

• 临床研究 •

doi:10.3969/j.issn.1671-8348.2025.11.028

网络首发 [https://link.cnki.net/urlid/50.1097.R.20250922.1555.009\(2025-09-22\)](https://link.cnki.net/urlid/50.1097.R.20250922.1555.009(2025-09-22))基于机器学习和 SEER 数据库的胃腺癌
远处转移预测效果评价朱超¹,李玲²,蒲敏¹

(1.南充市嘉陵区人民医院胃肠外科,四川南充 637000;2.四川省第二中医医院重症监护室,成都 610000)

[摘要] **目的** 探讨基于人口统计学信息和肿瘤特征构建的模型预测胃腺癌患者远处转移的效果。**方法** 收集 2001—2021 年监测、流行病学和结果(SEER)数据库 7 788 例胃癌患者数据作为训练集,收集 2019 年 1 月至 2024 年 10 月南充市嘉陵区人民医院 259 例胃腺癌患者临床资料作为测试集。采用 4 种机器学习算法构建胃腺癌远处转移风险预测模型,多因素 logistic 回归分析胃腺癌患者远处转移的影响因素。**结果** 训练集中 801 例(10.3%)存在远处转移,测试集中 25 例(9.7%)存在远处转移。多因素 logistic 回归分析结果显示,分化程度高、T 分期晚、阳性淋巴结对数比(LODDS)多为胃腺癌患者发生远处转移的危险因素($P<0.05$),年龄大、肿瘤原发部位为胃食管结合部和总淋巴结检出数多为胃腺癌患者发生远处转移的保护因素($P<0.05$)。4 种模型测试集验证结果显示,随机森林的预测能力优于 logistic 回归、K 最近邻算法(KNN)和支持向量机(SVM),SVM 的预测能力优于 logistic 回归和 KNN,而 logistic 回归和 KNN 两个模型的预测能力相当。Delong 检验结果显示,随机森林的预测性能优于 logistic 回归、KNN 和 SVM。校准曲线分析结果显示,随机森林的预测准确性优于 logistic 回归、KNN 和 SVM。随机森林中前 5 位重要因素为阴性淋巴结数、肿瘤大小、转移淋巴结数、T 分期和年龄。**结论** 随机森林构建的胃腺癌远处转移风险预测模型性能最优。

[关键词] 胃腺癌;机器学习;远处转移;淋巴结;随机森林**[中图法分类号]** R735.2 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1671-8348(2025)11-2643-06Evaluation of the predictive performance for distant metastasis in gastric
adenocarcinoma based on machine learning and the SEER databaseZHU Chao¹,LI Ling²,PU Min¹

(1. Department of Gastrointestinal Surgery, Nanchong Jialing District People's Hospital, Nanchong, Sichuan 637000, China; 2. ICU, Sichuan Second Hospital of Traditional Chinese Medicine, Chengdu, Sichuan 610000, China)

[Abstract] **Objective** To evaluate the performance of models constructed based on demographic information and tumor characteristics for predicting distant metastasis in gastric adenocarcinoma patients. **Methods** Data of 7 788 gastric adenocarcinoma patients from the Surveillance, Epidemiology, and End Results (SEER) database (2001—2021) were collected as the training set, and clinical data of 259 gastric adenocarcinoma patients from Nanchong Jialing District People's Hospital (January 2019 to October 2024) were collected as the test set. Four machine learning algorithms were used to construct a risk prediction model for distant metastasis of gastric adenocarcinoma, and multivariate logistic regression was used to analyze the influencing factors of distant metastasis in patients with gastric adenocarcinoma. **Results** Distant metastasis was present in 801 cases (10.3%) in the training set and 25 cases (9.7%) in the test set. Multivariate logistic regression analysis showed that high differentiation, advanced T stage, and higher log odds of positive lymph nodes (LODDS) were risk factors for distant metastasis ($P<0.05$), while older age, primary tumor site at the gastroesophageal junction, and higher total number of lymph nodes examined were protective factors ($P<0.05$). Validation on the test set using the four models showed that the predictive ability of the random forest model was superior to that of logistic regression, K-nearest neighbors (KNN), and support vector machine (SVM). The predictive ability of SVM was better than that of logistic regression and KNN, while logistic regression and KNN showed comparable performance. Delong's test showed that the predictive performance of the random forest model was superior to that of logistic regression, KNN, and SVM. Calibration curve analysis showed that the predictive accuracy of the random forest model was superior to that of logistic regression, KNN, and SVM. The top five important factors in the random forest model were negative lymph node count,

