比较\*

陈艾琪 陈守康 杜小萌  
王月燕 李 陆 周牧野  
马宣传\*

蚌埠医科大学第一附属医院放射科  
(安徽 蚌埠 233000)

**【摘要】目的** 利用多参数MRI(multiparametric MRI, mp-MRI)及临床指标建立前列腺癌(prostate cancer, PCa)风险预测模型, 并与前列腺影像报告和数据系统(prostate imaging reporting and data system, PI-RADS)评分比较, 通过该模型早期预测前列腺癌的风险性, 使低风险的患者避免不必要的活检损伤。**方法** 回顾性分析156例患者的mp-MRI资料和临床资料。收集内容包括年龄、总前列腺特异性抗原(total prostate-specific antigen, tPSA)、游离前列腺特异性抗原(free prostate-specific antigen, fPSA)、前列腺体积(prostate volume, PV)、前列腺特异性抗原密度(prostate-specific antigen density, PSAD)、碱性磷酸酶(alkaline phosphatase, ALP)、血清钙(calcium, Ca)、血清磷(phosphorus, P)、表观扩散系数(apparent diffusion coefficient, ADC)和时间-强度曲线(time-intensity curve, TIC)。所有病例均按照PI-RADS v2评分。运用Logistic回归进行单因素及多因素分析并建立PCa列线图模型。使用校准曲线检测模型校准度。用受试者工作特征曲线(receiver operating characteristic, ROC)分别分析患者 PI-RADS v2评分及列线图模型的诊断效能。最终按照临床决策曲线对比此模型与PI-RADS的临床净收益。**结果** 单因素及多因素分析结果显示ADC、TIC及PSAD有统计学意义( $P<0.05$ ), 将其纳入PCa风险预测模型中。校准曲线的结果表明, 训练集H-L的拟合优度 $P=0.994$ , 测试集H-L的拟合优度 $P=0.845$ , 表明此模型校准度良好。临床决策曲线显示预测PCa列线图模型临床净收益高于PI-RADS, 具有更高的临床价值。**结论** 多参数磁共振结合临床指标所建立的风险预测模型临床净收益优于PI-RADS评分, 可协助临床医生更好地提高PCa诊断效率, 选择最佳的临床治疗方式, 对其早期诊断及临床治疗方式的选择具有一定价值。

**【关键词】** 前列腺癌; 多参数磁共振成像; 列线图; 风险预测

**【中图分类号】** R737.25

**【文献标识码】** A

**【基金项目】** 蚌埠医学院自然科学

重点项目(2022byzd063)

DOI:10.3969/j.issn.1672-5131.2025.10.039

## Establishment of Prostate Cancer Risk Prediction Model Based on Multiparametric MRI Parameters and Clinical Characteristics and Its Comparison with PI-RADS\*

CHEN Ai-qi, CHEN Shou-kang, DU Xiao-meng, WANG Yue-yan, LI Lu, ZHOU Mu-ye, MA Yi-chuan\*. Department of Radiology, the First Affiliated Hospital of Bengbu Medical University, Bengbu 233000, Anhui Province, China

## ABSTRACT

**Objective** To develop a prostate cancer risk prediction model with combined multiparametric magnetic resonance imaging and clinical characteristics and compare it with prostate imaging reporting and data system version 2 standard to predict the risk of PCa. The low-risk patients can avoid unnecessary biopsy injury. **Methods** mp-MRI and clinical data of 156 patients were retrospectively analyzed. Age, total prostate specific antigen, free prostate specific antigen, prostate volume, prostate specific antigen density, alkaline phosphatase, serum calcium, serum phosphorus, apparent diffusion coefficient and time-intensity curve were collected. All cases were scored according to the PI-RADS V2. Logistic regression was used for univariate analysis and multivariate analysis. The selected various indicators were used to establish a nomogram model for predicting PCa. Calibration curve was used to detect the model calibration. Receiver operating characteristic curve was used to analyze the score of PI-RADS and the diagnostic efficiency of the model. Then, the clinical net benefits of this model and PI-RADS were compared according to the clinical decision curve. **Results** Univariate and multivariate analysis showed that ADC, TIC and PSAD were statistically significant ( $P<0.05$ ). They were included in the model. The results of calibration curve show that the goodness of fit of training set H-L is  $P=0.994$ , and that of test set H-L is  $P=0.845$ , indicating that calibration is good. The clinical decision curve showed that the clinical net income of the model was higher than that of PI-RADS. **Conclusion** The clinical net profit of the model is better than PI-RADS v2 standard. It can help clinicians to improve the diagnosis efficiency of PCa and select the best clinical treatment method. It has certain value for the early diagnosis and the choice of clinical treatment.

