

MRI瘤内瘤周影像组学模型预测前列腺癌根治术后生化复发

赵雪莲^{1,2}, 李昊^{1,2}, 马晓锦^{1,2}, 刘宏^{1,2,3,4}, 张静^{1,2,3,4}, 刘光耀^{1,2,3,4*}

1.兰州大学第二医院核磁共振科, 甘肃 兰州 730030; 2.兰州大学第二临床医学院, 甘肃 兰州 730030; 3.甘肃省功能及分子影像临床医学研究中心, 甘肃 兰州 730030; 4.甘肃省医用核磁共振装备应用行业技术中心, 甘肃 兰州 730030; *通信作者 刘光耀 lgy362263779@163.com

【基金项目】2023年陇原青年创新创业人才项目(212078701087); 甘肃省重点研发计划项目(22YF7FA089); 甘肃省功能及分子影像临床医学研究中心项目(21JR7RA438)

【摘要】目的 基于MRI瘤内瘤周影像组学特征结合临床独立危险因素构建前列腺癌根治性切除术后生化复发预测模型。资料与方法 回顾性分析2013年1月—2024年2月兰州大学第二医院行根治性前列腺切除术并具有完整随访资料(随访时间≥1年)的前列腺癌患者277例,按7:3划分训练集和验证集。在T2WI和表观扩散系数图勾画肿瘤感兴趣区,使用Python软件外扩并手动去除非前列腺组织获得瘤周感兴趣区,提取影像组学特征,构建瘤内、瘤周、瘤内+瘤周影像组学模型、临床模型及临床-影像组学融合模型。采用受试者工作特征曲线、校准曲线及决策曲线评估模型性能,用Bootstrap法评估过拟合风险。结果 总前列腺特异性抗原、病理T分期及Ki-67为生化复发的独立危险因素。临床模型训练集、验证集曲线下面积(AUC)分别为0.785、0.729,瘤内、瘤周T2WI模型训练集AUC分别为0.674、0.769,验证集AUC分别为0.635、0.713;瘤内、瘤周表观扩散系数模型训练集AUC分别为0.711、0.730,验证集AUC分别为0.611、0.662;融合模型训练集、验证集AUC分别为0.916、0.818。校准曲线显示融合模型预测效能良好,决策曲线分析表明融合模型在0.1~0.5的阈值范围内的临床净获益潜力较高。结论 基于MRI瘤内瘤周影像组学特征结合临床独立危险因素构建融合模型,可有效预测前列腺癌根治性切除术后生化复发,为临床精准诊疗工作提供依据。

【关键词】前列腺肿瘤; 磁共振成像; 影像组学; 生化复发; 前列腺切除术; 机器学习; 预测

【中图分类号】R445.2; R737.25; TP181 【DOI】10.3969/j.issn.1005-5185.2026.04.013

MRI-Based Intratumoral and Peritumoral Radiomics Model for Predicting Biochemical Recurrence After Radical Prostatectomy

ZHAO Xuelian^{1,2}, LI Hao^{1,2}, MA Xiaojin^{1,2}, LIU Hong^{1,2,3,4}, ZHANG Jing^{1,2,3,4}, LIU Guangyao^{1,2,3,4*}

1. Department of Magnetic Resonance, Lanzhou University Second Hospital, Lanzhou 730030, China; 2. the Second Clinical Medical School, Lanzhou University, Lanzhou 730030, China; 3. Gansu Province Clinical Research Center for Functional and Molecular Imaging, Lanzhou 730030, China; 4. Gansu Medical Nuclear Magnetic Resonance Equipment Application Industry Technology Center, Lanzhou 730030, China; *Address Correspondence to: LIU Guangyao; E-mail: lgy362263779@163.com

【Abstract】Purpose To develop a predictive model for biochemical recurrence after radical prostatectomy based on intratumoral and peritumoral MRI radiomic features combined with independent clinical risk factors. Materials and Methods A retrospective analysis was performed on 277 patients with prostate cancer who underwent radical prostatectomy at Lanzhou University Second Hospital from January 2013 to February 2024, with complete follow-up data (follow-up duration ≥1 year). Regions of interest (ROIs) for tumors were delineated on T2WI and apparent diffusion coefficient maps. Peritumoral ROIs were obtained by expanding the tumor ROI using Python software followed by manual removal of non-prostate tissue, and radiomics features were extracted. Intratumoral, peritumoral, and combined intra- and peri-tumoral radiomics models, clinical model, and combined clinical-radiomics model were constructed. Model performance was assessed using the area under the receiver operating characteristic curve (AUC), calibration curves, and decision curve analysis. The Bootstrap method was used to assess the risk of model overfitting. Results Total prostate-specific antigen, pathological T stage, and Ki-67 were identified as independent risk factors for biochemical recurrence. The clinical model achieved AUCs of 0.785 in the training set and 0.729 in the validation set. For the T2WI-based models, the intratumoral and peritumoral models obtained AUCs of 0.674 and 0.769 in the training set, and 0.635 and 0.713 in the validation set. The apparent diffusion coefficient-based intratumoral and peritumoral models showed AUCs of 0.711 and 0.730 in the training set, and 0.611 and 0.662 in the validation set. The combined model achieved AUCs of 0.916 in the training set and 0.818 in the validation set. The calibration curve demonstrated good predictive performance

of the combined model. Decision curve analysis demonstrated that the integrated model had high potential for clinical net benefit within the threshold range of 0.1-0.5. **Conclusion** The combined model integrating intra- and peri-tumoral MRI radiomics features with clinical independent risk factors can effectively predict biochemical recurrence after radical prostatectomy, providing an imaging foundation for precise clinical decision-making.

