

研究目的

本文的研究假设是，胃癌合并贫血患者，与没有合并贫血的胃癌患者，具有不同的临床特征和实验室检查结果，这些差异可能进一步影响胃癌患者的贫血状况的进展。

为了回答这个这个研究假设，我们（1）评估胃癌合并贫血的患者，与未合并贫血的患者，在癌症非进展期的临床特征（具体是什么临床特征呢，列出来）是否存在差异，并（2）探索纳入患者在随访时的贫血状况（叫外周血血红蛋白含量变化吗）变化与基线数据和实验室检查结果变化的相关关系。

材料和方法

实验设计

从 2015 年至 2022 年北京中医药大学东直门医院、北京朝阳三环肿瘤医院、北京市朝阳区恒兴肿瘤医院、中国中医科学院西苑医院就诊的晚期胃癌患者中筛选病例进行回顾性分析，这些患者的数据需要包括一个基线时间点和一次随访。为了回答研究目的（1），基线数据首先被分析。患者按照基线贫血与否被分成贫血组和非贫血组，比较两组患者的一般资料和临床数据（需要陈列：具体是哪些临床数据），从而寻找影响贫血分组的因素。对于研究目的（2），我们结合随访数据进一步评价血红蛋白变化和实验室检查数据变化的相关性。首先，根据“患者纳入”一节关于胃癌患者在随访时关于贫血状况改善，恶化和稳定的定义，患者被分成三组，分别是贫血改善组，贫血恶化组和贫血状况平稳组。比较三组患者的一般资料的差异，探索实验室检查数据较基线数据的变化在三组患者间的差异，并定性地考察这种差异的变化方向。更进一步地，通过随机森林模型评估这些实验室检查变化对于贫血预后的重要性。最后，通过桑基图评估胃癌患者关于贫血状态的预后，即展示在同一批患者中，基线数据中的两个分组（贫血组/非贫血组）是如何转移到随访数据中的三个分组（贫血改善组/贫血恶化组/贫血稳定组）的。

(# 画一个流程图来展示这个研究设计)

患者纳入

研究中纳入胃癌患者共计（）名，其中基线（初次入组时）胃癌合并贫血的患者（）名，胃癌未合并贫血的患者（）名。胃癌的诊断标准基于（）指南，所有患者处于稳定期。贫血的诊断标准基于（）指南，为血红蛋白（）；所有患者基线数据收集后的（）周进行随访，根据（）指南，我们定义随访时血红蛋白显著上升的标准为上升 10g/ml，贫血状况可能得到改善；随访时血红蛋白下降 10g/ml，则认为血红蛋白明显下降，贫血状况可能出现恶化；血红蛋白波动在-10g/ml 到 10g/ml 之间的患者，我们认为他们的血红蛋白含量稳定，贫血状况并没有改善或者恶化（斟酌一下这个说辞）。

数据收集

在基线和随访的时间点，收集所有纳入患者的一般资料，包括性别，年龄，KPS 评分；胃癌疾病信息，实验室检查结果，免疫学指标等。

表 1：纳入的基线一般数据

变量名	变量类型	单位/分类	备注
年龄	数值型	岁	
性别	二分类	男/女	
bmi	数值型	比值，无单位	
kps	数值型		量表结果
确诊部位	无序多分类	残胃癌，胃底，胃窦，贲门	
病理类型	无序多分类	鳞癌，腺癌，粘液细胞腺癌，印戒细胞癌	
分化程度	有序多分类	低分化<中低分化<中分化<高分化	
用药时间	二分类	大于三个月/小于三个月	
基线是否贫血	二分类	贫血组/非贫血组	

表 2：基线和随访的实验室检查结果和免疫学指标

变量名	变量类型	单位/分类	备注
基线血红蛋白			
CRP			
IL6			
mcv			
mch			
mchc			
中性粒细胞绝对值			
淋巴细胞绝对值			
中性粒比淋巴细胞	数值型		变量被进行了自然对数转换
CD3 差值			
CD3CD4			
CD3CD8			
CD3CD4CD25.CD3CD4			
CD3CD4CD25FoxP3.CD3CD4			
CD3/CD19			
CD3/CD16			
CD4/CD8			

排除标准

(是什么样子的排除标准呢？未能随访的人？随访后肿瘤恶化的人？)

统计分析方法

本研究中的所有计量资料均表示为中位数（四分位间距），计数资料表示为频数（百分比）。为了克服部分非正态分布的变量，由于尺度散布较大对数据分析带来的负面影响，我们对这些变量做了自然对数转换。

通过假设检验来评估基线数据的变量在贫血组和非贫血组之间是否存在差异。计量资料差异由非参数检验（Mann-Whitney 检验）进行评估，两分类的计数资料的差异由卡方检验

来评估，多分类的计数资料差异借助 Fisher 精确检验来评估，而 P 值低于 0.2 认为该变量在两组间存在显著差异。为了进一步鉴别基线数据中贫血组和非贫血组的独立危险因素，我们纳入在单因素分析中显著的变量，进行多因素 logistics 回归，并汇报比率比 (Odds Ratio) 和对应的置信区间作为结果。此时，P 值低于 0.05 认为该变量对结果有显著影响。

通过单因素方差分析来评估变量在三个组之间 (Hb 下降组/ Hb 稳定组/Hb 上升组) 是否存在差异，计量资料和计数资料的假设检验方法同上文，p 值低于 0.2 视为显著。更进一步地，对于实验室检查和免疫指标数据，进行组间比较，并汇报未调整的 p 值。

随机森林模型是一种用于拟合分类问题常见机器学习模型，它借助许多随机生成的决策树“投票”决定最后的分类的结果，并允许我们评估自变量对分类因变量的重要程度。更具体地，当一棵决策树基于某个变量对样本进行分类时，优化的目标是使得分类前后两类样本（在这里，是患者子集合）在基于 Gini 系数下更加同质化，即让样本的 Gini 系数下降。在这些随机生成的决策树形成的“森林”中，每个变量的平均下降的 Gini 系数 (mean decrease Gini) 可以作为变量重要性的评估。为了更进一步评估随访时刻的贫血是否改善 (Hb 下降组/ Hb 稳定组/Hb 上升组) 是如何被实验室检查和免疫指标的变化所影响，我们以随访时的三个分组为因变量，实验室检查和免疫指标的变化自变量，构建随机森林模型，并根据平均下降的 Gini 系数 (mean decrease Gini) 将自变量的重要程度排序作为结果给出。

本文所有数据清洗，统计分析和可视化都是借助 R 软件 (版本 4.2.0, 美国 Bell 实验室) 完成的。

伦理学批准

结果

基线数据单因素分析结果

为了分析患者的基线数据，包括一般人口学资料，肿瘤治疗相关的信息，以及实验室检查结果和免疫学指标，患者首先根据贫血与否被分成两组。单因素分析首先被进行，它允许我们通过假设检验比较单个变量的分布（频数或者分位数）在两个分组间是否存在统计学差异。假设检验的结果在表 3 和表 4 被呈现，以 $p < 0.2$ 为阈值，我们可以发现年龄，kps，确诊部位，用药时间，CD3CD4，mcv 和 mch，淋巴细胞绝对值是显著的。关于用药，我们可以看到两组患者选择是否接受中医治疗是有不同倾向的，91%的合并贫血患者治疗时间超过三个月，而未合并贫血的患者中，这个数目仅有 49%。

表 3: 比较基线时刻, 胃癌合并贫血与未合并贫血的患者的一般资料和临床特征 (单因素分析).