**Keywords:** Prostate Cancer; Multiparametric MRI; Nomogram; Risk Diagnosis

前列腺癌(PCa)是一种严重危害人类健康的恶性肿瘤, 其发病率高达26%, 死亡率高达11%<sup>[1]</sup>。PCa恶性程度高, 易发生骨转移, 是制约其预后的重要因素<sup>[2]</sup>。所以, 对肿瘤进行精准的诊断与干预, 对于患者的预后十分关键。当前, 前列腺组织病理检查为诊断PCa的黄金标准<sup>[3]</sup>。实验室和影像学都是需要做的辅助检查。在实验室检测中, PSA被普遍应用于男性PCa的筛选, 但其特异性较差。前期研究发现, 单纯应用 PSA检测PCa有一定的局限性, 易造成“过”的结果<sup>[4]</sup>。为此, 我们建议采用 PSAD。PI-RADS v2可清楚地反映前列腺的解剖结构、周围组织形态和淋巴结转移, 是目前最有效的方法<sup>[5]</sup>。目前, PI-RADS分数偏低( $<3$ )、PSA高于阈值的病例并不少见, 且无定量危险程度, 给该类病人的诊疗决策带来了一定难度。但该方法具有运算速度快、直观、易于理解等特点, 在临床上依然得到了普遍应用。PI-RADS v2分级体系在评估疾病进展中有重要意义, 但因其纳入的评价指标较少, 未能对其进行深入研究。所以, 在实际工作中, 往往会发现分数与病理学检查的结果不一致<sup>[6]</sup>。

本研究拟通过对156例PCa病例的影像学和临床特征的分析, 构建PCa危险度评估模型, 并与PI-RADS量表进行对比分析。本研究将为 PCa的早期预警和诊疗方案的制定奠定基础, 减少对低危病人的手术伤害。

## 1 资料与方法

## 1.1 研究对象及分组 对2018年12月至2023年10月住院的疑似PCa病例进行回顾性研究。

入选条件: (1)术前磁共振图像完备; (2)前列腺mp-MRI按照PI-RADSv2规范<sup>[5]</sup>进行; (3)临床指标完备; (4)病理学诊断为前列腺癌; (5)具有PI-RADS得分。排除条件: (1)TRUS引导下活检术的禁忌; (2)接受过新辅助化疗的患者; (3)磁共振成像存在假像, 或者在扫描区成像品质较低; (4)一星期以内做过直肠指检并插管的病人。

起初有232例病人入选, 经过入选和排除条件的筛查, 156例被纳入研究, 其中 86例为前列腺癌, 70例为良性病变。

## 1.2 检查方法

1.2.1 扫描方法及参数 本研究使用荷兰飞利浦公司生产的PHILIPS Achieva 3.0T磁共振影像设备, 并对受试者进行了仰卧位扫描前评估。扫描范围头至精囊, 底至前列腺底区。

采用横断面T1加权成像, T2加权(横断位、冠状位、矢状位)联合横断面DWI及DCE成像(图1)。在DWI影像上分别取0、800、1400s/mm<sup>2</sup>的b值, 并在此基础上产生0及800s/mm<sup>2</sup>的ADC图。横断面DCE成像造影剂为钆喷酸二葡萄糖单剂量(中国, 北京北陆), 速度: 3mL/s, 采集时间: 给药前、中、后。(图1)

