

## 论 著

## 临床-影像组学-深度学习联合模型诊断临床显著性前列腺癌研究\*

曹昌浩 胡尘翰 包 婕  
罗天羿 王希明 乔晓梦\*苏州大学附属第一医院放射科  
(江苏 苏州 215006)

**【摘要】目的** 比较深度学习模型和影像组学模型对临床显著性前列腺癌(csPCa)的诊断效能,并结合临床信息、深度学习模型及影像组学模型构建融合模型,探讨融合模型在提升csPCa诊断效能方面的价值。**方法** 回顾性收集885例本院2016年1月至2022年3月行3.0 T MRI检查且经病理证实的前列腺疾病患者,将入组病例按照8:2比例随机划分为训练组(n=708)和测试组(n=177)。通过支持向量机开发影像组学模型,使用DenseNet网络构建深度学习模型,最后加入临床特征,采用逻辑回归构建临床-影像组学-深度学习融合模型(CRD模型)。采用受试者工作特征(ROC)曲线评价模型和临床特征的诊断效能。**结果** 在测试组中,影像组学模型和深度学习模型的AUC间差异无统计学意义(0.88比0.86,  $P=0.6$ )。CRD模型的AUC为0.92,高于影像组学模型、深度学习模型和RD模型(均 $P<0.05$ ),同时高于PSA(AUC=0.75,  $P<0.001$ )和高年资医师PI-RADS评分(AUC=0.87,  $P=0.03$ )。**结论** 影像组学模型和深度学习模型在诊断csPCa时效能相当。临床-影像组学-深度学习融合模型对csPCa诊断效能最高,优于经验丰富的高年资医师,有助于减少患者不必要的活检。

**【关键词】** 临床显著性前列腺癌; 影像组学; 深度学习; 磁共振成像

**【中图分类号】** R445.2

**【文献标识码】** A

**【基金项目】** 江苏省科教能力提升工程项目

(JSDW202242);

苏州市医疗卫生科技创新项目

(SKY2022003);

苏州市科教兴卫青年科技项目

(KJXW2023006);

苏州大学附属第一医院自然科学基金

博习培育计划项目(BXQN2023029)

DOI:10.3969/j.issn.1672-5131.2026.02.036

## The Value of Combined Clinical-Radiomics-Deep Learning Model for Diagnosis of Clinically Significant Prostate Cancer\*

CAO Chang-hao, HU Chen-han, BAO Jie, LUO Tian-yi, WANG Xi-ming, QIAO Xiao-meng\*

Department of Radiology, the First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou 215006, Jiangsu Province, China

## ABSTRACT

**Objective** To compare the diagnostic performance of deep learning model and radiomics model for clinically significant prostate cancer (csPCa) and to explore the value of mixed model combined clinical features, radiomics model and deep learning model in improving the diagnostic performance of csPCa. **Methods** A total of 885 patients with pathologically confirmed prostate diseases who underwent 3.0 T magnetic resonance imaging (MRI) examinations from January 2016 to March 2022 at our institution were collected retrospectively. The data set was randomly allocated into a training set (n=708) and a testing set (n=177) following an 8:2 proportion. The radiomics model was built using support vector machine, and the deep learning model was constructed using DenseNet. The combined clinical-radiomics-deep learning model (CRD model) was established by logistic regression. We employed the receiver operating characteristic (ROC) curve to assess the diagnostic effectiveness of the models and clinical variables. **Results** In the testing group, the AUCs of the radiomics model vs. the deep learning model were not significantly different (0.88 vs. 0.86,  $P=0.6$ ). The AUC of the CRD model was 0.92, which was higher than those of radiomics model, deep learning model and RD model (all  $P<0.05$ ). Moreover, the CRD model had higher AUC than PSA (AUC=0.75,  $P<0.001$ ) and PI-RADS score (AUC=0.87,  $P=0.03$ ). **Conclusion** Diagnostic performance of radiomics model and deep learning model was comparable for detection of csPCa. The mixed clinical-radiomics-deep learning model demonstrated the best diagnostic capabilities for csPCa and surpassed experienced radiologists, aiding in the reduction of unnecessary biopsies.

