

基于临床实验室常规检验数据使用随机森林分类器构建 多发性骨髓瘤预测模型

李莎, 田原, 谢晋焯, 欧阳能良, 吴杏儿, 王娟, 李任洲, 黄云秀, 李曼, 李丽敏

(中山市人民医院, 广东中山 528400)

摘要: **目的** 构建基于常规检验数据的多发性骨髓瘤(MM)预测模型。**方法** 纳入2022~2024年中山市人民医院确诊的224例MM患者作为研究组, 纳入同期200例健康体检者作为对照组。收集两组共74项常规检验指标, 先通过科尔莫戈罗夫-斯米尔诺夫(K-S)检验判断数据正态性, 再采用独立样本 t 检验或秩和检验比较组间差异。对差异具有统计学意义的指标绘制受试者工作特征(ROC)曲线, 筛选曲线下面积(AUC)值 >0.7 的指标作为有效特征变量, 采用随机森林分类器构建预测模型, 并通过5折交叉验证对模型性能进行评估。**结果** 共发现两组间差异具有统计学意义的检验指标38项(均 $P<0.05$)。其中, 尿液总 κ 轻链($u\kappa$)和尿液总 λ 轻链($u\lambda$)的AUC值均为1.0, 具有最强的预测能力。5核苷酸酶(5-NT)、类风湿因子(RF)、红细胞分布宽度-变异系数(RDW-CV)、凝血酶时间(TT)升高以及红细胞比容(HCT)、血红蛋白(Hb)降低时的AUC值均超过0.9, 具有较强的预测能力。 $\beta 2$ 微球蛋白($\beta 2$ -MG)、红细胞分布宽度-标准差(RDW-SD)、胱抑素C(CysC)、C反应蛋白(CRP)、腺苷脱氨酶(ADA)、甘油三酯(TG)、肌酐(Cr)、碱性磷酸酶(ALP)、尿素(Urea)、抗链球菌溶血素(ASO)升高以及白蛋白(Alb)、红细胞(RBC)、估算肾小球滤过率(eGFR)、血小板(PLT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、肌酸激酶同工酶(CK-MB)、平均红细胞血红蛋白浓度(MCHC)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、总蛋白(TP)降低时的AUC值介于0.7~0.9, 具有中等的预测能力。其余差异具有统计学意义的指标的AUC值介于0.5~0.7, 具有较弱的预测能力。基于AUC值 >0.7 的指标进行了重要性排序。构建的随机森林模型在预测MM患者与健康个体时, 准确度达到100%, 且精确率、召回率及F1分数均为1.00。该模型已保存为.pkl文件, 完整的Python代码也已上传至GitHub平台。**结论** 基于常规检验指标, 使用随机森林分类器能够有效构建MM预测模型, 不仅提高了MM的早期识别效率, 而且显著增强了常规检验数据的利用价值。

关键词: 随机森林分类器; 多发性骨髓瘤; 常规检验指标; 预测模型

中图分类号: R733.3; R730.43 文献标志码: A 文章编号: 1671-7414(2026)02-046-05

doi:10.3969/j.issn.1671-7414.2026.02.008

Development of a Multiple Myeloma Predictive Model Using Routine Clinical Laboratory Data Based on a Random Forest Classifier

LI Sha, TIAN Yuan, XIE Jinye, OUYANG Nengliang, WU Xing'er, WANG Juan, LI Renzhou, HUANG Yunxiu, LI Man, LI Limin (Zhongshan City People's Hospital, Guangdong Zhongshan 528400, China)

Abstract: Objective To develop a predictive model for multiple myeloma (MM) based on routine laboratory test data. **Methods** A total of 224 confirmed MM patients diagnosed at Zhongshan City People's Hospital between 2022 and 2024 were enrolled as the study group, and 200 healthy individuals undergoing routine physical examinations during the same period were selected as the control group. Seventy-four routine laboratory indicators were collected from both groups. Data normality was assessed by the Kolmogorov-Smirnov (K-S) test, followed by independent samples t -test or rank-sum test to compare differences between groups. Receiver operating characteristic (ROC) curves were plotted for statistically significant indicators. Variables with area under the curve (AUC) >0.7 were selected as effective features for model construction. A random forest classifier was used to construct the predictive model, and its performance was evaluated by 5-fold cross-validation. **Results** Thirty-eight laboratory indicators showed statistically significant differences between the two groups (all $P<0.05$). Among these, total urinary κ and λ light chains exhibited the highest predictive performance with AUC values of 1.0. Elevated 5-nucleotidase (5-NT), rheumatoid factor (RF), red cell distribution width-coefficient of variation (RDW-CV), and thrombin time (TT), as well as decreased hematocrit (HCT) and hemoglobin (Hb) levels, showed strong predictive power with AUCs >0.9 . Variables such as $\beta 2$ -microglobulin