【Key words】 Prostatic neoplasms; Magnetic resonance imaging; Radiomics; Biochemical recurrence; Prostatectomy; Machine learning; Forecasting

Chinese Journal of Medical Imaging, 2026, 34 (4): 435-443

前列腺癌居全球男性恶性肿瘤发病率第2位、死亡率第5位^[1]。根治性前列腺切除术是治疗器官局限性和局部进展期前列腺癌的主要方式^[2]，但27%~53%的患者术后会出现生化复发（biochemical recurrence, BCR）。BCR与临床复发、远处转移及前列腺癌特异性死亡风险显著相关，且早于传统影像学检测到复发或转移病灶数月至数年^[3]，即影像学结果为阴性时，体内可能已存在微小活跃病灶。因此，早期精准预测BCR，是把握治疗时机、实现有效干预的关键。

目前，BCR风险评估常基于前列腺特异性抗原（prostate specific antigen, PSA）、Gleason评分、临床分期等指标，并衍生出D'Amico风险分级等工具，但上述方法在肿瘤异质性量化和侵袭性评估方面存在不足^[4]。影像组学通过高通量特征提取，可无创揭示肿瘤异质性、识别肿瘤表征以辅助疾病诊断、分类及预后评估^[5]，近年研究视野已从瘤内扩展至瘤周环境。瘤周区域在肿瘤发生、发展中具有重要作用，其内可能存在分子生物学和微观结构的早期改变^[6-8]，目前在肝癌、乳腺癌等实体瘤中已得到证实，但在前列腺癌的研究价值有待挖掘。

因此，本研究拟整合MRI瘤内、瘤周影像组学特征与临床独立危险因素，构建前列腺癌根治术后BCR预测模型，为前列腺癌精准诊疗提供依据。

1 资料与方法

1.1 研究对象 回顾性收集2013年1月—2024年2月兰州大学第二医院怀疑前列腺癌拟行根治性前列腺切除术男性患者。纳入标准：①术前MRI检查序列完整；②病理证实为前列腺癌；③随访时间不少于1年。排除标准：①图像质量差，无法勾画感兴趣区（ROI）；②临床资料不完整；③术前接受过新辅助治疗和（或）外科手术治疗。最终纳入277例患者，按7:3随机划分为训练集193例和验证集84例。本研究BCR定义参照《根治性前列腺切除术后生化复发的高危患者诊治共识（2024年版）》^[9]，具体为术后4~8周PSA降至

<0.1 ng/ml，随后连续2次检测PSA>0.1 ng/ml。术后PSA监测方案为：前2年每3~6个月检测一次，2~5年内每6~12个月检测一次，5年后每年复查^[10]。随访时间自手术当日开始，阳性病例以发生BCR时间为随访终点，阴性病例以本研究截止时间（2025年3月31日）为终点。本研究遵守《赫尔辛基宣言》，并通过兰州大学第二医院医学伦理委员会审批（2024A-1253），免除患者知情同意。

1.2 临床资料 收集资料包括：①年龄；②总前列腺特异性抗原，并根据美国国家综合癌症网络肿瘤学临床实践指南^[11]中提出的阈值，将术前总前列腺特异性抗原水平定义为有序分类变量，0（≤4 ng/ml）、1（4~10 ng/ml）、2（>10 ng/ml）；③前列腺包膜外侵犯、精囊腺侵犯情况、区域淋巴结转移状态及Ki-67表达水平，参照美国癌症联合委员会病理分期^[3]构建有序分类变量病理T分期，具体分级，0（无前列腺包膜外侵犯和精囊腺侵犯），1（包膜外侵犯），2（精囊腺侵犯）；病理N分期评估区域淋巴结转移状态，具体分级，0（无区域淋巴结转移），1（存在区域淋巴结转移）。

1.3 MRI检查 采用Philips Ingenia-CX、Philips Ingenia和Siemens Verio MR仪（18通道相控阵体部线圈）扫描。患者取仰卧位，头先进，检查前嘱患者适量饮水使膀胱适度充盈，定位中心对准耻骨联合上方。扫描序列及参数见表1，表观扩散系数（ADC）图由工作站自动计算获得。

1.4 图像预处理及病灶勾画 在横轴位T2WI和ADC图进行病灶ROI勾画，勾画前以1 mm×1 mm×1 mm的体素间距对图像进行重采样，并进行灰度归一化，以补偿体素空间差异和保持灰度一致性。

图像分割工作由2名具有5年以上和1名具有10年以上影像诊断经验的放射科医师完成。具体流程如下：首先所有医师独立审阅每例患者的完整MRI影像，其中2位低年资医师参照术后病理切片及报告，严格依据PI-RADS v2.1标准^[12]识别并确定目标癌灶，并

使用ITK-SNAP 4.0.0软件在T2WI和ADC图像上沿肿瘤边界逐层手动勾画病灶ROI。若同一患者存在多个病灶,则勾画Gleason评分最高者;若多个病灶Gleason评分相同,则选取最大病灶。第3位高年资医师对所有勾画区域进行独立复核,对存疑样本进行校正或要求重新勾画,以确保分割准确性。使用Python 3.7.12中

SimpleITK包,基于病灶ROI外扩4 mm,并手动去除包含前列腺周围脂肪、精囊、直肠、尿道及膀胱等非前列腺组织,得到瘤周ROI。T2WI、ADC图像内及瘤周ROI勾画见图1。此外,随机选取30例病例,计算瘤内和瘤周ROI体积组内相关系数及瘤周ROI Dice相似系数,评估ROI勾画的一致性。

表1 MRI型号及扫描参数

仪器	TR (ms)	TE (ms)	层厚 (mm)	层间距 (mm)	视野 (mm ²)	激励次数
Philips Ingenia-CX						
T2WI	3 000	90	3	0.3	230×230	1
T1WI	470	10	3	0.3	220×220	1
DWI	3 057	90	3	0.3	160×160	2
Philips Ingenia						
T2WI	3 000	90	3	0.3	230×230	1
T1WI	555	8	3	0.3	220×220	1
DWI	5 325	75	3	0.3	160×160	2
Siemens Verio						
T2WI	7 300	100	3.5	0.35	220×220	2
T1WI	455	10	3.5	0.35	250×250	1
DWI	6 100	65	3.5	0.35	360×360	2