tumor size,metastatic lymph node count,T stage and age. **Conclusion** The risk prediction model for distant metastasis in gastric adenocarcinoma constructed using the random forest algorithm demonstrats optimal performance.

[Key words] gastric adenocarcinoma;machine learning;distant metastasis;lymph nodes;random forest

胃癌是一种常见的恶性肿瘤,其发病率居全球第五位,病死率居全球第 3 位^[1-3]。中国每年的胃癌新发病例占全球的 42%以上^[4-5],其中腺癌是主要的组织学亚型^[6]。胃癌患者在诊断时常伴有远处转移,发生远处转移的胃腺癌患者预后较差,生存时间明显缩短^[7-8]。基于癌症流行病学数据库的研究发现,32.6%~41.3%的Ⅳ期胃癌患者发生肝转移,14.5%发生肺转移,12.4%发生骨转移,2.0%发生脑转移^[9]。发生肝转移的胃癌患者中位生存时间为 4~5 个月,而发生肺或脑转移的胃癌患者中位生存时间仅为 3 个月^[10]。既往研究发现,影响胃癌远处转移的因素包括年龄、肿瘤特征和治疗方式等^[11-13]。已有研究使用机器学习等模型预测了不同类型胃癌的淋巴结转移和远处转移风险,可帮助患者制订个性化治疗计划和改善预后^[14-16],但少有研究专门针对胃腺癌这一组织学亚型进行远处转移风险评估。YANG 等^[17]研究采用机器学习模型预测了中分化胃腺癌的远处转移风险,但并未纳入其他分化程度的胃腺癌患者。鉴于不同分化程度的胃腺癌均存在转移风险,本研究旨在结合患者的人口统计学信息与肿瘤特征,纳入涵盖各分化程度的胃腺癌病例,综合运用回归分析与机器学习算法,以探讨胃腺癌远处转移的影响因素并评估发生风险,现报道如下。

1 资料与方法

1.1 一般资料

收集 2001—2021 年监测、流行病学和结果(surveillance,epidemiology and end results,SEER)数据库 7 788 例胃癌患者数据并将其作为训练集。纳入标准:(1)年龄>18 岁;(2)确诊胃腺癌;(3)未接受术前放疗。排除标准:(1)原发肿瘤非胃癌;(2)肿瘤和淋巴结状态不明确;(3)非腺癌类型;(4)基本信息不完整。收集 2019 年 1 月至 2024 年 10 月南充市嘉陵区人民医院 259 例胃腺癌患者临床资料作为测试集,纳入、排除标准同训练集。本研究通过南充市嘉陵区人民医院伦理委员会批准[审批号:2024 年审(003)号],免除患者知情同意。

1.2 方法

1.2.1 资料收集

收集患者性别、年龄、种族、婚姻状况、肿瘤原发部位、分化程度、T 分期、N 分期、远处转移、接受化疗、肿瘤大小情况,以及总淋巴结检出数、转移淋巴结数、阴性淋巴结数、淋巴结比率(lymph node ratio,LNR)、阳性淋巴结对数比(log odds of positive lymph nodes,LODDS)。

1.2.2 数据处理和建模

采用 Python3.6.8 进行机器学习模型构建与评估,移除缺失值超过 70%的特征,剩余缺失值通过向前或向后填补和 K 最近邻(K-nearest neighbors,KNN)进行填补。使用合成少数类过采样技术(synthetic minority oversampling technique,SMOTE)进行数据平衡。采用 logistic 回归、随机森林、KNN 和支持向量机(support vector machine,SVM)4 种不同的机器学习算法建模。

