

• 论 著 •

血清 CEA、CYFRA211、ATG 对甲状腺微小乳头状癌颈部淋巴结转移的预测价值*

周佳¹, 杨燕^{1△}, 丁小芳¹, 蒋卫平¹, 徐圣²

湖南省第二人民医院/湖南省脑科医院:1. 检验医学科;2. 急诊医学科, 湖南长沙 410007

摘要:目的 探究血清癌胚抗原(CEA)、细胞角蛋白 19 片段(CYFRA211)、甲状腺球蛋白抗体(ATG)对甲状腺微小乳头状癌颈部淋巴结转移的预测价值。方法 选取 2022 年 7 月至 2024 年 7 月该院收治的 240 例甲状腺微小乳头状癌患者,均接受手术治疗,术中行淋巴结清扫,术后病理检查证实有 79 例发生颈部淋巴结转移(转移组),161 例未发生颈部淋巴结转移(未转移组)。采用多因素 Logistic 回归分析影响颈部淋巴结转移的风险因素,受试者工作特征(ROC)曲线分析 CEA、CYFRA211、ATG 对颈部淋巴结转移的预测价值。结果 未转移组与转移组年龄、病灶数、肿瘤最大径、被膜外浸润相比,差异均有统计学意义($P < 0.05$);与未转移组相比,转移组 CEA、CYFRA211、ATG 水平上升($P < 0.05$)。多因素 Logistic 回归分析显示,CEA、CYFRA211、ATG 均是影响甲状腺微小乳头状癌颈部淋巴结转移的相关因素;Spearman 相关性分析结果显示,CEA、CYFRA211、ATG 与颈部淋巴结转移呈正相关;ROC 曲线分析结果发现,CEA、CYFRA211、ATG 联合检测的 AUC 均高于各指标单项检测($P < 0.05$)。结论 CEA、CYFRA211、ATG 在甲状腺微小乳头状癌颈部淋巴结转移中呈高表达,三者联合对甲状腺微小乳头状癌颈部淋巴结转移的预测效能较高,具有较好的临床参考价值。

关键词: 癌胚抗原; 细胞角蛋白 19 片段; 甲状腺球蛋白抗体; 甲状腺微小乳头状癌; 颈部淋巴结转移

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2026.10.014

中图分类号:R736.2

文章编号:1673-4130(2026)10-1230-06

文献标志码:A

Predictive value of serum CEA, CYFRA211, and ATG for lymph node metastasis in micropapillary thyroid carcinoma*

ZHOU Jia¹, YANG Yan^{1△}, DING Xiaofang¹, JIANG Weiping¹, XU Sheng²

1. Department of Laboratory Medicine; 2. Department of Emergency Medicine, Hunan Second People's Hospital, Changsha, Hunan 410007, China

Abstract: Objective To explore the predictive value of serum carcinoembryonic antigen (CEA), cytokeratin 19 fragment (CYFRA211), and thyroglobulin antibodies (ATG) for cervical lymph node metastasis in micropapillary thyroid carcinoma. **Methods** A total of 240 patients with micropapillary thyroid carcinoma admitted to the hospital from July 2022 to July 2024 were selected. All patients underwent surgical treatment and intraoperative lymph node dissection during the operation. Postoperative pathological examination confirmed cervical lymph node metastasis in 79 cases (metastatic group) and no metastasis in 161 cases (non-metastatic group). Multivariate Logistic regression analyses were used to identify the risk factors influencing cervical lymph node metastasis. The receiver operating characteristic (ROC) curve was used to analyze the predictive value of CEA, CYFRA211, and ATG for cervical lymph node metastasis. **Results** There were statistically significant differences in age, number of lesions, maximum tumor diameter, and extracapsular infiltration between the non-metastasis group and the metastasis group ($P < 0.05$). Compared with the non-metastasis group, the levels of CEA, CYFRA211, and ATG in the metastasis group increased ($P < 0.05$). Multivariate Logistic regression analysis showed that CEA, CYFRA211, and ATG were all related factors affecting cervical lymph node metastasis in thyroid micro-papillary carcinoma. Spearman correlation analysis showed that CEA, CYFRA211, and ATG were positively correlated with cervical lymph node metastasis. The results of ROC curve analysis revealed that the AUC of combined detection of CEA, CYFRA211, and ATG was higher than that of each indicator alone ($P < 0.05$). **Conclusion** CEA, CYFRA211, and ATG are highly expressed in cervical