注:DWI为扩散加权成像

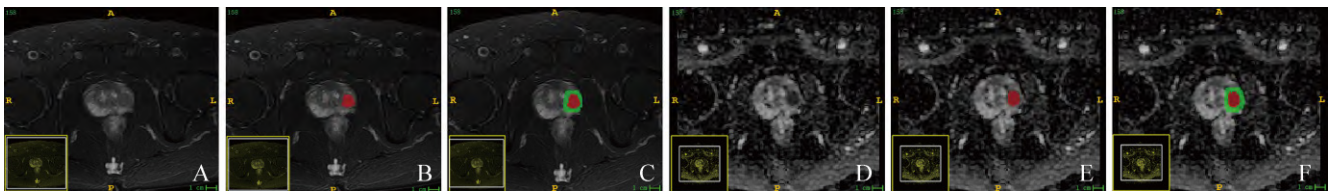


图1 58岁,男,前列腺癌Gleason评分5+4=9分。A~C. T2WI图, D~F. ADC图。A、D为平扫图像, B、E为肿瘤ROI勾画, C、F为基于肿瘤ROI向外扩张4 mm形成瘤周ROI; ROI为感兴趣区, ADC为表观扩散系数

1.5 特征提取、筛选及模型构建 使用Python 3.7.12中pyradiomics包进行瘤内、瘤周影像组学特征提取。为降低特征维度,首先基于Spearman等级相关系数评估特征间相关性,剔除相关系数>0.9的冗余特征;随后采用递归特征消除,迭代移除当前特征集中冗余度最大特征;最后通过最小绝对收缩与选择算子回归模型筛选回归系数非零特征,用于影像组学模型构建。瘤周影像组学特征筛选流程与瘤内特征完全一致。

临床资料首先进行单因素Logistic回归分析筛选P<0.05特征。随后进行多重共线性诊断剔除严重共线变量,并将剩余变量纳入多因素Logistic回归,最终筛选出与BCR相关的独立预测因子,构建临床模型。

将瘤内瘤周影像组学特征输入到ExtraTrees模型构建T2WI及ADC影像组学预测模型(瘤内、瘤周及双

区域模型),依据特征系数加权计算患者影像组学评分。将T2WI及ADC双区域影像组学评分及临床独立危险因素结合构建融合模型,并可可视化列为线图。

1.6 统计学方法 使用R 4.5.1及Python 3.7.12软件在OnekeyAI平台4.9.1版上进行数据分析。计量资料采用Shapiro-Wilk检验进行正态性检验,符合正态分布者以 $\bar{x}\pm s$ 表示,组间比较采用独立样本t检验;不符合正态分布者以M(Q1, Q3)表示,组间比较采用Mann-Whitney U检验。计数资料以例(%)表示,组间比较采用 χ^2 检验或Fisher确切概率法。模型性能通过受试者工作特征曲线、校准曲线及决策曲线进行评估,采用Delong检验比较不同模型间曲线下面积(AUC)的差异。随访时间采用反向Kaplan-Meier法计算,组间比较采用log-rank检验。采用Bootstrap乐观校正法评

估并校正模型的乐观偏倚。所有统计学检验均为双侧检验， $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 一致性分析 瘤内ROI体积组内相关系数为0.985 (95% CI 0.968~0.993)，瘤周ROI体积组内相关系数为0.984 (95% CI 0.967~0.993)，瘤周ROI Dice相似系数为0.856±0.066。

2.2 基线资料 277例患者中，发生BCR 56例 (20.2%)，训练集37例 (66.1%)、验证集19例 (33.9%)。年龄、总前列腺特异性抗原、病理T分期、病理N分期

及Ki-67在训练集与验证集中差异无统计学意义 (P 均 >0.05)，见表2。277例患者中位随访时间43 (22, 56)月，训练集与验证集中位随访时间差异无统计学意义 ($P=0.802$)，其中两组BCR患者的中位复发时间分别为24.0 (14.0, 34.0)个月和22.0 (15.5, 27.0)个月，差异无统计学意义 ($U=374.5, P=0.697$)。

2.3 影像组学模型构建 基于T2WI和ADC图共提取7336个影像组学特征，包括瘤内特征1834个，瘤周特征1834个。经特征筛选后，各区域保留特征见图2、3。基于保留特征构建瘤内、瘤周及双区域模型 (表3)。

表2 训练集、验证集前列腺癌患者临床资料比较

指标	训练集 (n=193)	验证集 (n=84)	Z/ χ^2 值	P值
年龄[岁, M (Q1, Q3)]	69.00 (63.00, 74.00)	69.00 (65.00, 74.25)	-1.411	0.158
总前列腺特异性抗原[例 (%)]			2.149	0.342
≤4 ng/ml	31 (16.1)	8 (9.5)		
4~10 ng/ml	63 (32.6)	31 (36.9)		
>10 ng/ml	99 (51.3)	45 (53.6)		
病理T分期[例 (%)]			2.434	0.296
0	71 (36.8)	23 (27.4)		
1	37 (19.2)	17 (20.2)		
2	85 (44.0)	44 (52.4)		
病理N分期[例 (%)]			0.583	0.445
0	103 (53.4)	49 (58.3)		
1	90 (46.6)	35 (41.7)		
Ki-67[% , M (Q1, Q3)]	10 (5, 15)	10 (5, 20)	-0.773	0.433
随访时间[月, M (Q1, Q3)]	43.0 (22.0, 53.0)	46.0 (22.0, 61.5)	-0.252	0.802

