

• 论 著 • DOI:10.3969/j.issn.1672-9455.2026.05.017

MLR、FAR、PLR 联合临床特征对胃癌患者淋巴结转移的预测价值*

蒙丽覃^{1,2}, 黄鑫², 闭金丽², 李婧涵², 李泰阶^{1,2△}

1. 广西医科大学第一附属医院检验科, 广西南宁 530021; 2. 广西医科大学附属武鸣医院医学检验科, 广西南宁 530199

摘要:目的 构建单核细胞计数/淋巴细胞计数比值(MLR)、纤维蛋白原/清蛋白比值(FAR)与血小板/淋巴细胞比值(PLR)联合临床特征对胃癌患者淋巴结转移的预测模型,并验证其预测价值。**方法** 选取 2020 年 6 月至 2023 年 10 月广西医科大学第一附属医院收治的 600 例胃癌患者作为研究对象。根据是否存在淋巴结转移将患者分为转移组与非转移组。收集所有研究对象临床资料,包括性别、年龄、民族、血型、肿瘤位置、分化程度、肿瘤最大径、T 分期、M 分期和美国癌症联合委员会癌症分期系统(AJCC)分级、血液学指标[中性粒细胞/淋巴细胞比值(NLR)、PLR、MLR、FAR、营养指数(PNI)]。采用多因素 Logistic 回归分析胃癌患者发生淋巴结转移的影响因素。绘制受试者工作特征(ROC)曲线分析 NLR、PLR、MLR、FAR、PNI 预测胃癌患者淋巴结转移的价值,并验证回归模型预测胃癌患者淋巴结转移的价值。对回归模型进行 Bootstrap 内部验证及决策曲线分析。**结果** 转移组纳入 417 例,非转移组纳入 183 例。转移组与非转移组肿瘤位置、分化程度、肿瘤最大径、T 分期、M 分期、AJCC 分级、NLR、PLR、MLR、FAR、PNI 比较,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。ROC 曲线分析结果显示,NLR、PLR、MLR、FAR 和 PNI 诊断胃癌淋巴结转移的最佳截断值分别为 2.11、144.38、0.27、0.10 和 45.08。多因素 Logistic 回归分析结果显示,PLR、MLR、FAR、T 分期升高是胃癌患者发生淋巴结转移的独立危险因素($P < 0.05$)。ROC 曲线验证结果显示,回归模型预测胃癌淋巴结转移的曲线下面积为 0.809。Bootstrap 验证显示模型具有良好的稳健性,决策曲线提示联合模型在临床应用中获益最高。**结论** MLR、FAR 和 PLR 均为胃癌患者淋巴结转移的独立预测指标,其联合使用能提高预测效能。进一步结合 T 分期构建的联合模型具有较高的区分度和临床应用价值,有望作为简便、经济的术前风险评估工具,为临床决策提供参考。

关键词:胃癌; 淋巴结转移; 单核细胞计数/淋巴细胞计数比值; 纤维蛋白原/清蛋白比值; 血小板/淋巴细胞比值

中图分类号:R735.2;R730.4;R446.1

文献标志码:A

文章编号:1672-9455(2026)05-0679-07

Prediction value of MLR, FAR and PLR combined with clinical characteristics
for lymph node metastasis in gastric cancer patients*

MENG Liqin^{1,2}, HUANG Xin², BI Jinli², LI Jinghan², LI Taijie^{1,2△}

1. Department of Clinical Laboratory, the First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University, Nanning, Guangxi 530021, China; 2. Department of Clinical Laboratory Medicine, Wuming Hospital Affiliated to Guangxi Medical University, Nanning, Guangxi 530199, China

Abstract: Objective To construct a predictive model of monocyte/lymphocyte ratio (MLR), fibrinogen/albumin ratio (FAR) and platelet/lymphocyte ratio (PLR) combined with clinical features for lymph node metastasis in gastric cancer patients, and verify its predictive value. **Methods** A total of 600 patients with gastric cancer admitted to the First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University from June 2020 to October 2023 were selected as the research objects. According to the presence or absence of lymph node metastasis, the patients were divided into metastatic group and non-metastatic group. Clinical data of all subjects were collected. Gender, age, ethnic group, blood type, tumor location, degree of differentiation, maximum tumor diameter, T stage, M stage, American Joint Committee on Cancer (AJCC) staging system (grade), hematological indexes [neutrophil/lymphocyte ratio (NLR), PLR, MLR, FAR, nutritional index (PNI)] were included. Multivariate Logistic regression was used to analyze the influencing factors of lymph node metastasis in patients with

* 基金项目:广西壮族自治区自然科学基金(2023GXNSFAA026184, 2025GXNSFAA069134)。

作者简介:蒙丽覃,女,在读硕士研究生,主要从事临床微生物检验方向的研究。△ 通信作者, E-mail: litaijie@126.com。

引用格式:蒙丽覃,黄鑫,闭金丽,等. MLR、FAR、PLR 联合临床特征对胃癌患者淋巴结转移的预测价值[J]. 检验医学与临床, 2026, 23(5): 679-685.