基金项目: 广东省中山市科技局重大项目(项目编号: K2021B3014), 广东省中山市卫健局一般项目(项目编号: 2021A020523), 中山市社会公益科技研究项目(2022B1080)。

作者简介: 李莎(1989-), 女, 学士, 副主任技师, 研究方向: 临床生物化学检验, E-mail: 1024234271@qq.com。

通讯作者: 李丽敏(1994-), 女, 硕士, 主管技师, 研究方向: 临床生物化学检验, E-mail: 841909331@qq.com。

(β 2-MG), red cell distribution width-standard deviation (RDW-SD), Cystatin C (CysC), C-reactive protein (CRP), adenosine deaminase (ADA), triglycerides (TG), creatinine (Cr), alkaline phosphatase (ALP), urea, anti-streptolysin O (ASO) elevation, and while albumin (Alb), red blood cells (RBC), estimated glomerular filtration rate (eGFR), platelets (PLT), activated partial thromboplastin time (APTT), creatine kinase isoenzyme (CK-MB), mean corpuscular hemoglobin concentration (MCHC), high-density lipoprotein cholesterol (HDL-C), and total protein (TP) were decreased with AUCs ranging from 0.7 to 0.9, indicating moderate predictive capability. The remaining statistically significant indicators had AUCs between 0.5 and 0.7, indicating weaker predictive ability. Indicators with AUC values around 0.7 were prioritized based on importance. The constructed random forest model achieved an accuracy of 100%, with precision, recall, and F1-score all at 1.00 in distinguishing MM patients from healthy controls. The model was saved as a .pkl file, and the complete Python code has been uploaded to GitHub. **Conclusions** Using a random forest classifier, a predictive model for MM was effectively established based on routine laboratory indicators, significantly improving early identification of MM and enhancing the clinical utility of routine laboratory data.

Keywords: random forest classifier; multiple myeloma; routine laboratory indicators; predictive model

多发性骨髓瘤(multiple myeloma, MM)是浆细胞克隆性异常增殖引起的第二大常见血液系统恶性肿瘤,目前尚无法治愈,10年生存率仅为17%^[1-2]。由于早期临床表现缺乏特异性,MM易被误诊或漏诊^[3]。目前,MM的诊断主要依赖临床症状、实验室检测及影像学检查,但存在诊断延迟、依赖经验以及成本高等问题。随着人工智能技术的快速发展,机器学习在疾病预测中的应用日益广泛。随机森林分类器作为一种集成学习算法,能够有效整合多维数据,实现高效且准确的预测。本研究基于MM患者的常规检验数据,筛选有效特征变量,采用随机森林分类器构建预测模型,旨在评估其在MM早期筛查及辅助诊断中的应用价值。

1 材料与方法

1.1 研究对象 本研究纳入2022~2024年中山市人民医院确诊的MM患者224例作为研究组,纳入同期健康体检者200例作为对照组。研究组符合《中国多发性骨髓瘤诊治指南(2024年修订)》^[4]相关诊断标准,且临床资料完整。排除合并其他恶性肿瘤或存在脏器功能不全的患者。研究获得医院医学伦理会审核批准(审批号:2025-046)。

1.2 仪器与试剂 XN9000全自动血细胞分析仪及其配套试剂盒、UC-3500全自动尿液分析仪及其配套试剂盒(日本Sysmex);ADVIA 2400全自动生化分析仪及其配套试剂盒、BN II特定蛋白分析仪及其配套试剂盒(德国西门子);C501全自动生化分析仪及其配套试剂盒(美国罗氏);Hb9210糖化血红蛋白分析仪及其配套试剂盒(美国Premier);ACL TOP 750全自动凝血仪及其配套试剂盒(美国沃芬);琼脂糖电泳仪及其配套试剂盒(法国Sebia)。