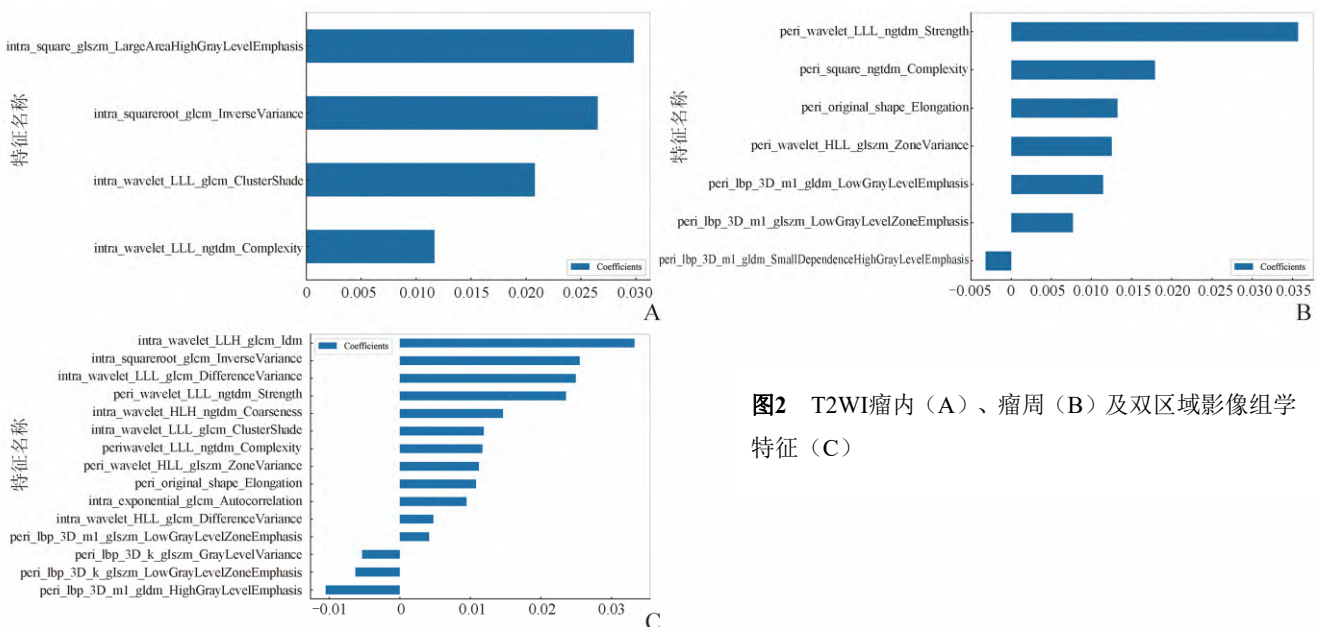


图2 T2WI瘤内 (A)、瘤周 (B) 及双区域影像组学特征 (C)

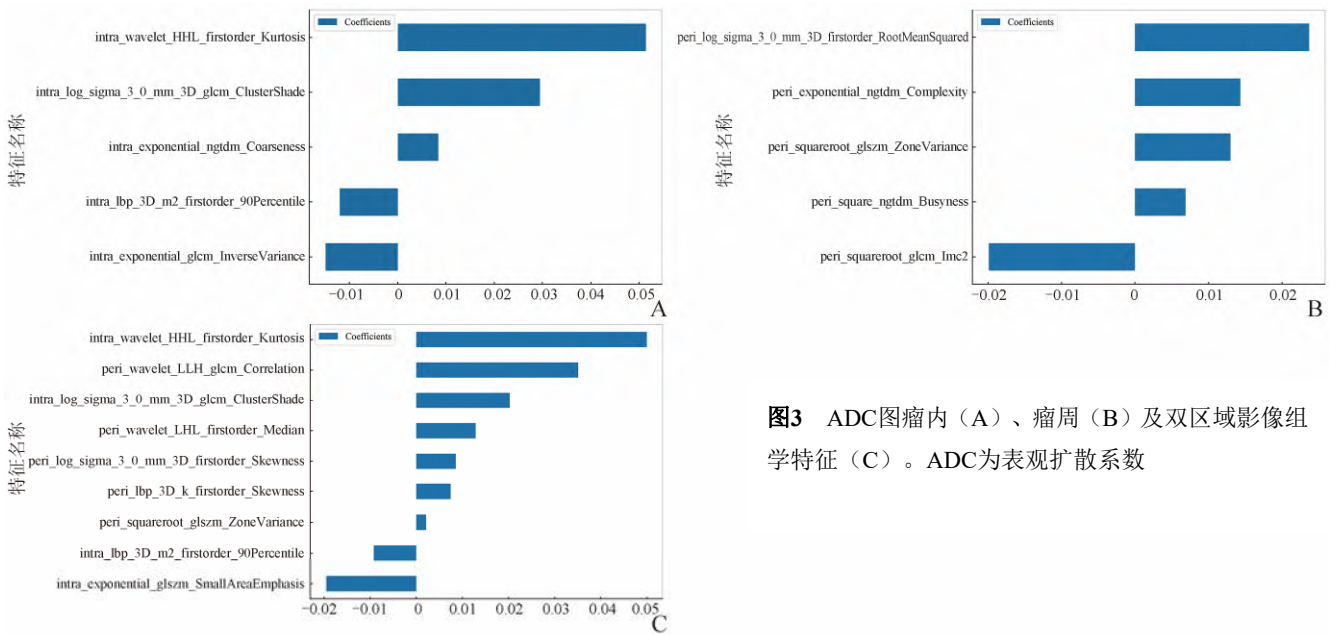


图3 ADC图瘤内(A)、瘤周(B)及双区域影像组学特征(C)。ADC为表观扩散系数

表3 基于不同序列、区域影像组学模型效能比较

序列	特征区域	数据集	AUC	95% CI	序列	特征区域	数据集	AUC	95% CI
T2WI	瘤内	训练集	0.674	0.569~0.780	T2WI	瘤内	验证集	0.635	0.503~0.767
T2WI	瘤周	训练集	0.769	0.683~0.854	T2WI	瘤周	验证集	0.713	0.573~0.852
T2WI	瘤内+瘤周	训练集	0.807	0.727~0.887	T2WI	瘤内+瘤周	验证集	0.734	0.605~0.862
ADC	瘤内	训练集	0.711	0.611~0.811	ADC	瘤内	验证集	0.611	0.491~0.730
ADC	瘤周	训练集	0.730	0.635~0.825	ADC	瘤周	验证集	0.662	0.542~0.783
ADC	瘤内+瘤周	训练集	0.802	0.735~0.869	ADC	瘤内+瘤周	验证集	0.704	0.596~0.812