gastric cancer. The receiver operating characteristic (ROC) curve was drawn to analyze the value of NLR, PLR, MLR, FAR and PNI in predicting lymph node metastasis of gastric cancer patients, and to verify the value of regression model in predicting lymph node metastasis of gastric cancer patients. Bootstrap internal validation and decision curve analysis were performed on the regression model. **Results** There were 417 patients in the metastasis group and 183 patients in the non-metastasis group. There were significant differences in tumor location, differentiation degree, tumor maximum diameter, T stage, M stage, AJCC grade, NLR, PLR, MLR, FAR, and PNI between the metastasis group and the non-metastasis group ($P < 0.05$). ROC curve analysis showed that the best cut-off values of NLR, PLR, MLR, FAR and PNI in the diagnosis of lymph node metastasis of gastric cancer were 2.11, 144.38, 0.27, 0.10 and 45.08, respectively. Multivariate Logistic regression analysis showed that PLR, MLR, FAR and elevated T stage were independent risk factors for lymph node metastasis in patients with gastric cancer ($P < 0.05$). ROC curve verification results showed that the area under the curve of the regression model for predicting lymph node metastasis of gastric cancer was 0.809. The Bootstrap validation showed that the model had good robustness, and the decision curve suggested that the combined model had the highest benefit in clinical application. **Conclusion** MLR, FAR and PLR are all independent predictors of lymph node metastasis in patients with gastric cancer, and their combination can improve the predictive efficiency. The combined model constructed by further combining T stage has high discrimination and clinical application value, which is expected to be a simple and economical preoperative risk assessment tool to provide reference for clinical decision-making.

Key words: gastric cancer; lymph node metastasis; monocyte/lymphocyte ratio; fibrinogen/albumin ratio; platelet/lymphocyte ratio

胃癌作为全球高发恶性肿瘤,在亚洲地区的发病率较高,目前仍为世界肿瘤死亡的主要原因之一^[1]。淋巴结转移显著影响胃癌患者的生存结局,准确预测淋巴结转移对指导临床决策(如手术方案制订和术后辅助治疗)至关重要^[2]。尽管已有多种临床和病理指标被用于预测淋巴结转移,但仍需更可靠、易获取且无创的生物标志物以提高预测模型的准确性^[3-5]。然而,目前临床常用的传统肿瘤标志物如癌胚抗原(CEA)、糖类抗原 19-9(CA19-9)等虽在胃癌患者总体预后判断中有一定价值^[6-8],但其用于预测淋巴结转移的特异度与灵敏度均有限,无法独立支持术前治疗决策制订^[9-10]。因此,寻找灵敏度更高、获取便捷、成本低廉的预测指标,已成为当前精准外科路径管理中亟待解决的问题。故本研究基于临床特征、血液学指标分析胃癌患者发生淋巴结转移的影响因素,并构建预测模型,旨在筛查发生淋巴结转移风险较高的患者,并尽早采取干预措施,改善胃癌患者的预后。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取 2020 年 6 月至 2023 年 10 月广西医科大学第一附属医院收治的 600 例胃癌患者作为研究对象。纳入标准:(1)符合文献^[11]中胃癌相关诊断标准;(2)经影像学(CT/MRI)或术后病理检查证实存在/不存在淋巴结转移;(3)年龄 18~75 岁。排除标准:(1)合并其他恶性肿瘤;(2)既往接受过胃癌相关手术、放疗或化疗;(3)合并严重心脑血管疾病[美国纽约心脏病协会(NYHA)Ⅲ~Ⅳ级心力衰竭、心肌梗死];(4)合并严重感染或免疫缺陷性疾病(如 HIV 感染);(5)长期使用免疫抑制剂;(6)合并血液系

统疾病(如白血病、淋巴瘤)。本研究为回顾性分析,数据均经匿名化处理,经伦理委员会审议后豁免知情同意要求。本研究经广西医科大学第一附属医院医学伦理委员会审核批准(2025-E0647)。

1.2 方法

1.2.1 分组 根据影像学(CT/MRI)或术后病理检查结果,将发生淋巴结转移的胃癌患者纳入转移组,其余纳入非转移组。

1.2.2 临床资料收集 收集所有研究对象临床资料,包括性别、年龄(< 60 岁、 ≥ 60 岁)、民族(汉族、壮族、其他)、血型(A、B、O、AB)、肿瘤位置(胃窦、胃体、贲门、重叠)、分化程度(印戒细胞癌、低分化、中分化、高分化)、肿瘤最大径(< 5 cm、 ≥ 5 cm)、T分期(T1~T4)、M分期(M0、M1)和美国癌症联合委员会癌症分期系统(AJCC)分级(Ⅰ期、Ⅱ期、Ⅲ期、Ⅳ期)、血液学指标[中性粒细胞计数/淋巴细胞计数比值(NLR)、血小板/淋巴细胞比值(PLR)、单核细胞计数/淋巴细胞计数比值(MLR)、纤维蛋白原/清蛋白比值(FAR)、营养指数(PNI)]。