**Keywords:** Clinically Significant Prostate Cancer; Radiomics; Deep Learning; Magnetic Resonance Imaging

我国前列腺癌(Prostate cancer, PCa)的发生率正逐年攀升<sup>[1]</sup>。临床显著性前列腺癌(clinically significant prostate cancer, csPCa)进展迅速,应积极干预。近年来,剔除DCE的双参数MRI(bi-parametric MRI, bpMRI)成为研究热点,其诊断效能同多参数MRI(multi-parametric MRI, mpMRI)相当,且有耗时短、花费少及减少过敏等优势<sup>[2]</sup>。影像组学(radiomics)具备对医学影像数据进行量化特征提取及定量分析的能力<sup>[3]</sup>。深度学习(deep learning, DL)网络能自动学习更深层次的特征。影像组学和深度学习技术已广泛用于PCa诊断、分级及预后预测<sup>[4-6]</sup>。但影像组学和深度学习在csPCa诊断方面的对比研究较少,同时,融合两者有望进一步提高模型效能。因此,本研究拟建立基于bpMRI的影像组学模型和深度学习模型,比较两者对csPCa的诊断效能,并建立临床-影像组学-深度学习融合模型,探究融合模型对csPCa诊断效能的提升价值。

## 1 资料与方法

**1.1 一般资料** 回顾性收集2016年1月至2022年3月苏州大学附属第一医院因PSA升高或直肠指检阳性而疑诊PCa并行3.0 T前列腺MRI检查的患者。

纳入标准:(1)术前两周内行MRI检查;(2)临床资料及穿刺和/或手术病理资料完整;(3)MRI检查前未行前列腺相关治疗或手术(穿刺及化疗等)。排除标准:(1)图像质量较差或MRI序列不全;(2)MRI显示的病变位置不明确或肿瘤最大径小于5毫米。按8:2比例将入组患者划分为训练组(n=708)和测试组(n=177)。收集患者的年龄、PSA、Gleason评分(Gleason score, GS)和病灶位置。本研究经苏州大学附属第一医院机构审查委员会批准(2022伦研批第300号),回顾性研究患者知情同意豁免。

**1.2 组织学检查** PI-RADS评分为 $\geq 3$ 分的病灶在前列腺系统穿刺的基础上,加做磁共振-经直肠超声(MRI-transrectal ultrasound, MRI-TRUS)融合引导前列腺靶向穿刺(MRI-TRUS fusion-guided prostate-targeted biopsy, MRGB)。对于同时接受穿刺和手术病理检查的患者,本研究将以手术GS作为病人的最终评分。本研究将 $GS \geq 3+4$ 定义为csPCa,  $GS=3+3$ 定义为ciPCa,非csPCa包括ciPCa和良性病灶,后者包括良性增生结节和炎症。

**1.3 扫描参数及PI-RADS评分** 采用3.0 T MR机器(表1)。表观扩散系数(apparent diffusion

**【第一作者】** 曹昌浩,男,主管技师,主要研究方向:不同弥散序列的比较及其对前列腺癌诊断的应用。E-mail: Caochanghao\_sdfy@163.com

**【通讯作者】** 乔晓梦,女,住院医师,主要研究方向:影像组学和人工智能在前列腺癌诊断的应用。E-mail: qiaoxiaomeng0829@163.com

coefficient, ADC)图由100 s/mm<sup>2</sup>、800 s/mm<sup>2</sup>两个b值的单指数信号衰减模型计算所得。

由2名经验丰富的放射科医师(20年以上MRI诊断经验)依据PI-RADS(2.1版)对主要病灶进行评分,分析序列为T2WI、DWI和

ADC图,意见不同时商议后统一评分。当患者存在多个病灶时,主要病灶定义为PI-RADS评分最高者。医师在评分过程中均未被告知病理结果。

表 1 MRI扫描序列及参数

机器名称	序列	TR(ms)	TE(ms)	视野(cm <sup>2</sup> )	体素(mm <sup>3</sup> )	b值(s/mm <sup>2</sup> )
Skyra (德国西门子)	T2WI	6980	104	20×20	0.52×0.52×3	/
	DWI	6540	64	22×22	1.69×1.69×3	50、100、800、1000、1500
Signa HDxt(美国GE)	T2WI	4080	108.12	28×28	0.55×0.55×4	/
	DWI	5000	77.9	28×28	1.09×1.09×4	100、800、1000、1500、2000