Variables	Total (n = 101)	贫血组 (n = 54)	非贫血组 (n = 47)	p	statistic
年龄, Median (Q1,Q3)	67 (58, 76)	71.5 (58, 77)	64 (58.5, 71.5)	0.138	1487
性别, n (%)				0.716	0.133
女	68 (67)	35 (65)	33 (70)		
男	33 (33)	19 (35)	14 (30)		
bmi, Median (Q1,Q3)	20.7 (18.37, 22.95)	20.85 (18.94, 22.72)	20.24 (17.81, 23.19)	0.536	1360.5
化疗有无, n (%)				0.959	0.003
无	12 (12)	7 (13)	5 (11)		
有	89 (88)	47 (87)	42 (89)		
kps, Median (Q1,Q3)	80 (70, 90)	70 (60, 80)	90 (72.5, 90)	<	
确诊部位, n (%)				0.001	733
残胃癌	1 (1)	0 (0)	1 (2)	0.948	Fisher
胃体	39 (39)	20 (38)	19 (40)		
胃底	1 (1)	1 (2)	0 (0)		
胃窦	29 (29)	16 (30)	13 (28)		
贲门	30 (30)	16 (30)	14 (30)		
病理类型, n (%)				0.722	Fisher
不详	7 (7)	4 (7)	3 (6)		
印戒细胞	2 (2)	2 (4)	0 (0)		
印戒细胞癌	3 (3)	2 (4)	1 (2)		
粘液细胞腺癌	1 (1)	1 (2)	0 (0)		
腺癌	87 (86)	44 (81)	43 (91)		
鳞癌	1 (1)	1 (2)	0 (0)		
分化程度, n (%)				0.885	Fisher
中低分化	18 (20)	9 (18)	9 (23)		

中分化	21 (24)	13 (26)	8 (21)	
低分化	48 (54)	27 (54)	21 (54)	
高分化	2 (2)	1 (2)	1 (3)	
用药时间, n (%)				<
大于三个月	72 (71)	49 (91)	23 (49)	0.001 19.461
小于三个月	29 (29)	5 (9)	24 (51)	

表 4: 比较基线时刻, 胃癌合并贫血与未合并贫血的患者的实验室检查结果和免疫指标 (单因素分析).

Variables	Total (n = 101)	贫血组 (n = 54)	非贫血组 (n = 47)	p	statistic
CRP, Median (Q1,Q3)	1.17 (0.08, 2.58)	1.58 (0.2, 2.55)	1.13 (0.12, 2.54)	0.563	1354
IL.6.0.7pg.ml., Median (Q1,Q3)	2.41 (1.4, 3.41)	2.41 (1.4, 3.4)	2.41 (1.68, 3.42)	0.585	1188.5
mcv, Median (Q1,Q3)	90.2 (85.6, 94.4)	88.9 (81.93, 92.55)	91.9 (88.05, 96.15)	0.023	935
mch, Median (Q1,Q3)	3.41 (3.34, 3.45)	3.39 (3.26, 3.45)	3.42 (3.38, 3.48)	0.008	878.5
mchc, Median (Q1,Q3)	5.78 (3.56, 5.82)	5.77 (5.68, 5.8)	5.79 (3.54, 5.83)	0.412	1148
中性粒细胞绝对值, Median (Q1,Q3)	1.28 (0.79, 1.63)	1.27 (0.51, 1.67)	1.28 (1.02, 1.63)	0.622	1196
淋巴细胞绝对值, Median (Q1,Q3)	0 (-0.42, 0.26)	-0.1 (-0.58, 0.23)	0.05 (-0.39, 0.32)	0.125	1043
中性粒/淋巴, Median (Q1,Q3)	1.32 (0.82, 1.95)	1.42 (0.73, 2.09)	1.21 (0.9, 1.63)	0.622	1342
CD3, Median (Q1,Q3)	4.27 (4.11, 4.33)	4.28 (4.15, 4.33)	4.26 (4.1, 4.33)	0.764	1313.5
CD3CD4, Median (Q1,Q3)	3.69 (3.58, 3.83)	3.68 (3.6, 3.89)	3.69 (3.53, 3.79)	0.173	1469.5
CD3CD8, Median (Q1,Q3)	3.16 (2.9, 3.54)	3.24 (2.91, 3.54)	3.15 (2.91, 3.52)	0.788	1309
CD3CD4CD25.CD3CD4, Median (Q1,Q3)	3.04 (2.66, 3.44)	3.14 (2.69, 3.58)	3.03 (2.66, 3.24)	0.28	1428
CD3CD4CD25FoxP3.CD3CD4, Median (Q1,Q3)	1.46 (1.16, 1.84)	1.46 (1.16, 1.93)	1.46 (1.27, 1.83)	0.741	1220
CD3.CD19., Median (Q1,Q3)	2.28 (1.96, 2.47)	2.28 (1.89, 2.38)	2.3 (2.02, 2.78)	0.252	1100.5
CD3.CD16., Median (Q1,Q3)	2.4 (1.92, 3.06)	2.49 (1.92, 3.08)	2.24 (1.88, 2.75)	0.268	1432
CD4.CD8, Median (Q1,Q3)	0.74 (0.1, 0.88)	0.79 (0.11, 0.99)	0.64 (0.1, 0.8)	0.303	1420.5

注: 此时的实验室检查结果和免疫指标都时自然对数转换后的结果, 即 log 转换。

基线数据多因素分析结果

正如上文所提及，作为单因素分析的结果，以 $p < 0.2$ 为阈值，可以看到年龄，kps，CD3CD4，mcv 和 mch，淋巴细胞绝对值，以及关于用药时间在两个分组之间是存在显著差异的。考虑将这些因素作为自变量纳入多因素分析模型中，以基线贫血与否的分组作为因变量，构建二分类的 logistics 回归模型。

在构建 logistics 回归模型的过程中，有需要注意的细节。一方面，由于 mcv 和 mch 高度相关，由于 logistics 回归模型假设自变量不会出现共线性，我们需要避免将高度相关的自变量放入模型，所以取 mcv 纳入多因素分析的模型中即可。另一方面，正如上一节所讨论的，为了评估两组患者在用药时间是否超过三个月的选择上存在较强的不均衡是如何影响 logistics 回归结果的，我们构建了两个嵌套的 logistics 回归模型。嵌套的模型意味着，其中一个模型纳入了年龄，kps，CD3CD4，mcv，淋巴细胞绝对值作为自变量，另一个模型在纳入第一个模型的自变量的同时，还纳入用药时间作为自变量。因此，从所纳入的自变量的集合来看，前者是“嵌套”在后者里面的。

两个嵌套模型的结果在表 5 给出。在这个表格中，非贫血组编码为 1，贫血组被编码为 0。考察第一个模型（即不纳入用药时间的模型），以 kps 为例，它的 OR 为 1.03，代表在其他自变量都不变的情况下，当 kps 每升高一个单位，从贫血组（编码为 0）转移到非贫血组（编码为 1）的优势比将乘以 1.03。直觉地讲，即 kps 越高，越不容易贫血（病例落到非贫血组的概率越大）。比较两个嵌套模型，对于第一个模型，以 $p < 0.05$ 为阈值，则 kps 和淋巴细胞绝对值是显著的。第二个模型在纳入用药时间后，以 $p < 0.05$ 为阈值，则 kps 和用药时间是显著的。然而，留意到用药时间的 OR 值置信区间为 (6.67, 169)，意味着很大的标准误和抽样误差。因此，我们最终采纳不纳入用药时间的 logistics 二分类回归模型的结果。

表 5: 构建两个嵌套的 logistics 回归模型

	不纳入'用药时间'			纳入'用药时间'		
Characteristic	OR ¹	95% CI ¹	p-value	OR ¹	95% CI ¹	p-value
年龄	1.00	0.97, 1.04	>0.9	1.02	0.98, 1.08	0.3
kps	1.03	1.01, 1.07	0.019	1.06	1.02, 1.11	0.002
mcv	1.04	0.99, 1.10	0.12	1.06	1.01, 1.14	0.046
淋巴细胞绝对值	2.24	1.05, 5.18	0.045	1.83	0.72, 5.00	0.2
CD3CD4	0.36	0.06, 1.84	0.2	0.26	0.04, 1.59	0.15
用药时间						
大于三个月				—	—	
小于三个月				27.6	6.67, 169	<0.001
¹ OR = Odds Ratio (比率比), CI = Confidence Interval (置信区间)						