1.3 统计学处理 采用 SPSS25.0 和 GraphPad Prism 9 统计软件进行数据处理与统计分析。不符合正态分布的计量资料以 $M(P_{25}, P_{75})$ 表示,2 组间比较采用 Mann-Whitney U 检验。等级资料比较采用 Wilcoxon 秩和检验。计数资料以例数或百分率表示,2 组间比较采用 χ^2 检验。采用多因素 Logistic 回归分析胃癌患者发生淋巴结转移的影响因素。绘制受试者工作特征(ROC)曲线分析 NLR、PLR、MLR、FAR、PNI 对胃癌患者发生淋巴结转移的预测价值,

并验证联合模型对胃癌患者淋巴结转移的预测价值。采用 R 语言 4.4.3 进行 Bootstrap 法内部验证(1 000 次抽样),计算校正后的曲线下面积(AUC)及 Brier 分数,并绘制校准曲线评价预测值与实际值的一致性。采用 rmda 包(Version 1.6)进行决策曲线分析,阈值概率范围设为 0.10~0.80,比较联合模型、临床特征模型、血液学指标模型及全治/不治策略的净获益率。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结 果

2.1 转移组与非转移组临床资料比较 转移组纳入 417 例,非转移组纳入 183 例。转移组与非转移组性别、年龄、民族、血型比较,差异均无统计学意义($P > 0.05$)。转移组与非转移组肿瘤位置、分化程度、肿瘤最大径、T 分期、M 分期、AJCC 分级、NLR、PLR、MLR、FAR、PNI 比较,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。见表 1。

表 1 患者中淋巴结转移组与淋巴结未转移组的临床资料比较 [$n(\%)$ 或 $M(P_{25}, P_{75})$]

组别	n	性别		年龄(岁)		民族		
		男	女	<60	≥60	汉族	壮族	其他
非转移组	183	120(65.57)	63(34.43)	101(55.19)	82(44.81)	97(53.00)	82(44.81)	4(2.19)
转移组	417	283(67.87)	134(32.13)	222(53.24)	195(46.76)	221(53.00)	177(42.44)	19(4.56)
χ^2/Z		0.303		0.195		2.029		
P		0.582		0.658		0.363		

组别	n	血型				肿瘤位置			
		A	B	O	AB	胃窦	胃体	贲门	重叠
非转移组	183	43(23.50)	46(25.14)	84(45.90)	10(5.46)	48(26.23)	81(44.26)	9(4.92)	45(24.59)
转移组	417	121(29.01)	106(25.42)	171(41.01)	19(4.56)	144(34.53)	191(45.80)	15(3.60)	67(16.07)
χ^2/Z		2.335				8.311			
P		0.502				0.040			

组别	n	分化程度		肿瘤最大径(cm)		T 分期				M 分期	
		印戒细胞瘤、低分化	中、高分化	<5	≥5	T1	T2	T3	T4	M0	M1
非转移组	183	126(68.85)	57(31.15)	137(74.86)	46(25.14)	77(42.08)	38(20.76)	53(28.96)	15(8.20)	183(100.00)	0(0.00)
转移组	417	331(79.38)	86(20.62)	239(57.31)	178(42.69)	23(5.51)	51(12.23)	224(53.72)	119(28.54)	371(88.97)	46(11.03)
χ^2/Z		7.760		16.742		148.695				21.863	
P		0.005		<0.001		<0.001				<0.001	

组别	n	AJCC 分期		NLR	PLR	MLR	FAR	PNI
		I~II	III~IV					
非转移组	183	179(97.81)	4(2.19)	1.92(1.40,2.61)	139.13(109.34,201.06)	0.27(0.21,0.34)	0.08(0.07,0.10)	46.35(42.75,50.15)
转移组	417	121(29.02)	296(70.98)	2.34(1.78,3.20)	177.01(133.51,241.65)	0.34(0.27,0.44)	0.09(0.08,0.11)	43.85(40.70,47.40)
χ^2/Z		240.791		-5.576	-5.642	-7.962	-5.060	-5.202
P		<0.001		<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001

2.2 ROC 曲线分析 NLR、PLR、MLR、FAR 和 PNI 预测胃癌患者发生淋巴结转移的最佳截断值 将表 1 中差异有统计学意义的连续型变量(NLR、PLR、MLR、FAR、PNI)进行 ROC 曲线分析,结果显示,NLR、PLR、MLR、FAR 和 PNI 诊断胃癌患者发生淋巴结转移的最佳截断值分别为 2.11、144.38、0.27、0.10 和 45.08。见表 2。

2.3 多因素 Logistic 回归分析 胃癌患者发生淋巴结转移的影响因素 由于 AJCC 的 TNM 分期系统与淋巴结转移有直接关系,因此回归分析中不再纳入 AJCC 分级。将肿瘤位置、分化程度、肿瘤最大径、T