**【第一作者】** 陈艾琪, 女, 初级医师, 主要研究方向: 腹部影像诊断。E-mail: aaaaqichen@163.com

**【通讯作者】** 马宣传, 男, 主任医师, 主要研究方向: 胸部影像诊断。E-mail: 57688754@qq.com

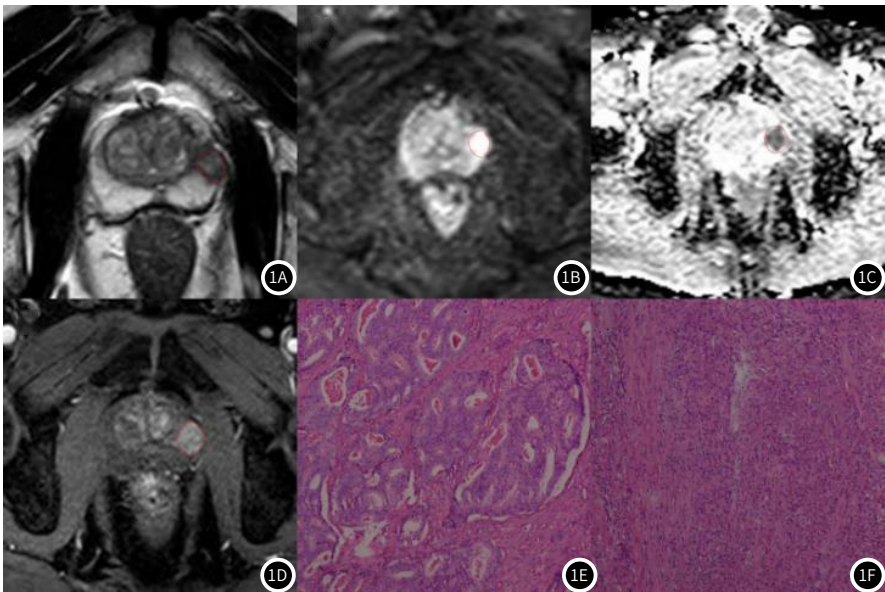


图1 男，66岁，左侧外周带PCa：tPSA为17.38 ng/mL，fPSA为2.86 ng/mL，PV为51.25 mL，PSAD为0.34ng/mL。(1A)横轴位T2WI显示左外周区低信号；(1B)DWI为高信号，弥散受限；(1C)ADC图像为低信号；(1D)DCE图像显示明显强化；(1E)前列腺切除标本的苏木精和伊红切片(HE×200)：病变具有代表性的筛状形态；(1F)前列腺切除标本中的苏木精和伊红切片(HE×200)：腺泡融合成片状。在相应的MRI图像上用实线勾勒出病变。

1.2.2 临床资料 包括血清学检查及图像计算：

(1)血清学检查包括血清总PSA、fPSA、PSAD、碱性磷酸酶、钙和磷指数：采集过程为患者于清晨空腹时抽取3毫升血清样本，采用美国罗氏试剂测定相关指标。

(2)图像计算包括PV和PSAD的测量及计算：采用椭球方程(PV=D1×D2×D3×0.52，其中D1、D2和D3是椭球在轴位、冠状位和矢状面三个方位的直径)<sup>[7]</sup>进行PV计算。然后按照PSAD=tPSA/PV，进行进一步计算。

1.3 图像观察与分析 选取病灶最大的部位作为目标，在20到30cm<sup>2</sup>的范围内画出兴趣区。以下后处理是在mp-MRI扫描数据的基础上完成的：

(1) ADC：利用 PHILIPS EWS平台，将DWI采集到的原始数据输入到计算机中，实现对 DWI成像的重建，同时避开尿路、出血、坏死和钙化等扰动区域。在此基础上，我们设计了一套完整的等位感兴趣区域(b=800 s/mm<sup>2</sup>)，分别进行5次检测，求出 ADC值。

(2) TIC：将采集到的DCE-MRI资料导入 PHILIPS EWS工作站，进行 ROI的提取。选取病灶明显增强区内最大范围的水平轮廓线。在测定时，尽量避开上面的面积。利用感兴趣区域得到TIC曲线。曲线可分为 I 型、II 型和III型，其中 I 型曲线上升速度较慢；II 型：在达到高峰后，基本保持不变；III型：曲线由低到高，再由高到低。