注：ADC为表观扩散系数，AUC为曲线下面积

2.4 临床模型构建 单因素Logistic回归分析显示，总前列腺特异性抗原、病理T分期、病理N分期及Ki-67差异有统计学意义 (P 均 <0.05)。共线性诊断显示所有变量间相关系数均 <0.7 ，方差膨胀因子均 <10 。多因素Logistic回归分析显示，总前列腺特异性抗原、病理T分期及Ki-67为临床独立危险因素 (P 均 <0.05)，

见表4。基于此构建临床模型，训练集AUC为0.785 (95% CI 0.707~0.863)、敏感度为83.8%、特异度为60.9%、阈值为0.158；验证集AUC为0.729 (95% CI 0.592~0.866)、敏感度为78.9%、特异度为72.3%、阈值为0.211。

表4 临床变量单因素、多因素Logistic回归分析

临床资料	单因素Logistic回归			多因素Logistic回归		
	OR	95% CI	P值	OR	95% CI	P值
总前列腺特异性抗原	2.435	1.315~4.509	0.005	2.121	1.096~4.107	0.026
病理T分期	3.140	1.823~5.408	<0.001	2.708	1.557~4.710	<0.001
病理N分期	2.585	1.225~5.451	0.013	1.024	0.422~2.485	0.958
Ki-67	1.046	1.018~1.074	0.001	1.035	1.005~1.065	0.022

2.5 融合模型构建 将临床独立危险因素与ADC、T2WI双区域模型影像组学评分结合构建融合模型，

并可可视化为列线图(图4)。在训练集中融合模型AUC为0.916 (95% CI 0.875~0.956)、敏感度为94.6%、特

异度为80.8%、阈值为0.174；验证集AUC为0.818(95% CI 0.723~0.912)、敏感度为94.7%、特异度为60.0%、阈值为0.068，见图5。在验证集中，融合模型与临床模型、T2WI双区域模型AUC差异无统计学意义 ($Z=1.40\sim 1.44, P>0.05$)，与ADC双区域模型差异有统计学意义 ($Z=2.49, P=0.013$)。融合模型与任一模型相比，净重新分类改善指数和综合判别改善指数均 >0 (图6)。校准曲线显示融合模型预测效能良好 (图7)。决策分析显示融合模型在0.1~0.5的阈值范围内具有较高的临床净获益潜力 (图8)。采用Bootstrap乐观校正进行内部验证，校正后训练集模型AUC为0.904 (95% CI 0.894~0.916)，乐观值为0.012，校正比例为1.31%。

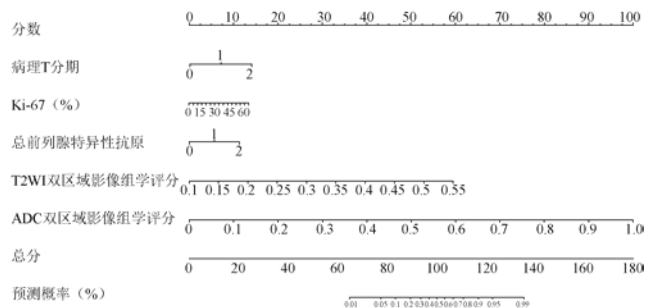


图4 融合T2WI、ADC双区域影像组学评分及临床独立危险因素的列线图。ADC为表现扩散系数

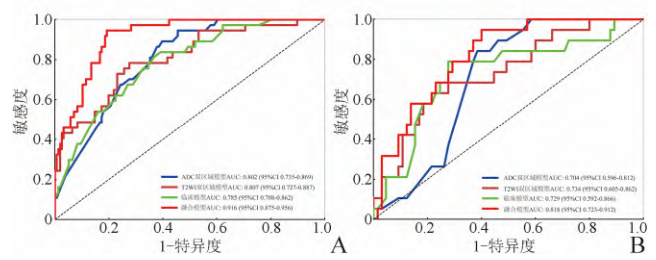


图5 各模型的受试者工作特征曲线。A.训练集；B.验证集；ADC为表现扩散系数

3 讨论

本研究基于T2WI和ADC图提取瘤内、瘤周影像组学特征联合总前列腺特异性抗原、病理T分期及Ki-67表达水平等临床独立危险因素，构建前列腺癌根治术后BCR预测模型。模型训练集和验证集AUC分别为0.916和0.818，显示出良好的预测效能。

3.1 瘤内瘤周MRI影像组学对BCR的预测价值 单纯瘤内模型中，T2WI瘤内模型AUC为0.635，ADC瘤内模型AUC为0.611，低于既往研究。高影^[13]基于T2WI瘤内影像组学特征诊断前列腺癌根治术后BCR的AUC为0.652；Niu等^[14]基于T2WI瘤内影像组学模型的AUC达到0.730。本研究AUC相对较低，可能原因包括：①验证集样本量相对较小，一定程度上限制了模型泛化性能；②特征筛选方法和机器学习算法选择可能存在优化空间。