分期、M 分期、NLR、PLR、MLR、FAR、PNI 作为自变量(赋值见表 3),将胃癌患者是否发生淋巴结转移作为因变量(转移=1,非转移=0)进行多因素 Logistic 回归分析。肿瘤位置的四分类不存在有序递增关系,因此将其定义为无序分类变量,其余为有序分类变量。计算方差膨胀因子(VIF)检验多重共线性,所有自变量的 VIF 值均<5,表示模型不存在显著共线性问题。初步分析结果显示,M 分期变量在 Logistic 回归中存在完全分离现象,导致其参数估计及标准误差失效(表现为 OR 值异常且置信区间无限宽)。为确保模型估计的稳健性与可靠性,最终在多因素 Logistic

回归模型中剔除了 M 分期变量。结果显示,PLR、MLR、FAR、T 分期升高均为胃癌患者发生淋巴结转移的独立危险因素($P < 0.05$)。最终建立 Logistic 回

归模型得到回归方程 $\text{Logit}(P) = -4.58 + X_{\text{T分期}} + 0.57X_{\text{PLR}} + 0.83X_{\text{MLR}} + 0.68X_{\text{FAR}}$, 预测风险概率方程: $P = 1 / \{1 + \exp[-\text{Logit}(P)]\}$ 。见表 3、4、5、6。

表 2 ROC 曲线分析 NLR、PLR、MLR、FAR 和 PNI 预测淋巴结转移的最佳截断值

变量	AUC(95%CI)	P	最佳截断值	灵敏度	特异度	约登指数
NLR	0.643(0.595 ~ 0.691)	<0.001	2.11	0.61	0.61	0.22
PLR	0.645(0.595 ~ 0.694)	<0.001	144.38	0.71	0.57	0.28
MLR	0.704(0.657 ~ 0.751)	<0.001	0.27	0.78	0.52	0.30
FAR	0.632(0.585 ~ 0.679)	<0.001	0.10	0.34	0.86	0.20
PNI	0.633(0.585 ~ 0.682)	<0.001	45.08	0.59	0.62	0.21

表 3 变量赋值

变量	赋值
肿瘤最大径	$\leq 5 \text{ cm} = 1; > 5 \text{ cm} = 2$
分化程度	印戒细胞癌、低分化=1;中、高分化=2
肿瘤位置	胃窦=1;胃体=2;贲门=3;重叠=4
T 分期	T1=1;T2=2;T3=3;T4=4
M 分期	M0=1;M1=2
NLR	$\leq 2.11 = 1; > 2.11 = 2$
PLR	$\leq 144.38 = 1; > 144.38 = 2$
MLR	$\leq 0.27 = 1; > 0.27 = 2$
FAR	$\leq 0.10 = 1; > 0.10 = 2$
PNI	$\leq 45.08 = 1; > 45.08 = 2$

注:肿瘤位置为无序分类变量,其余变量均为有序分类变量。

表 4 VIF 检验

变量	NLR	PLR	MLR	FAR	PNI
VIF 值	1.29	1.33	1.19	1.10	1.27

表 5 多因素 Logistic 回归分析胃癌患者发生淋巴结转移的影响因素(初步模型)

因素	β	SE	Wald χ^2	P	OR(95%CI)
肿瘤最大径	0.13	0.24	0.28	0.59	1.14(0.71~1.81)
分化程度	-0.35	0.24	2.03	0.15	0.70(0.44~1.14)
肿瘤位置(胃体)	-0.06	0.26	0.05	0.82	0.94(0.57~1.56)
肿瘤位置(贲门)	-0.39	0.54	0.51	0.47	0.68(0.24~1.96)
肿瘤位置(重叠)	-0.56	0.31	3.28	0.07	0.57(0.31~1.05)
T 分期	0.93	0.12	58.98	<0.01	2.53(2.00~3.23)
M 分期	15.58	550.35	0.0008	0.98	—
NLR	0.07	0.24	0.09	0.76	1.07(0.67~1.73)
PLR	0.58	0.25	5.31	0.02	1.79(1.09~2.90)
MLR	0.82	0.24	11.56	<0.01	2.27(1.42~3.65)
FAR	0.63	0.25	6.41	0.01	1.88(1.15~3.05)
PNI	0.14	0.25	0.32	0.57	1.15(0.71~1.86)
常数项	-20.23	550.36	0.001	0.97	—

注:—表示无数据;肿瘤位置以胃窦为基准,胃体、贲门、重叠部分别与其比较。

2.4 胃癌患者发生淋巴结转移的回归模型预测效果验证 根据多因素 Logistic 回归模型所得回归方程,将其计算得到预测概率作为检验变量,将胃癌患者淋巴结转移情况作为状态变量(1=转移,0=非转移),绘制 ROC 曲线进行验证,结果显示,回归模型预测胃癌淋巴结转移的曲线下面积(AUC)为 0.809(95%

CI:0.770~0.849, $P < 0.05$),灵敏度为 66.7%、特异度为 82.3%,约登指数为 0.490,标准误为 0.021。

表 6 多因素 Logistic 回归分析胃癌患者发生淋巴结转移的影响因素(最终模型)