在这个表格中, 非贫血组为 1, 贫血组为 0, OR 值以 1 为分隔, OR>1 的表示正相关, OR<1 的表示负相关。

• 以“kps”为例, 它的 OR 为 1.03, 代表在其他自变量都不变的情况下, 当 kps 每升高一个单位, 从贫血组 (编码为 0) 到非贫血组 (编码为 1) 的优势比将乘以 1.03。直觉地讲, 就是 kps 越高, 越不容易贫血 (病例落到非贫血组的概率越大)。

(这个表格其实有细节问题, 即 0-1 的编码反了。在这个表格中, 非贫血组为 1, 贫血组为 0, 一般来说, 会标记有病 (阳性) 的那个组为 1, 因此这个表格还会返工。

随访数据单因素分析结果

为了分析随时血红蛋白的变化（Hb 下降组/ Hb 稳定组/Hb 上升组）与一般资料，临床信息，基线血红蛋白，以及实验室检查和免疫指标变化之间的关系，我们通过单因素方差分析来评估这些变量在三个组之间是否存在差异。比较的结果呈现于表 6，表 7 和表 8。以 $p < 0.2$ 为阈值，我们看到性别，kps，确诊部位，用药时间，基线是否贫血，基线血红蛋白在三组间存在显著差异。关于随访的数据和基线数据差异，我们可以找到 CD3CD4CD25FoxP3.CD3CD4 差异值，CD3.CD16 差异值，CRP 差异值，中性粒细胞绝对值差异值，淋巴细胞绝对值差异值在三组间存在显著差异。

表 6: 评估随访时, 一般资料, 临床信息和基线血红蛋白在三组患者中是否存在差异的结果 (单因素分析)

Variables	Total (n = 101)	Hb 上升组 (n = 55)	Hb 下降组 (n = 23)	Hb 不变组 (n = 23)	p	statistic
年龄, Median (Q1,Q3)	67 (58, 76)	65 (55.5, 76)	66 (59, 72.5)	70 (65.5, 77)	0.221	3.022
性别, n (%)					0.153	3.75
女	68 (67)	36 (65)	13 (57)	19 (83)		
男	33 (33)	19 (35)	10 (43)	4 (17)		
bmi, Median (Q1,Q3)	20.7 (18.37, 22.95)	20.86 (18.62, 23.1)	20.42 (16.8, 22.67)	19.84 (17.07, 21.99)	0.287	2.5
化疗有无, n (%)					0.597	Fisher
无	12 (12)	5 (9)	3 (13)	4 (17)		
有	89 (88)	50 (91)	20 (87)	19 (83)		
kps, Median (Q1,Q3)	80 (70, 90)	80 (70, 90)	80 (62.5, 90)	80 (70, 90)	0.569	1.128
确诊部位, n (%)					0.018	Fisher
残胃癌	1 (1)	0 (0)	0 (0)	1 (4)		
胃体	39 (39)	23 (43)	9 (39)	7 (30)		
胃底	1 (1)	0 (0)	0 (0)	1 (4)		
胃窦	29 (29)	21 (39)	5 (22)	3 (13)		
贲门	30 (30)	10 (19)	9 (39)	11 (48)		
病理类型, n (%)					0.87	Fisher
不详	7 (7)	3 (5)	3 (13)	1 (4)		
印戒细胞	2 (2)	1 (2)	0 (0)	1 (4)		
印戒细胞癌	3 (3)	3 (5)	0 (0)	0 (0)		
粘液细胞腺癌	1 (1)	1 (2)	0 (0)	0 (0)		
腺癌	87 (86)	46 (84)	20 (87)	21 (91)		
鳞癌	1 (1)	1 (2)	0 (0)	0 (0)		
分化程度, n (%)					0.427	Fisher

中低分化	18 (20)	11 (22)	3 (19)	4 (18)		
中分化	21 (24)	15 (29)	1 (6)	5 (23)		
低分化	48 (54)	24 (47)	12 (75)	12 (55)		
高分化	2 (2)	1 (2)	0 (0)	1 (5)		
用药时间, n (%)					<	
大于三个月	72 (71)	50 (91)	7 (30)	15 (65)	0.001	29.513
小于三个月	29 (29)	5 (9)	16 (70)	8 (35)		
基线是否贫血, n (%)					<	
贫血组	54 (53)	39 (71)	8 (35)	7 (30)	0.001	14.857
非贫血组	47 (47)	16 (29)	15 (65)	16 (70)		
血红蛋白, Median					<	
(Q1,Q3)	100 (85, 116)	91 (80.5, 102)	125.6 (90.5, 152.35)	115 (92, 117)	0.001	18.64

表 7: 评估随访时免疫指标的变化在三组患者中是否存在差异 (单因素分析)

Variables	Total (n = 101)	Hb 下降组 (n = 23)	Hb 不变组 (n = 23)	Hb 上升组 (n = 55)	p	Statistic
CD3 差值, Median (Q1,Q3)	0.02 (-0.1, 0.14)	-0.01 (-0.14, 0.07)	0 (-0.09, 0.1)	0.06 (-0.07, 0.18)	0.218	3.048
CD3CD4 差值, Median (Q1,Q3)	0 (-0.27, 0.14)	-0.02 (-0.3, 0.17)	-0.06 (-0.28, 0.1)	0 (-0.24, 0.2)	0.682	0.766
CD3CD8 差值, Median (Q1,Q3)	0.01 (-0.27, 0.3)	0.08 (-0.24, 0.25)	0.12 (-0.16, 0.38)	0 (-0.34, 0.32)	0.787	0.479
CD3CD4CD25.CD3CD4 差值, Median (Q1,Q3)	0.06 (-0.44, 0.44)	0.05 (-0.42, 0.27)	0 (-0.39, 0.4)	0.11 (-0.44, 0.51)	0.688	0.747
CD3CD4CD25FoxP3.CD3CD4 差值, Median (Q1,Q3)	0.12 (-0.35, 0.55)	0.42 (-0.03, 0.79)	0.12 (-0.45, 0.46)	-0.1 (-0.38, 0.5)	0.04	6.447
CD3.CD19.差值, Median (Q1,Q3)	0.04 (-0.35, 0.36)	-0.12 (-0.27, 0.3)	0.01 (-0.61, 0.5)	0.07 (-0.34, 0.37)	0.79	0.471
CD3.CD16.差值, Median (Q1,Q3)	0.02 (-0.7, 0.7)	0.18 (-0.42, 0.71)	-0.58 (-1.06, 0.33)	0.02 (-0.7, 0.78)	0.117	4.296
CD4.CD8 差值, Median (Q1,Q3)	-0.07 (-0.5, 0.26)	-0.08 (-0.61, 0.31)	-0.15 (-0.5, 0.19)	0 (-0.46, 0.33)	0.831	0.37

注: 这些指标在基线和随访的数据都是先通过自然对数转换, 而后再做差. 即 $\log(\text{随访数据}) - \log(\text{基线数据}) = \log(\text{随访数据}/\text{基线数据})$

表 8: 评估随访时实验室检查结果的变化在三组患者中是否存在差异 (单因素分析)

