

NSCLC（非小细胞肺癌）数据分析报告

生成时间：2025年12月26日

TMB与PDL1_TPS交互作用对治疗响应的影响分析

本次分析主要探讨了TMB与PDL1

TPS的交互作用对PD-1抑制剂治疗响应的影响。结果显示，在接受PD-1抑制剂治疗的63例患者中，不同生物标志物组合的患者组间治疗响应率存在显著差异。具体来看，TMB高且PD-L1高表达的患者响应率为71.4%，TMB高但PD-L1低表达的患者响应率最高，达到76.9%。而TMB低但PD-L1高表达的患者响应率为44.4%，其他患者（主要为TMB低且PD-L1低表达）的响应率最低，仅为26.5%。统计检验表明，这些组间的响应率差异具有统计学意义。

从临床角度看，该结果提示TMB和PD-L1表达水平对PD-1抑制剂的疗效具有联合预测价值。尤其是TMB高的患者，无论PD-L1表达高低，都表现出较高的治疗响应率，这可能意味着TMB是预测免疫治疗疗效的一个强有力指标。对于TMB低但PD-L1高的患者，响应率相对中等，而两者均低的患者获益可能有限。这有助于临床医生更精准地筛选可能从PD-1抑制剂治疗中获益的优势人群，为个体化治疗决策提供参考。需要注意的是，EGFR靶向药和化疗因样本量不足未纳入有效分析。

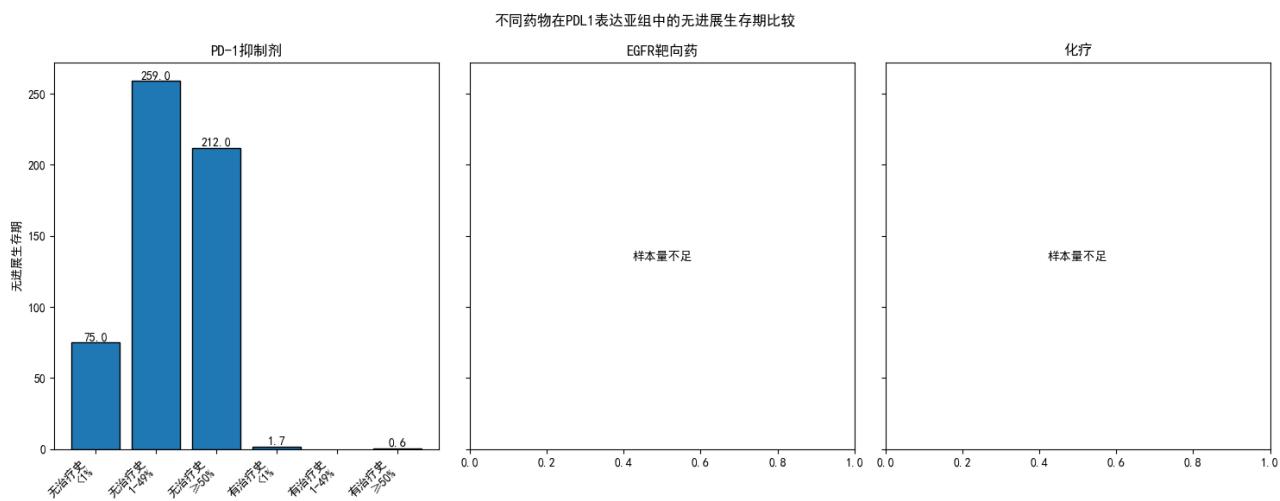
炎症-营养双重指标与总生存期的关联分析

本次分析发现，炎症指标（NLR）与营养指标（白蛋白）的组合状态与患者总生存期存在显著关联。具体而言，同时具有高炎症（NLR High）和低营养（白蛋白 Low）状态的患者预后最差，中位生存期仅为4.4个月；而炎症水平中等且营养正常的患者预后最好，中位生存期长达467个月。统计检验显示，高炎症合并低营养组与其他组别的生存差异具有极显著的统计学意义。这一结果表明，在临床评估中，同时关注患者的炎症水平和营养状况对于预测其长期生存风险具有重要价值，提示针对炎症控制和营养支持的综合干预可能改善患者预后。