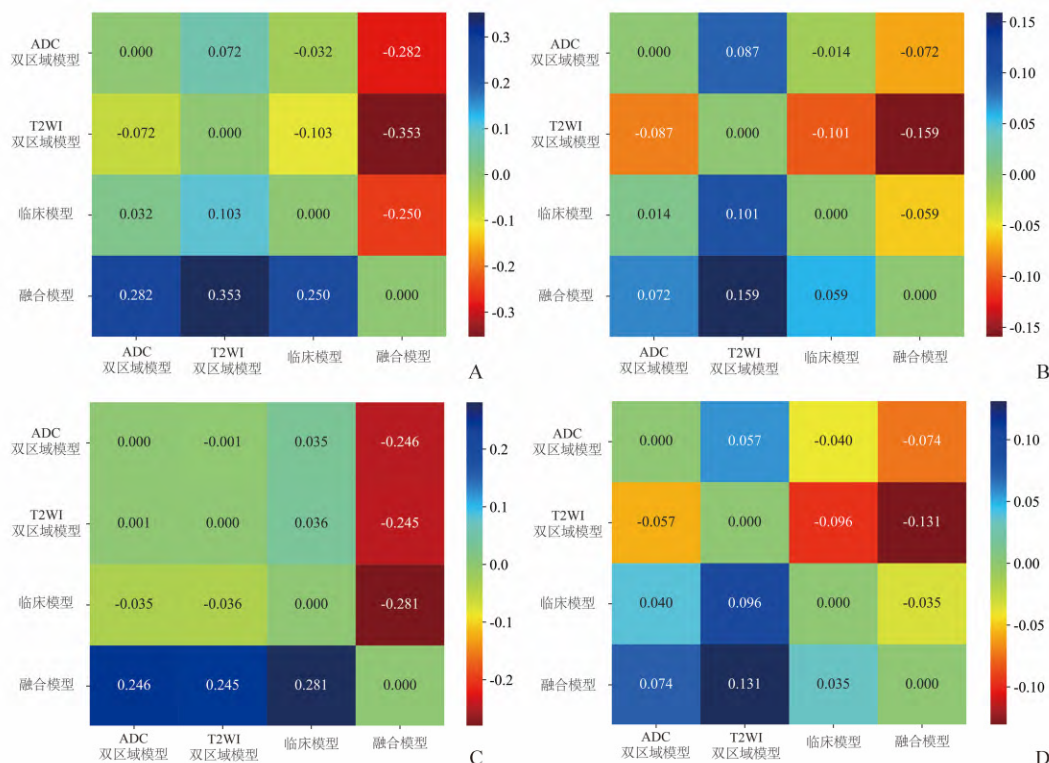


图6 各模型的综合判别改善指数 (A、B)、净重新分类改善指数 (C、D) 图。A、C.训练集；B、D.验证集；ADC为表现扩散系数

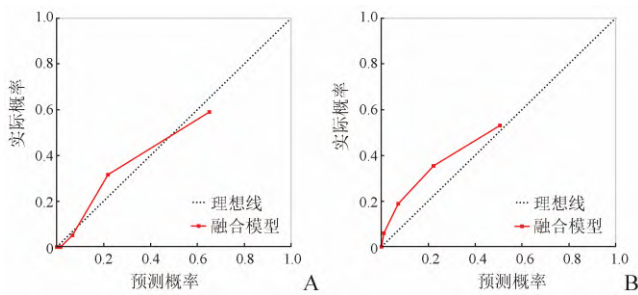


图7 融合模型校准曲线。A.训练集；B.验证集

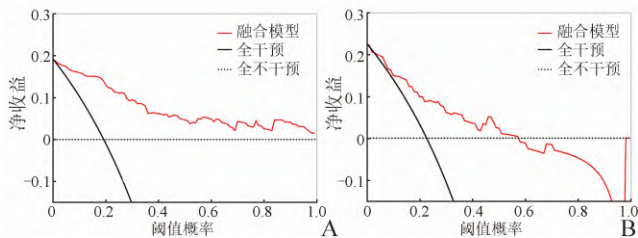


图8 融合模型决策曲线。A.训练集；B.验证集

瘤周特征纳入后，模型预测效能均呈现提升趋势，ADC融合模型AUC (0.704) 数值上高于单纯瘤内模型 (0.611) 和瘤周模型 (0.662)；T2WI融合模型AUC (0.734) 数值上高于单纯瘤内 (0.635) 和瘤周 (0.713)。表明单纯依靠瘤内信息可能无法完整表征肿瘤异质性全貌，瘤周特征为模型提供了重要补充。Zhou等^[15]基于双区域ADC和T2WI影像组学特征构建模型诊断临床显著性前列腺癌，融合模型AUC达到0.722，与本研究T2WI双区域模型 (0.734) 和ADC双区域模型 (0.704) 效能相近；Algohary等^[16]在前列腺癌风险分层相关研究中，发现瘤内瘤周特征结合可提高模型预测性能，与本研究结论一致。相较既往研究，本研究不仅对比T2WI和ADC双参数在瘤内、瘤周及双区域融合模型表现，还分别量化了各参数单独进行双区域融合的效能差异，而Zhou等^[15]的研究虽构建双区域融合模型，但未量化各序列单独融合效能。

肿瘤是一个复杂的生态系统。瘤内异质性源于细胞增殖失衡、缺氧及代谢重编程，形成了坏死、缺氧、增殖等不同微环境亚区域^[17]；而瘤周作为肿瘤与正常组织的过渡带，受缺氧、炎症反应及免疫细胞浸润等因素影响^[18-19]，可能隐匿影像学不可见的微浸润灶。将双区域特征融合可构建更完整的肿瘤全景图^[6,20]。

3.2 临床资料对BCR的预测价值 单因素及多因素Logistic回归分析显示总前列腺特异性抗原、病理T分期及Ki-67表达水平是BCR独立危险因素，这一发现与既往研究结论一致，马帅军等^[21]研究发现，PSA水平是前列腺癌治疗后BCR的独立危险因素；Merriman

等^[22]在604例根治性前列腺切除术患者的多因素分析中证实，术后病理分期是影响BCR的独立危险因素；Siddiqui等^[23]研究发现Ki-67高表达与转移率升高、无病生存率降低显著相关。

基于上述独立危险因素，本研究构建临床模型，AUC为0.729。Zhu等^[24]纳入总前列腺特异性抗原、D-二聚体、凝血酶原时间及活化部分凝血活酶时间构建模型，AUC为0.683；Wang等^[25]利用PSA及临床分期建立预测模型，AUC为0.717。本研究中，临床模型验证集AUC为0.729，效能优于上述模型。原因可能是本研究纳入指标更侧重肿瘤的病理特征和增殖活性，病理T分期反映了肿瘤包膜外侵犯及精囊腺受累情况，Ki-67作为细胞增殖标志物直接体现肿瘤细胞增殖活性。两者结合PSA共同提升了模型预测能力。