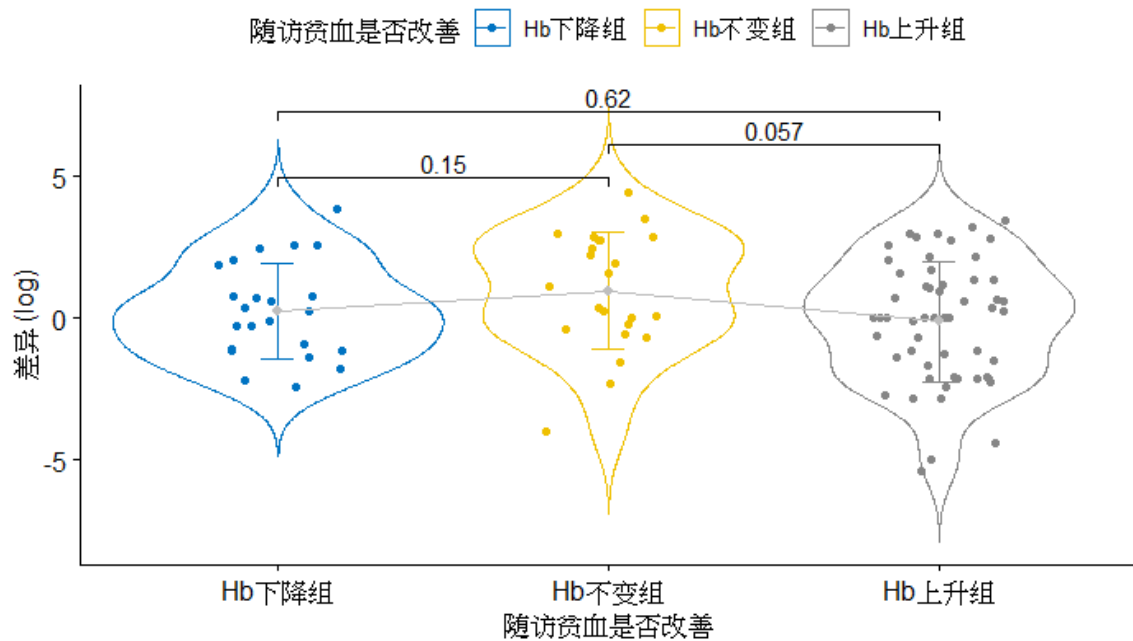
Variables	Total (n = 101)	Hb 下降组 (n = 23)	Hb 不变组 (n = 23)	Hb 上升组 (n = 55)	p	statistic
CRP 差异, Median (Q1,Q3)	0.24 (-1.17, 1.91)	0.25 (-1.12, 1.32)	1.1 (-0.33, 2.72)	0.02 (-1.89, 1.33)	0.138	3.967
IL6 差异, Median (Q1,Q3)	-0.17 (-1.17, 1.01)	-0.17 (-0.64, 1.06)	0 (-0.91, 1.65)	-0.23 (-1.31, 0.71)	0.422	1.727
mcv 差异, Median (Q1,Q3)	-0.2 (-6.7, 8.9)	5.2 (-3.3, 12.55)	0.3 (-5.9, 7.65)	-1.1 (-9.22, 6.05)	0.34	2.159
mch 差异, Median (Q1,Q3)	0.01 (-0.09, 0.09)	0.03 (-0.08, 0.12)	-0.01 (-0.08, 0.08)	0.01 (-0.08, 0.09)	0.916	0.176
mchc 差异, Median (Q1,Q3)	-0.02 (-2.16, 0.02)	-0.03 (-0.07, 0.02)	-0.02 (-0.07, 0.01)	-0.02 (-2.19, 0.02)	0.981	0.038
中性粒细胞绝对值差异, Median (Q1,Q3)	-0.04 (-0.68, 0.71)	-0.35 (-1.09, 0.24)	-0.04 (-0.37, 0.89)	0.02 (-0.77, 0.82)	0.185	3.377
淋巴细胞绝对值差异, Median (Q1,Q3)	-0.06 (-0.58, 0.49)	-0.5 (-1.07, -0.07)	0.23 (-0.46, 0.49)	0.07 (-0.35, 0.66)	0.013	8.756
中性粒比淋巴差异, Median (Q1,Q3)	-0.05 (-0.78, 0.89)	-0.26 (-0.73, 0.95)	-0.16 (-0.82, 0.88)		0.904	0.201

注: 这些指标在基线和随访的数据都是先通过自然对数转换, 而后再做差. 即 $\log(\text{随访数据}) - \log(\text{基线数据}) = \log(\text{随访数据}/\text{基线数据})$

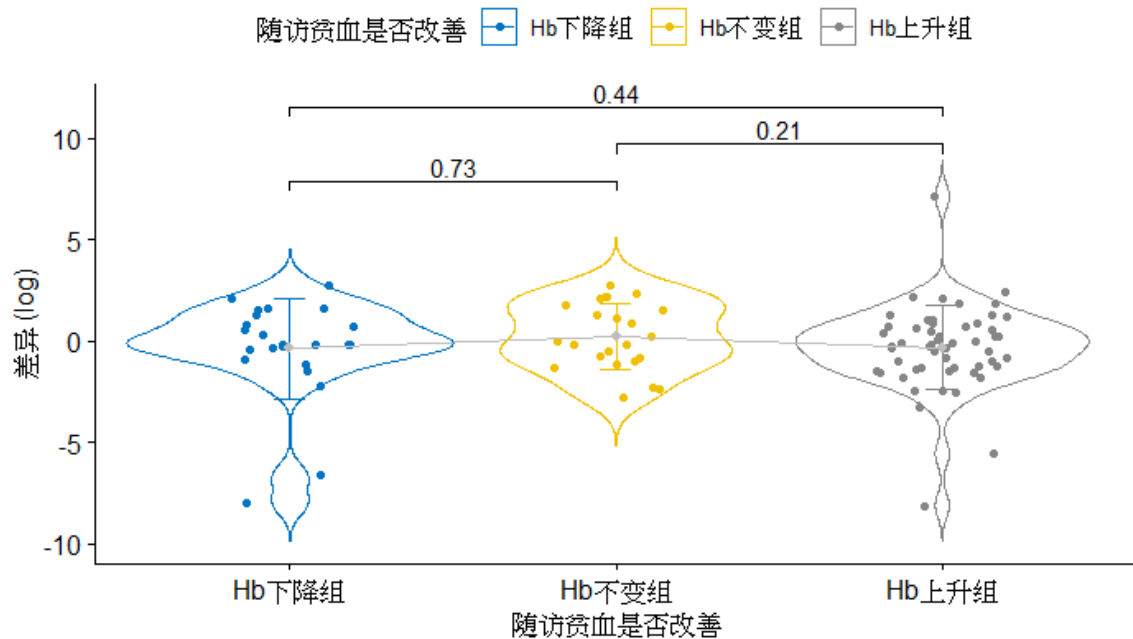
随访数据差异的组间比较

由于随访数据单因素分析结果中的 p 值是三组间只要任意一对存在差异， p 值就会小于 0.05。举例说明，假如 hb 下降组和 hb 不变组存在差异，但是 hb 下降组和 hb 上上升组不存在差异，在这种情况下， p 值还是小于 0.05。因此，需要进一步做组间比较，下面的图被用来进一步展示组间差异。