* 基金项目:湖南中医药大学院校联合基金项目(2024YXLH240)。

作者简介:周佳,女,主管技师,主要从事内分泌代谢相关研究。△ 通信作者,E-mail:497374909@163.com。

lymph node metastasis of micropapillary thyroid carcinoma. The combination of these three indicators has a high predictive efficacy for cervical lymph node metastasis in micropapillary thyroid carcinoma, and it has good clinical reference value.

Key words: carcinoembryonic antigen; cytokeratin 19 fragment; thyroglobulin antibodies; micropapillary thyroid carcinoma; cervical lymph node metastasis

甲状腺乳头状癌(PTC)是一种发病率极高的恶性肿瘤,约占全部甲状腺癌 90%,病变直径小于 10 mm 的微小癌居多,发病率较高。甲状腺微小乳头状癌(PTMC)是指病灶直径未超过 10 mm,预后相对较好,恶性程度较低的 PTC,其生物学行为较为温和可通过监测管理避免手术,但仍有一定侵袭性,而颈部淋巴结转移是造成 PTMC 患者不良的因素之一,会直接对患者预后转归造成影响,促使肿瘤进展,影响生存^[1-2]。故寻找对 PTMC 患者颈部淋巴结转移有效的预测方法尤其重要。血清学肿瘤标志物常为蛋白质或其他分子,是可在体内检测到的生物分子,其产生与肿瘤细胞活动或存在关联,其中细胞角蛋白 19 片段(CYFRA211)是细胞凋亡或降解后片段,在肿瘤患者中异常表达,与肿瘤进展及转移有关^[3]。癌胚抗原(CEA)可反映机体内肿瘤细胞数量多少,存在于人体胚胎组织内,健康人血清中 CEA 水平低,当发生肿瘤病变时 CEA 水平上升^[4]。而甲状腺球蛋白抗体(ATG)是自身免疫性甲状腺炎的标志性抗体,其诱导的慢性甲状腺炎症、抗原特异性体液免疫反应可能与甲状腺乳头状癌发展预后相关^[5]。然而,目前尚鲜见研究系统探讨 CEA、CYFRA211、ATG 联合预测价值。基于此,本研究旨在分析血清 CEA、CYFRA211、ATG 预测 PTMC 颈部淋巴结转移的价值,以期为临床治疗策略的制订提供参考依据。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取 2022 年 7 月至 2024 年 7 月该院肿瘤科收治的 240 例 PTMC 患者,所有患者均接受手术治疗,且术中行淋巴结清扫术,根据术后病理学检查结果将发生淋巴结转移者纳入转移组(79 例),未发生淋巴结转移者纳入未转移组(161 例)。240 例患者年龄为 25~65 岁,平均(49.53±7.44)岁;平均体重指数(BMI)为(22.60±1.58)kg/m²。所有患者及家属对本研究知情,并签署知情同意书。本研究经本院伦理委员会批准[编号:2025 伦审(课)93 号]。纳入标准:(1)均接受甲状腺癌手术治疗及颈部淋巴结清扫术,术后病理证实为 PTMC,标准并符合《甲状腺微小乳头状癌诊断与治疗中国专家共识(2016 版)》^[7];(2)不存在手术禁忌证;(3)有完整临床及病理资料。排除标准:(1)伴甲状腺功能异常疾病,如甲状腺功能亢进、甲状腺功能减退等;(2)依从性较差;(3)合并严重心脑血管疾病、免疫/血液系统疾病、精神性疾病、严重脏器功能不全;(4)接受其他甲状腺疾病治疗或头颈部放疗史;(5)临床病例资料不全。