因素	β	SE	Wald χ^2	P	OR(95%CI)
肿瘤最大径	0.07	0.24	0.08	0.78	1.07(0.67~1.70)
分化程度	-0.40	0.24	2.72	0.10	0.67(0.42~1.08)
肿瘤位置(胃体)	-0.08	0.25	0.09	0.76	0.92(0.56~1.52)
肿瘤位置(贲门)	-0.47	0.54	0.76	0.38	0.63(0.21~1.81)
肿瘤位置(重叠)	-0.58	0.31	3.55	0.06	0.56(0.31~1.02)
T 分期	1.00	0.12	70.46	<0.01	2.72(2.16~3.45)
NLR	0.06	0.24	0.07	0.80	1.06(0.66~1.71)
PLR	0.57	0.25	5.27	0.02	1.77(1.09~2.87)
MLR	0.83	0.24	11.88	<0.01	2.29(1.43~3.66)
FAR	0.68	0.25	7.57	0.01	1.97(1.21~3.19)
PNI	0.10	0.24	0.15	0.69	1.11(0.68~1.78)
常数项	-4.58	0.96	22.87	<0.001	0.01(0.002~0.070)

注:肿瘤位置以胃窦为基准,胃体、贲门、重叠部分别与其比较。

2.5 联合预测模型性能评估 利用 Bootstrap 重抽样这一内部验证方法进行了 1 000 次重复验证,校准曲线显示模型拟合度好。仅血液指标(PLR、MLR、FAR)模型回归方程为 $\text{Logit}(P) = -2.10 - 0.80X_{\text{PLR}} + 1.03X_{\text{MLR}} + 0.57X_{\text{FAR}}$,仅临床特征(T 分期)模型回归方程为 $\text{Logit}(P) = -2.16 + 1.16X_{\text{T分期}}$,bootstrap 重抽样后的预测模型(T 分期、PLR、MLR、FAR)回归方程为 $\text{Logit}(P) = -4.56 + 1.05X_{\text{T分期}} + 0.58X_{\text{PLR}} + 0.86X_{\text{MLR}} + 0.29X_{\text{FAR}}$ 。计算重抽样的内部数据集 AUC,其原始 AUC 为 0.805(95%CI:0.769~0.850),经过偏差校正后为 0.797(95%CI:0.758~0.838),乐观度仅为 0.008,模型过拟合程度小。Brier Score 从 0.150 校正为 0.154,乐观度为 0.004,模型具有良好的校准性能。进一步进行决策曲线分析,以高风险阈值(0,1)为横坐标,胃癌患者净获益率为纵坐标,绘制决策曲线。结果显示,联合预测模型曲线高于仅临床特征模型曲线和仅血液学指标模型,联合预测模型曲线净获益率 > 0。见图 1、2,表 7~10。

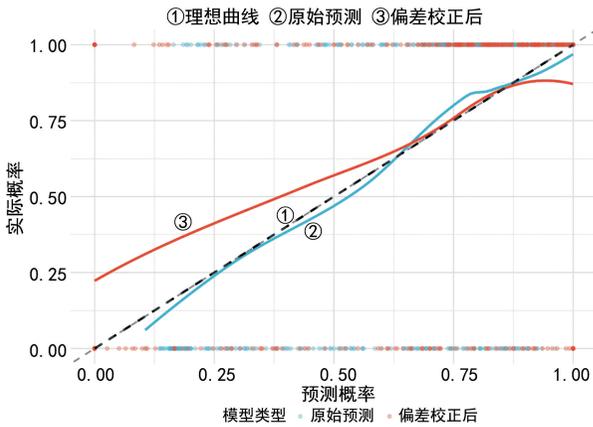


图 1 预测模型的校准曲线

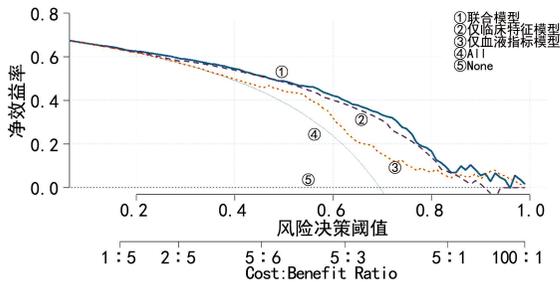


图 2 预测模型的决策曲线分析

表 7 仅 T 分期模型的 Bootstrap 内部验证结果

因素	β	SE	Wald χ^2	P	OR(95%CI)
T 分期	1.16	0.11	108.55	<0.001	3.19(2.62~4.06)
常数项	-2.16	0.29	57.14	<0.001	—

注：—表示无数据。

表 8 仅血液指标模型的 Bootstrap 内部验证结果

因素	β	SE	Wald χ^2	P	OR(95%CI)
PLR	0.80	0.19	17.44	<0.001	2.23(1.51~3.21)
MLR	1.03	0.20	25.78	<0.001	2.80(1.87~4.19)
FAR	0.57	0.23	6.29	0.01	1.77(1.13~2.76)
常数项	-2.10	0.44	42.59	<0.001	—