3.3 影像组学-临床融合模型对BCR的预测价值 既往研究^[26-27]证实整合影像组学特征与临床指标能够提升模型预测性能。Shiradkar等^[28]基于T2WI和ADC影像组学特征预测前列腺癌患者BCR，模型AUC为0.730；Piran等^[29]提取T2WI瘤内、瘤周特征，融合临床病理资料构建放疗后BCR预测模型AUC为0.794。相较上述单序列、单区域研究，本研究融合T2WI和ADC瘤内、瘤周双区域特征及临床独立危险因素，构建融合模型AUC为0.818，高于上述模型。而Lian等^[30]基于T2WI、DWI瘤内瘤周影像组学特征联合前列腺周围区域特征构建的预测模型AUC为0.835；胡尘翰等^[31]基于双参数MRI构建的临床-影像组学-深度学习融合模型AUC为0.830，上述模型效能略高于本研究，可能与其纳入更多的预测信息有关，如前列腺周围区域特征和病灶区域深度学习特征。尽管如此，本研究在相对简单的方法学框架下，取得与上述模型相近的预测效能，印证了双参数瘤内、瘤周双区域策略的有效性。虽然验证集AUC略低于训练集，但Bootstrap内部验证结果显示模型结构稳定，过拟合程度较轻。

此外，本研究结果显示，融合模型与临床模型及T2WI双区域模型AUC无显著差异，与ADC双区域模型有显著差异。尽管融合模型与临床模型及T2WI模型的AUC差异无统计学意义，但其与任一模型相比，净重新分类改善指数和综合判别改善指数均 >0 ，表明融合模型在风险分层准确性上具有临床意义的提升，能够更精确地将患者重新划分到正确的风险类别^[32]。校准曲线证实融合模型预测概率与实际观测概率具

有良好的一致性；决策曲线分析显示融合模型具有更高的临床净获益潜力。因此，双参数、双区域影像组学与临床指标融合策略，不仅能提升模型区分能力，还能优化临床决策。

3.4 本研究的局限性 ①BCR采用中国共识标准（PSA>0.1 ng/ml），与国际指南（>0.2 ng/ml）存在差异，可能影响模型敏感性和特异性；②为单中心、回顾性研究，可能存在选择偏倚，需要大样本、多中心研究进一步验证模型泛化能力和有效性；③人工勾画病灶存在主观误差且效率较低，未来将引入半自动或全自动分割算法，减少人为误差并提高研究效率。

综上，基于MRI瘤内瘤周影像组学特征结合临床独立危险因素构建的融合模型可有效预测前列腺癌根治术后BCR，为临床精准诊疗提供影像学依据。

利益冲突 所有作者声明不存在利益冲突

参考文献

- [1] Siegel RL, Giaquinto AN, Jemal A. Cancer statistics, 2024[J]. *CA A Cancer J Clin*, 2024, 74(1): 12-49. DOI: 10.3322/caac.21820.
- [2] Gandaglia G, Montorsi F, Karakiewicz PI, et al. Robot-assisted radical prostatectomy in prostate cancer[J]. *Future Oncol*, 2015, 11(20): 2767-2773. DOI: 10.2217/fon.15.169.
- [3] Cornford P, van den Bergh RCN, Briers E, et al. EAU-EANM-ESTRO-ESUR-ISUP-SIOG guidelines on prostate cancer-2024 update. Part I: screening, diagnosis, and local treatment with curative intent[J]. *Eur Urol*, 2024, 86(2): 148-163. DOI: 10.1016/j.eururo.2024.03.027.
- [4] Harmon SA, Gesztes W, Young D, et al. Prognostic features of biochemical recurrence of prostate cancer following radical prostatectomy based on multiparametric MRI and immunohistochemistry analysis of MRI-guided biopsy specimens[J]. *Radiology*, 2021, 299(3): 613-623. DOI: 10.1148/radiol.2021202425.
- [5] Bi WL, Hosny A, Schabath MB, et al. Artificial intelligence in cancer imaging: clinical challenges and applications[J]. *CA Cancer J Clin*, 2019, 69(2): 127-157. DOI: 10.3322/caac.21552.
- [6] Li H, Chai L, Pu H, et al. T2WI-based MRI radiomics for the prediction of preoperative extranodal extension and prognosis in resectable rectal cancer[J]. *Insights Imaging*, 2024, 15(1): 57. DOI: 10.1186/s13244-024-01625-8.
- [7] Lin P, Xie W, Li Y, et al. Intratumoral and peritumoral radiomics of MRIs predicts pathologic complete response to neoadjuvant chemoimmunotherapy in patients with head and neck squamous cell carcinoma[J]. *J Immunother Cancer*, 2024, 12(11): e009616. DOI: 10.1136/jitc-2024-009616.
- [8] Zhang Z, Wan X, Lei X, et al. Intra- and peri-tumoral MRI radiomics features for preoperative lymph node metastasis prediction in early-stage cervical cancer[J]. *Insights Imaging*, 2023, 14(1): 65. DOI: 10.1186/s13244-023-01405-w.
- [9] 中华医学会泌尿外科学分会, 中国前列腺癌研究协作组 (CPCC). 根治性前列腺切除术生化复发的高危患者诊治共识(2024年版)[J]. *中华泌尿外科杂志*, 2024, 45(6): 409-415. DOI: 10.3760/cma.j.cn112330-20240517-00234.
- [10] 中国前列腺癌研究协作组. 前列腺癌药物去势治疗随访管理中国专家共识(2024版)[J]. *中华肿瘤杂志*, 2024, 46(4): 285-295. DOI: 10.3760/cma.j.cn112152-20240206-00067.
- [11] Schaeffer EM, Srinivas S, Adra N, et al. NCCN guidelines® insights: prostate cancer, version 3.2024[J]. *J Natl Compr Canc Netw*, 2024, 22(3): 140-150. DOI: 10.6004/jnccn.2024.0019.
- [12] Padhani AR, Weinreb J, Rosenkrantz AB, et al. Prostate imaging-reporting and data system steering committee: PI-RADS v2 status update and future directions[J]. *Eur Urol*, 2019, 75(3): 385-396. DOI: 10.1016/j.eururo.2018.05.035.
- [13] 高影. 基于MRI影像组学的前列腺癌根治术后生化复发风险预测研究[D]. 南京: 东南大学, 2024.
- [14] Niu X, Li Y, Wang L, et al. DWI-based biologically interpretable radiomic nomogram for predicting 1-year biochemical recurrence after radical prostatectomy: a deep learning, multicenter study[J]. *Curr Med Imaging*, 2025, 21: e15734056403104. DOI: 10.2174/0115734056403104250527045320.
- [15] Zhou H, Xie M, Shi H, et al. Integrating multimodal imaging and peritumoral features for enhanced prostate cancer diagnosis: a machine learning approach[J]. *PLoS One*, 2025, 20(5): e0323752. DOI: 10.1371/journal.pone.0323752.
- [16] Algohary A, Shiradkar R, Pahwa S, et al. Combination of peri-tumoral and intra-tumoral radiomic features on bi-parametric MRI accurately stratifies prostate cancer risk: a multi-site study[J]. *Cancers*, 2020, 12(8): 2200. DOI: 10.3390/cancers12082200.
- [17] Wu B, Lu X, Shen H, et al. Intratumoral heterogeneity and genetic characteristics of prostate cancer[J]. *Int J Cancer*, 2020, 146(12): 3369-3378. DOI: 10.1002/ijc.32961.
- [18] Elhanani O, Ben-Uri R, Keren L. Spatial profiling technologies illuminate the tumor microenvironment[J]. *Cancer Cell*, 2023, 41(3): 404-420. DOI: 10.1016/j.ccell.