1.3 方法

1.3.1 数据收集及预处理:收集两组共74项常规检验指标,涵盖全血细胞分析、肝肾功能、免疫八项、凝血功能以及血清和尿液中的总 κ 、 λ 轻链、糖化血红蛋白等。在数据清洗过程中,对于缺失的数值型特征

采用均值填充处理。鉴于随机森林算法对特征尺度变化不敏感,未对数据进行归一化或标准化处理。最终,数据集按照7:3的比例划分为训练集与测试集。

1.3.2 建立并验证模型:本研究采用随机森林分类器对训练集进行建模,输入变量选取AUC值>0.7的指标。模型采用默认参数构建100棵决策树,每棵树通过bootstrap方法从训练集中随机抽样生成。通过集成多个决策树的投票结果完成分类,有效提升模型稳定性并降低过拟合风险。模型训练完成后,采用5折交叉验证评估模型对测试集的各项性能,指标包括准确度、精确度、召回率及F1分数。其中,准确度表示模型正确分类样本占总样本的比例;精确度反映模型预测为阳性样本中真实阳性的比例;召回率表示真实阳性样本被正确识别的比例;F1分数为精确度与召回率的调和平均值,综合评价模型的性能。

1.4 统计学分析 使用SPSS 22.0处理数据统计分析。采用科莫戈洛夫-斯米尔诺夫(Kolmogorov-Smirnov, K-S)检验判断数据正态性。对于符合正态分布的变量,采用独立样本 t 检验比较组间差异;不符合正态分布者则采用秩和检验。利用受试者工作特征(ROC)曲线的曲线下面积(AUC)值评估相关指标对MM的预测能力。 $P<0.05$ 表示差异具有统计学意义。

2 结果

2.1 数据集临床特征 研究组中位年龄为64(28~78)岁,其中男性119例(53.1%)、女性105例(46.9%)。MM的免疫分型分布为:IgG型115例、IgA型48例、IgM型15例、轻链型46例。对照组中位年龄为56(26~70)岁,男性105例(52.5%)、女性95例(47.5%)。

2.2 两组间74项检验指标比较分析 见表1。根据K-S检验结果,74项常规检验指标中有5项符合正态分布(PLT、HCT、Hb、TC、TCO₂、ApoA1),采用独立样本 t 检验进行组间比较;其余指标因不满足正态分布,采用秩和检验分析。

结果显示,共38项检验指标在研究组与对照组的差异具有统计学意义(均 $P<0.05$)。其中,U κ 和

U λ 的AUC值均为1.0,具有最强的预测能力;5-NT、RF、RDW-CV、TT升高以及HCT、Hb降低时的AUC值均超过0.9,具有较强的预测能力; β 2-MG、RDW-SD、CysC、CRP、ADA、TG、Cr、ALP、Urea、ASO

升高以及Alb、RBC、eGFR、PLT、APTT、CK-MB、MCHC、HDL-C、TP降低时的AUC值介于0.7~0.9,具有中等的预测能力。其余差异具有统计学意义的指标的AUC值介于0.5~0.7,具有较弱的预测能力。