注：—表示无数据。

表 9 联合模型的 Bootstrap 内部验证结果

因素	β	SE	Wald χ^2	P	OR(95%CI)
T 分期	1.05	0.12	81.74	<0.001	2.86(2.29~3.58)
PLR	0.58	0.22	6.72	0.01	1.79(1.17~2.74)
MLR	0.86	0.23	14.18	<0.001	2.36(1.50~3.65)
FAR	0.29	0.25	1.39	0.01	1.34(0.82~2.22)
常数项	-4.56	0.53	74.71	<0.001	—

注：—表示无数据。

表 10 决策曲线分析的净获益值

模型	阈值=0.2	阈值=0.3	阈值=0.4
联合模型	0.629	0.585	0.541
仅临床特征模型	0.619	0.581	0.539
仅血液指标模型	0.619	0.564	0.497
Treat All 策略	0.619	0.564	0.492
Treat None 策略	0.000	0.000	0.000

注：Treat None 策略的净获益恒为 0。

3 讨论

近年来,随着诊疗技术的进步,部分患者的预后

得到了改善,但晚期胃癌患者的 5 年生存率仍不足 30%^[12-13],临床目前尚缺乏有效的早期风险分层工具,尤其是在术前阶段对淋巴结转移状态的准确判断仍是一项挑战。术前精准评估淋巴结转移主要依赖增强 CT、超声内镜等影像学检查,但其灵敏度和特异度均有一定局限^[14-15]。因此,开发一种无创、经济、高效的术前预测模型,用于更精准地识别淋巴结转移高风险与低风险人群,对于实现胃癌的个体化、精准化外科治疗具有迫切的临床必要性。

本研究结果显示,转移组与非转移组肿瘤位置、分化程度、肿瘤最大径、T 分期、M 分期、AJCC 分期、NLR、PLR、MLR、FAR、PNI 比较,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。多因素 Logistic 回归分析结果显示,PLR、MLR、FAR 升高是胃癌患者发生淋巴结转移的独立危险因素($P < 0.05$)。有研究表明,MLR 升高与肿瘤最大径、浸润深度、淋巴血管侵犯等临床病理特征相关,而这些因素均与淋巴结转移风险增加有关^[16-17]。FAR 则整合了纤维蛋白原和清蛋白 2 项指标,可全面评估癌症患者的身体状况^[18-19]。纤维蛋白原水平升高与胃癌、卵巢癌和肺癌的不良预后相关,其机制可能是通过促进肿瘤微血栓形成、血管生成及免疫逃逸等机制加速肿瘤进展和转移^[20-22]。低清蛋白血症则常提示营养不良或系统性炎症反应,进一步加剧肿瘤患者的恶病质状态^[23]。PLR 作为反映血小板活化-系统性炎症/免疫抑制轴的综合指标,在多种癌症中与预后不良、侵袭性病理特征及转移风险增加密切相关(如食管癌、子宫内膜癌、前列腺癌、结直肠癌等)^[24-27]。其生物学机制具有合理性:血小板可通过释放 TGF- β 、PDGF 等因子促进上皮-间质转化与血管生成,并在循环中包裹肿瘤细胞以协助免疫逃逸;而淋巴细胞减少提示抗肿瘤免疫受损^[28]。在胃癌领域,既往研究表明 PLR、MLR 与疾病进展及病理分化相关^[29]。

本研究将 PLR、MLR、FAR 作为同一组炎症-凝血-免疫复合表型,与关键临床特征 T 分期共同建模,期望在保留可及性的同时提升判别力与临床可解释性。本研究除了 MLR、FAR、PLR 与作为炎症-凝血-免疫反映的系统性指标外,临床特征(如 T 分期、肿瘤最大径、分化程度等)在淋巴结转移风险评估中同样具有重要作用。本研究结果显示,T 分期升高是胃癌患者发生淋巴结转移的独立危险因素。T 分期越高(如 T3、T4),肿瘤细胞穿透胃壁肌层甚至浆膜层,肿瘤细胞与丰富的浆膜下淋巴管网之间的物理屏障几乎消失,肿瘤细胞极易脱落后侵入淋巴管^[25]。肿瘤生物学行为越活跃,其转移可能性越大。因此,建立包括 MLR、FAR、PLR 和临床指标的联合预测模型,有望在术前为患者提供更全面的风险画像,指导外科切除范围、淋巴清扫策略及术后辅助治疗决策。此外,未来可将该模型与影像组学、循环肿瘤 DNA 等新型

生物标志物结合,构建多模态预测体系,进一步提升术前淋巴结转移风险评估的精准度与个体化水平^[30-32]。

本研究建立的联合回归模型通过了严格的内部验证与临床效用评估,这为其可靠性与稳健性提供了多重保障。Bootstrap 重抽样验证(1 000 次)结果显示,联合模型经过偏差校正后 AUC 仅从 0.805 降至 0.797(乐观度=0.008),且 Brier 分数校准良好(从 0.150 至 0.154),表明联合模型过度拟合程度小,具有较好的区分度。此外,联合模型的净获益始终高于仅基于临床特征(T 分期)或仅基于血液指标的模型,这表明将炎症血液指标与临床病理因素融合能产生协同效应,提供优于任何单一类别指标的决策支持。

