

• 论 著 •

血浆 miR-132、miR-134 联合 miR-124 对 抑郁症患者的预测价值及疗效评估*

邓文鹏,熊浩君,胡光涛,余闻静,范俊杰,龙宇鹏[△]

陆军第九五八医院检验与输血科,重庆 400020

摘要:目的 探讨血浆微小核糖核酸(miR)-132、miR-134 联合 miR-124 对抑郁症患者的预测价值及疗效评估。方法 选取 2021 年 6 月至 2023 年 7 月在该院精神科确诊抑郁症患者 75 例作为研究组,另选取同期于该院体检的健康者 75 例作为对照组。检测两组血浆 miR-132、miR-134 及 miR-124 相对表达水平,并对两组治疗 8 周前后 miR-132、miR-124、miR-134、脑源性神经营养因子(BDNF)、炎症因子[白细胞介素(IL)-6、IL-18、肿瘤坏死因子- α (TNF- α)]水平进行比较。采用多元线性回归分析构建联合预测模型。采用受试者工作特征(ROC)曲线评估血浆 miR-132、miR-134、miR-124 及联合预测在诊断抑郁症患者中的应用价值。结果 研究组血浆 miR-132、miR-124 相对表达水平显著高于对照组,差异有统计学意义($P < 0.05$);研究组血浆 miR-134 相对表达水平显著低于对照组,差异有统计学意义($P < 0.05$)。ROC 曲线分析显示,血浆 miR-132、miR-134、miR-124 及联合预测诊断抑郁症的曲线下面积分别为 0.858 8、0.851 9、0.763 1、0.971 4。与治疗 8 周前比较,治疗 8 周后血浆 miR-132、miR-124、IL-6、IL-18、TNF- α 水平明显下调,miR-134、BDNF 水平明显上调。结论 miR-132、miR-134 及 miR-124 与抑郁症的发生密切相关,三者联合可用于预测、早期诊断抑郁症患者及评估抑郁症患者的药物疗效。

关键词: 抑郁症; 微小核糖核酸-132; 微小核糖核酸-134; 微小核糖核酸-124; 脑源性神经营养因子

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2024.16.009 **中图法分类号:**R749.4

文章编号:1673-4130(2024)16-1962-05

文献标志码:A

Predictive value and efficacy evaluation of plasma miR-132, miR-134 combined with miR-124 in patients with depression*

DENG Wenpeng, XIONG Haojun, HU Guangtao, YU Wenjing, FAN Junjie, LONG Yupeng[△]

Department of Clinical Laboratory and Transfusion, Army 958th Hospital, Chongqing 400020, China

Abstract: **Objective** To explore the predictive value and efficacy evaluation of plasma microRNA (miR)-132, miR-134 combined with miR-124 in patients with depression. **Methods** A total of 75 patients diagnosed with depression in the psychiatric department of the hospital from June 2021 to July 2023 were selected as the study group, and 75 healthy subjects who underwent physical examination in the hospital during the same period were selected as the control group. The relative expression levels of miR-132, miR-134 and miR-124 in plasma of the two groups were detected. The levels of miR-132, miR-124, miR-134, brain-derived neurotrophic factor (BDNF), inflammatory factors [interleukin (IL)-6, IL-18, tumor necrosis factor- α (TNF- α)] were compared between the two groups before and after 8 weeks of treatment. Multiple linear regression analysis was used to construct a joint prediction model. The application value of plasma miR-132, miR-134, miR-124 and combined prediction in the diagnosis of depression was evaluated by receiver operating characteristic (ROC) curve. **Results** The relative expression levels of miR-132 and miR-124 in plasma of the study group were significantly higher than those of the control group, with statistical significance ($P < 0.05$). The relative expression level of miR-134 in the study group was significantly lower than that in the control group, and the difference was statistically significant ($P < 0.05$). ROC curve analysis showed that the area under the curve of plasma miR-132, miR-134, miR-124 and combined prediction of depression were 0.858 8, 0.851 9, 0.763 1 and 0.971 4, respectively. Compared with 8 weeks before treatment, plasma miR-132, miR-124, IL-6, IL-18 and TNF- α levels were significantly down-regulated, while plasma miR-134 and BDNF levels were significantly up-regulated after 8 weeks of treatment. **Conclusion** miR-132, miR-134 and miR-124 are closely related to the oc-

* 基金项目:卫勤保障能力创新与生成专项项目(21WQ012)。

作者简介:邓文鹏,男,技士,主要从事医学检验技术研究。 [△] 通信作者, E-mail: lyp_emily@163.com。

currence of depression, and the combination of the three can be used to predict and early diagnose depression patients and evaluate the drug efficacy of depression patients.