1.2 临床病例资料收集 依据本院电子病历系统收集患者临床基础资料,包含年龄、性别、病灶数、位置、患侧、肿瘤最大径、游离甲状腺素(FT4)、甲状腺过氧化物酶抗体(TPO-Ab)等。

1.3 实验室相关指标测定 采集患者的空腹静脉血 5 mL,将采集到血液置于非抗凝试管中,静置 30 min,以 3 000 r/min 的速度离心 10 min,分离出血清,且在新鲜血清样本下送实验室测定。采用罗氏 Cobas801 电化学发光免疫分析仪,检测血清 CYFRA211、ATG、FT4、TPO-Ab 水平。血清 CYFRA211 检测试剂购自罗氏诊断公司,ATG 检测试剂购自罗氏诊断公司[货号:06368697190],FT4 检测试剂购自罗氏诊断公司(货号:11731297122),TPO-Ab 检测试剂购自罗氏诊断公司(货号:06368590190)。采用西门子 ADVIA Centaur XP 全自动化学发光免疫分析仪测定血清 CEA 水平,试剂购自西门子医学诊断产品(上海)有限公司(货号:09788458)。以上操作均由检验科专业人员严格按照说明书进行操作。

1.4 超声检测 采用西门子 SIEMENS S 2000 彩色多普勒超声诊断仪,5~13 MHz 的频率扫描,患者均取仰卧位,颈部暴露充分,头部后倾,肩部下垫软枕,耦合剂涂抹后,沿甲状腺行纵横切面扫描,清扫颈部淋巴结;观察记录超声特征(被膜外浸润、钙化、纵横比、最大径等)。双人输入资料,所有资料均由专门培训的专业人士完成,检查由资深超声医生进行,以确保影像质量。

1.5 统计学处理 采用 SPSS25.0 软件进行数据处理。计量资料符合正态分布时以 $\bar{x} \pm s$ 表示,组间采用独立样本 *t* 检验,计数资料以例数或百分率表示,组间比较采用 χ^2 检验。采用受试者工作特征(ROC)曲线分析血清 CEA、CYFRA211、ATG 对 PTMC 颈部淋巴结转移的价值。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 PTMC 患者颈部淋巴结转移情况 79 例 PTMC 患者中,术后证实发生颈侧区淋巴结转移者 20 例,中央区淋巴结转移者 35 例,颈部淋巴结转移者 24 例。

2.2 转移组与未转移组临床资料比较 未转移组与转移组患者性别、患侧、位置(峡部/上/中/下)、纵横比、形态、边界、钙化、血流等级、FT4、TPO-Ab 相比,差异无统计学意义($P > 0.05$);未转移组与转移组患者的年龄、病灶数、肿瘤最大径、被膜外浸润相比,差异有统计学意义($P < 0.05$)。见表 1。

表 1 转移组与未转移组的临床资料比较[n(%)或 n 或 $\bar{x} \pm s$]

