

前列腺癌风险预测模型研究与应用分析 ——以数据驱动的视角*

吴杰^{1,2} 陈亚兰³ 魏雪栋² 黄玉华² 侯建全^{1,2} 林宇鑫²

(¹ 苏州大学附属独墅湖医院泌尿外科 苏州 215000 ² 苏州大学附属第一医院泌尿外科 苏州 215006

³ 南通大学医学院医学信息学系 南通 226001)

[摘要] **目的/意义** 回顾性分析前列腺癌风险预测模型的研究进展, 为前列腺癌智能化诊疗体系建设提供参考。**方法/过程** 通过文献挖掘分析, 探讨分子、影像、个体、群体等不同组学层次评价指标对前列腺癌的
诊断意义, 比较不同计算模型的关键特征变量和临床应用价值。**结果/结论** 现有模型具有计算简便、可行性
强等优势, 但也存在预测精度有限、泛化能力不足等局限。整合多组学数据和人工智能模型对于前列腺癌
的医学信息学研究和智慧医疗体系建设具有重要意义。

[关键词] 前列腺癌; 预测变量; 计算模型; 智慧医疗

[中图分类号] R-058 **[文献标识码]** A **[DOI]** 10.3969/j.issn.1673-6036.2023.12.007

Research and Application Analysis of Risk Prediction Models for Prostate Cancer from a Data-driven Perspective

WU Jie^{1,2}, CHEN Yalan³, WEI Xuedong², HUANG Yuhua², HOU Jianquan^{1,2}, LIN Yuxin²

¹ Department of Urology, Dushu Lake Hospital Affiliated to Soochow University, Suzhou 215000, China; ² Department of Urology, The First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou 215006, China; ³ Department of Medical Informatics, School of Medicine, Nantong University, Nantong 226001, China

[Abstract] **Purpose/Significance** The paper retrospectively analyzes the research progress on risk prediction models for prostate cancer, and provides references for the construction of prostate cancer intelligent diagnosis and treatment system. **Method/Process** Through literature mining and analysis, the significance of molecular, imaging, individual, population and other omics level evaluation indexes in the diagnosis of prostate cancer is discussed, and the key characteristic variables and clinical application value of different calculation models are compared. **Result/Conclusion** The existing models have advantages of easy calculation and strong feasibility, but they also have limitations such as limited prediction accuracy and insufficient generalization ability. The integration of multi-omics data and artificial intelligence models is of great significance for medical informatics research and smart medical system construction of prostate cancer.

[Keywords] prostate cancer; predictive variable; computational model; smart medical care

[修回日期] 2023-06-03

[作者简介] 吴杰, 硕士研究生; 通信作者: 林宇鑫, 助理研究员, 硕士生导师。

[基金项目] 国家自然科学基金青年科学基金项目 (项目编号: 32200533); 国家自然科学基金青年科学基金项目 (项目编号: 82102186); 江苏省重点研发计划 (社会发展) 项目-重点项目-临床前沿技术 (项目编号: BE2020655)。

1 引言

前列腺癌是世界范围内男性群体高发的实体恶性肿瘤，血清前列腺特异性抗原（prostate specific antigen, PSA）检测、直肠指检以及经直肠超声检查（transrectal ultrasonography, TRUS）、磁共振成像（magnetic resonance imaging/magnetic resonance spectroscopy, MRI/MRS）评估是前列腺癌筛查的常规方法。由于单一指标的预测效能有限，挖掘、整合多组学临床指标对提高前列腺癌诊断精度、减少过度穿刺具有重要意义。人工智能时代，数据驱动的医学信息学研究为前列腺癌精准诊断带来新思路，构建计算模型有利于前列腺癌患病风险的早期识别和动态监测^[1]。研究和实践发现，临床特征变量和建模方法是影响模型性能的关键因素，部分模型敏感性低、泛化能力不足。基于文献分析，本文讨论前列腺癌风险预测模型研究现状，比较不同模型纳入的关键特征变量，旨在为前列腺癌风险分层和评估方法的选择以及智能化诊疗体系建设提供参考。

2 前列腺癌风险评估指标与预测变量

2.1 概述

临床上的前列腺癌风险评估指标和预测变量包括 PSA 及其衍生标志物、影像学信号、人口学表征等。近年来，新型预测因子相继出现报道，同时生活方式、环境对前列腺癌主动预防和患者个体化健康管理具有重要意义，见图 1。