表1 病例组与对照组间74项检验指标比较分析结果

项目	P^{Δ}	P^{Δ}	备注*	AUC	项目	P^{Δ}	P^{Δ}	备注*	AUC
尿液总 κ 轻链(u κ)	0.000	0.000	高	1.000	尿液总 λ 轻链(u λ)	0.000	0.000	高	1.000
5核苷酸酶(5-NT)	0.000	0.000	高	0.991	类风湿因子(RF)	0.000	0.000	高	0.947
红细胞分布宽度-变异系数(RDW-CV)	0.000	0.000	高	0.947	凝血酶时间(TT)	0.000	0.000	高	0.922
血红蛋白量(Hb)	0.152	0.000	低	0.916	红细胞比容(HCT)	0.990	0.000	低	0.904
β 2微球蛋白(β 2MG)	0.000	0.000	高	0.895	红细胞分布宽度-标准差(RDW-SD)	0.000	0.000	高	0.892
胱抑素C(CysC)	0.000	0.000	高	0.848	C反应蛋白(CRP)	0.000	0.000	高	0.769
腺苷脱氨酶(ADA)	0.000	0.000	高	0.835	甘油三酯(TG)	0.000	0.000	高	0.834
肌酐(Cr)	0.000	0.000	高	0.792	碱性磷酸酶(ALP)	0.000	0.000	高	0.749
尿素(Urea)	0.000	0.000	高	0.756	抗链球菌溶血素O(ASO)	0.000	0.004	高	0.704
白蛋白(Alb)	0.000	0.000	低	0.889	红细胞计数(RBC)	0.000	0.000	低	0.883
估算肾小球滤过率(eGFR)	0.000	0.000	低	0.846	血小板计数(PLT)	0.095	0.000	低	0.798
活化部分凝血活酶时间(APTT)	0.000	0.000	低	0.779	肌酸激酶同工酶(CK-MB)	0.000	0.000	低	0.741
平均红细胞血红蛋白浓度(MCHC)	0.000	0.000	低	0.739	高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)	0.002	0.000	低	0.722
总蛋白(TP)	0.000	0.000	低	0.703	尿酸(UA)	0.000	0.009	高	0.646
总胆红素(TBA)	0.000	0.000	高	0.669	免疫球蛋白G(IgG)	0.000	0.024	高	0.585
免疫球蛋白A(IgA)	0.000	0.004	高	0.629	免疫球蛋白M(IgM)	0.000	0.000	高	0.505
乳酸脱氢酶(LDH)	0.000	0.056	高	0.578	总胆红素(TBIL)	0.000	0.001	低	0.693
总二氧化碳(TCO ₂)	0.083	0.030	低	0.695	尿液电导率	0.035	0.042	低	0.618
低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)	0.000	0.681	无	-	载脂蛋白B(apoB)	0.026	0.053	无	-
脂蛋白a(LPa)	0.000	0.203	无	-	葡萄糖(Glu)	0.000	0.288	无	-
糖化血红蛋白(HbA1c)	0.000	0.071	无	-	纤维蛋白原定量(FIB)	0.020	0.059	无	-
血小板分布宽度(PDW)	0.000	0.106	无	-	血小板平均体积(MPV)	0.000	0.734	无	-
平均红细胞血红蛋白量(MCH)	0.000	0.227	无	-	平均红细胞体积(MCV)	0.000	0.858	无	-
白细胞计数(WBC)	0.000	0.463	无	-	前白蛋白(PA)	0.000	0.226	无	-
γ -谷氨酰转氨酶(GGT)	0.000	0.888	无	-	直接胆红素(DBIL)	0.000	0.268	无	-
天冬氨酸氨基转移酶(AST)	0.000	0.567	无	-	丙氨酸氨基转移酶(ALT)	0.000	0.168	无	-
胆碱酯酶(ChE)	0.000	0.729	无	-	α -L-岩藻糖苷酶(AFU)	0.000	0.012	无	-
肌酸激酶(CK)	0.000	0.148	无	-	视黄醇结合蛋白(RBP)	0.000	0.416	无	-
磷(P)	0.000	0.475	无	-	镁(Mg)	0.000	0.264	无	-
钙(Ca)	0.000	0.201	无	-	钠(Na)	0.000	0.128	无	-
钾(K)	0.000	0.153	无	-	氯(Cl)	0.000	0.753	无	-
补体4(C4)	0.000	0.525	无	-	补体3(C3)	0.001	0.165	无	-
尿比重(SG)	0.000	0.830	无	-	尿酸碱度(PH)	0.000	0.311	无	-
国际标准化比率(INR)	0.00	0.893	无	-	凝血酶原时间比值(PTR)	0.000	0.778	无	-
凝血酶原时间(PT)	0.000	0.074	无	-	血清总 κ 轻链	0.000	0.058	无	-
血清总 λ 轻链	0.000	0.135	无	-	总胆固醇(TC)	0.096	0.768	无	-
载脂蛋白A1(apoA1)	0.057	0.171	无	-	球蛋白(Glb)	0.000	0.441	无	-

