

• 论 著 •

基于¹³C-UBT 与胃功能指标构建胃癌及癌前病变的预测模型李慧璇, 刘梦娜, 舒 渝, 罗招凡, 蒋 茜[△]

中山大学附属第七医院检验科, 广东深圳 518107

摘要:目的 基于¹³C 尿素呼气试验(¹³C-UBT)与胃功能指标构建胃癌及癌前病变预测模型,并对模型进行评估。方法 选取 2024 年 1 月至 2025 年 4 月在该院行胃癌筛查的 197 例患者为研究对象,根据胃镜及病理检查结果分为非萎缩性胃炎组(49 例)、胃癌前疾病组(47 例)、胃癌前病变组(75 例)、胃癌组(26 例)。收集研究对象一般资料、¹³C-UBT 及胃功能指标[胃蛋白酶原(PG) I、PG II、PG II/PG II 比值(PGR)、胃泌素-17(G-17)]。比较 4 组¹³C-UBT 及胃功能指标的差异。采用单因素 Logistic 回归分析和 Lasso 回归分析筛选胃癌及癌前病变预测模型的特征指标,应用 4 种机器学习方法[逻辑回归(Logistic Regression)、轻量级梯度提升机(Light GBM)、支持向量机(SVM)及 K 近邻(KNN)]构建胃癌及癌前病变预测模型,并从模型的区分度、校准度及临床适应性进行评估。结果 4 组年龄、¹³C-UBT、PG I、PG II、PGR、G-17 比较,差异有统计学意义($P < 0.001$)。经回归分析筛选出年龄、PG II、PGR、G-17 和¹³C-UBT 5 个特征指标并纳入预测模型。4 个机器学习模型中 Logistic Regression 模型在训练集与验证集中均表现稳定,其在验证集中的曲线下面积(AUC)为 0.810、准确度为 0.717、特异度为 0.767。校准曲线分析结果显示,4 个模型中 Logistic Regression 模型预测准确性良好(Brier 评分=0.183)。SHAP 蜂巢图提示 G-17 是胃癌及癌前病变模型中最重要的预测影响因素。结论 基于¹³C-UBT 与胃功能指标可有效构建胃癌及癌前病变的 Logistic Regression 预测模型,为胃癌早筛的分级管理提供依据。

关键词:胃癌; 胃癌前病变; 机器学习; 预测模型

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2026.10.003

中图法分类号:R735.2

文章编号:1673-4130(2026)10-1167-07

文献标志码:A

Constructing a prediction model for gastric cancer and precancerous lesions
based on ¹³C-UBT and gastric function indicators

LI Hui-xuan, LIU Meng-na, SHU Yu, LUO Zhao-fan, JIANG Qian[△]

Department of Laboratory Medicine, Seventh Affiliated Hospital of Sun Yat-sen
University, Shenzhen, Guangdong 518107

Abstract: Objective To construct a prediction model for gastric cancer and precancerous lesions based on ¹³C urea breath test (¹³C-UBT) and gastric function indicators, and to evaluate the model. **Methods** A total of 197 patients who underwent gastric cancer screening in this hospital from January 2024 to April 2025 were selected as the research subjects. According to the results of gastroscopy and pathological examination, they were divided into non-atrophic gastritis group (49 cases), precancerous disease group (47 cases), precancerous lesion group (75 cases), and gastric cancer group (26 cases). General information, ¹³C-UBT and gastric function indicators [pepsinogen (PG) I, PG II, PG II/PG II ratio (PGR), gastrin-17 (G-17)] of the research subjects were collected. The differences in ¹³C-UBT and gastric function indicators among the 4 groups were compared. Univariate Logistic regression analysis and Lasso regression analysis were used to screen the characteristic indicators of the gastric cancer and precancerous lesion prediction model. Four machine learning methods [Logistic Regression, lightweight gradient boosting machine (Light GBM), support vector machine (SVM), and K nearest neighbor (KNN)] were used to construct the gastric cancer and precancerous lesion prediction model, and the discrimination, calibration, and clinical applicability of the model were evaluated. **Results** There were statistically significant differences in age, ¹³C-UBT, PG I, PG II, PGR, G-17 among the 4 groups ($P < 0.001$). Five characteristic indicators of age, PG II, PGR, G-17 and ¹³C-UBT were selected through regression analysis and included in the prediction model. Among the 4 machine learning models, the Logistic regression model performed stably in both the training set and the validation set, with an area under the curve (AUC) of 0.810, accuracy of 0.717, and specificity of 0.767 in the validation set. The calibration curve analysis showed that the

Logistic regression model had good prediction accuracy (Brier score=0.183). The SHAP honeycomb diagram indicated that G-17 was the most important predictive influencing factor in the gastric cancer and precancerous lesion model. **Conclusion** Based on ^{13}C -UBT and gastric function indicators, a Logistic Regression prediction model for gastric cancer and precancerous lesions can be effectively constructed, providing a basis for the hierarchical management of early gastric cancer screening.