采用 GridSearchCV 模块(网格搜索算法)对每个模型进行参数调优,将受试者工作特征(receiver operating characteristic,ROC)曲线的曲线下面积(area under the curve,AUC)作为评价指标。对于 logistic 回归,选定的超参数是 L2 惩罚项和 C 值,设为 0.1;KNN 的 n_neighbors 设为 5,weights 设为 uniform,metric 设为 euclidean,p 设为 2;随机森林的最大深度设为 10,估计器数量设为 1 000;SVM 的 C 设为 0.1,核函数类型设为 rbf, γ 设为 1。模型性能在测试集进行测试,模型效能评价指标包括 AUC、灵敏度、特异度、Youden 指数、准确率、召回率和 F1 分数,采用校准曲线和 Delong 检验评估模型的预测性能并比较其差异。

1.3 统计学处理

采用 SPSS26.0 软件进行数据分析,计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,比较采用 t 检验;计数资料以例数或百分比表示,比较采用 χ^2 检验,以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结 果

2.1 训练集和测试集一般资料比较

训练集和测试集不同种族比较,差异有统计学意义($P < 0.05$),见表 1。

表 1 训练集和测试集一般资料比较

项目	训练集($n=7\ 788$)	测试集($n=259$)	χ^2/t	P
男/女(n/n)	5 084/2 704	170/89	0.080	0.777
年龄($\bar{x} \pm s$,岁)	68.23 $\pm$ 12.31	68.38 $\pm$ 12.57	-0.533	0.594
种族[$n(\%)$]			26.735	<0.001
白种人	4 888(62.8)	0		

续表 1 训练集和测试集一般资料比较

项目	训练集(<i>n</i> =7 788)	测试集(<i>n</i> =259)	χ^2/t	<i>P</i>
黑种人	1 058(13.6)	0		
亚裔或太平洋岛民	1 773(22.8)	259(100.0)		
美洲/阿拉斯加原住民	47(0.6)	0		
未知	22(0.3)	0		
婚姻状况[<i>n</i> (%)]			4.294	0.637
未婚且有伴侣	8(0.1)	0		
单身(从未结婚)	966(12.4)	29(11.2)		
已婚	4 730(60.7)	160(61.8)		
分居	92(1.2)	3(1.2)		
离异	573(7.4)	19(7.3)		
丧偶	1 182(15.2)	39(15.1)		
未知	237(3.0)	9(3.5)		
肿瘤原发部位[<i>n</i> (%)]			4.718	0.787
胃食管结合部	1 868(24.0)	58(22.4)		
胃底	251(3.2)	9(3.5)		
胃体	726(9.3)	24(9.3)		
幽门窦	2 210(28.4)	75(29.0)		
幽门	370(4.8)	13(5.0)		
胃小弯	926(11.9)	32(12.4)		
胃大弯	395(5.1)	14(5.4)		
重叠病变	504(6.5)	18(6.9)		
未特指	538(6.9)	16(6.2)		
分化程度[<i>n</i> (%)]			0.153	0.878
高分化	500(6.4)	13(5.0)		
中分化	2 721(34.9)	96(37.1)		
低分化	4 423(56.8)	147(56.8)		
未分化	144(1.8)	3(1.2)		
T 分期[<i>n</i> (%)]			0.547	0.585
T1 期	1 815(23.3)	62(23.9)		
T2 期	3 783(48.6)	129(49.8)		
T3 期	1 588(20.4)	49(18.9)		
T4 期	602(7.7)	19(7.3)		
N 分期[<i>n</i> (%)]			0.230	0.818
N0 期	3 103(39.8)	103(39.8)		
N1 期	3 025(38.8)	98(37.8)		
N2 期	1 228(15.8)	42(16.2)		
N3 期	432(5.5)	16(6.2)		
远处转移[<i>n</i> (%)]	801(10.3)	25(9.7)	1.448	0.229
接受化疗[<i>n</i> (%)]	3 344(42.9)	111(42.9)	0.006	0.936
肿瘤大小($\bar{x}\pm s$,mm)	48.48±11.47	48.55±11.97	−0.071	0.943
总淋巴结检出数($\bar{x}\pm s$,个)	17.08±3.16	17.48±3.30	−1.444	0.149
转移淋巴结数($\bar{x}\pm s$,个)	3.96±1.46	4.16±1.85	−1.347	0.178
阴性淋巴结数($\bar{x}\pm s$,个)	13.13±1.25	13.32±1.40	−0.754	0.451
LNR($\bar{x}\pm s$,个)	0.24±0.11	0.25±0.11	−0.801	0.423
LODDS($\bar{x}\pm s$,个)	−0.67±0.39	−0.67±0.42	−0.277	0.782