注: T2WI: T2加权成像; DWI: 扩散加权成像; TR: 重复时间; TE: 回波时间。

**1.4 图像分割** 利用ITK-snap(v3.8.0),由放射科医师A和B(4年和5年的前列腺MRI诊断经验)分析T2WI、DWI和ADC图像并勾画三维感兴趣区(volume of interest, VOI)。参照穿刺或手术病理切片及报告确定病灶位置。若多个可疑病灶存在于同一患者时,主病灶为GS最高者,GS相等则选取最大者。最后,1名前前列腺MRI专家C(20年以上前列腺MRI诊断经验)审核并修正上述VOI的位置及边界。最终VOI采用医师A和B重合部分。

### 1.5 影像组学

**1.5.1 特征提取** 利用Python软件的“Pyradiomics”包对T2WI、DWI( $b=1500\text{mm}^2/\text{s}$ )及ADC图像进行重采样( $0.5\text{mm}\times 0.5\text{mm}\times 3\text{mm}$ )。利用FAE(feature explorer, v 0.5.2)软件<sup>[7]</sup>提取影像组学特征,每个序列提取1781种特征<sup>[8]</sup>,包括直方图特征、形态特征、纹理特征及小波特征。

**1.5.2 特征筛选及模型建立** 使用人工少数类过采样法(synthetic minority over-sampling technique, SMOTE)法平衡正负样本。使用Z-score方法进行特征标准化。采用Pearson相关系数(pearson correlation coefficient, PCC)进行特征去冗余,即当特征对PCC > 0.9时随机剔除其一。利用递归特征消除法(recursive feature elimination, RFE)筛选特征。最后使用支持向量机算法(support vector machine, SVM)并五折交叉验证建立影像组学模型。

### 1.6 深度学习

**1.6.1 图像预处理** 首先将所有像素值归一化至<sup>[1]</sup>。然后采用三线性插值法将图像缩放到(64, 64, 32)的尺寸,病灶标签采用最近邻插值。最后执行随机仿射变换(包括旋转,缩放等)进行数据增强。

**1.6.2 模型训练** 采用DenseNet深度学习网络构建深度学习模型<sup>[9]</sup>。网络结构包含一个 $7\times 7\times 7$ 的标准卷积层、一个 $3\times 3\times 3$ 的最大池化层、3个Transition层、4个Dense block和一个分类层组成。每个Transition层由一个 $1\times 1\times 1$ 的标准卷积层和一个 $2\times 2\times 2$ 的平均池化层构成,每个Dense block执行 $1\times 1\times 1$ 和 $3\times 3\times 3$ 的标准卷积,最后的分类层由一个 $7\times 7\times 7$ 的全局平均池化层和一个使用Softmax为激活函数的全连接层组成。采用Adam优化器,学习率为 $1\times 10^{-4}$ ,损失函数选用Focal loss。Epoch为70轮。采用十折交叉验证法,在验证集曲线下面积(area under the curve, AUC)的表现指标下,选取最优模型。

**1.7 融合模型建立** 使用单因素逻辑回归分析年龄、PSA、病灶位

置、PI-RADS与csPCa相关性,取 $P<0.05$ 的特征建立融合模型。使用逻辑回归融合影像组学模型和深度学习模型建立影像组学-深度学习融合模型(RD模型)。然后使用逻辑回归加入筛选后的临床特征,建立临床-影像组学-深度学习融合模型(CRD模型)。

**1.8 统计学分析** 采用Python(v 3.8.3)、R语言(v 4.2.0)和MedCalc(v 19.6.4)软件完成统计学的分析。服从正态分布的计量资料,采用表示,利用独立样本t检验完成组间比较。服从偏态分布的计量资料,使用 $M(Q_1, Q_3)$ 表示,利用Mann-Whitney U检验完成组间比较。定性资料以频数和率描述,采用 $\chi^2$ 检验进行组间比较。使用受试者工作特征(receiver operating characteristic, ROC)曲线分析诊断效能,AUC用于量化诊断效能。根据约登指数选取临界值,PI-RADS评分 $\geq 3$ 分为临界值,PSA $\geq 10\text{ng/mL}$ 为临界值。采用Delong检验比较不同模型的AUC值,使用配对卡方(McNemar)检验比较特异度差异。采用决策曲线分析(Decision curve analysis, DCA)评价模型净收益。双侧检验,检验水准 $\alpha=0.05$ 。