Key words: gastric cancer; precancerous lesions; machine learning; prediction model

中国国家癌症中心(NCC)数据显示,2022 年我国胃癌新发病例 35.9 万例、死亡病例 26.0 万例,发病率位居恶性肿瘤第六,病死率位居第三^[1]。研究表明晚期胃癌的 5 年生存率仅 20%,早期发现可提高至 90%以上^[2-3]。但早期胃癌往往缺乏典型的临床表现或仅出现腹痛、恶心、嗝气等非特异性消化道症状,使早期确诊面临较大困难^[4]。现阶段,胃镜及活组织病理学检查被认为是胃癌诊断的金标准^[5],由于其有创性、操作复杂、患者接受度低等原因严重限制了该技术在胃癌及癌前病变大规模筛查中的应用。近年来,血清学胃功能指标如胃蛋白酶原(PG) I、PG II、胃泌素 17(G-17)及 PG I/PG II 比值(PGR)相比于传统的肿瘤标志物如癌胚抗原(CEA)、糖类抗原 153(CA153)等在胃癌早筛中的应用越来越多^[6],而 ^{13}C 尿素呼气试验(^{13}C -UBT)凭借其检测准确性高、操作流程简便、不受幽门螺杆菌(Hp)在胃内局灶性分布影响等优势,已逐渐成为临床筛查胃癌重要致病因素——Hp 感染的首选方法^[7]。当前机器学习在胃癌诊断中多聚焦侵入性内窥镜图像分析^[8-9],而忽略了血清学标志物的潜在价值。故本研究拟基于 ^{13}C -UBT 与胃功能指标,利用机器学习构建胃癌及癌前病变的预测模型,为胃癌早筛的分级管理提供依据。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取本院 2024 年 1 月至 2025 年 4 月行胃癌筛查的 197 例患者作为研究对象。其中男 89 例,女 108 例;年龄 22 ~ 89 岁,中位年龄为 49.00 (40.00, 56.00) 岁。根据 2023 年版中国早期胃癌内窥镜诊治共识^[10]及胃镜、活组织病理学检查结果分为(1)非萎缩性胃炎组(49 例):病理结果提示仅胃黏膜慢性炎;(2)胃癌前疾病组(47 例):病理结果仅提示萎缩或胃息肉;(3)胃癌前病变组(75 例):病理结果提示肠上皮化生或胃黏膜上皮异型增生;(4)胃癌组(26 例):病理结果提示上皮性肿瘤和类癌。纳入标准:(1)具有胃镜检查且病理结果支持上述胃部疾病诊断;(2)已完善 ^{13}C -UBT 与胃功能指标(PG I、PG II、PGR、G-17);(3)年龄 >18 岁。排除标准:(1)有胃癌手术史者;(2)合并有重症感染或严重急慢性心、肾、肝、肺等全身性疾病者;(3)3 个月内服用过胃黏膜保护剂和抗 Hp 感染药物者。本研究经本院伦理委员会批准(KY-2025-417-02)。

1.2 方法

1.2.1 胃功能指标检测方法 收集研究对象早晨空

腹静脉血样 5 mL 加入抗凝管中,3 500 r/min 离心 10 min 获取血清,保存于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 待检。采用必欧瀚 BOH-2000 化学发光仪及配套试剂检测 PG I、PG II、PGR、G-17 水平。

1.2.2 ^{13}C -UBT 检测方法 研究对象按要求进行呼气收集后吞服尿素 ^{13}C 试剂,静坐 30 min 后继续收集呼气,将采集好的标本在配套检测仪上进行测试,结果判断:当低超基准(DOB)值 >4.0 时即可判断为 ^{13}C -UBT 阳性(+),DOB 值 ≤ 4.0 时判断为 ^{13}C -UBT 阴性(-)。

1.3 统计学处理 采用 SPSS25.0 统计学软件进行数据分析,偏态分布的计量资料以 $M(P_{25}, P_{75})$ 表示,行多样本秩和检验(Kruskal-Wallis 检验);计数资料以例数或百分率表示,行 χ^2 检验。使用 GraphPad Prism 9 软件对 4 组间差异绘制小提琴图。采用 Python(V3.11.4)进行模型构建与评估,用单因素 Logistic 回归分析和 Lasso 回归分析筛选特征指标,并用逻辑回归(Logistic Regression)、轻量级梯度提升机(Light GBM)、支持向量机(SVM)及 K 近邻(KNN)4 种机器学习方法建模,将 197 例研究对象按 7:3 的比例通过随机抽样分为训练集(138 例)和验证集(59 例)。模型构建过程中,采用 5 折重采样验证方法优化超参数。利用准确率、灵敏度、特异度、F-测量值、Brier 评分、受试者工作特征(ROC)曲线下面积(AUC)、校准曲线、决策曲线(DCA)指标评估模型的预测效能,并对模型进行内部验证,通过对比筛选出最佳模型,用 SHAP 蜂巢图分析胃癌风险预测的重要因素。以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 4 组临床资料比较 4 组年龄、 ^{13}C -UBT、PG I、PG II、PGR、G-17 总体分布比较,差异有统计学意义($P<0.05$),性别分布比较,差异无统计学意义($P=0.162$)。见表 1。