Key words: depression; microRNA-132; microRNA-134; microRNA-124; brain-derived neurotrophic factor

抑郁症是一种常见的精神障碍,严重限制心理社会功能并降低生活质量。据报道全球抑郁症患者在过去 30 年内增加近 50%,目前全年龄段患者超过 2.64 亿人且复发率高达 75%~90%^[1]。世界卫生组织于 2008 年将重度抑郁症列为世界范围内第三大疾病负担,并预计在 2030 年将排名第一。有研究表明小分子非编码微小核糖核酸(microRNA,简称 miR)参与神经系统发育和大脑正常功能的维持,并且与精神疾病的发生发展也密切相关^[2]。miR-132、miR-134、miR-124 在调节神经元分化、成熟和功能方面有重要意义,此外,miR-132、miR-134、miR-124 表达的失调是多种神经系统疾病如阿尔兹海默症、抑郁症、精神分裂症的原因^[3-4]。选择性 5-羟色胺再摄取抑制剂是治疗重度抑郁症的一线药物,其抗抑郁治疗效应与全身炎症、代谢改善相关。艾司西酞普兰片的抗抑郁作用与抑制中枢神经系统对 5-羟色胺的再摄取从而增强中枢 5-羟色胺能神经的功能相关。有研究报道,服用艾司西酞普兰片可改善抑郁症患者的系列炎症因子从而改善其症状^[5]。基于此,本研究旨在明确上述 miR 与在抑郁症患者中变化,并探索其与抑郁症患者患病风险的相关性,以及分析抑郁症患者应用艾司西酞普兰片治疗前后对血浆 miR-132、miR-134、miR-124、脑源性神经营养因子(BDNF)、炎症因子的影响,为早期识别和预防抑郁症提供依据。现报道如下。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取 2021 年 6 月至 2023 年 7 月在本院精神科确诊抑郁症患者 75 例作为研究组,均为男性,年龄为 18~35 岁,体重指数(BMI) 20~24 kg/m²,平均(22.75±1.27)kg/m²。纳入标准:(1)由两名主治医师以上精神科医师根据国际疾病分类第十次修订版(ICD-10)精神类疾病的诊断标准,并结合实际,采取结构式临床访谈,共同诊断为精神类疾病;(2)所有患者均为初次发病,此前未接受任何抗精神病药物治疗。排除标准:(1)直系亲属存在精神病史;(2)曾有长期酗酒史或其他精神物质滥用史;(3)哺乳期或妊娠女性;(4)患有器质性脑损伤或者躯体疾病;(5)根据 ICD-10 诊断标准诊断为其他精神障碍,如分裂情感障碍、谵妄和痴呆等。另选取同期于本院体检的健康者 75 例作为对照组,其中男性 73 例、女性 2 例,年龄 20~50 岁,平均(23.71±5.01)岁, BMI 20~24 kg/m²,平均(23.23±1.32)kg/m²。两组年龄、BMI 比较差异无统计学意义($P>0.05$),具有可比性。本研究经本院医学伦理委员会审核并通过。