## 2 结果

**2.1 患者一般资料** 共纳入885例患者,其中csPCa 531(60.0%)例,非csPCa 354例(40.0%)例,ciPCa 99例(表2)。训练组与测试组患者年龄、PSA、病变位置、PI-RADS及病理结果的差异均无统计学意义(均 $P>0.05$ )。

**2.2 模型结果** 单因素逻辑回归分析显示,位置、PI-RADS、年龄、PSA与csPCa显著相关(均 $P<0.001$ ),RD模型和CRD模型所选特征和系数如表3所示。本研究选取临床常用特征(PSA、PI-RADS)与模型诊断效能进行比较。不同模型在训练组和测试组的预测性能见表4,ROC曲线见图1。

影像组学模型和深度学习模型AUC间差异无统计学意义( $P=0.6$ );RD模型的AUC和特异度高于深度学习模型( $P=0.002$ 、 $P=0.04$ ),而与影像组学模型间差异无统计学意义( $P=0.89$ 、 $P=0.55$ );影像组学模型、深度学习模型和RD模型的AUC值均高于PSA( $P=0.001$ 、 $P=0.009$ 、 $P=0.001$ ),与PI-RADS相当( $P=0.62$ 、 $P=0.97$ 、 $P=0.59$ )。

CRD模型的AUC高于PSA、PI-RADS、影像组学模型、深度学习模型和RD模型( $P<0.05$ ),同时CRD模型的特异度高于PI-RADS和PSA( $P<0.001$ )。DCA曲线示CRD模型可获得较高净收益,优于PSA和PI-RADS(图2)。

表2 患者的一般资料

项目	训练组	测试组	t/χ <sup>2</sup> /Z值	P值
总数	708	177		
年龄(岁) <sup>a</sup>	69±8	69±9	-0.51	0.611
<60c	85(12.0)	21(11.9)		
≥60c	623(88.0)	156(88.1)		
PSA(ng/ml) <sup>b</sup>	13.0(7.8, 29.5)	12.8(7.1, 26.2)	0.92	0.357
<10 ng/ml <sup>c</sup>	262(37.0)	73(41.2)		
10~20 ng/ml <sup>c</sup>	196(27.7)	49(27.7)		
>20 ng/ml <sup>c</sup>	250(35.3)	55(31.1)		
病灶位置 <sup>c</sup>			0.08	0.784
外周带	424(59.9)	108(61.0)		
移行带	284(40.1)	69(39.0)		
PI-RADS <sup>c</sup>			2.36	0.670
1~2	163(23.0)	49(27.7)		
3	94(13.3)	26(14.7)		
4	127(17.9)	28(15.8)		
5	324(45.8)	74(41.8)		
病理结果 <sup>c</sup>			0.796	0.372
csPCa	430(60.7)	101(57.1)		
非csPCa	278(39.3)	76(42.9)		

注: <sup>a</sup>  $\bar{x} \pm s$ ; <sup>b</sup> M(Q<sub>1</sub>, Q<sub>3</sub>); <sup>c</sup>例(%); PI-RADS: 前列腺影像报告和数据库系统;

PSA: 前列腺特异性抗原; csPCa: 临床显著性前列腺癌。

表3 逻辑回归融合模型特征及其系数

RD模型	系数	CRD模型	系数
深度学习标签	9.837961289	深度学习标签	0.868775625
影像组学标签	1.726681972	影像组学标签	0.360712189
		PI-RADS	0.108864138
		PSA	0.023576739
		年龄	0.0
		病灶位置	0.0

注: RD模型: 影像组学-深度学习融合模型;

CRD模型: 临床特征-影像组学-深度学习融合模型;