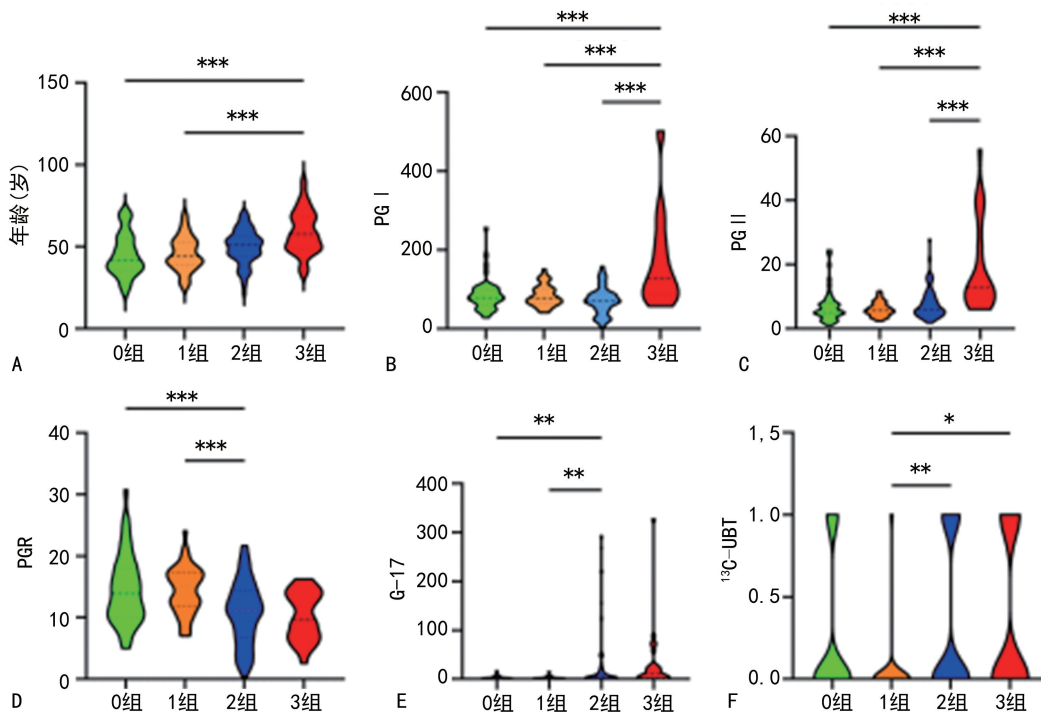
2.2 4 组差异性指标经秩和检验和 χ^2 检验多重比较 非萎缩性胃炎组和癌前疾病组的年龄、 ^{13}C -UBT、PG I、PG II、PGR、G-17 总体水平比较,差异无统计学意义($P>0.05$)。见图 1。

2.3 采用单因素 Logistic 回归筛选特征指标 将非萎缩性胃炎组和胃癌前疾病组作为对照组(96 例),癌前病变组和胃癌组作为病例组(101 例),采用单因素 Logistic 回归分析分别对年龄、性别、 ^{13}C -UBT、PG I、PG II、PGR、G-17 进行分析,筛选出检测指标有:年

龄、¹³C-UBT、PG II、PGR、G-17($P < 0.05$)。见表2。

表1 4组临床资料比较[M(P_{25} , P_{75})或n(%)]

项目	非萎缩性胃炎组(n=49)	癌前疾病组(n=47)	癌前病变组(n=75)	胃癌组(n=26)	H/ χ^2	P
年龄(岁)	42.00(35.50,55.00)	44.00(39.00,53.00)	51.00(44.00,57.00)	57.50(49.00,68.25)	23.615	<0.001
性别					5.133	0.162
男	20(40.8)	19(40.4)	33(44.0)	17(65.4)		
女	29(59.2)	28(59.6)	42(56.0)	9(34.6)		
¹³ C-UBT					14.576	0.002
阴性	38(77.6)	45(95.7)	51(68.0)	17(65.4)		
阳性	11(22.4)	2(4.3)	24(32.0)	9(34.6)		
PGI($\mu\text{g/L}$)	78.58(61.00,99.61)	78.09(66.19,102.40)	69.71(48.49,88.46)	127.40(85.58,224.83)	29.665	<0.001
PGII($\mu\text{g/L}$)	5.36(4.40,8.08)	5.69(4.69,7.51)	5.96(4.70,9.49)	12.70(8.28,27.92)	38.829	<0.001
PGR	13.87(9.92,18.13)	15.01(11.79,17.37)	11.00(6.81,14.45)	9.75(6.99,14.06)	25.665	<0.001
G-17(pmol/L)	2.17(1.28,4.34)	1.84(1.21,3.38)	5.24(2.01,18.00)	11.12(3.15,26.02)	36.652	<0.001



注:0组为非萎缩性胃炎组,1组为胃癌前疾病组,2组为胃癌前病变组,3组为胃癌组;图A~F分别为不同组之间年龄、PGI、PGII、PGR、G-17、¹³C-UBT比较; * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$, *** $P < 0.001$ 。