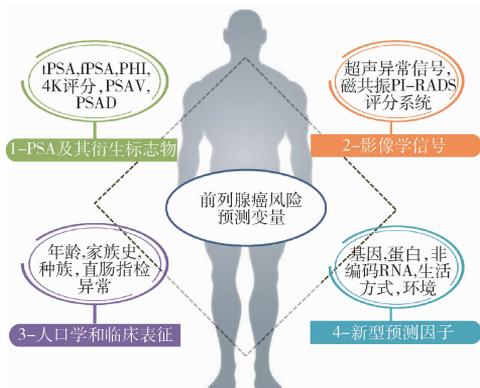


图 1 不同组学层次的前列腺癌风险预测变量

2.2 PSA 及其衍生标志物

2.2.1 总 PSA 和游离 PSA 血清总 PSA（total PSA, tPSA）筛查是前列腺癌早期发现的有效方法，但是 tPSA 检测存在“灰区”范围，联合游离 PSA（free PSA, fPSA）和 fPSA/tPSA 有助于提高“灰区”范围的前列腺癌检出率。

2.2.2 前列腺健康指数和 4K 评分 前列腺健康指数（prostate health index, PHI）适用于“灰区”范围的前列腺癌诊断，能够反映前列腺癌的侵袭程度和肿瘤体积^[2]。4K 评分包含 tPSA、fPSA、完整 PSA 和人激肽释放酶 2，该指标有助于避免 PSA 轻度升高患者接受过度穿刺和过度治疗^[3]。

2.2.3 PSA 速率和 PSA 密度 PSA 速率（PSA velocity, PSAV）量化了血清 PSA 的连续变化情况。PSA 密度（PSA density, PSAD）为 tPSA 与前列腺体积的比值。PSA 正常或“灰区”范围内，可进一步结合 PSAV 和 PSAD 评估前列腺癌的可能。

2.3 影像学信号

2.3.1 TRUS 异常回声 TRUS 能够反映前列腺内部组织结构情况以及血流动力学变化，可初步判断肿瘤的大小、部位等。但是 TRUS 检查易受到前列腺炎症、增生等因素影响，诊断特异性较低。

2.3.2 MRI/MRS 及其评分系统 MRI/MRS 对前列腺包膜完整性、是否发生肿瘤侵犯、转移以及临床分期的初步评估具有重要作用。目前，临床上使用基于多参数磁共振（multi-parameter MRI, mpMRI）的前列腺影像报告及数据评分系统（prostate imaging reporting and data system, PI-RADS）进行前列腺癌辅助诊断，评分越高（≥3 分）提示前列腺癌的可能性越大。

2.4 人口学和临床表征

2.4.1 年龄 前列腺癌发病率与年龄呈正相关，我国每年新增前列腺癌患者中年龄超过 60 周岁的比例显著高于 45 周岁及以下人群。同时，患者年龄与其病理分级密切相关。

2.4.2 种族和家族遗传史 相较于黑种人和白种

人, 黄种人前列腺癌发病率较低, 潜在原因与遗传易感性、生活方式等有关。此外, 前列腺癌发病具有家族聚集倾向, 有家族史患者确诊的平均年龄早于无家族史患者。

2.4.3 直肠指检异常 直肠指检触及前列腺硬结节是前列腺癌诊断的重要特征, 直肠指检结果与前列腺癌诊断率、病理分级显著相关。

2.5 新型风险预测因子

2.5.1 基因和蛋白 研究^[4]表明, 乳腺癌易感基因 1 (breast cancer susceptibility gene1, BRCA1)、乳腺癌易感基因 2 (breast cancer susceptibility gene2, BRCA2)、共济失调毛细血管扩张突变 (ataxia telangiectasia mutated, ATM) 等基因突变与前列腺癌的高危风险密切相关。中国和西方前列腺癌人群的基因谱显著不同, FOXA1、ZNF292 和 CHD1 的突变或缺失在中国前列腺癌人群中更常见^[5]。

2.5.2 非编码 RNA 微小 RNA、长链非编码 RNA (long non-coding RNA, lncRNA)、环状 RNA 等非编码 RNA 能够介导前列腺癌的发生发展。其中, 相较于 tPSA、fPSA, 尿液中 lncRNA-PCA3 的前列腺癌诊断准确度和特异性更高^[6]。