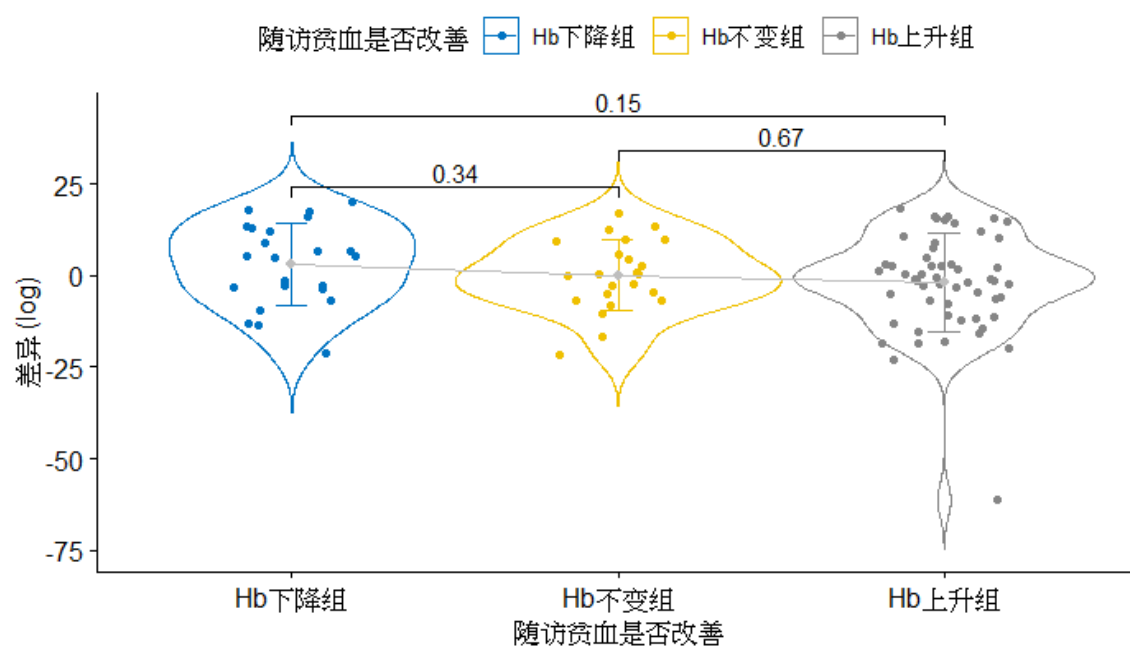
比较三组中CRP差异



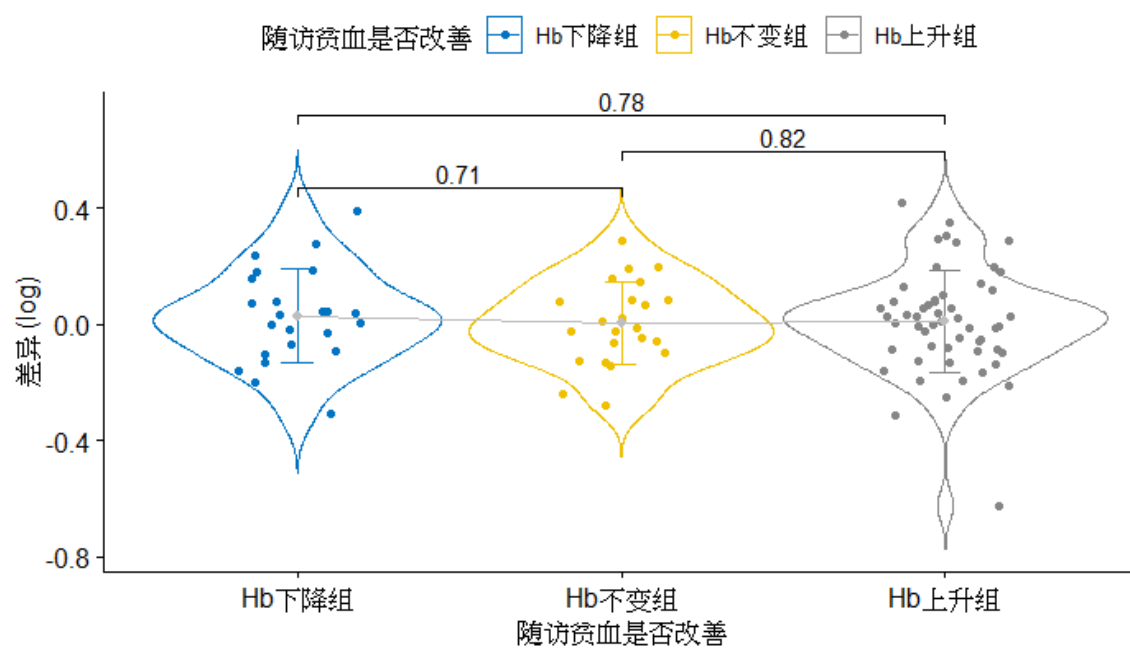
比较三组中IL6差异



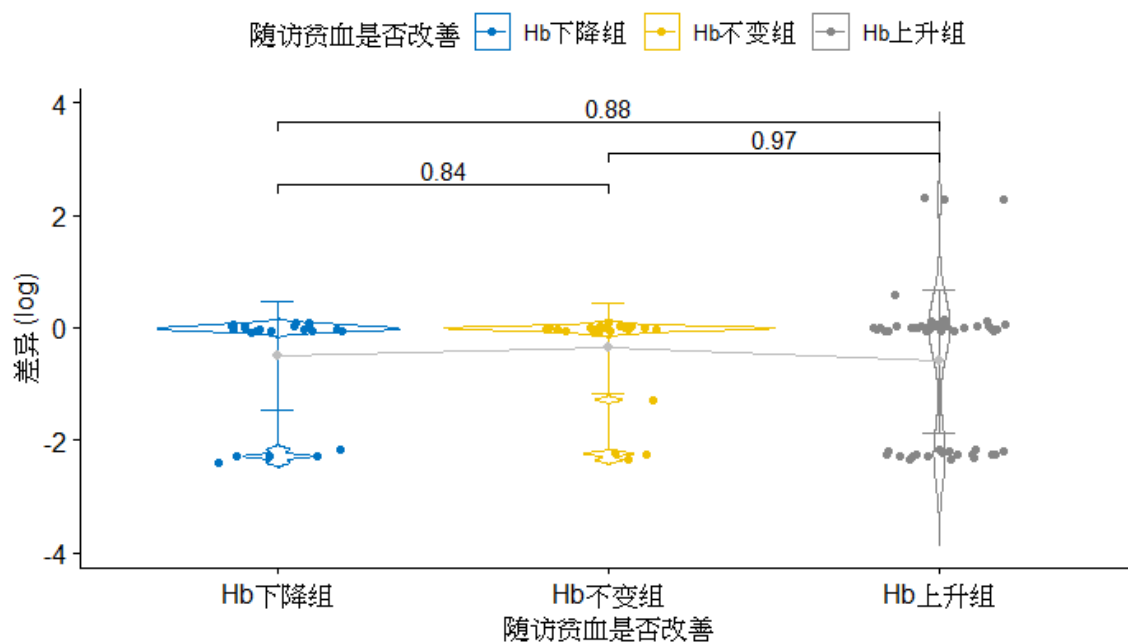
比较三组中mcv差异



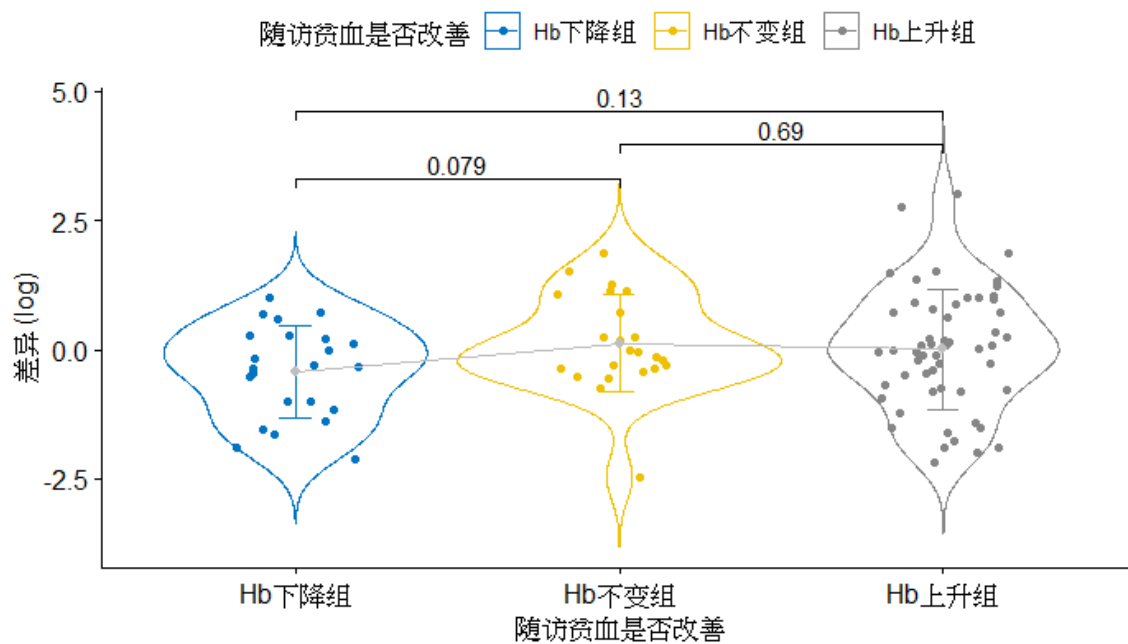
比较三组中mch差异



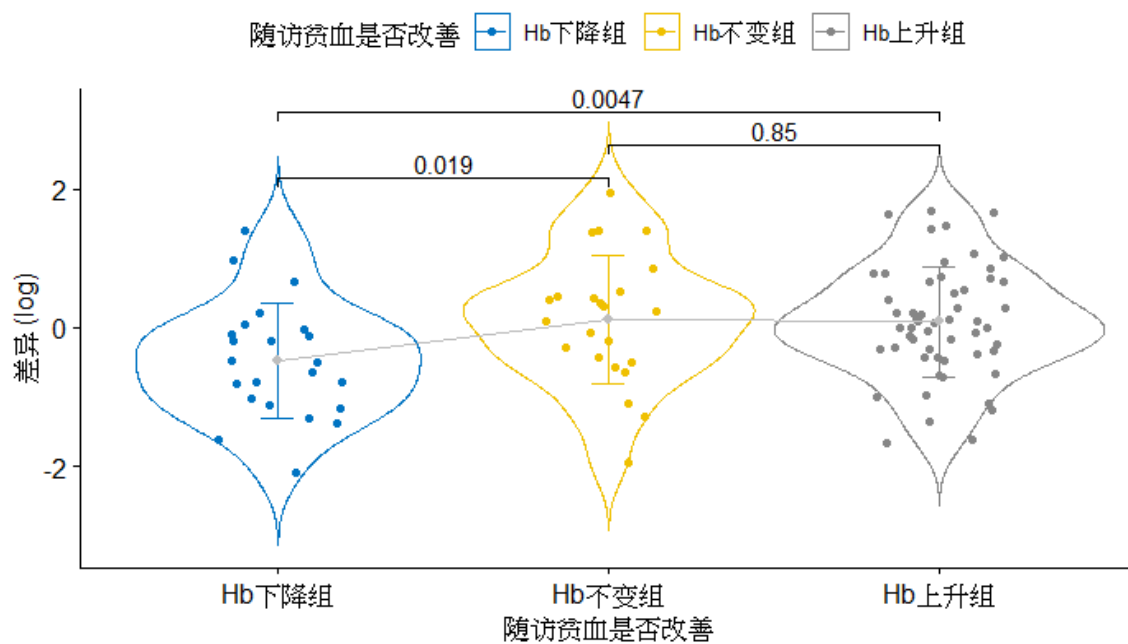