PI-RADS: 前列腺影像报告和数据库系统; PSA: 前列腺特异性抗原。

表4 临床特征及不同模型在训练组中的预测性能

组别及模型	AUC (95%CI)	准确度	灵敏度	特异度	阳性预测值	阴性预测值
训练组						
PSA	0.76(0.73~0.80)	0.68	0.76	0.57	0.73	0.60
PI-RADS	0.87(0.85~0.90)	0.78	0.95	0.51	0.75	0.87
影像组学模型	0.86(0.83~0.89)	0.80	0.77	0.85	0.89	0.71
深度学习模型	0.97(0.96~0.98)	0.90	0.91	0.88	0.92	0.86
RD模型	0.97(0.96~0.98)	0.91	0.89	0.94	0.96	0.85
CRD模型	0.95(0.93~0.97)	0.90	0.89	0.91	0.94	0.84
测试组						
PSA	0.75(0.68~0.82)	0.67	0.72	0.59	0.7	0.62
PI-RADS	0.87(0.81~0.92)	0.76	0.92	0.54	0.73	0.84
影像组学模型	0.88(0.83~0.93)	0.82	0.77	0.89	0.91	0.75
深度学习模型	0.86(0.81~0.92)	0.81	0.84	0.78	0.83	0.79
RD模型	0.88(0.83~0.93)	0.82	0.80	0.86	0.88	0.76
CRD模型	0.92(0.89~0.96)	0.85	0.83	0.87	0.89	0.80

注: CI: 置信区间; PI-RADS: 前列腺影像报告和数据库系统; PSA: 前列腺特异性抗原;

RD模型: 影像组学-深度学习融合模型; CRD模型: 临床特征-影像组学-深度学习融合模型。

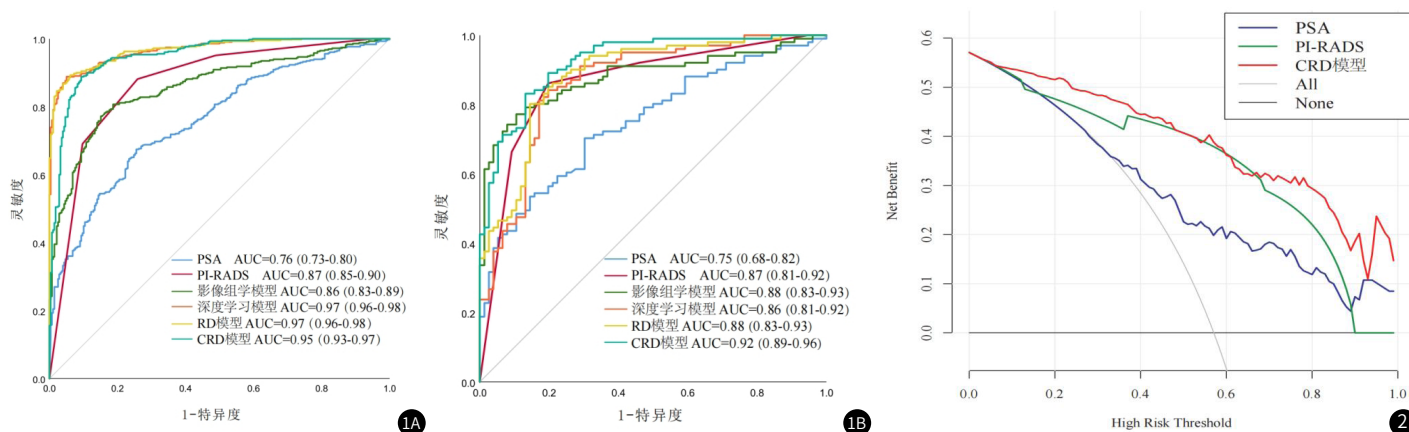


图1 临床特征及不同模型的ROC曲线。图1A为训练组，图1B为测试组；PSA：前列腺特异性抗原；PI-RADS：前列腺影像报告和数据系统；RD模型：影像组学-深度学习融合模型；CRD模型：临床特征-影像组学-深度学习融合模型。

图2 临床特征及CRD模型的决策曲线。横轴为阈值，纵轴为净收益。PI-RADS：前列腺影像报告和数据系统；PSA：前列腺特异性抗原；CRD模型：临床特征-影像组学-深度学习融合模型。

### 3 讨论

MRI为诊断csPCa的重要影像学检查方法，然而PI-RADS评分诊断效能仍受医师经验影响<sup>[10]</sup>。已有较多研究成功利用影像组学和深度学习技术精准诊断csPCa。Zhao等<sup>[11]</sup>使用深度学习方法预测csPCa，结果显示深度学习模型的诊断效能达到高年资医师PI-RADS水平。本研究分别建立深度学习模型和影像组学模型，结果显示两者对csPCa诊断效能相当，均达到经验丰富的放射科医师水平。与Castillo等<sup>[12]</sup>的研究结果相似。