(3) PI-RADS：由两位影像医师分别对PI-RADS进行评价，他

们都有5年以上的影像学诊断经验。然后对每个T2WI、DWI、DCE序列分别进行评价，最后计算得分。若病变不止一处，则取其中最大者为宜。如未能取得一致意见，则由第三方给出最终意见。

1.4 统计学方法 利用 R3.5.2(Vienna, Austria)进行统计学处理，按70%的资料作为训练组，其余的30%做为测试组进行分析。所有数据分类为计量资料及计数资料两大类。其中，计量资料采用均数±标准差表示，采用 t检验分析符合正态分布的数据；若数据不符合正态分布时，并以秩和检验进行处理。计数资料进行卡方检验进行比较，采用逻辑回归方法，对训练组各指标进行了单因素分析，P<0.05认为有统计学意义。采用VIF对数据进行共线性分析，当 VIF大于5时，则表示为共线性。经检验，发现共线性较低者，进行多因素分析，且P<0.05认为有统计学意义。使用所选择的参数，构建了PCa nomogram。采用ROC曲线、校准曲线、临床决策曲线进一步分析模型。

2 结 果

2.1 前列腺癌风险预测模型训练组及测试组一般性参数比较 本组病例中70例为良性，86例为PCa。良性病灶TIC曲线以 I、II 型曲线为主，而PCa以III型曲线为主。在PI-RADS得分中，良性病灶最高分数为3；PCa的PI-RADS得分则在4分或5分之间。实验对象按照7：3的比例分成两组，分别为训练组、测试组。表1列出了两个组别的基本资料，且无统计学差异。

| 表1 前列腺癌风险预测模型训练组及测试组一般性参数比较 |     |              |              |       |
|-----------------------------|-----|--------------|--------------|-------|
| 项目                          | 分组  | 前列腺病变        |              | P     |
|                             |     | 训练组(n=109)   | 测试组(n=47)    |       |
| 分类                          | 良性  | 49(45.0)     | 21(44.7)     | 0.975 |
|                             | 恶性  | 60(55.0)     | 26(55.3)     |       |
| TIC 曲线(%)                   | I   | 18(16.5)     | 12(25.5)     | 0.246 |
|                             | II  | 38(34.9)     | 11(23.4)     |       |
|                             | III | 53(48.6)     | 24(51.1)     |       |
| PI-RADS (%)                 | 2   | 0(0)         | 1(2.1)       | 0.182 |
|                             | 3   | 45(41.3)     | 17(36.2)     |       |
|                             | 4   | 35(32.1)     | 11(23.4)     |       |
|                             | 5   | 29(26.6)     | 18(38.3)     |       |
| 年龄(中位数±四分位)                 | -   | 70.394±8.445 | 71.681±8.183 | 0.426 |
| ADC(中位数±四分位)                | -   | 0.966±0.381  | 1.030±0.423  | 0.461 |

| 表2 前列腺癌风险预测模型单因素Logistic回归分析 |     |               |                |       |        |
|------------------------------|-----|---------------|----------------|-------|--------|
| 项目                           | 分组  | 前列腺病变         |                | z     | P      |
|                              |     | 良性(n=49)      | 恶性(n=60)       |       |        |
| TIC曲线(%)                     | I   | 14(28.6)      | 4(6.7)         | 5.74  | 0.000  |
|                              | II  | 33(67.3)      | 5(8.3)         |       |        |
|                              | III | 2(4.1)        | 51(85.0)       |       |        |
| PIRADS(%)                    | 2   | 0(0)          | 0(0)           | -     | -      |
|                              | 3   | 41(83.7)      | 4(6.7)         |       |        |
|                              | 4   | 7(14.3)       | 28(46.7)       |       |        |
|                              | 5   | 1(2.0)        | 28(46.7)       |       |        |
| 年龄(中位数±四分位)                  | -   | 69.408±9.018  | 71.200±7.931   | 1.1   | 0.2718 |
| ADC(中位数±四分位)                 | -   | 1.297±0.288   | 0.695±0.179    | -4.69 | 0.000  |
| PV(中位数±四分位)                  | -   | 71.655±35.914 | 51.181±22.122  | -3.21 | 0.0013 |
| tPSA(中位数±四分位)                | -   | 9.582±7.827   | 96.849±156.917 | 3.99  | 0.000  |