2.5.3 生活方式和环境 大豆苷元、维生素 C、

新鲜蔬果、绿茶等是前列腺癌的保护因子, 吸烟、饮酒、高摄入维生素 D、过度阳光照射属于风险因子^[7]。结合特定的生活方式和环境, 有利于在个体和群体层面推动前列腺癌主动预防、个体化诊疗方案制订以及患者健康管理。

3 前列腺癌预测模型构建策略与应用研究

3.1 数据来源

分别在美国国立医学图书馆 (PubMed) 和中国知网检索已报道的前列腺癌风险预测模型。其中, PubMed 检索表达式为 “prostate cancer [ti] AND (risk predict * [tiab] OR model * [tiab] OR diagnosis * [tiab])”, 中国知网检索关键词为 “前列腺癌” “预测模型” “风险评估”, 检索时间设置为 2011 年 1 月 1 日—2023 年 1 月 1 日。筛选标准: 以临床指标作为关键特征变量, 具有临床应用的价值、意义和可行性; 模型构建方法描述明确; 预测结果曲线下面积 (area under the curve, AUC) 超过 0.70; 文献类型为期刊论文。基于上述方法和标准, 分别选择 5 个国外模型和 5 个国内模型进行比较研究, 见表 1。前列腺癌风险预测模型的构建步骤, 见图 2。

表 1 国内外报道的前列腺癌风险预测模型

开发者	时间 (年)	临床特征变量	学习器	诊断 AUC (95% 置信区间)
Van Vugt H A 等 ^[8]	2011	PSA, 直肠指检, 前列腺体积, TRUS	逻辑回归	芬兰人群前列腺癌: 0.76 瑞典人群前列腺癌: 0.78
Kowlessur B 等 ^[9]	2020	PSA, 直肠指检, 前列腺体积, TRUS, 既往活检史	逻辑回归	前列腺癌: 0.738 (0.695 ~ 0.781) 临床有意义前列腺癌: 0.833 (0.789 ~ 0.876)
Lughezzani G 等 ^[10]	2014	PHI, 年龄, 前列腺体积, 直肠指检, 既往活检史	逻辑回归 + 诺模图	前列腺癌: 0.752 (0.714 ~ 0.781)
Wagaskar V G 等 ^[11]	2021	4K 评分, PSAD, 直肠指检, 年龄, 家族遗传史, 既往活检史	逻辑回归 + 诺模图	前列腺癌: 0.80 临床有意义前列腺癌: 0.87
Gentile F 等 ^[12]	2021	tPSA, fPSA, p2PSA, PSAD	深度神经网络	高级别前列腺癌: 敏感性 0.86, 特异性 0.89
Tang P 等 ^[13]	2013	PSA, 前列腺体积, 年龄, 直肠指检	逻辑回归 + 诺模图	前列腺癌: 0.848

续表 1

开发者	时间 (年)	临床特征变量	学习器	诊断 AUC (95% 置信区间)
Chen R 等 ^[14]	2016	PSA, fPSA/tPSA, 年龄, 前列腺体积, 直肠指检	逻辑回归	前列腺癌: 0.801 (0.771 ~ 0.831) 高级别前列腺癌: 0.826 (0.796 ~ 0.857)
罗进阳等 ^[15]	2019	年龄, fPSA/tPSA, 前列腺体积, PSAD, 直肠指检, TRUS, PI-RADS 评分	逻辑回归 + 诺模图	前列腺癌: 0.883 (0.849 ~ 0.917)
罗志强等 ^[16]	2022	年龄, PSAD, 前列腺体积, TRUS, PI-RADS 评分	逻辑回归	前列腺癌建模组: 0.855 前列腺癌验证组: 0.803
Huang C 等 ^[17]	2022	年龄, fPSA/tPSA, 前列腺体积, 外周带体积比例, aPSADPZ	逻辑回归 + 诺模图	前列腺癌: 0.782 临床有意义前列腺癌: 0.865