比较三组中mchc差异



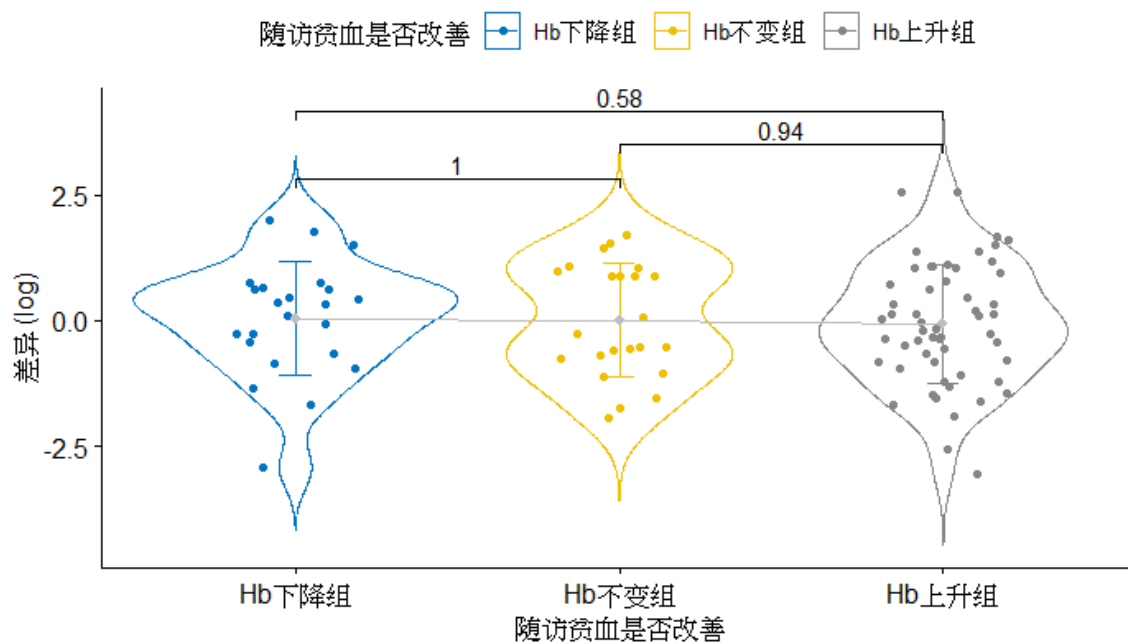
比较三组中中性粒细胞绝对值差异



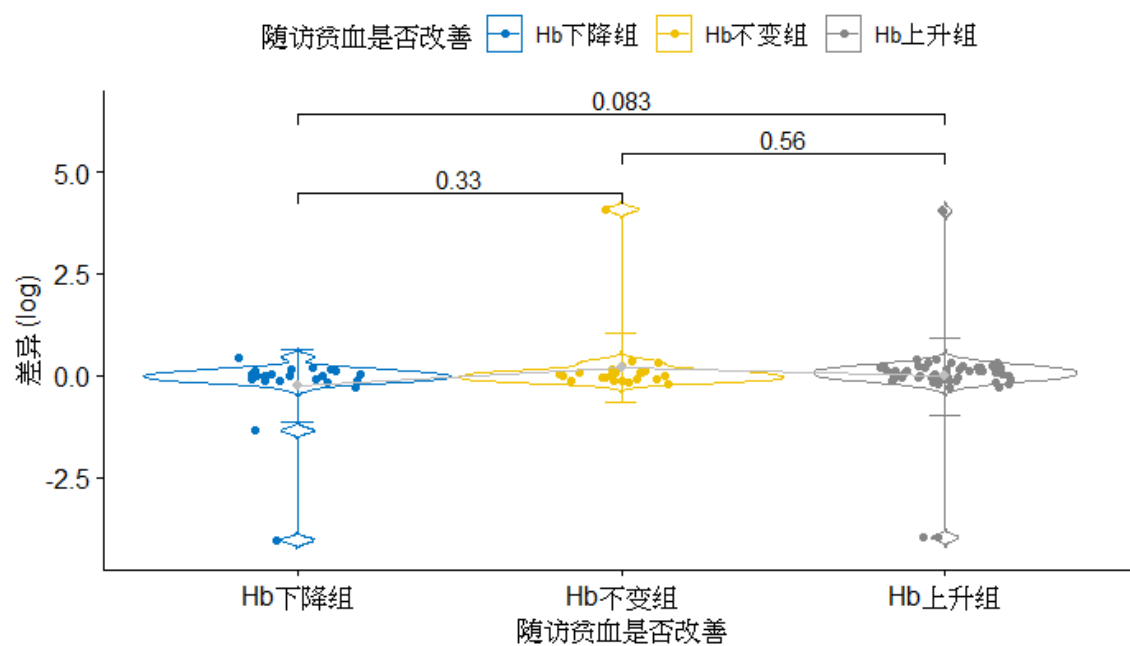
比较三组中淋巴细胞绝对值差异



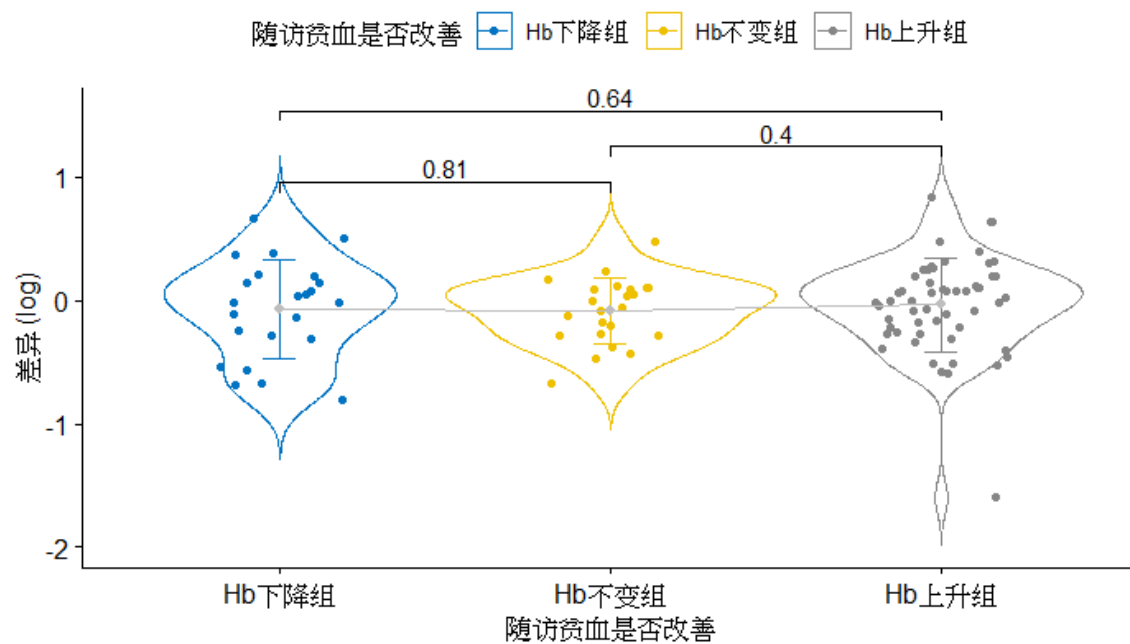
比较三组中中性粒比淋巴差异



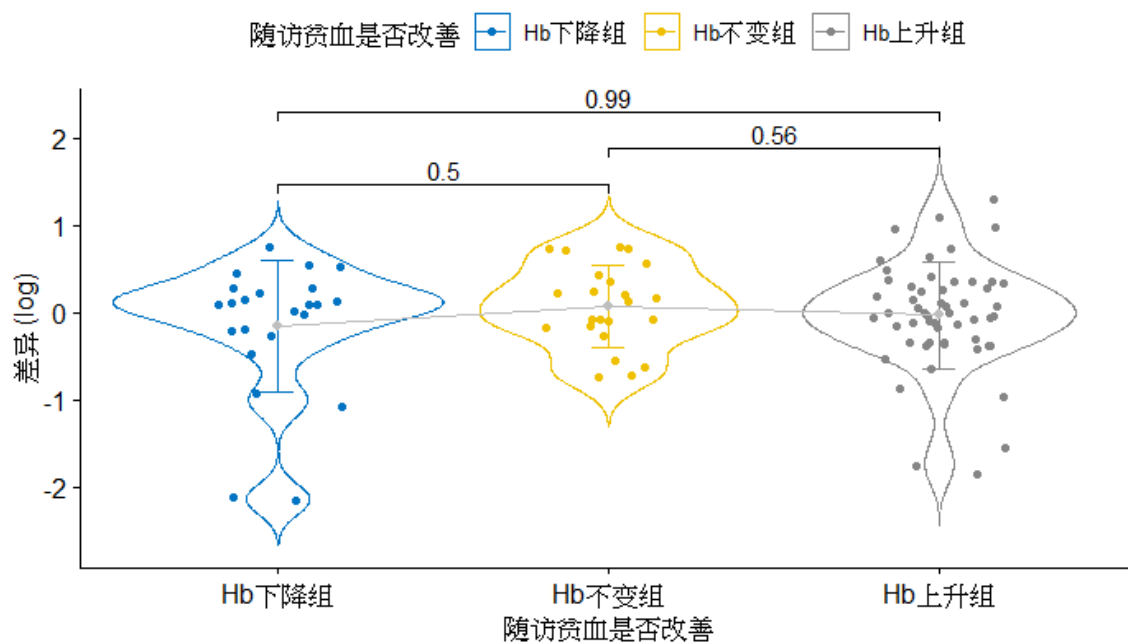
比较三组中CD3差值