|               |   |                |                 |       |
|---------------|---|----------------|-----------------|-------|
| PV(中位数±四分位)   | - | 60.385±30.746  | 56.370±39.247   | 0.113 |
| tPSA(中位数±四分位) | - | 57.619±124.018 | 103.100±288.868 | 0.906 |
| fPSA(中位数±四分位) | - | 9.099±23.308   | 11.344±25.352   | 0.427 |
| PSAD(中位数±四分位) | - | 1.340±3.638    | 2.148±5.112     | 0.482 |
| P(中位数±四分位)    | - | 0.964±0.209    | 0.998±0.150     | 0.184 |
| Ca(中位数±四分位)   | - | 2.228±0.146    | 2.207±0.134     | 0.662 |
| ALP(中位数±四分位)  | - | 86.220±99.709  | 99.191±98.129   | 0.111 |

|               |   |               |                 |      |        |
|---------------|---|---------------|-----------------|------|--------|
| fPSA(中位数±四分位) | - | 1.659±0.898   | 15.175±30.171   | 3.6  | 0.0003 |
| PSAD(中位数±四分位) | - | 0.167±0.171   | 2.298±4.705     | 4.03 | 0.000  |
| P(中位数±四分位)    | - | 0.942±0.220   | 0.982±0.199     | 0.98 | 0.3287 |
| Ca(中位数±四分位)   | - | 2.223±0.142   | 2.231±0.150     | 0.29 | 0.7716 |
| ALP(中位数±四分位)  | - | 65.449±19.326 | 103.183±131.316 | 2.22 | 0.0267 |

**2.2 前列腺癌风险预测模型单因素Logistic回归分析** 单因素分析筛选出的参数为ADC、TIC、PV、tPSA、fPSA、PSAD和ALP，进一步进行共线性测试，最终纳入ADC、TIC和PSAD三个指标。(表2、3)

**2.3 前列腺癌风险预测模型多因素Logistic回归分析** 将单因素分析最终纳入的参数进一步进行多因素分析，所得结果为独立危险因素，分别为ADC、TIC和PSAD。(表4)

表4 前列腺癌风险预测模型多因素Logistic回归分析

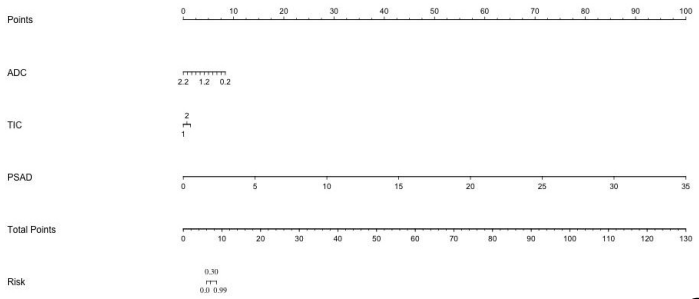
| 项目   | B       | S.E.  | Wald  | P     | OR     | OR95%CI     |             |
|------|---------|-------|-------|-------|--------|-------------|-------------|
|      |         |       |       |       |        | lower limit | upper limit |
| ADC  | -11.049 | 3.301 | -3.35 | 0.001 | 0.002  | 0.000       | 0.078       |
| TIC  | 1.907   | 0.816 | 2.34  | 0.019 | 45.374 | 1.848       | 1113.9      |
| PSAD | 7.551   | 3.208 | 2.35  | 0.018 | 3818   | 3.977       | 3665000     |