部分研究指出深度学习与影像组学相结合可提升诊断效能<sup>[13-14]</sup>，目前在csPCa诊断方面类似研究并不多，且样本量相对较小。本研究融合PSA、PI-RADS、影像组学和深度学习后，模型的AUC值明显提高，表明多特征融合可更好地诊断PCa，有效减少不必要的穿刺<sup>[15]</sup>。

本研究的局限性：(1)本研究为单中心研究，未来将纳入多中心数据提升模型的泛化性；(2)未对病灶位置进行分组研究，csPCa在外周带和移行带的影像特征可能不同；(3)本研究未涉及自动分割病灶，未来将尝试全自动分割。

综上所述，影像组学模型与深度学习模型对csPCa的诊断效能相当；临床-影像组学-深度学习融合模型对csPCa的诊断效能最佳，可减少不必要的穿刺，有望用于患者治疗决策制定。

### 参考文献

- [1] SUNG H, FERLAY J, SIEGEL R L, et al. Global cancer statistics 2020: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries [J]. *CA Cancer J Clin*, 2021, 71 (3): 209-249.
- [2] 林俊坤, 钟治平, 陈志远, 等. 基于PI-RADS v2.1评价双参数成像对前列腺癌的诊断价值 [J]. *临床放射学杂志*, 2021, 40 (9): 1815-1820.
- [3] 李天平, 王海兰, 罗明芳, 等. 影像组学在前列腺癌的临床应用研究进展 [J]. *实用放射学杂志*, 2022 (3): 504-506.
- [4] 乔晓梦, 胡尘翰, 杨丽勤, 等. 基于双参数MRI影像组学模型在PSA灰区csPCa的应用研究 [J]. *实用放射学杂志*, 2023, 39 (9): 1462-1466.
- [5] 高文治, 何宇辉, 夏漫城. 基于深度学习算法的前列腺癌生化复发预测模型的建立 [J]. *现代泌尿外科杂志*, 2022, 27 (3): 230-233.

- [6] 张永胜, 葛玉杰, 李志平, 等. 双参数MRI影像组学对前列腺癌国际泌尿病理协会分级的预测价值 [J]. *实用放射学杂志*, 2023, 39 (12): 1995-2000.
- [7] SONG Y, ZHANG J, ZHANG Y D, et al. Feature Explorer (FAE): a tool for developing and comparing radiomics models [J]. *PLoS One*, 2020, 15 (8): e0237587.
- [8] ZWANENBURG A, VALLIERES M, ABDALAH M A, et al. The image biomarker standardization initiative: standardized quantitative radiomics for high-throughput image-based phenotyping [J]. *Radiology*, 2020, 295 (2): 328-338.
- [9] HUANG G, LIU Z, PLEISS G, et al. Convolutional networks with dense connectivity [J]. *IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell*, 2022, 44 (12): 8704-8716.
- [10] WEN J, JI Y G, HAN J, et al. Inter-reader agreement of the prostate imaging reporting and data system version v2.1 for detection of prostate cancer: a systematic review and meta-analysis [J]. *Front Oncol*, 2022, 12: 1013941.
- [11] ZHAO L T, BAO J, QIAO X M, et al. Predicting clinically significant prostate cancer with a deep learning approach: a multicentre retrospective study [J]. *Eur J Nucl Med Mol Imaging*, 2023, 50 (3): 727-741.
- [12] CASTILLO T J M, ARIF M, STARMANS M P A, et al. Classification of clinically significant prostate cancer on multi-parametric mri: a validation study comparing deep learning and radiomics [J]. *Cancers*, 2021, 14 (1): 12.
- [13] WANG H M, WANG L, LEE E H, et al. Decoding COVID-19 pneumonia: comparison of deep learning and radiomics CT image signatures [J]. *Eur J Nucl Med Mol Imaging*, 2021, 48 (5): 1478-1486.
- [14] CHOI Y S, BAE S, CHANG J H, et al. Fully automated hybrid approach to predict the IDH mutation status of gliomas via deep learning and radiomics [J]. *Neuro-Oncology*, 2021, 23 (2): 304-313.
- [15] HE D, WANG X M, FU C C, et al. MRI-based radiomics models to assess prostate cancer, extracapsular extension and positive surgical margins [J]. *Cancer Imaging*, 2021, 21 (1): 46.

(收稿日期: 2025-03-08)

(校对编辑: 赵望淇)