1.2 血浆 miR-132、miR-134、miR-124 相对表达水平检测 各组研究对象均于清晨空腹状态经肘静脉抽取 10 mL 静脉血,乙二胺四乙酸(EDTA)抗凝。室温静置约 2 h,经 3 000 r/min 离心 10 min,分离血浆和血细胞,将血浆收集于不含 RNA 酶的收集管中,保存于-80 ℃保存待检测。使用血浆总 RNA 提取分离试剂盒(Norgen, NGB17200),严格按照试剂盒说明书操作,从血浆中分离得到总 RNA。使用 miR 逆转录试剂盒(Norgen, 21300)进行逆转录,得到 cDNA。进一步使用实时荧光定量 PCR(qPCR)试剂盒(诺唯赞 SYBR® Green Q-PCR master Kit, MQ101-02)检测 miR-132、miR-134、miR-124 表达。设置实时荧光定量 PCR 程序:95 ℃预处理 2 min;94 ℃ 30 s,60 ℃ 1 min,72 ℃ 30 s,共 40 个循环。所有血浆样品加入等量的秀丽隐杆线虫 miR39 (cel-miR-39 Norgen 59000)作为外参基因,采用 2^{-ΔΔCt} 法计算样品 miR-132、miR-134、miR-124 相对表达水平。

1.3 血浆 BDNF 水平检测 研究组患者经草酸艾司西酞普兰片 10 mg/d 标准 8 周治疗后,于清晨空腹状态经肘静脉抽取 10 mL 静脉血,使用 EDTA 进行抗凝处理获取的血液样本,混匀后置冰上,4 ℃ 1 000~2 000 g 离心 10 min,取黄色或淡黄色上清即得血浆。测定 BDNF 时,将血浆稀释 75 倍,并取 4 个读数的平均值作为稀释浓度。每孔使用 50 μL 标准品、对照品或样品,每孔加入游离 BDNF 偶联物 100 μL,室温孵育 2 h 后以缓冲液冲洗。底物溶液 200 μL 在室温避光孵育 30 min 后加入终止液,使用酶标仪测定 450 nm 处吸光度。血浆 BDNF 水平测定采用人 BDNF DuoSet 酶联免疫吸附试验(ELISA)试剂盒 PDBD00 (由 R&D 公司提供)。

1.4 血浆炎症因子水平检测 取出制备好的血浆需置于冰上待用,将洗涤液用去离子水稀释至 1 倍浓度。加入标准品稀释液使标准品终浓度达到 100 pg/mL,获得标准浓度梯度。加入 50 μL 样品分析缓冲液后再加 50 μL 样品,分别加入白细胞介素(IL)-6、肿瘤坏死因子-α(TNF-α)、IL-18 的生物素化抗体每孔 100 μL,室温孵育 60 min。加入辣根过氧化物酶标记链霉亲和素 每孔 100 μL,室温避光孵育 20 min,加入终止液每孔 50 μL,混匀后使用酶标仪测定 450 nm 处吸光度(赛默飞,美国)。血浆 IL-6、TNF-α、IL-18 水平测定采用对应的人 ELISA 试剂盒(由碧云天公司提供)。

1.5 统计学处理 采用统计软件 SPSS18.0 进行数据统计分析,计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,组间比较采用独

立样本 t 检验。计数资料以率和构成比表示。采用多元线性回归预测抑郁症患者的联合诊断模型,采用受试者工作特征(ROC)曲线评估血浆 miR-132、miR-134、miR-124 及联合预测对抑郁症患者的预测价值。 $P<0.05$ 表示差异有统计学意义。

2 结 果

2.1 两组血浆 miR-132、miR-134、miR-124 相对表达水平比较 研究组血浆 miR-132、miR-124 相对表达水平显著高于对照组,差异有统计学意义($P<0.05$);研究组血浆 miR-134 相对表达水平显著低于对照组,差异有统计学意义($P<0.05$)。见表 1。

表 1 两组血浆 miR-132、miR-134、miR-124 相对表达水平比较($\bar{x}\pm s$)				
组别	n	miR-132	miR-134	miR-124
对照组	75	1.00 $\pm$ 0.32	1.00 $\pm$ 0.37	1.00 $\pm$ 0.27
研究组	75	2.69 $\pm$ 0.93	0.49 $\pm$ 0.14	2.09 $\pm$ 0.78
t		9.544	9.078	10.777
P		<0.000 1	<0.000 1	<0.000 1