表3 前列腺癌风险预测模型共线性分析

| 特征 | ADC       | TIC      | PV        | tPSA       | fPSA      | PSAD       | ALP       |
|----|-----------|----------|-----------|------------|-----------|------------|-----------|
| 1  | 18.548211 | 9.920497 | 11.559973 | 375.654429 | 89.208343 | 198.865192 | 11.273455 |
| 2  | 4.376095  | 1.442701 | 1.913849  | 8.209709   | NA        | NA         | 2.223393  |
| 3  | 10.510342 | 1.605071 | 2.173378  | NA         | 12.820445 | NA         | 1.818609  |
| 4  | 1.917107  | 1.393645 | 1.405873  | NA         | NA        | 2.201863   | 1.053805  |
| 5  | 22.677716 | 8.484961 | 3.047037  | NA         | 32.514834 | 10.461497  | 12.069070 |
| 6  | 9.479546  | 2.068355 | 4.398696  | 43.115380  | NA        | 14.137266  | 3.749438  |
| 7  | 17.549574 | 5.669529 | 3.944478  | 17.617193  | 18.839274 | NA         | 9.591308  |

**2.4 前列腺癌风险预测列线图及校准曲线** 根据多因素分析结果，将ADC、TIC及PSAD纳入预测PCa列线图。训练集H-L的拟合优度为p=0.994，测试集H-L的拟合优度为P=0.845，均P>0.05，表明模型校准良好。(图2)

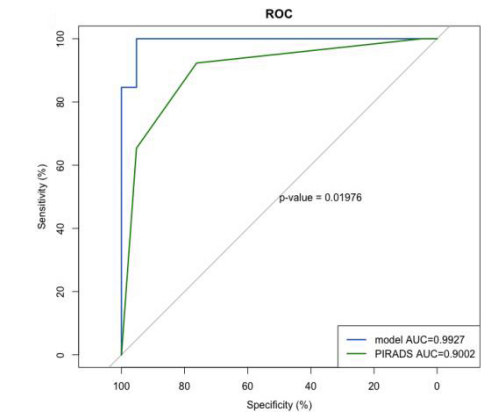
**2.5 前列腺癌风险预测模型ROC曲线及临床决策曲线** ROC曲线下面积的结果显示，在PCa预测方面，列线图模型的诊断效能更高，对前列腺癌的预测效果显著好于PI-RADS。其曲线下面积达到0.99和0.90。临床决策曲线显示，该模型与PI-RADS方法相比，在预测效果上更具优势(图3)。



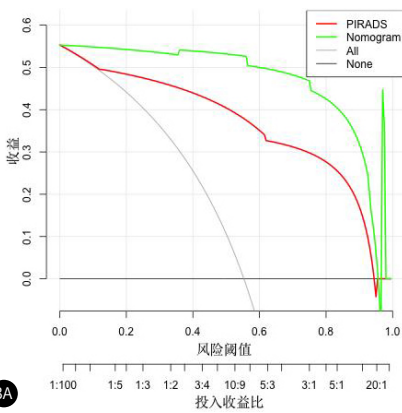
2A

2B

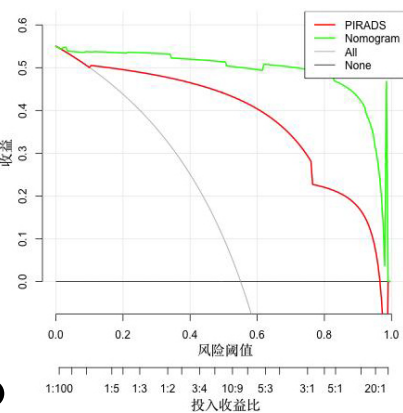
2C



3A



3B



3C

**图2** PCa风险预测列线图(2A)和校准曲线(2B、2C)；(2A)包括ADC、TIC和PSAD在内的PCa风险列线图。(2B、2C)训练组和测试组的校准曲线，45°灰色线表示理想预测性能，黑色虚线表示列线图的预测性能，黑色实线代表偏差校正。虚线越接近灰线，列线图的预测精度就越好。  
**图3** (3A)ROC曲线分析列线图模型和PI-RADS在鉴别中的表现；训练组(3B)和测试组(3C)列线图的临床决策曲线显示出较高的净收益。



### 3 讨论

在前人研究的基础上,我们采用单、多因素 Logistic回归、列线图等方法,结合磁共振成像和临床指标,构建并验证 PCa 预测模型建立的可行性。最终筛选出ADC, TIC, PSAD三项评估参数。尽管TIC曲线已不包含于PI-RADS的临床应用准则中,但是仍然可以考虑它的统计学意义。