注: P^{Δ} 为正常性检验结果; P^{Δ} 为t检验或秩和检验结果。备注*: 高是指结果升高有助于预测MM; 低是指结果降低有助于预测MM。

2.3 模型的构建及验证 使用随机森林分类器

建模型,输入变量的重要性排序见图1。鉴于随机森

林对参数不敏感,且默认参数已达较优性能,故未对模型进行超参数调优。5折交叉验证结果表明,模型在区分MM患者与健康个体时的准确度达到100%,且精确度、召回率及F1分数均为1.00。模型已保存为.pkl文件,完整的Python代码也已上传至GitHub平台,便于后续使用和验证。

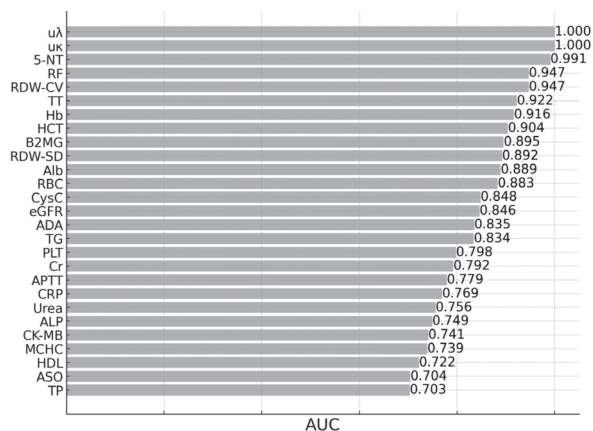


图1 基于AUC值的特征重要性排序图

3 讨论

近年来,随着人工智能技术的迅猛发展,机器学习在疾病预测中的应用日益受到关注。已有研究尝试采用支持向量机、逻辑回归、神经网络等方法构建MM预测模型,虽在提升诊断准确度方面取得一定成果,但在实际临床应用中仍存在诸多局限性^[5]。支持向量机虽适用于高维数据分析,但在建模复杂非线性关系方面表现一般;逻辑回归适用于变量间关系明确、线性趋势明显的场景,面对多维异质性数据时性能欠佳;神经网络具备强大的非线性建模能力,但在样本量较小或数据质量不佳时易发生过拟合。相比之下,随机森林分类器通过构建多棵决策树并集成其预测结果,具备较强地泛化能力与抗过拟合性能,对超参数不敏感,且在处理非线性关系、缺失值以及数据不平衡等问题时表现优越。同时,随机森林能够输出特征重要性评分,便于识别对MM诊断具有重要意义的常规检验指标,因此,本研究选用随机森林作为建模方法,旨在探索其在MM早期预测中的潜力。

目前,MM的诊断及预后评估主要依赖多项检验指标,如游离轻链、免疫球蛋白重链、血红蛋白、血钙、M蛋白、 β 2-MG及血清Alb等^[6]。本研究纳入的74项常规检验指标全面涵盖了国际骨髓瘤工作组(IMWG)诊断标准中的主要检验指标。研究表明,尿液中的u κ 和u λ 作为经典的诊断指标,在本模型中具有最高的预测能力,与既往研究结论一致^[7]。此外,血细胞检测中的RDW-CV、HCT和Hb等指标在MM患者中存在显著差异,提示其在MM导致的造血功能紊乱中具

有重要参考价值。已有研究表明,RDW-CV异常与多种血液系统疾病及不良预后密切相关^[8-9],本研究中进一步验证了该结论。在肾功能相关指标中, β 2-MG的重要性评分位于前列。作为反映肾损伤及肿瘤负荷的敏感指标,文献报道约25%~50%的MM患者存在不同程度的肾功能损伤^[10],本研究结果与之相符。此外,MM患者常伴随血脂代谢异常,这可能与疾病相关代谢改变、治疗药物作用、肾功能下降及慢性炎症反应等因素相关^[11],本研究中TG升高及HDL-C降低均具有一定的预测能力。CRP作为典型炎症指标,在MM患者中常显著升高,提示免疫系统激活状态,与疾病的进展和不良预后密切相关^[12],本研究中其特征重要性评分亦较高。然而,部分文献中被认为是MM重要诊断指标的LDH、Ca及UA在本研究中的特征重要性评分相对较低,可能与样本量有限、数据来源单一及检测平台存在差异等因素有关。