项目	未转移组(n=161)	转移组(n=79)	χ^2/t	P
年龄(岁)			5.072	0.024
<45	69(42.86)	22(27.85)		
≥45	92(57.14)	57(72.15)		
性别			0.179	0.672
女	76(47.20)	35(44.30)		
男	85(52.80)	44(55.70)		
病灶数			8.538	0.004
多发	43(26.71)	36(45.57)		
单发	118(73.29)	43(54.43)		
患侧			0.798	0.671
双侧	33(20.50)	20(25.23)		
右侧	60(37.27)	29(36.71)		
左侧	68(42.24)	30(37.97)		
位置			2.507	0.474
峡部	25	12		
上	36	22		
中	44	25		
下	56	20		
肿瘤最大径(mm)			4.232	0.04
<5	96(59.63)	36(45.57)		
≥5	65(40.37)	43(54.43)		
超声特征				
横纵比			0.096	0.757
<1	89(55.28)	42(53.16)		
≥1	72(44.72)	37(46.84)		
形态			1.164	0.281
不规则	130(80.75)	59(74.68)		
规则	31(19.25)	20(25.32)		
边界			3.174	0.075
不清晰	139(86.34)	61(77.22)		
清晰	22(13.66)	18(22.78)		
钙化			3.755	0.153
粗大	73(45.34)	42(53.16)		
微小	56(34.78)	29(36.71)		
无	32(19.88)	8(10.13)		
被膜外浸润			17.230	<0.001
否	129(80.12)	43(54.43)		
是	32(19.88)	36(45.57)		
血流等级			0.759	0.384
I~II级	109(67.70)	49(60.03)		
III~IV级	52(32.30)	30(37.97)		
实验室指标				
FT4(pmol/L)	10.60±3.55	10.39±3.28	0.441	0.659
TPO-Ab(IU/mL)	2.14±0.73	2.20±0.80	0.580	0.563

2.3 对比两组血清 CEA、CYFRA211、ATG 水平变化 与未转移组相比,血清 CEA、CYFRA211、ATG

在转移组水平上升明显, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。见表 2。

表 2 两组血清 CEA、CYFRA211、ATG 水平比较 ($\bar{x} \pm s$)

组别	n	CEA($\mu\text{g/L}$)	CYFRA211($\mu\text{g/L}$)	ATG(IU/mL)
未转移组	161	7.18 \pm 2.54	5.04 \pm 1.71	5.69 \pm 2.05
转移组	79	12.34 \pm 3.13	9.27 \pm 2.63	15.22 \pm 4.18
t		13.673	14.968	23.724
P		<0.001	<0.001	<0.001

2.4 影响 PTMC 颈部淋巴结转移的危险因素行多因素 Logistic 回归分析 PTMC 颈部淋巴结转移为因变量(未转移=0, 转移=1), 将上述 $P < 0.05$ 因素

为自变量, 纳入 Logistic 回归分析, 病灶数、CEA、年龄、被膜外浸润、ATG、肿瘤最大径、CYFRA211 均是影响 PTMC 颈部淋巴结转移的相关因素, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。见表 3。

2.5 血清 CEA、CYFRA211、ATG 与 PTMC 颈部淋巴结转移的相关性分析 以 PTMC 颈部淋巴结转移(1=未转移, 2=转移)行 Spearman 相关分析显示, CEA、CYFRA211、ATG 与颈部淋巴结转移呈正相关 ($r=0.396, 0.404, 0.383$, 均 $P < 0.001$)。

2.6 ROC 曲线分析血清 CEA、CYFRA211、ATG 对 PTMC 颈部淋巴结转移的预测价值 CEA、CYFRA211、ATG 联合检测 PTMC 颈部淋巴结转移的预测价值高于单项预测 ($P < 0.05$)。见表 4、图 1。

表 3 多因素 Logistic 回归分析影响 PTMC 颈部淋巴结转移的危险因素

影响因素	β	SE	Wald χ^2	P	OR	95%CI
年龄	1.408	0.776	3.292	<0.001	4.088	2.536~5.640
病灶数	1.311	0.595	4.855	<0.001	3.710	2.520~4.900
肿瘤最大径	1.208	0.611	3.909	<0.001	3.347	2.125~4.569
被膜外浸润	1.022	0.522	3.833	<0.001	2.779	1.735~3.823
CEA	1.222	0.505	5.855	<0.001	3.394	2.384~4.404
CYFRA211	1.119	0.617	2.289	<0.001	3.062	1.828~4.296
ATG	1.282	0.639	4.025	<0.001	3.604	2.326~4.882