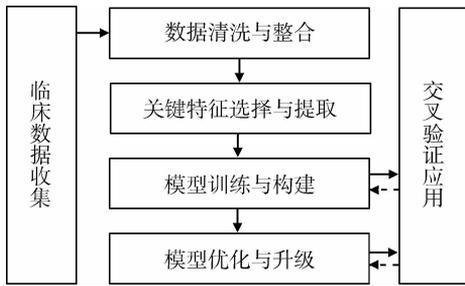


图 2 前列腺癌风险预测模型构建步骤

3.2 国外模型

荷兰鹿特丹大学医疗中心开发的前列腺癌风险计算器 (ERSPC, www.prostatecancer-riskcalculator.com) 是一款基于“欧洲前列腺癌随机筛查研究”人群的前列腺癌风险预测模型。该模型包含 PSA、直肠指检、TRUS、前列腺体积等临床变量, 建模组包含 6 288 例荷兰人数据, 并使用高加索人数据进行外部验证。为了评估模型的有效性, Van Vugt H A 等^[8]基于芬兰和瑞典人群的临床数据, 发现模型在两组人群均存在系统校准误差 (芬兰人群平均预测概率 34%, 实际观测值 26%; 瑞典人群平均预测概率 29%, 实际观测值 23%, $P < 0.001$), 其诊断 AUC 分别为 0.76 和 0.78, 高于 PSA、PSA + 直肠指检等单独或组合指标。Kowlessur B 等^[9]收集 2008 年 1 月—2017 年 8 月期间 Groote Schuur 医院 475 例经 TRUS 引导下前列腺穿刺的南非患者数据。应用结果表明, 该模型预测精度优于 PSA、直肠指检等传统方法, 针对前列腺癌和临床有意义前列腺癌的诊

断 AUC 分别为 0.738 和 0.833, 对于南非人群前列腺癌的风险筛查和前列腺穿刺评估具有指导意义。

意大利圣拉斐尔生命健康大学 Lughezzani G 等^[10]收集来自 5 个欧洲医疗中心 883 例接受前列腺穿刺活检患者的临床数据, 通过逻辑回归分析, 构建了包含 PHI、年龄、前列腺体积、直肠指检、既往活检史等 5 项指标的风险诺模图。外部验证结果表明, 该模型的前列腺癌诊断 AUC 为 0.752, 对于低至中度前列腺癌风险人群表现出较好的预测精度和校准特性。美国西奈山伊坎医学院 Wagaskar V G 等^[11]关注 mpMRI 阴性前列腺癌的检出, 选择 4K 评分、PSAD、直肠指检、年龄、家族遗传史、既往活检史等指标构建回归模型和诺模图, 针对前列腺癌和临床有意义前列腺癌诊断的 AUC 分别为 0.80 和 0.87, 有利于弥补单纯 mpMRI 诊断的不足, 降低前列腺癌漏诊率。

意大利卡坦扎罗大学 Gentile F 等^[12]整合 tPSA、fPSA、p2PSA、PSAD 等不同 PSA 标志物预测高级别前列腺癌 (Gleason ≥ 7 分) 的发生。数据收集阶段, 筛选临床资料完整、年龄大于 50 周岁、PSA 位于 2 ~ 20 ng/ml 的人群, 将所有数据分为训练组 (179 例, 80%) 和验证组 (43 例, 20%)。相较于上述模型, 该研究选择深度神经网络作为学习器, 其中, 神经网络包含输入层、输出层和 7 个隐藏层。输入层为 tPSA、fPSA、p2PSA、PSAD 等临床变量, 输出层为 6 个整数 (G5 - G10), 表示前列腺癌的不同恶性程度。通过学习训练和变量优化, 该模型的敏感性和特异性分别为 0.86 和 0.89,

对于前列腺癌的侵袭性预测和潜在治疗策略制订具有重要价值。

3.3 国内模型

由于疾病本身和人群的差异，国外模型并不完全适用于国内患者的前列腺癌风险评估。南方医科大学 Tang P 等^[13]通过 535 例国内前列腺穿刺患者临床数据的逻辑回归分析，筛选出 PSA、前列腺体积、年龄和直肠指检 4 个变量构建诺模图预测前列腺癌的患病风险，诊断 AUC 为 0.848。该模型具有变量参数少、操作简单等优点，但仍然需要开展多中心的应用以验证其泛化性能。上海长海医院 Chen R 等^[14]在上述 4 个指标的基础上，增加 fPSA/tPSA 比值，构建逻辑回归模型预测前列腺癌和高级别前列腺癌发生风险，诊断 AUC 分别为 0.801 和 0.826。外部验证结果表明，相较于 ERSPC 等欧洲国家的前列腺癌风险计算器，该模型具有更高的预测精度和校准性，更有利于中国人群的前列腺癌筛查。