图1 4组差异性指标小提琴图

表2 单因素 Logistic 回归分析[M(P_{25} , P_{75})或n(%)]

项目	对照组(n=96)	病例组(n=101)	P	OR(95%CI)
年龄(岁)	43.00(37.00,53.75)	52.00(45.50,59.00)	<0.001	1.050(1.020~1.080)
性别			0.211	0.700(0.400~1.230)
男	39(40.6)	50(49.5)		
女	57(59.4)	51(50.5)		
PGI($\mu\text{g/L}$)	78.41(64.96,99.88)	76.72(60.50,111.59)	0.194	1.003(0.998~1.007)
PGII($\mu\text{g/L}$)	5.58(4.49,7.90)	7.57(5.35,12.11)	0.002	1.110(1.040~1.180)
PGR	14.25(11.02,17.42)	10.98(6.85,14.12)	<0.001	0.870(0.820~0.930)

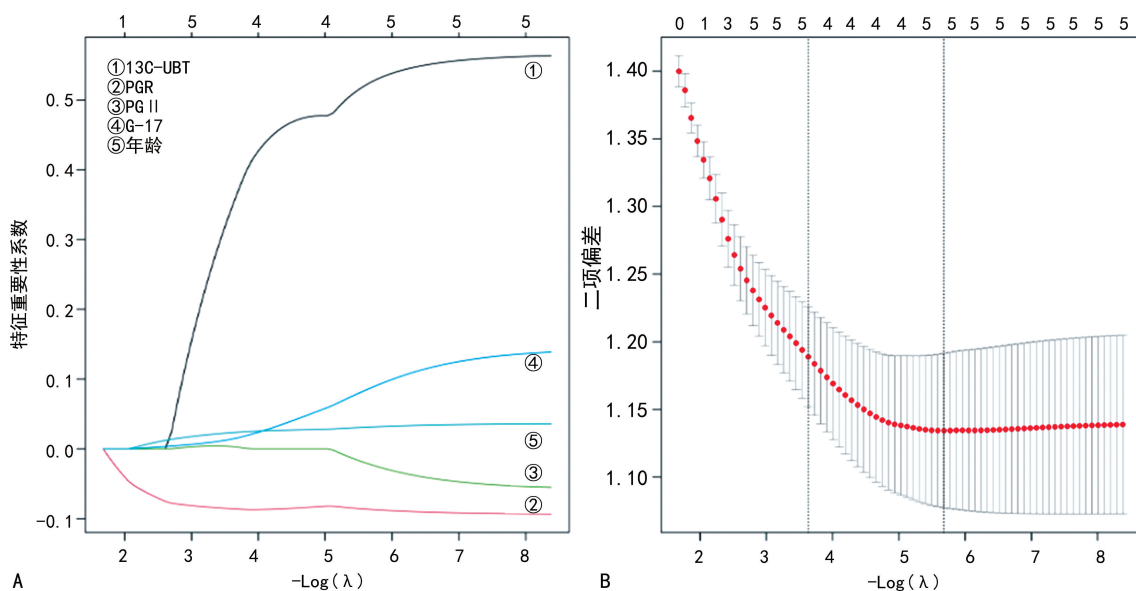
续表 2 单因素 Logistic 回归分析 [$M(P_{25}, P_{75})$ 或 $n(\%)$]

项目	对照组 ($n=96$)	病例组 ($n=101$)	P	OR(95%CI)
G-17(pmol/L)	2.02(1.25, 3.69)	5.78(2.24, 22.05)	<0.001	1.150(1.070~1.240)
$^{13}\text{C-UBT}$			0.002	3.100(1.510~6.350)
阴性	83(85.5)	68(67.3)		
阳性	13(13.5)	33(32.7)		

2.4 采用 Lasso 回归筛选特征指标 以胃癌及癌前病变为因变量,将单因素分析中 5 个 $P<0.05$ 的预测变量纳入 Lasso 回归中进行特征选择,变量包括年龄、PG II、PGR、G-17 和 $^{13}\text{C-UBT}$ 。选择最佳 λ 值,结果显示所有 5 个变量均保留在最终模型中,各变量系数均不为零 ($P<0.05$)。变量筛选过程中各特征系数

随 λ 值变化的轨迹见图 2。Lasso 回归分析证实,这 5 个临床指标均为胃癌及癌前病变的独立预测因子。

2.5 模型构建 将 $^{13}\text{C-UBT}$ 、PG II、PGR、G-17、年龄 5 个变量纳入模型,70% 的数据集被随机选择进行训练,评估 4 种机器学习模型效能,见表 3、表 4。