表 4 血清 CEA、CYFRA211、ATG 对 PTMC 颈部淋巴结转移的预测价值

项目	AUC	95%CI	灵敏度 [% (n/n)]	特异度 [% (n/n)]	准确度 [% (n/n)]
CEA	0.782	0.729~0.845	66.46(107/161)	86.07(68/79)	72.92(175/240)
CYFRA211	0.745	0.676~0.814	76.40(123/161)	75.95(60/79)	76.25(183/240)
ATG	0.732	0.663~0.801	70.18(113/161)	77.21(61/79)	72.50(174/240)
联合检测	0.797	0.729~0.854	95.03(153/161)	64.55(51/79)	85.00(204/240)

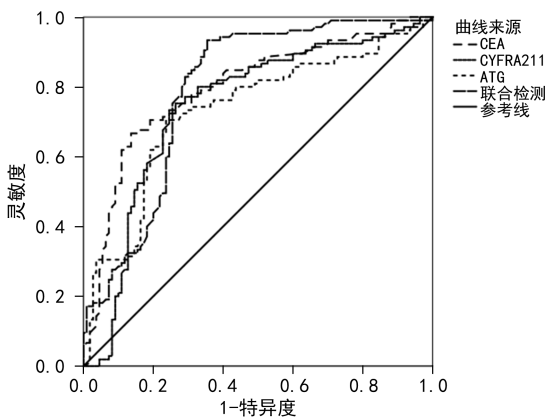


图 1 血清 CEA、CYFRA211、ATG 对 PTMC 颈部淋巴结转移的 ROC 曲线

3 讨论

CYFRA211 属于细胞角质蛋白片段, 是构成上皮

细胞中角蛋白中间丝的主要成分, 当肿瘤细胞衰亡时激活机体蛋白酶催化细胞角质蛋白加速分解, 在组织损伤或癌变时, 被活化的蛋白酶会促进细胞角质蛋白降解, 释放血清中, 导致 CYFRA211 释放, 血清 CYFRA211 水平升高, 是甲状腺乳头状癌、肺癌等恶性肿瘤中肿瘤标志物^[7-8]。本研究显示, 转移组患者血清 CYFRA211 水平显著高于未转移组 (9.27 ± 2.63 vs. $5.04 \pm 1.71 \mu\text{g/L}$), 且多因素分析是影响颈部淋巴结转移的风险独立因素 ($OR = 3.062$)。这一结果与唐瑾等^[9]研究一致, 后者发现 PTMC 患者血清 CYFRA211 水平明显升高可能与肿瘤细胞外细胞角质蛋白分解, 促使肿瘤侵袭转移有关。可能的机制是: 血 CYFRA211 水平升高能反映肿瘤细胞侵袭与的增殖能力增强, 患者更易发生颈部淋巴结转移。另有研究显示, CYFRA211 是细胞角质蛋白 19 的水解成分, 分

布于正常组织与单层上皮细胞,在正常细胞中表达不明显,恶性肿瘤中升高明显,且 CYFRA211 水平升高的肿瘤患者,细胞间黏附能力减弱,肿瘤细胞分化差,促使肿瘤细胞更容易脱落侵入血循环并在体内定植,最终导致病灶转移,预后较差^[10-11]。董斌等^[12]结果显示,在肺癌淋巴结转移患者 CYFRA211 水平高于淋巴结未转移患者,提示 CYFRA211 水平可作为患者是否发生淋巴结转移的预测因子。因此,CYFRA211 间接反映了肿瘤发展、转移状况,对肿瘤细胞生长有影响。