厦门大学附属第一医院罗进阳等^[15]和上海交通大学医学院附属第六人民医院罗志强等^[16]基于年龄、直肠指检、前列腺体积、PSAD、TRUS 回声信号、PI-RADS 评分等人口组学、分子组学和影像组学指标构建评分模型，分别用于前列腺穿刺活检结果的预测和 PSA “灰区” 范围的前列腺癌风险评估。诊断 AUC 总体上高于 Tang P 等^[13]和 Chen R 等^[14]的方法，表明多组学指标的交叉融合对提高前列腺癌诊断精度具有应用价值。

苏州大学附属第一医院 Huang C 等^[17-18]拓展了传统的 PSAD 指标，提出了校正后外周带 PSA 密度 (adjusted PSAD of peripheral zone, aPSADPZ) 作为前列腺癌诊断的新型标志物，计算公式为 $PSAD \times \text{外周带体积比值}$ 。其中， $\text{外周带体积比值} = \text{外周带体积} / \text{前列腺总体积}$ 。研究表明，aPSADPZ 对于前列腺癌诊断特别是临床有意义前列腺癌检出方面的 AUC 值均高于 tPSA、PSAD 等传统指标^[18]。在此基础上，联合年龄、fPSA/tPSA、前列腺体积、外周带体积比例等，通过单变量和多变量回归分析，构建风险诺模图。该模型的训练数据来源于于

2016 年 7 月—2020 年 6 月期间在苏州大学附属第一医院接受前列腺穿刺活检且 PI-RADS = 3 的 152 例患者。其中，29 人 (19.1%) 患有组织病理学证实的前列腺癌，18 人 (11.8%) 患有临床有意义前列腺癌。结果表明，模型对于前列腺癌和临床有意义前列腺癌的诊断 AUC 分别为 0.782 和 0.865^[17]。但是作为一种新型指标，aPSADPZ 及其相关模型的普适性和临床意义仍然需要多中心验证和比较研究。

4 前列腺癌智慧医疗体系建设思考与展望

医学大数据和人工智能技术的发展推动了前列腺癌生物学信息学研究。通过多种临床指标的加权计算和融合分析能够有效预测前列腺癌的患病风险，从而量化评估患者是否需要接受穿刺活检，对于提高前列腺癌检出率以及前列腺癌的早期精准诊断具有重要意义。目前，疾病智慧医疗是医学信息学领域关注的重点和热点问题^[19]。其中，数据资源和人工智能模型是实现智慧医疗的核心驱动力。针对现有成果的优势与局限，前列腺癌智慧医疗体系的建设应该从数据、特征、算法、应用等角度进一步开展创新研究，包括数据资源与本体构建、数据隐私保护、多组学特征整合、新一代人工智能模型应用、多中心评价等关键要素，见图 3。

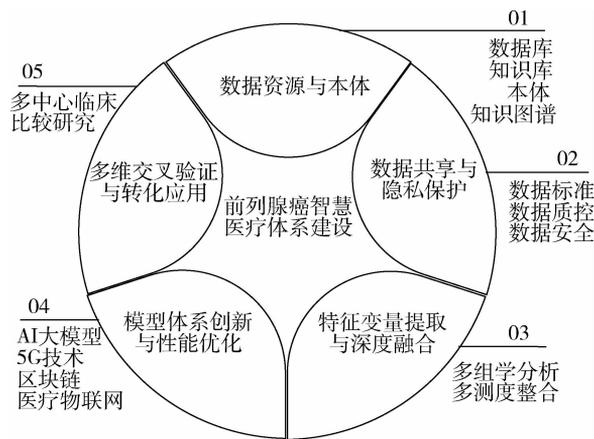


图 3 前列腺癌智慧医疗体系建设关键要素

4.1 多组学数据整合与标准制定

前列腺癌的疾病信息涉及分子、影像、临床表

型等不同组学层次的数据,因此,构建前列腺癌相关数据库、知识库具有重要意义。在数据收集环节,应制订系统的纳入和排除标准,开展数据收集的过程化管理,对不同来源的数据进行合理注释和预处理,减少人群、检测平台和样本异质性对计算分析的干扰。围绕前列腺癌的病因学特点、临床检测指征、患者生活方式等构建本体库,并进一步绘制前列腺癌知识图谱,为多中心的交叉融合研究和专家系统建设奠定数据基础^[20]。