注:A 为 Lasso 回归筛选变量动态过程图;B 为交叉验证最佳参数 λ 的选择过程图。

图 2 Lasso 回归分析筛选过程图

表 3 训练集上不同机器学习模型的评估指标

项目	AUC	截断值	准确度	灵敏度	特异度	阳性预测值	阴性预测值	F1 分数	Kappa
Logistic	0.771	0.521	0.723	0.662	0.788	0.770	0.684	0.712	0.447
Light GBM	0.978	0.566	0.956	0.930	0.985	0.985	0.929	0.957	0.912
SVM	0.765	0.617	0.723	0.634	0.818	0.789	0.675	0.703	0.449
KNN	0.787	0.600	0.715	0.662	0.773	0.758	0.680	0.707	0.433

表 4 验证集上不同机器学习模型的评估指标

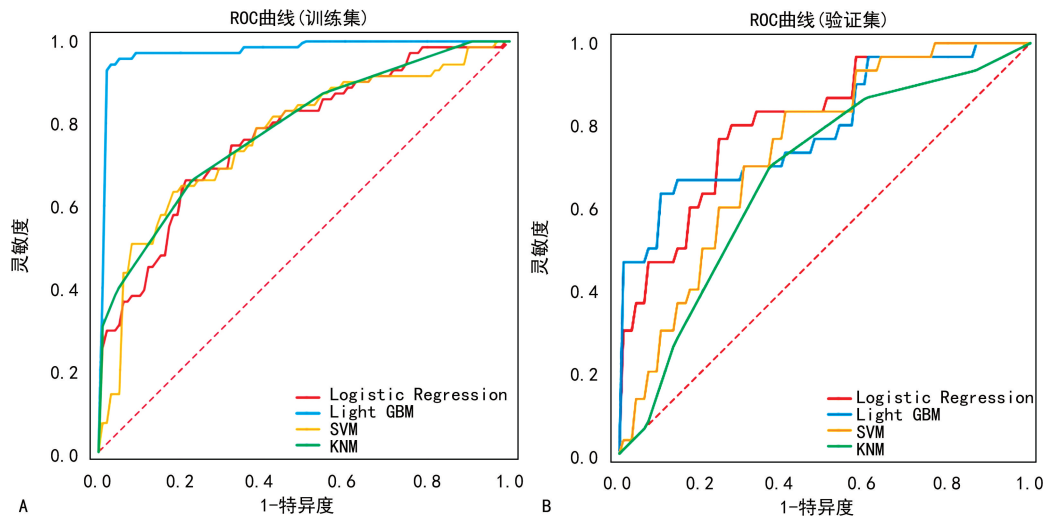
项目	AUC	截断值	准确度	灵敏度	特异度	阳性预测值	阴性预测值	F1 分数	Kappa
Logistic	0.810	0.521	0.717	0.667	0.767	0.741	0.697	0.702	0.433
Light GBM	0.798	0.566	0.667	0.700	0.633	0.656	0.679	0.677	0.333
SVM	0.740	0.617	0.667	0.633	0.700	0.679	0.656	0.655	0.333
KNN	0.678	0.600	0.667	0.700	0.633	0.656	0.679	0.677	0.333

2.6 模型评估 Light GBM 在训练集上表现最佳 (AUC=0.978),但 AUC、准确性和 F1 分数等指标在

训练集和内部验证集之间的差距较大,可能存在过拟合现象;Logistic Regression 在验证集上表现最佳

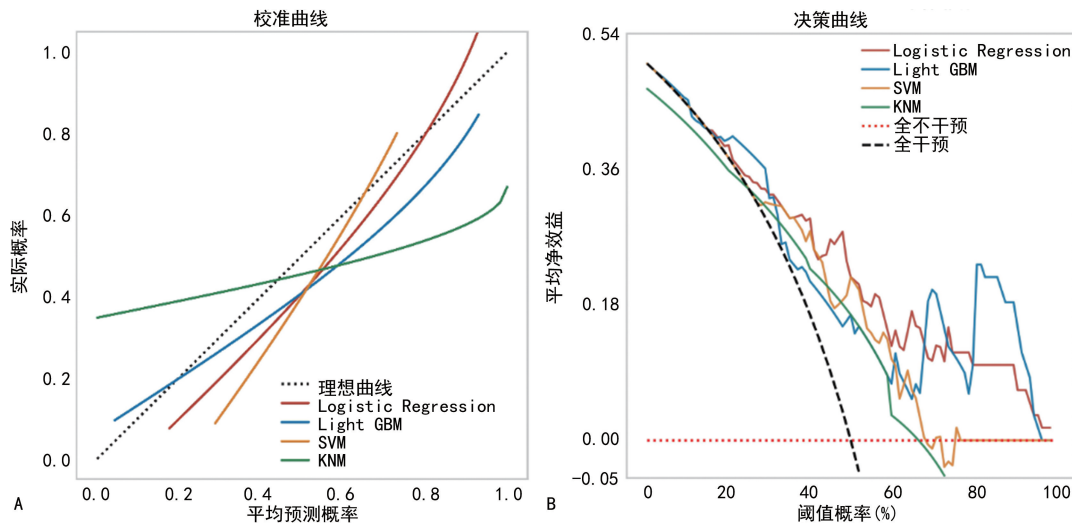
(AUC=0.810),且模型过拟合风险较低,稳定性较强,见图 3。Logistic Regression 模型的校准曲线在 4 个模型中拟合程度最好, Brier 评分 0.183 说明模型预测准确性良好(Brier 评分 0~0.1 为优秀, >0.1~