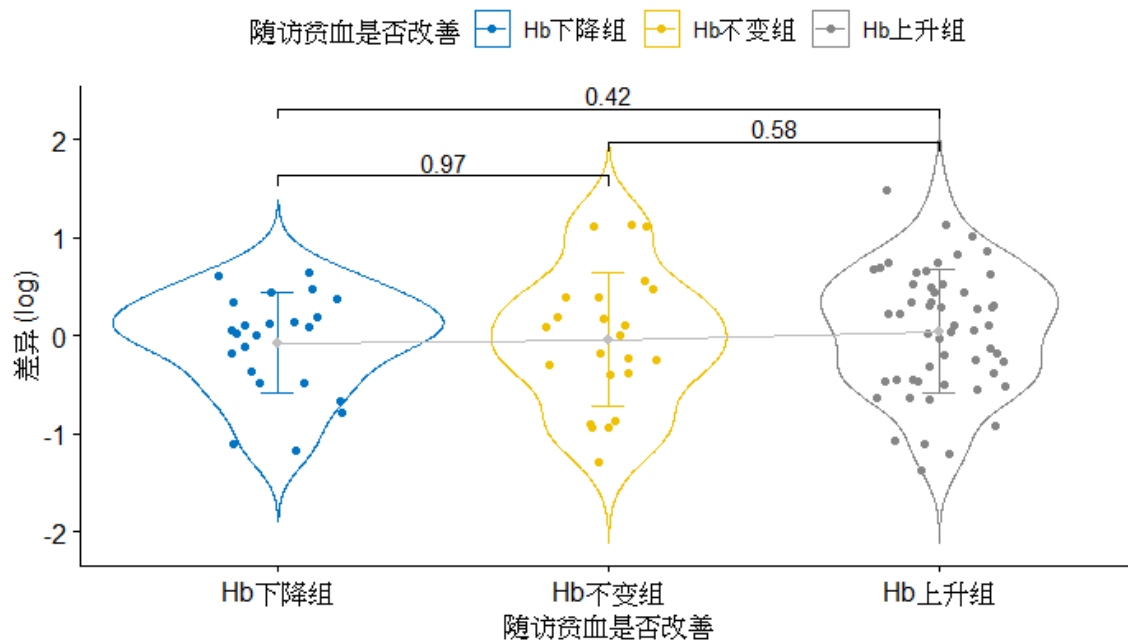
比较三组中CD3CD4差值



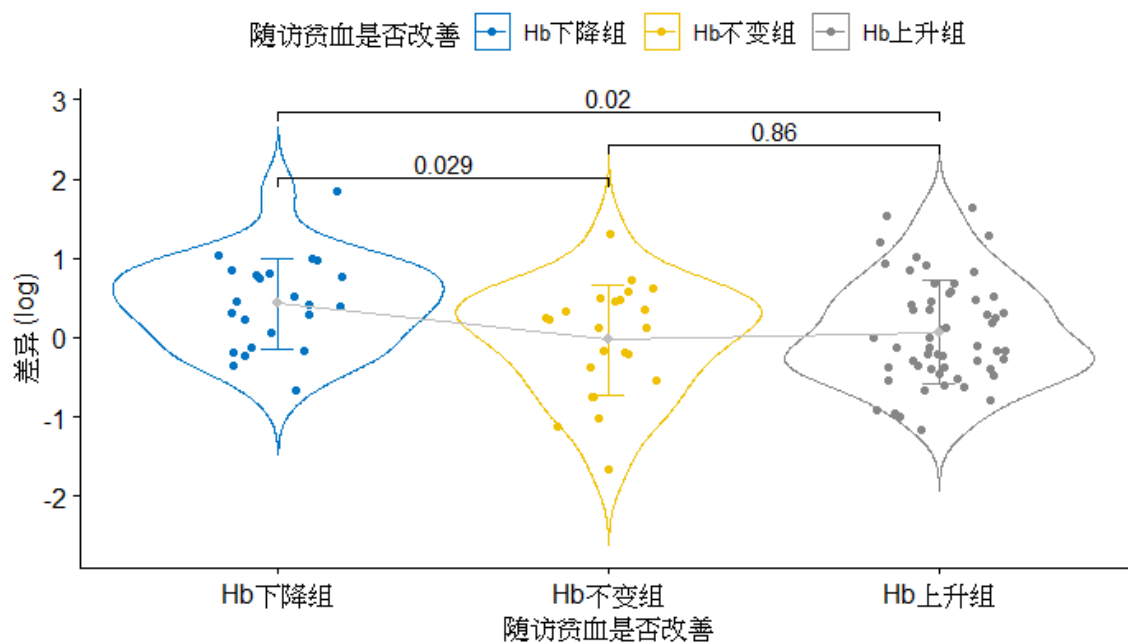
比较三组中CD3CD8差值



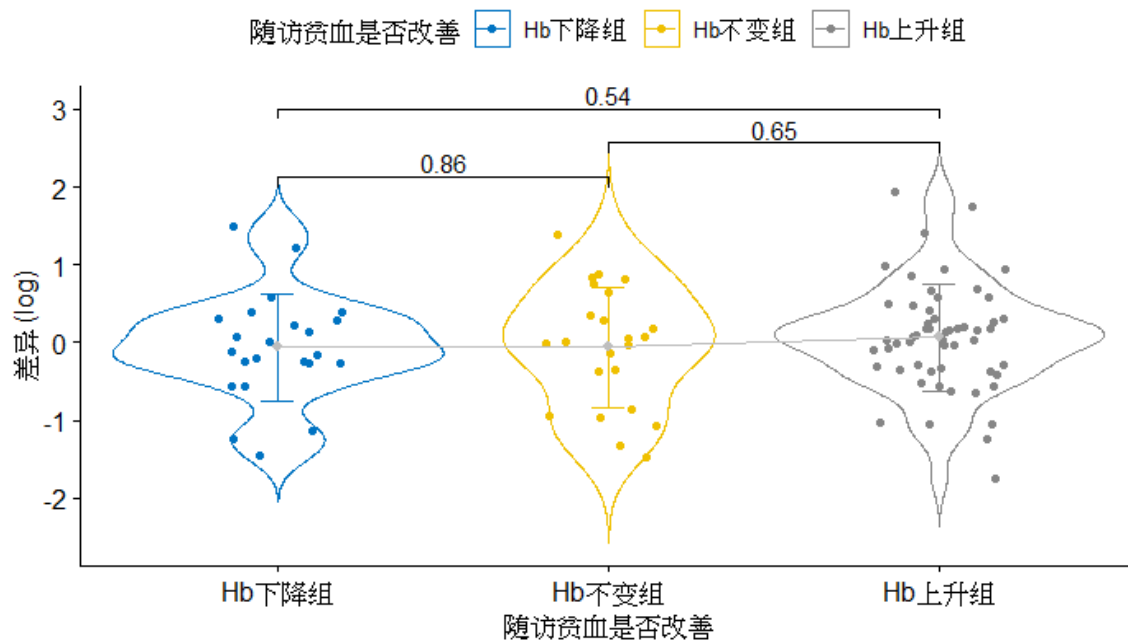
比较三组中CD3CD4CD25.CD3CD4差值



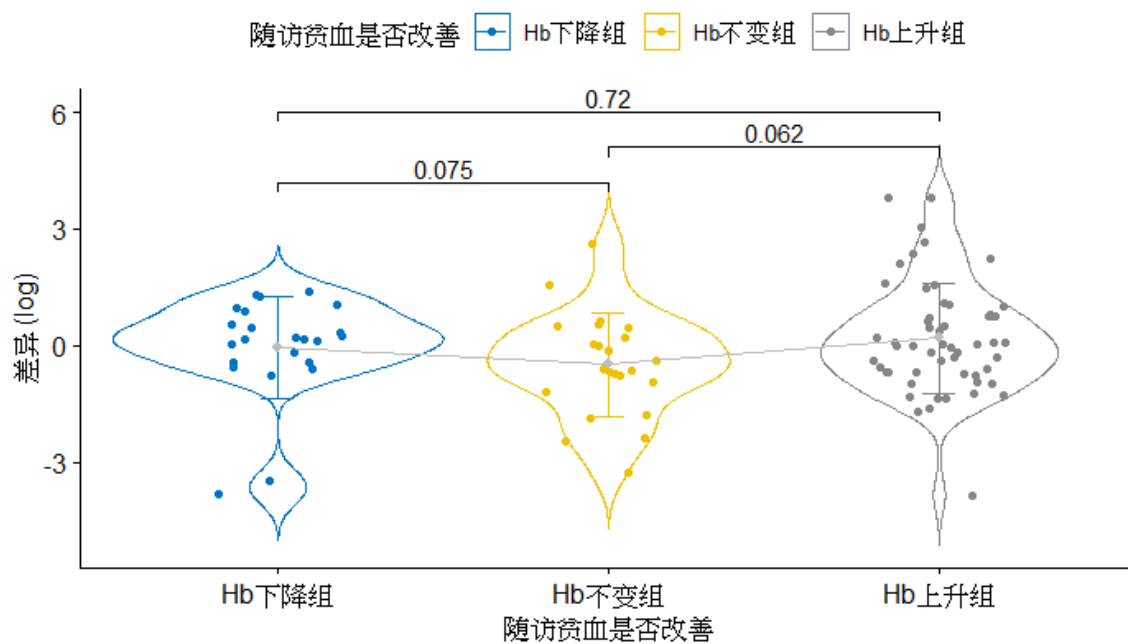
比较三组中CD3CD4CD25FoxP3.CD3CD4差值