2.2 胃腺癌患者远处转移的多因素 logistic 回归分析

以胃腺癌患者发生远处转移为因变量(否=0,是=1),以全部 15 个因素为自变量进行多因素 logistic 回归分析,结果显示,分化程度高、T 分期晚、LODDS 高为胃腺癌患者发生远处转移的危险因素($P<0.05$),年龄大、肿瘤原发部位为胃食管结合部和总淋巴结检出数多为胃腺癌患者发生远处转移的保护因素($P<0.05$),见表 2。

2.3 胃腺癌患者远处转移风险各模型预测效果

表 2 胃腺癌患者远处转移的多因素 logistic 回归分析

项目	β	SE	Wald	P	OR	95%CI
截距	-2.728	0.344	63.066	<0.001	0.065	
年龄	-0.014	0.003	26.900	<0.001	0.986	0.981~0.991
肿瘤原发部位为胃食管结合部	-0.393	0.094	17.342	<0.001	0.675	0.561~0.812
分化程度	0.131	0.066	3.900	0.048	1.139	1.001~1.297
T 分期	0.556	0.044	161.915	<0.001	1.744	1.601~1.900
肿瘤大小	0.001	0.001	3.305	0.069	1.001	1.000~1.003
总淋巴结检出数	-0.011	0.003	13.337	<0.001	0.989	0.983~0.994
LNR	0.675	0.353	3.653	0.056	1.964	0.983~3.923
LODDS	0.677	0.152	19.932	<0.001	1.968	1.462~2.649

表 3 胃腺癌患者远处转移风险各模型预测效果

项目	AUC ^a	95%CI	灵敏度	特异度	Youden 指数	准确率	F1 分数
logistic 回归	0.766	0.723~0.812	0.167	0.963	0.129	0.907	0.200
随机森林	0.902	0.875~0.928	0.389	0.954	0.343	0.915	0.389
KNN	0.768	0.725~0.811	0.167	0.892	0.059	0.842	0.128
SVM	0.847	0.810~0.883	0.167	0.954	0.121	0.900	0.188

^a:从测试集计算得出,反映模型在独立验证数据上的原始预测性能。

表 4 模型间 DeLong 检验

模型 1	模型 2	AUC ^a (模型 1)	AUC ^a (模型 2)	Z	P
logistic 回归	随机森林	0.812	0.851	-4.408	<0.001
logistic 回归	KNN	0.812	0.767	5.276	<0.001
logistic 回归	SVM	0.812	0.762	5.723	<0.001
随机森林	KNN	0.851	0.767	9.716	<0.001
随机森林	SVM	0.851	0.762	10.060	<0.001
KNN	SVM	0.767	0.762	0.521	<0.001

^a:经 DeLong 检验计算而出,用于模型间比较,经过了校正和调整。

2.4 随机森林预测变量重要性

胃腺癌患者远处转移预警指标的重要性依次为阴性淋巴结数(25.18)、肿瘤大小(18.88)、转移淋巴结数(13.66)、T 分期(10.37)、年龄(8.96)、分化程度(6.86)、肿瘤原发部位(6.69)、LNR(6.63)、N 分期