0.25 为良好, >0.25 表明预测准确性不高),见图 4A。且该模型内部验证决策曲线基本高于参考阈值,说明模型具有良好的适用性,见图 4B。



注:A、B分别为4个模型训练集与验证集的ROC曲线。

图3 训练集与验证集ROC曲线



注:A为4个模型的Calibration校准曲线;B为4个模型的临床决策曲线。

图4 模型评价曲线

2.7 模型解释 G-17的SHAP值变化范围最大,表明其对模型预测的影响最显著,且高特征值(红点)通常对应正SHAP值,即对输出有正向贡献。G-17是最重要的胃癌发病风险预测影响因素,其次是PGR,随后依次为年龄、¹³C-UBT和PG II,见图5。

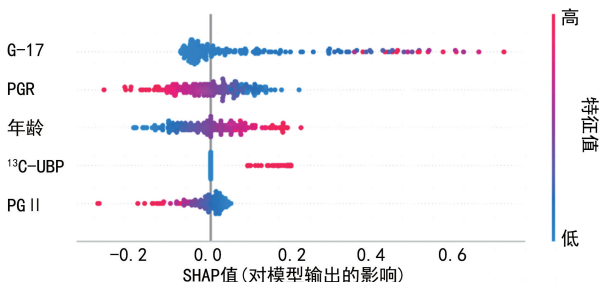


图5 SHAP蜂巢图

3 讨论

胃癌作为一种恶性程度极高且生物学特性复杂的肿瘤,仍然是困扰全人类的重大公共卫生难题。目前关于胃癌的发生机制认可度较高的是Correa提出的级联反应^[11],即正常的胃黏膜在炎症及各种致癌因子的作用下从慢性浅表性胃炎发展为慢性萎缩性胃炎,直至肠化生、异型增生,最后演变为胃癌的过程。胃癌的形成是一个长期、渐进的过程,通常需经历较长的癌前病变阶段。Hp是胃癌发生重要的致病因素,其可分泌尿素酶和生成氨,能在胃部的强酸环境中生存。全球约半数人群存在Hp慢性感染,其中15%可进展为消化性溃疡,长期未干预可能引发胃癌或淋巴瘤^[12-13]。胃功能指标作为一项操作简便、微创

性、经济实惠且患者依从性好的检查方式,可作为胃镜检查的重要补充手段。“血清学-胃镜检查”两步走的方式已被证实较符合我国现阶段胃癌防控的实际需求^[14-15]。本研究通过评估胃功能指标联合¹³C-UBT 检测对胃癌及癌前病变的筛查效能,利用 Logistic Regression、Light GBM、SVM 及 KNN 4 种机器学习方法,构建胃癌及癌前病变的预测模型,为进一步进行胃镜检查提供依据。

据报道, Hp 感染者罹患胃癌的相对风险显著增高^[16],但学术界对其致癌机制仍存在争议,部分研究指出二者间的因果关系尚需更多证据支持^[17]。本研究总样本 Hp 平均感染率(¹³C-UBT 阳性率)为 23.4%,远低于我国 Hp 平均水平(59.0%)^[18]。这一差异可能与研究对象的纳入条件限制、胃癌病例数相对不足有关,且全国不同地区 Hp 感染率存在显著地域差异,有待扩大样本进一步研究。在本研究结果中,对照组患者 Hp 感染率为 13.5%,病例组患者 Hp 感染率为 32.7%, Hp 感染率随胃部疾病加重而上升,进一步证实 Hp 感染是胃癌及胃癌前病变的重要风险预测指标。

早在 20 世纪 80 年代, SAMLOFF 等^[19]就开创性地从健康胃黏膜组织中成功分离出 PG 蛋白并首次证实血清中 PG I、PG II 水平和 PGR 可以作为评估胃黏膜的形态和功能的血清学指标。胃蛋白酶原作为一种天门冬氨酸蛋白酶前体,在胃酸环境的刺激下可被激活为具有消化功能的胃蛋白酶。PG 可划分为两种亚型:PG I 主要由胃底腺的主细胞及黏液颈细胞产生,而 PG II 的分泌部位则更为广泛,包括胃底腺、幽门腺及十二指肠近端的 Brunner 腺^[20]。胃癌发生后胃黏膜屏障受损,大量 PG 可直接渗入血液循环,导致血清 PG 水平异常波动,这一变化使其成为胃癌早期血液筛查的理想生物学标志物^[21]。从病理生理机制来看,PG I 反映胃酸分泌情况,PG II 反映胃黏膜病变情况^[22]。临床上常采用 PG I 与 PG II 的比值 PGR 作为诊断指标,该数值的下降往往提示胃黏膜萎缩的进展^[23]。