PCa预测模型并不少见,常见的包括北美前列腺癌预防试验风险计算器(PCPT-CRC),蒙特利尔(加拿大)模型和鹿特丹前列腺癌研究基金会风险计算器(SWOP-RCI)<sup>[8]</sup>。但以上预测模型均基于国外实验数据建立,以往研究<sup>[9]</sup>曾将SWOP模型在中国进行实践,虽取得了一定的效果(判定率达65.3%),但其判定参数大多基于临床参数,忽略了影像参数的潜在能力,尤其是mp-MRI参数,其多用于PI-RADS v2评分系统(曲线下面积达0.79)<sup>[10]</sup>,但同时,该评分又缺少了临床指标的支撑。综上所述导致以上模型的局限性<sup>[11]</sup>。PSAD是PSA的衍生物,创新性的将前列腺体积纳入指标的分析中。Jue<sup>[12]</sup>通过对比PSA>10 ng/mL的患者的研究结果发现,PSAD模型AUC值(0.84)明显高于PSA(0.65)。这与本研究一致。以往<sup>[13]</sup>研究的列线图显示PSAD阈值与本研究稍有不同,分析数据后发现这可能与过高的tPSA值相关。同时,临床高度提示此类患者骨转移风险,这与文献一致<sup>[14]</sup>。

与PI-RADS法相比,列线图模型对PCa发病的危险性有更高的预测价值,与已发表的研究<sup>[15-16]</sup>相符合。但值得注意的是,本研究中AUC值高于其它研究<sup>[17]</sup>。这也许与该研究样本数量不足、被纳入研究的病人的年龄更高相关。与其它研究模式比较,张<sup>[15]</sup>的结论和我们的结论是吻合的。而陈泽谷<sup>[18]</sup>等的研究表明4分为鉴别具有临床意义的PCa的分界,有助于对PCa诊断及预后的监测,具有一定的提示意义。

尽管先前的研究表明PV是PCa的重要预测因子,但它们不包括在本研究中<sup>[7,16]</sup>。既往的研究多采用椭球体方程进行前列腺体积的估算,该方法受主观的制约,存在一定的误差。在以后的研究中,我们会随着样本的增加而进一步进行研究。直肠指检指标和PV类似,都具有一定的主观性。前期研究发现,MGMTTrs12917多态性可以作为PCa早期预警及早期筛查的提示因素<sup>[19]</sup>,但目前分子标志物检测方法尚不广泛。有研究<sup>[20]</sup>将影像参数角度扩展至ADC比值,鲁果果<sup>[21]</sup>等人的研究发现,DWI、DCE在鉴别前列腺癌与前列腺增生症时具备了一定的临床价值,叶瑞婷<sup>[22]</sup>等人则将研究角度扩展至T2WI纹理分析,利用其联合PI-RADS,一定程度上佐证了影像参数的可靠性。

这项研究有其不足之处。第一,因为本研究为回顾性研究,所以结论有一定的偏向性。第二,所选病例的样本数较少,因而在一定程度上制约了该方法的普适性。今后还需开展更大型的、前瞻性的研究。

### 参考文献

- [1] Siegel RL, Miller KD, Fuchs HE, et al. Cancer statistics, 2021[J]. CA Cancer J Clin, 2021, 71 (1): 7-33.
- [2] Yang C, Qi GS, Rong RM, et al. Clinical features and treatment strategies for older prostate cancer patients with bone metastasis[J]. Asian J Androl, 2013, 15: 759-763.
- [3] Gao X. Prostate puncture expert consensus[J]. Chinese J Urol, 2016, 37 (4): 241-244.
- [4] Schroder FH, Hugosson J, Roobol MJ, et al. Screening and prostate cancer mortality: results of the European Randomized Study of Screening for Prostate Cancer (ERSPC) at 13 years of follow-up[J]. Lancet, 2014, 384 (9959): 2027-2035.