CEA 参与了细胞黏附调节与细胞识别、细胞进程,属于人类胚胎抗原特性的血清糖蛋白,可作为细胞膜结构蛋白存在于癌细胞表面并分泌到外周血循环中,被用于多种肿瘤诊断、评估的肿瘤标志物^[13-14]。本研究结果发现,CEA 是影响 PTMC 颈部淋巴结转移的风险独立因素($OR = 3.394$)。林佳等^[15]分析发现,肿瘤患者血清 CEA 呈高水平,并随着病理分级上升,且检测诊断疾病分级的预测价值较高。究其原因,CEA 可通过免疫细胞活性抑制,促使肿瘤的扩散与生长,影响肿瘤周围的免疫微环境,当 PTMC 细胞发生异常分化或恶变可能造成 CEA 的释放与合成,并且其对癌细胞的侵袭与转移能力有促进作用,CEA 还可促进新生血管形成,为肿瘤细胞生长与发展提供营养与氧气。也有研究证实,CEA 是身体内与肿瘤相关的抗原,可影响血窦微环境,并具有促进肿瘤细胞存活的功能^[16]。血清 CEA 可作为判断子宫内膜癌和术后淋巴结转移的主要指标,其主要原因是,血清 CEA 可从免疫、炎症病理等多个角度反映肿瘤淋巴结转移。然而,由于 CEA 在许多恶性肿瘤中均表现出非特异性,且单个检测灵敏度不高,所以需要进一步联合使用。

甲状腺是甲状腺球蛋白合成与分泌的唯一器官,且甲状腺球蛋白与甲状腺病变发生、转移、进展有关,ATG 是甲状腺球蛋白的抑制性抗体,在正常情况下,ATG 在机体内呈低表达,当 ATG 水平升高会引起甲状腺球蛋白含量下降,而 ATG 可破坏甲状腺细胞,并通过激活抗体和补体依赖的细胞发挥细胞杀伤效应,从而促进病情发展^[17]。郁玉文等^[18]研究发现,ATG 对老年甲状腺癌有较高诊断价值,并与患者淋巴结转移密切相关,这一结果与本研究相似。本研究结果显示,转移组 ATG 水平高于未转移组,多因素 Logistic 回归发现影响 PTMC 颈部淋巴结转移的风险因素包括病灶数多发、年龄 ≥ 45 岁、被膜外浸润、ATG 高水平、肿瘤最大径 ≥ 5 mm。本研究中被膜外浸润概率升高颈部淋巴结转移可能性加大,是由于甲状腺被膜下有丰富的淋巴管,当 PTMC 突破包膜后,由于肿瘤细胞的生物学特征,会对甲状腺周围淋巴管产生影

响,诱发淋巴结转移。因此对于被膜外浸润的癌结节,临床上需要仔细扫描淋巴结,并给予相应治疗,术中还应该多注意颈部淋巴结的清扫,以减少预后不良。而肿瘤最大径越大的细胞侵袭、增殖能力增强,造成淋巴结转移风险率上升,这是由于甲状腺组织淋巴管网丰富,随肿瘤增大,周围淋巴管易浸润,与淋巴管周围面积接触越多,诱发淋巴结转移^[19-20]。此外,与同类研究相比,本研究的创新性在于整合了血清肿瘤标志物,构建了多维预测模型。Spearman 相关分析显示,CEA、CYFRA211、ATG 与颈部淋巴结转移呈正相关。与单一指标相比,联合检测的 AUC 提升至 0.797,提示血清 CEA、CYFRA211、ATG 联合预测 PTMC 颈部淋巴结转移的价值效能较高,有助于临床诊断颈部淋巴结转移,表明多模态指标可弥补单一检测的局限性。

综上所述,血清 CEA、CYFRA211、ATG 联合检测能够有效预测患者颈部淋巴结转移的风险因素,为临床管理提供了新思路。然而,本研究仍具有局限性:首先,样本量较小且为单中心设计,可能引入选择偏倚;其次,未动态监测 CEA、CYFRA211、ATG 标志物变化,未来需扩大样本量以验证结论;最后,本研究未具体分析 CEA、CYFRA211、ATG 之间是否存在相关性,还需要查阅大量的文献资料及数据库进一步探讨其相关机制。