有研究表明,PG I 水平降低提示胃黏膜萎缩性改变,而 PG II 水平升高提示胃黏膜病变导致的黏膜通透性增加^[24]。本研究通过比较对照组和病例组的血清 PG I、PG II 及 PGR 水平变化特征,发现病例组 PG I 平均水平低于对照组,PG II 平均水平显著高于对照组($P < 0.05$),PGR 平均水平显著低于对照组($P < 0.05$)。其中,PG I 的变化未达统计学显著性,可能受样本量限制及地域差异影响。

G-17 作为一种由胃窦部 G 细胞特异性分泌的肽类激素,在刺激胃酸分泌的过程中存在负反馈机制。G-17 的血清浓度与胃窦黏膜的萎缩程度密切相关,其水平会随胃黏膜萎缩的进展而发生明显变化。当胃体萎缩而胃窦保持相对完整时,胃体部胃酸分泌减少

通过负反馈刺激 G-17 释放增加;但胃窦和胃体同时萎缩时,G-17 水平则可能维持在正常范围或偏低。因此 G-17 水平的异常升高和降低均可作为评估胃癌发生风险的重要指标。高胃泌素血症可刺激细胞增殖,导致更多突变,最终可能导致肿瘤发生。有学者报道指出,G-17 水平随胃部疾病加重有显著升高的趋势。

通过对两组间血清 G-17 水平的比较分析发现,病例组血清 G-17 水平显著高于对照组($P < 0.05$),血清 G-17 水平随疾病进展呈递增的趋势,这与杨莉等^[25]的研究结论相似。表明病例组患者胃体中产生的较低的胃酸水平反馈调节刺激血清 G-17 水平异常升高,与上述研究相符。

将单因素 Logistic 回归分析中具有显著差异的指标纳入 Lasso 回归分析中发现,年龄增长、¹³C-UBT 阳性、PG II 和 G-17 水平升高及 PGR 水平降低是胃癌及癌前病变的危险因素。这一生物标志物组合为建立胃癌前病变及胃癌风险预测模型提供了重要依据。不同的研究之间存在着较大的异质性,主要表现为不同模型的选择及样本量的差异。因此本研究比较了 4 种常规机器学习算法,根据相关评估指标和模型的内部验证显示,Logistic Regression 模型的综合评估表现最好,最为稳定。且模型准确率均较高,应用于临床时能有效减少胃癌及癌前病变风险预测错误的可能,进一步精准筛查。现有模型验证集 AUC 范围为 0.678~0.810,本研究构建模型的 AUC 处于现有模型 AUC 范围的高值,说明本研究构建模型具备较好的区分能力。本研究构建模型校准曲线与实际曲线拟合程度较好,决策曲线基本高于参考阈值,说明模型校准度好且具备一定临床适用性,SHAP 图显示 G-17 为最显著的预测因素。

国内外关于胃癌风险预测领域中,传统逻辑回归方法仍占主导地位,相比之下,机器学习方法凭借其强大的数据拟合能力,正逐步成为研究热点。国内胃癌预测模型的研究多依赖于医院的病例数据,且验证过程主要以内部验证为主,限制了模型的普适性和推广。此外,虽然韩国的一项病例对照研究^[26]构建的模型 AUC 高达 0.904,但由于胃癌及癌前病变的发病危险因素存在地域差异,且危险因素的暴露机会不同,因此该模型虽具备良好的区分能力,却难以直接应用于我国。相比之下,本研究构建的模型与日本的 Masahiro Iida 模型(AUC 为 0.760)^[27]均纳入了 PG 联合指标,但本研究采用机器学习方法对数据进行了更深层次的挖掘,进一步完善了模型,因此所构建的模型可能更为合理。同时,本研究构建的模型 AUC 更高,表明其具备更好的区分能力。

综上所述,本研究通过联合年龄、PG II、PGR、G-17 和¹³C-UBT 5 个特征指标,借助机器学习成功构建胃癌及癌前病变预测模型,为胃癌早筛的分级管理和进一步的胃镜检查提供依据。本研究存在局限性在