所选模型使用 SMOTE 进行数据平衡,分布比例为 49 : 51。将构建的 4 种模型在测试集中进行验证,结果显示,随机森林的预测能力优于 logistic 回归、KNN 和 SVM,SVM 的预测能力优于 logistic 回归和 KNN,而 logistic 回归和 KNN 两个模型的预测能力相当,见表 3。基于测试集数据进行 Delong 检验,结果显示,随机森林的预测性能优于 logistic 回归、KNN 和 SVM,见表 4。校准曲线分析结果显示,随机森林的预测准确性优于 logistic 回归、KNN 和 SVM,见图 1。

(4.44)、接受化疗(2.78)。

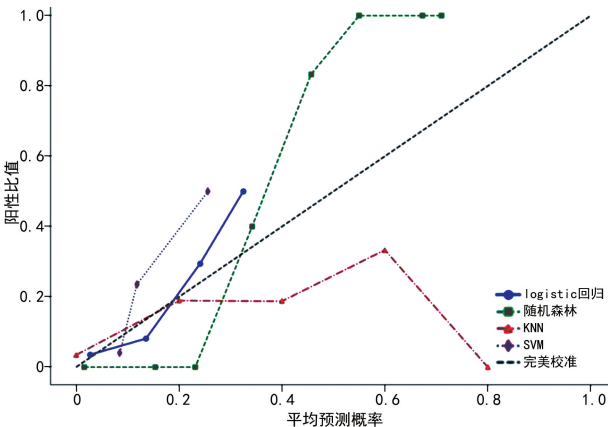


图 1 预测模型在测试集中的校准曲线

3 讨论

胃腺癌在临床实践中较为常见,具有较高的远处转移风险和个体异质性^[18-20]。既往研究已识别出多种影响胃腺癌远处转移的因素,YANG 等^[17]研究发

现,T 分期、N 分期、肿瘤大小、肿瘤原发部位、转移淋巴结数和接受化疗均为中分化胃腺癌远处转移的独立危险因素。RYU 等^[21]研究纳入 1 198 例接受治疗性切除的胃癌患者,结果发现与分化良好的肿瘤相比,分化较差的肿瘤与更晚期的疾病阶段、浆膜侵袭增加和更高的淋巴结受累有关。

在这一基础上,本研究发现除了分化程度高和 T 分期晚之外,LODDS 多也是胃腺癌患者发生远处转移的危险因素($P<0.05$),而年龄大、肿瘤原发部位为胃食管结合部和总淋巴结检出数多则为胃腺癌远处转移的保护因素($P<0.05$)。胃食管结合部位于胃与食管交界处,周围淋巴组织和血管丰富。其淋巴引流主要趋向局部淋巴结,较难到达远处淋巴结或器官,这可能限制肿瘤细胞通过淋巴系统远处转移的能力,降低转移风险。而胃食管结合部的解剖结构可防止胃酸反流,也可阻碍肿瘤细胞扩散。该区域的黏膜屏障和免疫微环境与胃其他部位不同,可能对肿瘤细胞侵袭和转移有抑制作用^[22]。此外,淋巴结转移是胃癌进展的关键步骤,且与远处转移的发生密切相关^[23]。LODDS 的增加表明了淋巴结受累的严重性,可能提示了肿瘤侵袭性的增强和免疫微环境的改变,从而增加了远处转移的可能性。本研究发现 LODDS 与胃腺癌患者的远处转移风险明显相关,这一结果强调了在临床实践中对淋巴结状态进行准确评估的重要性。通过监测 LODDS 的变化,医生可以更早地识别出高风险患者,并采取更积极的治疗策略,如增加化疗的强度或采用靶向治疗,以减少远处转移的风险。在多因素 logistic 回归分析中,肿瘤大小($P=0.069$)和 LNR($P=0.056$)的 P 值略高于 0.05,但它们接近显著水平(或许是由于样本量限制或数据的变异性),仍可能对远处转移风险有一定的影响,可能在更大的样本量或更详细的分析中表现出差异性。