4.2 多维度特征分析与模型构建

已报道预测模型选择年龄、PSA水平、直肠指检等临床易采集的指标作为特征变量,具有计算简便、操作性强等优点。但是,仅包含上述指标并不能系统反映前列腺癌动态性特征。同时,前列腺癌演变过程中的异质性问题也会导致应用局限。例如,一方面,前列腺癌发病具有高度的人种或种族差异,基于某些特定人群数据训练的模型,在鲁棒性、普适性和泛化性方面存在不足,可能无法完全适用于其他种族或国家、地区人群的前列腺癌筛查评估。另一方面,大多数研究选择逻辑回归等传统统计机器学习模型作为学习器。研究表明,逻辑回归并非最优建模方法,信息增益率、朴素贝叶斯、随机森林等算法在变量筛选和模型构建方面性能更佳^[21]。随着信息技术的进步,深度神经网络等新一代人工智能框架采用交互式学习方式,有利于解决前列腺癌演变过程中的不确定性问题。因此,在传统临床指标和计算方法的基础上,可进一步从“基因型-表型”相互作用角度挖掘前列腺癌特异的分子、影像标志物以及生活方式、环境等个体或群体信息作为模型先验知识,通过多维度特征的深度学习和因果分析提高模型的健壮性和可拓展性^[22]。

4.3 多中心临床验证与转化应用

单中心临床数据建模分析容易造成结果过拟合,多中心数据更有助于构建基于大样本的复杂学习模型,能够在一定程度上解释前列腺癌人群异质性问题。此外,多中心数据更有利于全面评估模型的普适性和应用前景,推动理论研究的转化应用。

5 结语

已报道前列腺癌风险预测模型具有较好的临床意义和应用价值,但是,针对关键特征的识别方法以及模型通用性、泛化性、可操作性等方面仍然存在不足。因此,如何有效整合多元数据、临床知识和机器学习算法构建智能化的前列腺癌诊断系统是值得研究的方向,也是前列腺癌智慧医疗体系建设的重要组成部分。

参考文献

- 1 LIN Y, ZHAO X, MIAO Z, et al. Data-driven translational prostate cancer research: from biomarker discovery to clinical decision [J]. *Journal of translational medicine*, 2020, 18 (1): 119.
- 2 徐秀, 石怡珍. 前列腺健康指数在前列腺癌早期诊疗中的应用 [J]. *中华核医学与分子影像杂志*, 2022, 42 (1): 48-51.
- 3 米超, 徐方明, 高漓. 4K评分对前列腺癌临床价值的研究进展 [J]. *广西医科大学学报*, 2020, 37 (3): 537-542.
- 4 CARTER H B, HELFAND B, MAMAWALA M, et al. Germline mutations in ATM and BRCA1/2 are associated with grade reclassification in men on active surveillance for prostate cancer [J]. *European urology*, 2019, 75 (5): 743-749.
- 5 LI J, XU C, LEE H J, et al. A genomic and epigenomic atlas of prostate cancer in Asian populations [J]. *Nature*, 2020, 580 (7801): 93-99.
- 6 徐志强. 尿PCA3基因在早期前列腺癌诊断中的作用 [J]. *系统医学*, 2021, 6 (13): 195-198.
- 7 CHEN Y, LIU X, YU Y, et al. PCaLiStDB: a lifestyle database for precision prevention of prostate cancer [EB/OL]. [2023-01-03]. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31950190/>.
- 8 VAN VUGT H A, ROOBOL M J, KRANSE R, et al. Prediction of prostate cancer in unscreened men: external validation of a risk calculator [J]. *European journal of cancer*, 2011, 47 (6): 903-909.
- 9 KOWLESSUR B, PHULL M, PATEL B, et al. Validating the European randomised study for screening of prostate cancer (ERSPC) risk calculator in a contemporary South African cohort [J]. *World journal of urology*, 2020, 38