于纳入危险因素相对有限,未考虑饮食习惯、遗传因素等其他重要危险因素,未来的研究需评估引入新的预测因子是否可以提高模型的预测准确性。

参考文献

- [1] HAN B, ZHENG R, ZENG H, et al. Cancer incidence and mortality in China, 2022[J]. J Natl Cancer Cent, 2024, 4(1):47-53.
- [2] ETEMADI A, SAFIRI S, SEPANLOU SG, et al. The global, regional, and national burden of stomach cancer in 195 countries, 1990–2017: a systematic analysis for the Global Burden of Disease study 2017[J]. Lancet Gastroenterol Hepatol, 2020, 5(1):42-54.
- [3] KATAI H, ISHIKAWA T, AKAZAWA K, et al. Five-year survival analysis of surgically resected gastric cancer cases in Japan: a retrospective analysis of more than 100 000 patients from the nationwide registry of the Japanese Gastric Cancer Association (2001–2007)[J]. Gastric Cancer, 2018, 21(1):144-154.
- [4] CORREA P. Gastric cancer overview[J]. Gastroenterol Clin N Am, 2013, 42(2):211-217.
- [5] 中华医学会肿瘤学分会, 中华医学会杂志社. 中华医学会胃癌临床诊疗指南(2021 版)[J]. 中华医学杂志, 2022, 102(16):1169-1189.
- [6] TRIVANOVIC D, PLESTINA S, HONOVIC L, et al. Gastric cancer detection using the serum pepsinogen test method[J]. Tumori, 2022, 108(4):386-391.
- [7] 中华医学会消化病学分会幽门螺杆菌和消化性溃疡学组, 全国幽门螺杆菌研究协作组, 刘文忠, 等. 第五次全国幽门螺杆菌感染处理共识报告[J]. 中华消化杂志, 2017, 37(6):364-378.
- [8] ZHU Y, WANG Q C, XU M D, et al. Application of convolutional neural network in the diagnosis of the invasion depth of gastric cancer based on conventional endoscopy[J]. Gastrointest Endosc, 2019, 89(4):806-815. e1.
- [9] YASAR A, SARITAS I, KORKMAZ H. Computer-aided diagnosis system for detection of stomach cancer with image processing techniques[J]. J Med Syst, 2019, 43(4):99.
- [10] 中华医学会消化内镜学分会. 中国早期胃癌内镜诊治共识(2023, 太原)[J]. 中华消化内镜杂志, 2024, 41(6):421-442.
- [11] CORREA P. Human gastric carcinogenesis: a multistep and multifactorial process: first american cancer society award lecture on cancer epidemiology and prevention[J]. Cancer Res, 1992, 52(24):6735-6740.
- [12] BRAVO D, HOARE A, SOTO C, et al. Helicobacter pylori in human health and disease: mechanisms for local gastric and systemic effects[J]. World J Gastroenterol, 2018, 24(28):3071-3089.
- [13] POLK D B, PEEK R M Jr. Helicobacter pylori: gastric cancer and beyond[J]. Nat Rev Cancer, 2010, 10(6):403-414.
- [14] 中华医学会消化病学分会幽门螺杆菌学组. 第六次全国幽门螺杆菌感染处理共识报告(非根除治疗部分)[J]. 胃肠病学, 2022, 27(5):289-304.
- [15] CAI Q, ZHU C, YUAN Y, et al. Development and validation of a prediction rule for estimating gastric cancer risk in the Chinese high-risk population: a nationwide multi-centre study[J]. Gut, 2019, 68(9):1576-1587.
- [16] FOCK K M. Review article: the epidemiology and prevention of gastric cancer[J]. Aliment Pharmacol Ther, 2014, 40(3):250-260.
- [17] WARDI J, SHALEV T, SHEVAH O, et al. A rapid continuous-real-time ¹³C-urea breath test for the detection of Helicobacter pylori in patients after partial gastrectomy[J]. J Clin Gastroenterol, 2012, 46(4):293-296.
- [18] 胡伏莲. 幽门螺杆菌感染诊疗指南[M]. 3 版. 北京: 人民卫生出版社, 2025.
- [19] SAMLOFF I M, VARIS K, IHAMAKI T, et al. Relationships among serum pepsinogen I, serum pepsinogen II, and gastric mucosal histology: a study in relatives of patients with pernicious Anemia[J]. Gastroenterology, 1982, 83(1):204-209.
- [20] MIKI K, URITA Y. Using serum pepsinogens wisely in a clinical practice[J]. J Dig Dis, 2007, 8(1):8-14.
- [21] 乔正梅, 张雷, 葛君琍. 幽门螺杆菌 IgG 抗体、胃蛋白酶原及胃泌素-17 检测与胃癌的相关性分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2022, 32(14):1742-1745.
- [22] FOLORUNSHO A A, BABAFEMI O S. Effect of thyroxine and carbimazole treatments on basal and histamine stimulated gastric acid secretion in the common African Toad (Bufo regularis)[J]. Egypt J Aquatic Biolo And Fish, 2019, 23(4):139-147.
- [23] 上海国家消化系统疾病临床医学研究中心, 国家消化道早癌防治中心联盟, 中华医学会消化病学分会幽门螺杆菌学组, 等. 中国胃黏膜癌前状态和癌前病变的处理策略专家共识(2020 年)[J]. 中华消化杂志, 2020, 40(11):731-741.
- [24] 吴红艳, 李艳鸽, 尚学彬. 慢性萎缩性胃炎患者胃黏膜组织中 RKIP, STAT3 和 CyclinD1 的表达变化及意义[J]. 热带医学杂志, 2019, 19(8):991-994.
- [25] 杨莉, 孙明军, 徐倩, 等. 血清胃蛋白酶原、促胃液素-17 在慢性胃窦部萎缩性胃炎诊断中的价值[J]. 中华消化杂志, 2014, 34(7):478-480.
- [26] LEE D S, YANG H K, KIM J W, et al. Identifying the risk factors through the development of a predictive model for gastric cancer in South Korea[J]. Cancer Nurs, 2009, 32(2):135-142.
- [27] IIDA M, IKEDA F, JUN H, et al. Development and validation of a risk assessment tool for gastric cancer in a general Japanese population[J]. Gastric Cancer, 2018, 21(3):383-390.