参考文献

- [1] WANG Z,JI X,ZHANG H,et al. Clinical and molecular features of progressive papillary thyroid microcarcinoma [J]. *Int J Surg*,2024,110(4):2313-2322.
- [2] DIDEHBAN S,ABDOLLAHI A,MEYSAMIE A. Evaluation of etiology,clinical manifestations,diagnosis, follow-up,histopathology and prognosis factors in papillary thyroid microcarcinoma;a systematic review and meta-analysis[J]. *Iran J Pathol*,2023,18(4):380-391.
- [3] LIANG Y,YI Z,LI J,et al. The diagnostic value of CYFRA 21-1 in oral squamous cell carcinoma;a meta-analysis[J]. *Expert Rev Anticancer Ther*,2024,24(11):1161-1168.
- [4] LI H,TIE X J. Exploring research progress in studying serum exosomal miRNA-21 as a molecular diagnostic marker for breast cancer[J]. *Clin Transl Oncol*,2024,26(9):2166-2171.
- [5] SHI K,KE D,LI F,et al. A review shows that ATG10 has been identified as a potential prognostic marker and therapeutic target for cancer patients based on real-world studies[J]. *Front Oncol*,2025,15:1573378.
- [6] 高明,葛明华,嵇庆海,等. 甲状腺微小乳头状癌诊断与治疗中国专家共识(2016 版)[J]. *中国肿瘤临床*,2016,43(10):405-411.

- [7] SETIANINGSIH Y A, DJATISOESANTO W, LAKSITA T B, et al. Diagnostic accuracy of urinary cytokeratin fragment-19 (CYFRA21-1) for bladder cancer[J]. *Narra J*, 2024, 4(3):e1142.
- [8] LIU F, ZHANG Y, WU J, et al. Association of PTOV1 and CYFRA21-1 with neoadjuvant chemosensitivity in patients with lung adenocarcinoma[J]. *Am J Transl Res*, 2024, 16(11):7107-7114.
- [9] 唐瑾, 苗润琴, 杨立, 等. 多普勒超声联合 CYFRA21-1、sIL-2R 对甲状腺微小乳头状癌颈侧区淋巴结转移的预测价值[J]. *中华内分泌外科杂志*, 2024, 18(5):691-695.
- [10] CHEN J, WANG Y, SHOU M, et al. Case report and literature review: tislelizumab combined with lenvatinib and polymeric micellar paclitaxel for thymic squamous cell carcinoma[J]. *Front Immunol*, 2025, 16:1677723.
- [11] 李海芬, 邓亚云, 李洪来, 等. 超声测定 PI、RI、V_{max} 结合血清 sE-cadherin、CYFRA21-1 对乳腺癌良恶性及淋巴结转移的诊断价值[J]. *生物医学工程与临床*, 2024, 28(1):56-62.
- [12] 董斌, 张莉, 韩凌飞, 等. 细胞角蛋白 19 片段、SCC、NSE 联合纤维蛋白原对肺癌病理类型及淋巴结转移的诊断价值[J]. *国际检验医学杂志*, 2025, 46(6):728-732.
- [13] NIEDZIELSKA J, JASTRZEBSKI T. Carcinoembryonic antigen (CEA): origin, role in oncology, and concentrations in serum and peritoneal fluid[J]. *J Clin Med*, 2025, 14(9):3189.
- [14] WANG B, HUANG J, CHEN L. Management of medullary thyroid cancer based on variation of carcinoembryonic antigen and calcitonin[J]. *Front Endocrinol*, 2024, 15:1418657.
- [15] 林佳, 陈善建. 血清癌胚抗原、糖类抗原 153 与乳腺癌分级的关系及其诊断价值研究[J]. *中国现代医学杂志*, 2025, 35(4):12-16.
- [16] WU Z, JIANG Y, GONG H, et al. Diagnostic value of preoperative systemic inflammatory markers and carcinoembryonic antigen in medullary thyroid carcinoma and the risk factors affecting its prognosis[J]. *Gland Surg*, 2025, 14(1):13-27.
- [17] CHAN A, TAN R, TAN S, et al. Low absolute lymphocyte count associated with anti-thymocyte globulin induction may be a predictor of early cytomegalovirus infection in pediatric heart transplantation[J]. *Pediatr Transplant*, 2025, 29(5):e70136.
- [18] 郁玉文, 吕庆, 李超群, 等. 超声联合血清 Gal-1、甲状腺球蛋白、抗甲状腺球蛋白抗体在老年甲状腺癌诊断和病情评估中的应用价值[J]. *中国老年学杂志*, 2023, 43(21):5156-5159.
- [19] VIOLETIS O, SFAKIOTAKI M, SPYROGLOU A, et al. Predictive factors of lymph node metastasis in papillary thyroid microcarcinoma (PTMC) [J]. *Medicina (Kaunas)*, 2025, 61(10):1800.
- [20] CHEN J H, ZHANG M, HE Y Y, et al. Tumor size as a predictive indicator for lymph node metastasis in papillary thyroid carcinoma: an inverted L-shaped curve analysis based on the SEER database[J]. *Clin Endocrinol*, 2025, 102(2):214-222.