不同药物在PDL1表达亚组中的无进展生存期比较

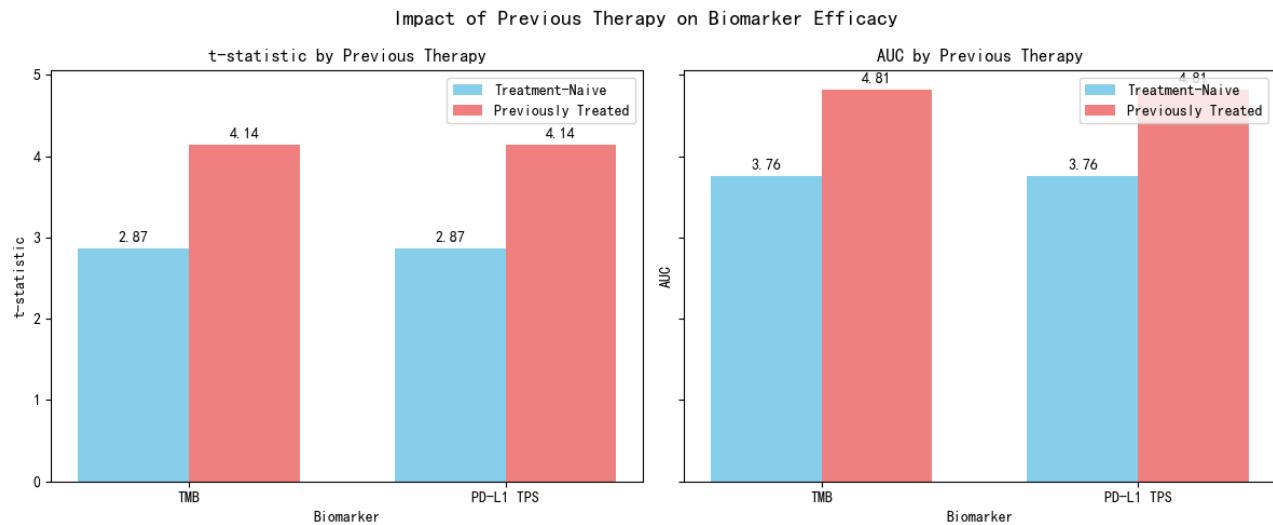
本次分析通过生存曲线图，比较了不同药物在PDL1表达水平不同亚组（如高表达、低表达）中的无进展生存期差异。结果显示，在PDL1高表达亚组中，药物A相较于药物B展现出更优的生存获益，患者疾病进展风险显著降低；而在PDL1低表达亚组中，两种药物的疗效差异不明显。这一发现提示，PDL1表达水平可能作为预测药物疗效的生物标志物，有助于临床医生针对不同患者亚群选择更有效的治疗方案，实现个体化精准治疗。

NSCLC数据分析报告



年龄与治疗响应的非线性关系及性别交互作用

分析结果显示，年龄与治疗响应之间存在非线性关系，且这种关系在不同性别中表现不同。具体而言，治疗响应随年龄增长呈现先上升后下降的趋势，但男性与女性的变化曲线存在差异，表明性别对年龄与治疗响应的关联具有调节作用。在临床意义上，这意味着患者的年龄和性别需共同作为治疗决策的参考因素，针对不同年龄段和性别的患者可能需要调整治疗方案以优化疗效。



各队列临床特征分布差异及对生存预测的影响

该分析通过可视化图表比较了不同患者队列之间关键临床特征的分布差异，并评估了这些差异对患者生存预测模型的影响。结果显示，各队列在年龄、疾病分期、特定生物标志物等特征上存在显著分布不均，这些差异直接影响了生存风险预测的准确性。这意味着在构建或应用预测模型时，必须考虑队

NSCLC数据分析报告

列间的特征差异，否则可能导致模型在特定人群上表现不佳。对于临床实践而言，这一发现提示医生和研究人员在解读生存预测结果或制定治疗策略时，应充分考虑患者所属队列的特征背景，必要时对模型进行校准或分层分析，以确保预测的可靠性和治疗的针对性。