- 2023.01.010.
- [19] Ren X, Zhang L, Zhang Y, et al. Insights gained from single-cell analysis of immune cells in the tumor microenvironment[J]. *Annu Rev Immunol*, 2021, 39: 583-609. DOI: 10.1146/annurev-immunol-110519-071134.
- [20] Hu Y, Cai Z, Aierken N, et al. Intra- and peri-tumoral radiomics based on dynamic contrast-enhanced MRI for prediction of benign disease in BI-RADS 4 breast lesions: a multicentre study[J]. *Radiat Oncol*, 2025, 20(1): 27. DOI: 10.1186/s13014-025-02605-y.
- [21] 马帅军, 张景良, 苏醒, 等. 根治性前列腺切除术生化复发的危险因素分析[J]. *中华泌尿外科杂志*, 2022, 43(1): 35-39. DOI: 10.3760/cma.j.cn112330-20210722-00388.
- [22] Merriman KM, Harmon SA, Belue MJ, et al. Comparison of MRI-based staging and pathologic staging for predicting biochemical recurrence of prostate cancer after radical prostatectomy[J]. *Am J Roentgenol*, 2023, 221(6): 773-787. DOI: 10.2214/AJR.23.29609.
- [23] Siddiqui S. Assessment of Ki-67 expression in cases of prostatic carcinoma and its correlation with clinical outcomes[J]. *Indian J Pathol Microbiol*, 2024, 67(2): 362-366. DOI: 10.4103/ijpm.ijpm_171_22.
- [24] Zhu Y, Yang Z, Liu Z, et al. Multimodal fusion of mpMRI radiomics, clinical features, and hematological biomarkers enhances machine learning-based prediction of biochemical recurrence in prostate cancer patients[J]. *Chem Biol Drug Des*, 2025, 106(6): e70206. DOI: 10.1111/cbdd.70206.
- [25] Wang H, Wang K, Zhang Y, et al. Deep learning-based radiomics model from pretreatment ADC to predict biochemical recurrence in advanced prostate cancer[J]. *Front Oncol*, 2024, 14: 1342104. DOI: 10.3389/fonc.2024.1342104.
- [26] Hectors SJ, Chen C, Chen J, et al. Magnetic resonance imaging radiomics-based machine learning prediction of clinically significant prostate cancer in equivocal PI-RADS 3 lesions[J]. *J Magn Reson Imaging*, 2021, 54(5): 1466-1473. DOI: 10.1002/jmri.27692.
- [27] Ruan M, Liu Y, Yao K, et al. Development and validation of interpretable machine learning models for clinically significant prostate cancer diagnosis in patients with lesions of PI-RADS v2.1 Score ≥ 3 [J]. *J Magn Reson Imaging*, 2024, 60(5): 2130-2141. DOI: 10.1002/jmri.29275.
- [28] Shiradkar R, Ghose S, Jambor I, et al. Radiomic features from pretreatment biparametric MRI predict prostate cancer biochemical recurrence: Preliminary findings[J]. *J Magn Reson Imag*, 2018, 48(6): 1626-1636. DOI: 10.1002/jmri.26178.
- [29] Piran Nanekaran N, Felefly TH, Schieda N, et al. Prediction of prostate cancer recurrence after radiotherapy using a fused machine learning approach: utilizing radiomics from pretreatment T2W MRI images with clinical and pathological information[J]. *Biomed Phys Eng Express*, 2024: 065035. DOI: 10.1088/2057-1976/ad8201.
- [30] Lian T, Zhou M, Shao Y, et al. MRMS-CNNFormer: a novel framework for predicting the biochemical recurrence of prostate cancer on multi-sequence MRI[J]. *Bioengineering*, 2025, 12(5): 538. DOI: 10.3390/bioengineering12050538.
- [31] 胡尘翰, 乔晓梦, 胡冀苏, 等. 基于双参数MRI的临床-影像组学-深度学习融合模型对前列腺癌根治术后生化复发的预测价值[J]. *实用放射学杂志*, 2024, 40(11): 1823-1828. DOI: 10.3969/j.issn.1002-1671.2024.11.016.
- [32] Wang Z, Cheng Y, Seaberg EC, et al. Quantifying diagnostic accuracy improvement of new biomarkers for competing risk outcomes[J]. *Biostatistics*, 2020, 23(2): 666-682. DOI: 10.1093/biostatistics/kxaa048.

【收稿日期】2025-06-09 【修回日期】2026-01-26

(本文编辑 冯婧)