(收稿日期:2025-10-16 修回日期:2026-01-09)

(上接第 1229 页)

- [13] YOUSSEF A M, ELGHONEIMY H A, HELMY M W, et al. Effect of amlodipine versus bisoprolol in hypertensive patients on maintenance hemodialysis: a randomized controlled trial[J]. *Medicine*, 2021, 100(51):e28322.
- [14] LO H Y, LIN Y S, LIN D S, et al. Association of statin therapy with major adverse cardiovascular and limb outcomes in patients with end-stage kidney disease and peripheral artery disease receiving maintenance dialysis[J]. *JAMA Netw Open*, 2022, 5(9):e2229706.
- [15] MORIYAMA K. The association between the triglyceride to high-density lipoprotein cholesterol ratio and low-density lipoprotein subclasses[J]. *Intern Med*, 2020, 59(21):2661-2669.
- [16] HOLVOET P, VANHAECKE J, JANSSENS S, et al. Oxidized LDL and malondialdehyde-modified LDL in patients with acute coronary syndromes and stable coronary artery disease[J]. *Circulation*, 1998, 98(15):1487-1494.
- [17] 谢志江, 李敏, 程瑞丽, 等. 血清 MDA-LDL、ALP 与急性冠脉综合征患者 PCI 术后不良心血管事件的关系[J]. *国际检验医学杂志*, 2021, 42(22):2729-2734.
- [18] HOU J S, WANG C H, LAI Y H, et al. Serum malondialdehyde-modified low-density lipoprotein is a risk factor for central arterial stiffness in maintenance hemodialysis patients[J]. *Nutrients*, 2020, 12(7):2160.
- [19] HOUTMAN J, FREITAG K, GIMBER N, et al. Beclin-1-driven autophagy modulates the inflammatory response of microglia via NLRP3[J]. *EMBO J*, 2019, 38(4):e99430.
- [20] DENG Z, SUN M, WU J, et al. SIRT1 attenuates sepsis-induced acute kidney injury via Beclin-1 deacetylation-mediated autophagy activation[J]. *Cell Death Dis*, 2021, 12(2):217.
- [21] DONG Y, CHEN H, GAO J, et al. Molecular machinery and interplay of apoptosis and autophagy in coronary heart disease[J]. *J Mol Cell Cardiol*, 2019, 136:27-41.
- [22] SUN W, LU H, DONG S, et al. Beclin-1 controls caspase-4 inflammasome activation and pyroptosis in mouse myocardial reperfusion-induced microvascular injury[J]. *Cell Commun Signal*, 2021, 19(1):107.

(收稿日期:2025-09-02 修回日期:2025-12-BHG-30)