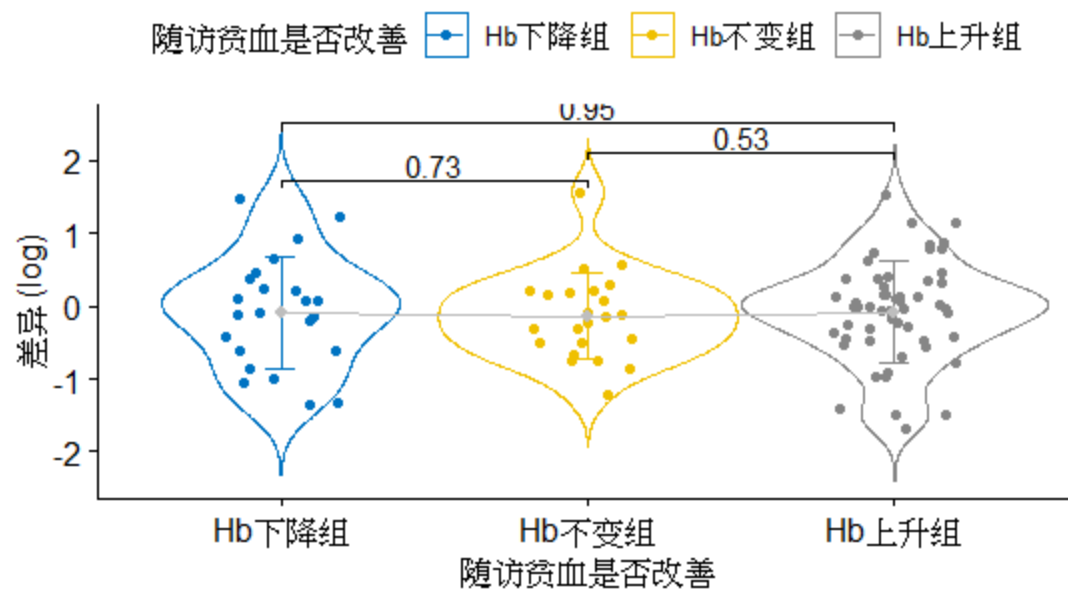
比较三组中CD3.CD19.差值



比较三组中CD3.CD16.差值



比较三组中CD4.CD8差值



随访血红蛋白变化的变量重要性排序

借助随机森林模型的平均下降 Gini 系数（mean decrease Gini），我们可以得到感兴趣的变量，即随访实验室检查结果的变化值，以及免疫指标变化值，对随访患者落在三个分组中的哪个组别（Hb 下降组/ Hb 稳定组/Hb 上升组）的贡献大小，即可进行特征重要性排序。排序的结果如图所示。