本研究构建了基于 MLR、FAR、PLR 联合临床特征的胃癌淋巴结转移预测模型,并证实该模型具有良好的预测效能与临床实用价值。然而,本研究仍存在一定局限,作为一项单中心回顾性研究,不可避免存在选择偏倚,且样本量有待进一步扩大。该模型虽在不增加成本的前提下有效提升了淋巴结转移的术前识别能力,具备良好临床应用潜力,但仍需多中心前瞻性研究进一步验证。综上所述,胃癌淋巴结转移可能与 MLR、FAR、PLR 及 T 分期有关,临床应结合上述因素,采用对应处理措施,以降低淋巴结转移发生率。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突。

作者贡献 蒙丽章:检索文献、数据收集、统计分析、图表制作、总体文章的构思和撰写;黄鑫、闭金丽:数据收集、文章的知识性内容作批评性审阅;李婧涵:数据收集、资料整理、参考文献整理与格式校对;李泰阶:研究设计与指导、研究监督、终稿审阅与定稿。

参考文献

- ARNOLD M, PARK J Y, CAMARGO M C, et al. Is gastric cancer becoming a rare disease? A global assessment of predicted incidence trends to 2035[J]. *Gut*, 2020, 69(5):823-829.
- 朱志, 杜雨薇, 刘福囡, 等. 淋巴结转移在胃癌预后中的评价[J]. *腹部外科*, 2021, 34(3):179-183.
- 闵丛丛, 张静, 丁士刚. 早期胃癌淋巴结转移临床检测方法的研究进展[J]. *胃肠病学*, 2018, 23(2):105-108.
- 项志雄, 邓辉球, 郑美虹, 等. 血清肿瘤标志物、miRNA-17-5p 水平与早期胃癌患者术后淋巴结转移的关系[J]. *癌症进展*, 2023, 21(22):2481-2484.
- 袁学进, 濮忠建, 解啸明. 血清 PG I /PG II、PLR 联合 sHLA-G 在胃癌筛查患者淋巴结转移中的诊断价值[J]. *转化医学杂志*, 2025, 14(4):109-113.
- 王跃峰. 血 CEA/CA199 联合检测对胃癌诊断及病理检查的效果[J]. *延边大学医学学报*, 2025, 48(2):99-101.
- 李红宇, 董娜. CA724、CEA、CA242、CA199 肿瘤标志物联合检验对胃癌临床诊断价值探析[J]. *临床研究*, 2025, 33(2):145-147.
- 冯永利, 郑喜胜, 李博. CEA、CA125、CA199 对胃癌患者病灶转移的评估价值及与胃癌病理特征的关系[J]. *实用癌症杂志*, 2025, 40(1):83-86.
- 张欣华, 豆小文, 彭绵, 等. 免疫炎症指标联合超声征象对早期乳腺癌腋窝淋巴结转移的临床预测价值[J]. *齐齐哈尔医学院学报*, 2024, 45(23):2219-2225.
- 李庆辉, 冯燕枝, 李海平, 等. 血清 HIF-1 α 、miR-210 与晚期乳腺癌患者临床预后的相关性[J]. *实用癌症杂志*, 2025, 40(8):1227-1231.
- 姜可伟. 规范全球第二大致死率疾病的诊断:《胃癌诊断标准》解读[J]. *中国卫生标准管理*, 2010, 1(4):26-28.
- KAKEJI Y, ISHIKAWA T, SUZUKI S, et al. A retrospective 5-year survival analysis of surgically resected gastric cancer cases from the Japanese gastric cancer association nationwide registry (2001-2013)[J]. *Gastric Cancer*, 2022, 25(6):1082-1093.
- 闫超, 陕飞, 李子禹. 2020 年全球胃癌负担分析:聚焦中国流行现状[J]. *中国肿瘤*, 2023, 32(3):161-170.
- 李小溪, 石宛灵, 康利克, 等. 双重超声造影联合超声内镜在胃癌患者术前 TNM 分期的应用价值[J]. *中国超声医学杂志*, 2021, 37(11):1249-1252.
- 邢一鸣. 不同影像诊断方式在结肠癌病理分期中的应用价值[J]. *影像研究与医学应用*, 2022, 6(22):175-177.
- 王雅楠. NLR、PLR、MLR、D-D 及 FIB 与子宫内膜癌淋巴脉管间隙浸润及淋巴结转移的相关性分析[D]. 郑州:河南大学, 2024.
- AN S, EO W, LEE S, et al. Monocyte-to-lymphocyte ratio as a determinant of survival in patients with gastric cancer undergoing gastrectomy: a cohort study[J]. *Medicine*, 2023, 102(22).
- 田华开, 刘自桃, 宗振, 等. 纤维蛋白原和单核细胞与前白蛋白比值在预测胃癌术后复发中的临床意义[J]. *现代临床医学*, 2024, 50(6):401-404.
- WANG J, ZHANG Z, FEI P. Prognostic and