尽管本研究所构建的随机森林模型在各项性能指标中表现优异,但仍存在一定局限性。首先,本研究样本量有限,且数据来自单一中心,可能对模型的泛化能力产生影响。后续研究应扩大样本规模,引入多中心、多地区的数据资源,以提升模型的稳定性与适用性。其次,各实验室在检验方法、仪器平台及参考区间上的差异,可能影响模型的普适性,因此有必要推进检验标准化工作。此外,当前模型尚未与现有临床诊断体系进行直接比较,未来可在不同人群、亚型及临床情境中开展模型性能验证,以进一步评估其实用价值。尽管随机森林可提供特征重要性评分,但其内部决策过程相对复杂,可能影响临床医生的理解与接受程度。因此,后续研究应加强模型的可解释性与简洁性设计,以促进其在临床中的实际应用。

随着人工智能技术的不断进步,将进一步探索随机森林与深度学习结合,构建融合影像、基因组、病理切片等多模态数据的综合预测模型,有望显著提升模型性能与诊断精度。同时,基于多中心、异质性人群构建的泛化模型,有助于实现跨区域、跨人群的广泛适用。应建立人工智能与临床深度融合的机制,推动诊疗效率与质量的全面提升。

综上所述,本研究基于常规检验指标构建的随机森林预测模型,在MM早期识别中表现出良好的分类性能与应用前景。通过持续拓展数据来源、优化模型结构并增强模型的可解释性,预计该模型将在MM的早筛与精准诊疗中发挥更为重要的作用。

参考文献:

[1] JIA Y, ZHOU J, TAN T K, et al. Enhancer-mediated upregulation of HJURP promotes growth and survival of t(4;14)-positive Multiple Myeloma [J]. Cancer Research, 2022, 82(3): 406-418.

- AhR/CYP1A1 and AKT/mTOR signaling pathways[J]. *Phytotherapy Research*, 2024, 38(3): 1278-1293.
- [13] CIAGLIA E, MONTELLA F, CARRIZZO A, et al. The longevity-associated BPIFB4 gene guarantees vascular homeostasis and immune protection through platelets[J]. *GeroScience*, 2024, 46(6): 6347-6359.
- [14] CIAGLIA E, MONTELLA F, MACIAG A, et al. Longevity-associated variant of BPIFB4 mitigates monocyte-mediated acquired immune response[J]. *The Journals of Gerontology: Series A*, 2019, 74(Suppl_1): S38-S44.
- [15] 胡春萌, 孙德俊. 香烟烟雾提取物对 BEAS-2B 细胞生长及炎症因子分泌的影响[J]. *临床肺科杂志*, 2022, 27(9): 1336-1341.
- HU C M, SUN D J. Effect of cigarette smoke extract on BEAS-2B cell growth and secretion of inflammatory factors[J]. *Journal of Clinical Pulmonary Medicine*, 2022, 27(9): 1336-1341.
- [16] LIU C L, ZHU X M, AGA E B, et al. Ebeiedinone and peimisine inhibit cigarette smoke extract-induced oxidative stress injury and apoptosis in BEAS-2B cells[J]. *Cell Stress and Chaperones*, 2024, 29(6): 697-708.
- [17] XIE T, YANG Z H, XIAN S J, et al. Hsa_circ_0008833 promotes COPD progression via inducing pyroptosis in bronchial epithelial cells[J]. *Experimental Lung Research*, 2024, 50(1): 1-14.
- [18] CHUNG C, PARK S Y, HUH J Y, et al. Fine particulate matter aggravates smoking induced lung injury via NLRP3/caspase-1 pathway in COPD[J]. *Journal of Inflammation*, 2024, 21(1): 13.
- [19] FAN X Y, GAO Y, HUA C, et al. Daphnetin ameliorates PM2.5-induced airway inflammation by inhibiting NLRP3 inflammasome-mediated pyroptosis in CS-exposed mice[J]. *Biomedicine & Pharmacotherapy*, 2023, 165: 115047.
- [20] WU K Y, LUAN G X, HU J Y, et al. Astragaloside IV reduces lung epithelial cell pyroptosis via TXNIP-NLRP3-GSDMD pathway[J]. *Cell Biochemistry and Biophysics*, 2024, 82(4): 3695-3702.
- [21] WANG M Y, ZHANG Y B, XU M M, et al. Roles of TRPA1 and TRPV1 in cigarette smoke-induced airway epithelial cell injury model [J]. *Free Radical Biology and Medicine*, 2019, 134: 229-238.
- 收稿日期: 2025-02-18
修回日期: 2025-03-24