机器学习模型的预测结果显示,随机森林在预测能力上整体优于 logistic 回归、KNN、SVM。随机森林作为一种集成学习算法,通过构建多个决策树并结合它们的预测结果来提高预测的准确性^[24],其优点包括能够处理高维数据和非线性关系,以及通过特征重要性评估方法获取特征的重要程度,帮助进行特征选择和数据可视化。CHEN 等^[25]研究发现,随机森林在预测癌症复发方面优于其他算法,准确率达 87.9%。YANG 等^[17]研究发现,随机森林在预测中等分化程度胃腺癌转移风险方面优于 logistic 回归、SVM 等算法。这些研究强调了随机森林在改善癌症风险评估和预后预测方面的潜力,提供了可以补充传统诊断方法的非侵入性和成本效益高的筛查工具。此外,本研究基于随机森林识别出了预测变量的重要性,这些变量对于评估胃腺癌患者远处转移风险具有重要意义。本研究多因素 logistic 回归分析和随机森林均识别出年龄、分化程度、T 分期、肿瘤原发部位和

LNR 为胃腺癌远处转移的重要影响因素($P<0.05$)。但随机森林还识别出阴性淋巴结数、转移淋巴结数、肿瘤大小、N 分期和接受化疗等变量的重要性,这些变量在 logistic 回归中未达到显著性水平(如肿瘤大小, $P=0.069$)。logistic 回归侧重于线性关系和统计显著性,而随机森林考虑了非线性关系和变量间的交互作用,因此能够识别出更多对预测有贡献的变量。两种方法的结果相互补充,为临床提供了更全面的风险评估信息。

综上所述,分化程度高、T 分期晚和 LODDS 多是胃腺癌患者发生远处转移的危险因素,而年龄大、肿瘤原发部位为胃食管结合部和总淋巴结检出数多则为胃腺癌远处转移的保护因素。机器学习不仅为胃腺癌的远处转移风险评估提供了新的视角,还通过综合分析多种因素为临床治疗决策提供了科学依据。但本研究也存在一定局限性,训练集与测试集在亚裔或太平洋岛民比例上的差异可能限制了模型的泛化能力。这种差异源于训练集的多地区、多种族对象与测试集的单一地区、单一种族对象之间的不匹配。未来研究需通过多源数据融合或研究对象再平衡技术,优化研究对象的种族分布,以提升模型的适用性和研究结果的可靠性。

参考文献

- [1] YANG W J,ZHAO H P,YU Y,et al. Updates on global epidemiology, risk and prognostic factors of gastric cancer[J]. World J Gastroenterol, 2023, 29(16): 2452-2468.
- [2] NIU P,ZHANG F,MA D,et al. Trends of older gastric cancer incidence, mortality, and survival in the highest gastric cancer risk area in China: 2010–2019 and prediction to 2024[J]. BMC Public Health, 2024, 24(1): 2449.
- [3] SIEGEL R L,KRATZER T B,GIAQUINTO A N,et al. Cancer statistics, 2025[J]. CA Cancer J Clin, 2025, 75(1): 10-45.
- [4] QIN N,FAN Y,YANG T,et al. The burden of gastric cancer and possible risk factors from 1990 to 2021, and projections until 2035: findings from the Global Burden of Disease Study 2021[J]. Biomark Res, 2025, 13(1): 5.
- [5] CHEN Y C,MALFERTHEINER P,YU H T, et al. Global prevalence of helicobacter pylori infection and incidence of gastric cancer between 1980 and 2022 [J]. Gastroenterology, 2024, 166(4): 605-619.
- [6] 樊祥山,陈杰,薛卫成. 基于癌组织的生物标志物病理学检测有助于进展期胃癌患者个体化精准