- (7): 1711 - 1718.
- 10 LUGHEZZANI G, LAZZERI M, HAESE A, et al. Multi-center European external validation of a prostate health index - based nomogram for predicting prostate cancer at extended biopsy [J]. *European urology*, 2014, 66 (5): 906 - 912.
- 11 WAGASKAR V G, LEVY M, RATNANI P, et al. Clinical utility of negative multiparametric magnetic resonance imaging in the diagnosis of prostate cancer and clinically significant prostate cancer [J]. *European urology open science*, 2021, 28: 9 - 16.
- 12 GENTILE F, FERRO M, DELLA VENTURA B, et al. Optimized identification of high - grade prostate cancer by combining different PSA molecular forms and PSA density in a deep learning model [J]. *Diagnostics*, 2021, 11 (2): 335.
- 13 TANG P, CHEN H, UHLMAN M, et al. A nomogram based on age, prostate - specific antigen level, prostate volume and digital rectal examination for predicting risk of prostate cancer [J]. *Asian journal of andrology*, 2013, 15 (1): 129 - 133.
- 14 CHEN R, XIE L, XUE W, et al. Development and external multicenter validation of Chinese Prostate Cancer Consortium prostate cancer risk calculator for initial prostate biopsy [J]. *Urologic oncology*, 2016, 34 (9): e411 - e417.
- 15 罗进阳, 郑嘉欣, 蔡宗龙, 等. 基于第二版 PI - RADS 建立的预测模型对前列腺穿刺活检结果的预测价值 [J]. *中华泌尿外科杂志*, 2019, 40 (9): 673 - 679.
- 16 罗志强, 黄建文, 曹乃龙, 等. 基于 PI - RADS v2 评分在 PSA 4 ~ 10ng/mL 患者前列腺癌预测模型的构建及验证 [J]. *临床泌尿外科杂志*, 2022, 37 (2): 109 - 113, 118.
- 17 HUANG C, QIU F, JIN D, et al. New diagnostic model for clinically significant prostate cancer in biopsy - naive men with PIRADS 3 [J]. *Frontiers in oncology*, 2022, 12: 908956.
- 18 HUANG C, CAI Z Q, QIU F, et al. New model of PIRADS and adjusted prostatespecific antigen density of peripheral zone improves the detection rate of initial prostate biopsy: a diagnostic study [J]. *Asian journal of andrology*, 2023, 25 (1): 126 - 131.
- 19 蔡琼, 李瑞锋, 杜松星, 等. 主动健康在智慧医疗中的应用与发展趋势分析 [J]. *医学信息学杂志*, 2023, 44 (1): 20 - 24.
- 20 CHEN Y, YU C, LIU X, et al. PCLiON: an ontology for data standardization and sharing of prostate cancer associated lifestyles [J]. *International journal of medical informatics*, 2021, 145: 104332.
- 21 杜超, 范馨月, 单立平. 基于集成学习算法构建前列腺癌预测模型 [J]. *中华医学图书情报杂志*, 2019, 28 (12): 19 - 24.
- 22 兰雨姗, 郑思, 李姣. 机器学习方法在因果推断中混杂因素控制的应用 [J]. *医学信息学杂志*, 2022, 43 (11): 20 - 26, 33.

(上接第 33 页)

- 14 TZENG H M, MARCUS PIERSON J. Measuring patient engagement: which healthcare engagement behaviours are important to patients [J]. *Journal of advanced nursing*, 2017, 73 (7): 1604 - 1609.
- 15 XU R H, CHEUNG A W L, WONG E L Y. Development and validation of an instrument to measure patient engagement in Hong Kong Special Administrative Region, China [EB/OL]. [2023 - 03 - 21]. <https://doi.org/10.2147/PPA.S171026>.
- 16 麻玲芝, 陈国英, 刘姣, 等. 患者对互联网医院认知及态度调查研究 [J]. *医学信息学杂志*, 2021, 42 (4): 7 - 12.
- 17 赵健霖, 张文涵, 努尔比耶·阿卜杜热合曼, 等. 新疆老年人网络就医行为及认知状况调查 [J]. *医学与社会*, 2023, 36 (1): 64 - 68, 92.
- 18 施国洪, 夏前龙. 技术准备度内涵、结构、测量与研究评述 [J]. *科技进步与对策*, 2014, 31 (19): 120 - 125.
- 19 CHEN W, ZHENG Q, LIANG C, et al. Factors influencing college students' mental health promotion: the mediating effect of online mental health information seeking [J]. *International journal of environmental research and public health*, 2020, 17 (13): 4783.
- 20 金帅岐, 李贺, 沈旺, 等. 用户健康信息搜寻行为的影响因素研究——基于社会认知理论三元交互模型 [J]. *情报科学*, 2020, 38 (6): 53 - 61, 75.
- 21 GREENE J A, CHOUDHRY N K, KILABUK E, et al. Online social networking by patients with diabetes: a qualitative evaluation of communication with Facebook [J]. *Journal of general internal medicine*, 2011, 26 (3): 287 - 292.