(上接第49页)

- [2] KUMAR S K, DISPENZIERI A, LACY M Q, et al. Continued improvement in survival in Multiple Myeloma: changes in early mortality and outcomes in older patients[J]. *Leukemia*, 2014, 28(5): 1122-1128.
- [3] 刘志伟, 李晓婷, 逢婷, 等. 常规检验项目在多发性骨髓瘤诊断中的临床价值[J]. *临床血液学杂志*, 2021, 34(1): 48-52.
- LIU Z W, LI X T, FENG T, et al. The clinical value of routine tests in the diagnosis of Multiple Myeloma[J]. *Journal of Clinical Hematology*, 2021, 34(1): 48-52.
- [4] 中国医师协会血液科医师分会, 中华医学会血液学分会. 中国多发性骨髓瘤诊治指南(2024年修订)[J]. *中华内科杂志*, 2024, 63(12): 1186-1195.
- Chinese Hematology Association, Chinese Society of Hematology. Guidelines for the diagnosis and management of Multiple Myeloma in China (2024 revision)[J]. *Chinese Journal of Internal Medicine*, 2024, 63(12): 1186-1195.
- [5] CAI J Y, LIU Z H, WANG Y Y, et al. Construction of the prediction model for Multiple Myeloma based on machine learning[J]. *International Journal of Laboratory Hematology*, 2024, 46(5): 918-926.
- [6] WALLINGTON-BEDDOE C T, MYNOTT R L. Prognostic and predictive biomarker developments in Multiple Myeloma [J]. *Journal of Hematology & Oncology*, 2021, 14(1): 151.
- [7] 霍豆, 秦爽, 吴永昌, 等. 血清总轻链与游离轻链定量检测在多发性骨髓瘤诊断中的临床价值探讨[J]. *现代检验医学杂志*, 2020, 35(4): 87-88, 157.
- HUO D, QIN S, WU Y C, et al. Clinical value of quantitative detection of sTLC and sFLC in diagnosis of Multiple Myeloma[J]. *Journal of Modern Laboratory Medicine*, 2020, 35(4): 87-88, 157.
- [8] 郭进京, 胡林辉, 陶千山, 等. 红细胞分布宽度在多发性骨髓瘤患者预后分期中的价值[J]. *现代检验医学杂志*, 2017, 32(3): 34-36, 39.
- GUO J J, HU L H, TAO Q S, et al. Value of red cell distribution width in the prognosis of patients with Multiple Myeloma[J]. *Journal of Modern Laboratory Medicine*, 2017, 32(3): 34-36, 39.
- [9] 李东英, 岳园芳, 陈琳, 等. 红细胞分布宽度标准差对143例初治多发性骨髓瘤患者预后预测价值[J]. *中华肿瘤防治杂志*, 2020, 27(6): 475-479, 498.
- LI D Y, YUE Y F, CHEN L, et al. Standard deviation of red blood cell distribution width in predicting the prognosis of 143 patients with newly treated Multiple Myeloma[J]. *Chinese Journal of Cancer Prevention and Treatment*, 2020, 27(6): 475-479, 498.
- [10] BAN C M, YANG F Y, WEI M, et al. Integrative analysis of gene expression through one-class logistic regression machine learning identifies stemness features in Multiple Myeloma [J]. *Frontiers in Genetics*, 2021, 12: 666561.
- [11] 杨文丽, 李晓明. 多发性骨髓瘤患者血脂的检测及临床意义[J]. *现代肿瘤医学*, 2021, 29(19): 3458-3461.
- YANG W L, LI X M. Detection of blood lipids in patients with Multiple Myeloma and its clinical significance[J]. *Journal of Modern Oncology*, 2021, 29(19): 3458-3461.
- [12] CARCÒ D, MARKOVIC U, CASTORINA P, et al. C-reactive protein monitoring and clinical presentation of fever as predictive factors of prolonged febrile neutropenia and blood culture positivity after autologous hematopoietic stem cell transplantation-single-center real-life experience [J]. *Journal of Clinical Medicine*, 2022, 11(2): 312.
- 收稿日期: 2025-05-15
修回日期: 2025-07-21