- 诊治[J]. 中华病理学杂志, 2021, 50(2): 84-89.
- [7] 许向前, 袁婷婷, 崔伟锋, 等. 中晚期胃癌预后影响因素分析[J]. 辽宁中医杂志, 2024, 51(5): 18-22.
- [8] 张苗苗, 赖敏, 李彦婷, 等. 胃癌骨转移患者的临床特点及预后分析[J]. 中华肿瘤杂志, 2024, 46(5): 438-448.
- [9] ZHANG Y, LIN Y, DUAN J, et al. A population-based analysis of distant metastasis in stage IV gastric cancer [J]. *Med Sci Monit*, 2020, 26: e923867.
- [10] SUN Z, ZHENG H, YU J, et al. Liver metastases in newly diagnosed gastric cancer: a population-based study from SEER [J]. *J Cancer*, 2019, 10(13): 2991-3005.
- [11] LIN Z, WANG R, ZHOU Y, et al. Prediction of distant metastasis and survival prediction of gastric cancer patients with metastasis to the liver, lung, bone, and brain: research based on the SEER database[J]. *Ann Transl Med*, 2022, 10(1): 16.
- [12] DENG G, BI B, DENG H, et al. A nomogram predicting distant metastasis risk for gastric cancer patients with preoperative anemia: a multicenter retrospective study [J]. *World J Surg Oncol*, 2024, 22(1): 206.
- [13] LIU J, SUN R, CAI K, et al. A nomogram combining neutrophil to lymphocyte ratio (NLR) and prognostic nutritional index (PNI) to predict distant metastasis in gastric cancer[J]. *Sci Rep*, 2024, 14(1): 15391.
- [14] SHI H, YANG H, YAN S, et al. Development and validation of nomograms based on the SEER database for the risk factors and prognosis of distant metastasis in gastric signet ring cell carcinoma [J]. *Medicine*, 2024, 103(44): e40382.
- [15] 孟祥勇, 秦嘉怡, 陈文生. 基于机器学习的早期胃癌淋巴结转移预测模型构建与验证[J]. 陆军军医大学学报, 2024, 46(21): 2432-2442.
- [16] HAUG C J, DRAZEN J M. Artificial intelligence and machine learning in clinical medicine, 2023[J]. *N Engl J Med*, 2023, 388(13): 1201-1208.
- [17] YANG K, WU J, XU T, et al. Machine learning to predict distant metastasis and prognostic analysis of moderately differentiated gastric adenocarcinoma patients: a novel focus on lymph node indicators[J]. *Front Immunol*, 2024, 15: 1398685.
- [18] ROGERS J E, GAN Q, WATERS R E, et al. Targeted and combination immunotherapies using biologics for gastric cancer: the state-of-the-art[J]. *Expert Opin Biol Ther*, 2024, 24(10): 1005-1015.
- [19] WANG Q, CHEN J, WANG Y, et al. The profiles of immunosuppressive microenvironment in the Lauren intestinal-type gastric adenocarcinoma[J]. *Cancer Immunol Immunother*, 2025, 74(3): 82.
- [20] NAKAUCHI M, WALCH H S, NUSSENZWEIG S, et al. Genomic landscape of adenocarcinomas across the gastroesophageal junction: moving on from the siewert classification[J]. *Ann Surg*, 2025, 281(6): 989-996.
- [21] RYU S Y, KIM H G, JOO J K, et al. Is histologic differentiation a prognostic indicator for gastric carcinoma patients with curative resection? [J]. *Indian J Cancer*, 2015, 52(1): 45-47.
- [22] GROEN-VAN SCHOOTEN T S, HARRASSER M, SEIDEL J, et al. Phenotypic immune characterization of gastric and esophageal adenocarcinomas reveals profound immune suppression in esophageal tumor locations [J]. *Front Immunol*, 2024, 15: 1372272.
- [23] DING P, WU H, WU J, et al. N6-methyladenosine modified circPAK2 promotes lymph node metastasis via targeting IGF2BPs/VEGFA signaling in gastric cancer[J]. *Oncogene*, 2024, 43(34): 2548-2563.
- [24] 陈义林, 夏文评, 王华, 等. 基于多层螺旋 CT 检查的临床影像模型对进展期胃腺癌预后的预测价值[J]. 中华消化外科杂志, 2024, 23(9): 1220-1226.
- [25] CHEN C C, TING W C, LEE H C, et al. A cost-effective model for predicting recurrent gastric cancer using clinical features[J]. *Diagnostics*, 2024, 14(8): 842.

(收稿日期: 2025-01-19 修回日期: 2025-07-25)

(编辑: 袁皓伟)