- clinicopathological role of pretreatment fibrinogen-to-albumin ratio (FAR) in patients with gastric cancer: a Meta-analysis [J]. *World J Surgical Oncol*, 2025, 23(1):227.
- [20] 吴雯雯,李慧民,谢善活,等.非小细胞肺癌患者凝血功能异常情况及预后影响因素分析[J].*医药前沿*, 2024, 14(31):141-143.
- [21] 李松磊,秦娟娟,赵瑞,等.肿瘤标志物联合血常规炎症指标、凝血功能指标在上皮性卵巢癌诊断中的价值分析[J].*标记免疫分析与临床*, 2024, 31(6):1027-1032.
- [22] 陈付群,刘涛,杨占花,等.纤维蛋白原在消化道恶性肿瘤中的研究进展[J].*检验医学与临床*, 2025, 22(6):860-864.
- [23] 杜勇涛.胃癌患者预后及恶病质预测模型的建立[D].西安:中国人民解放军空军军医大学, 2025.
- [24] 江百川.血浆 NLR、PLR、MLR 与前列腺癌诊断的相关性研究[D].石家庄:河北医科大学, 2023.
- [25] 秦佳睿. NLR、PLR、MLR 及 CA125 与子宫内膜癌诊断及临床病理特征相关性分析[D].扬州:扬州大学, 2021.
- [26] 陶欣月. NLR、PLR 和 MLR 对食管癌放疗预后的研究[D].合肥:安徽医科大学, 2023.
- [27] SHEN X, XIANG M Y, TANG J D, et al. Evaluation of peripheral blood inflammation indexes as prognostic markers for colorectal cancer metastasis[J]. *Sci Rep*, 2024, 14(1):20489.
- [28] 孙鸿阳.外周血炎症标志物 SII, NLR, PLR, MLR 对胃癌的诊断及病理分化程度的临床研究[D].合肥:安徽医科大学, 2024.
- [29] 刘文奇,杜江.胃癌切除术后淋巴结转移率与 TNM 分期系统对患者预后的影响比较[J].*山西医药杂志*, 2020, 49(22):3119-3122.
- [30] 詹鹏超,李莉明,吕东博,等.临床及 CT 影像组学特征预测胃癌微卫星高度不稳定状态[J].*中国医学影像技术*, 2024, 40(1):77-82.
- [31] 孙崇源,赵东兵.循环肿瘤 DNA 在胃癌诊疗中的应用进展和展望[J].*中国癌症杂志*, 2023, 33(8):782-789.
- [32] LUO P Q, SONG E D, LIU F, et al. Development and validation of a novel nomogram for predicting overall survival in gastric cancer based on inflammatory markers [J]. *World J Gastrointest Surg*, 2023, 15(1):49-59.

(收稿日期:2025-08-25 修回日期:2025-11-29)
(编辑:陈晶 王明丰)

(上接第 678 页)

- [21] LIT K K, ZHIRENOVA Z, BLOCKI A. Insulin-like growth factor-binding protein 7 (IGFBP7): a microenvironment-dependent regulator of angiogenesis and vascular remodeling [J]. *Front Cell Dev Biol*, 2024, 12:1421438.
- [22] CIUCA A M, BOLIN L P, HORNE C. Perioperative urinary TIMP-2 * IGFBP7 and acute kidney injury: a systematic review [J]. *AANA J*, 2022, 90(3):171-179.
- [23] WEN Y M, PARIKH C R. Current concepts and advances in biomarkers of acute kidney injury[J]. *Crit Rev Clin Lab Sci*, 2021, 58(5):354-368.
- [24] YU J T, HU X W, YANG Q, et al. Insulin-like growth factor binding protein 7 promotes acute kidney injury by alleviating poly ADP ribose polymerase 1 degradation[J]. *Kidney Int*, 2022, 102(4):828-844.
- [25] 谭云芝,邹毅.尿液高迁移率族蛋白 B1、胰岛素样生长因子结合蛋白-7 在原发性 IgA 肾病表达及与病情严重程度和预后的关系[J].*安徽医药*, 2025, 29(2):280-284.
- [26] CIPRIANI C, MINISOLA S, COLANGELO L, et al. FGF23 functions and disease[J]. *Minerva Endocrinol (Torino)*, 2022, 47(4):437-448.
- [27] EDMONSTON D, GRABNER A, WOLF M. FGF23 and klotho at the intersection of kidney and cardiovascular disease[J]. *Nat Rev Cardiol*, 2024, 21(1):11-24.
- [28] BUCHANAN S, COMBET E, STENVINKEL P, et al. Klotho, aging, and the failing kidney [J]. *Front Endocrinol (Lausanne)*, 2020, 11:560.
- [29] ZHOU W, SIMIC P, RHEE E P. Fibroblast growth factor 23 regulation and acute kidney injury[J]. *Nephron*, 2022, 146(3):239-242.
- [30] 胡超娜,贺娟,赵彤,等.基于 Klotho/FGF23 轴研究益肾方对慢性肾衰竭早期大鼠的影响[J].*中国中西医结合肾病杂志*, 2024, 25(5):427-429.

(收稿日期:2025-08-11 修回日期:2025-11-28)
(编辑:陈晶 李菲菲)