- [5] Weinreb JC, Barentsz JO, Choyke PL, et al. PI-RADS Prostate Imaging Reporting and Data System: 2015, Version 2[J]. Eur Urol, 2016, 69: 16-40.
- [6] Ahmed F, Shelley S, Trafford C, et al. The role of mpMRI and PSA density in patients with an initial negative prostatic biopsy[J]. World J Urol, 2018, 36 (12): 2021-2025.
- [7] Huang C, Song G, Wang H, et al. Multiparametric magnetic resonance imaging-based nomogram for predicting prostate cancer and clinically significant prostate cancer in men undergoing repeat prostate biopsy[J]. Biomed Res Int, 2018, 2018 (9): 1-10.
- [8] Ouzaid I, Yates DR, Hupertan V, et al. A direct comparison of the diagnostic accuracy of three prostate cancer nomograms designed to predict the likelihood of a positive initial transrectal biopsy[J]. The Prostate, 2011, 72: 1200-1206.
- [9] 朱晓东, 郑安, 王芝千, 等. 鹿特丹前列腺癌研究基金会风险计算器在中国前列腺癌风险人群中的应用研究[J]. 中华男科学杂志, 2021, 27 (2): 180-183.
- [10] Park SY, Jung DC, Oh YT, et al. Prostate Cancer: PI-RADS version 2 helps preoperatively predict clinically significant cancers[J]. Radiol, 2016, 280 (1): 108-116.
- [11] Stewart RW, Lizama S, Peairs K, et al. Screening for prostate cancer[J]. Semin Oncol, 2017, 44 (1): 47-56.
- [12] Jue JS, Barboza MP, Prakash NS, et al. Re-examining PSA density: defining the optimal PSA range and patients for using PSA density to predict prostate cancer using extended template biopsy[J]. Urol, 2017, 105 (01): 123-128.
- [13] Gao J, Zhang Q, Fu Y, et al. Combined clinical characteristics and multiparametric MRI parameters for prediction of cribriform morphology in intermediate risk prostate cancer patients[J]. Urol Oncol, 2020, 38 (4): 216-224.
- [14] Edge SB, Compton CC. The American joint committee on cancer: the 7th edition of the AJCC cancer staging manual and the future of TNM[J]. Ann Surg Oncol, 2010, 17 (6): 1471-1474.
- [15] Zhang YY, Zhu GQ, Zhao WL, et al. A PI-RADS-based new nomogram for predicting clinically significant prostate cancer: a cohort study[J]. Cancer Management and Research, 2020, 2020 (12): 3631-3641.
- [16] Boesen L, Thomsen FB, Norgaard N, et al. A predictive model based on biparametric magnetic resonance imaging and clinical parameters for improved risk assessment and selection of biopsy-naive men for prostate biopsies[J]. Prostate Cancer Prostatic Dis, 2019, 22 (4): 609-616.
- [17] Distler FA, Radtke JP, Bonekamp D, et al. The value of PSA density in combination with PI-RADS for the accuracy of prostate cancer prediction[J]. Urol, 2017, 198 (3): 575-582.
- [18] 陈泽谷, 白志明, 杨光, 等. PI-RADS v2.1在前列腺癌诊断中的临床应用价值[J]. 中国CT和MRI杂志, 2023, 21 (08): 114-117.
- [19] Zhang W, Liu M, Li Y, et al. The role of O6-methylguanine-DNA methyltransferase polymorphisms in prostate cancer susceptibility: a meta-analysis[J]. Pathol Oncol Res, 2020, 26 (6): 1201-1209.
- [20] 商书范, 王兴兴, 孙明霞, 等. PI-RADS V2.1联合ADC比值对前列腺显著癌诊断效能的评估[J]. 中国CT和MRI杂志, 2023, 21 (07): 133-135.
- [21] 鲁果果, 王轩轩, 马爱珍. DWI和DCE联合PSA检测对前列腺癌诊断价值研究[J]. 罕少疾病杂志, 2025, 32 (01): 113-115.
- [22] 叶瑞婷, 邹玉坚, 郑晓林, 等. MR-T2WI纹理分析对前列腺中央腺体低信号结节良恶性的鉴别[J]. 罕少疾病杂志, 2022, 29 (03): 71-74-84.

(收稿日期: 2024-07-16)

(校对编辑: 韩敏求、翁佳鸿)