2.2 抑郁症患者患病风险与血浆 miR 的多元线性回归分析 采用多元线性回归分析结果显示,回归方程显著, $F=79.899, P<0.001$ 。其中,miR-134($\beta=-0.361, P<0.001$)显著负向预测抑郁症患病风险,miR-132($\beta=0.285, P<0.001$)和 miR-124($\beta=0.346, P<0.001$)显著正向预测抑郁症患病风险。这些变量共解释抑郁症预测分析 61.4% 的变异。见表 2。

表 2 抑郁症患者患病风险与血浆 miR 的多元线性回归分析						
项目	B	β	t	P	F	调整 R^2
miR-132	0.104	0.285	4.438	<0.001	79.899	0.614
miR-134	-0.418	-0.361	-6.421	<0.001	—	—
miR-124	0.213	0.346	5.244	<0.001	—	—

注:—表示无数据。

2.3 血浆 miR-132、miR-134、miR-124 及联合预测抑郁症患者的预测价值 ROC 曲线分析显示,血浆 miR-132 预测抑郁症患者的曲线下面积为 0.858 8(95%CI:0.794~0.923),血浆 miR-134 预测抑郁症患者的曲线下面积为 0.851 9(95%CI:0.790~0.913),血浆 miR-124 预测抑郁症患者的曲线下面积为 0.882 7(95%CI:0.824~0.942),三者联合预测的曲线下面积为 0.971 4(95%CI:0.951~0.992),血浆 miR-132、miR-134、miR-124 相对表达水平和联合预测均对抑郁症的患病风险具有一定的预测价值。见图 1。

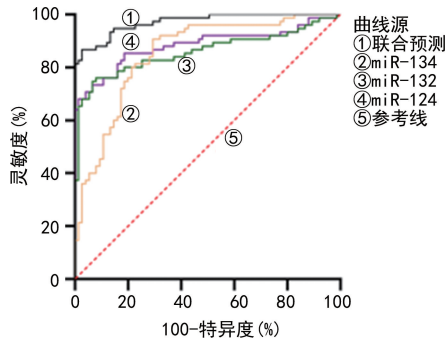


图 1 血浆 miR-132、miR134、miR-124 及联合预测抑郁症的预测价值

2.4 治疗 8 周前后研究组血浆 miR-132、miR134、miR-124 相对表达水平比较 治疗 8 周后研究组血浆 miR-132、miR-124 相对表达水平显著低于治疗 8 周前,差异有统计学意义($P<0.05$);治疗 8 周后研究组血浆 miR-134 相对表达水平显著高于治疗 8 周前,差异有统计学意义($P<0.05$)。见表 3。

表 3 治疗 8 周前后研究组血浆 miR-132、miR134、miR-124 相对表达水平比较($\bar{x}\pm s$)			
时间	miR-132	miR-134	miR-124
治疗 8 周前	1.00 $\pm$ 0.25	1.00 $\pm$ 0.21	1.00 $\pm$ 0.25
治疗 8 周后	0.67 $\pm$ 0.19	1.29 $\pm$ 0.30	0.48 $\pm$ 0.18
t	6.318	4.888	10.660
P	<0.000 1	<0.000 1	<0.000 1

2.5 治疗 8 周前后研究组血浆 BDNF 水平比较 治疗 8 周后研究组血浆 BDNF 水平[(25.03 $\pm$ 4.65)ng/mL]显著高于治疗 8 周前血浆 BDNF 水平[(20.26 $\pm$ 4.68)ng/mL],差异有统计学意义($P<0.05$)。

2.6 治疗 8 周前后研究组血浆炎症因子水平比较 治疗 8 周后研究组血浆 IL-18、TNF- α 、IL-6 水平显著低于治疗 8 周前,差异有统计学意义($P<0.05$)。见表 4。

表 4 治疗 8 周前后研究组血浆炎症因子水平比较($\bar{x}\pm s, \text{pg/mL}$)			
时间	IL-18	TNF- α	IL-6
治疗 8 周前	633.94 $\pm$ 85.04	542.95 $\pm$ 61.59	931.66 $\pm$ 113.50
治疗 8 周后	513.33 $\pm$ 88.90	462.84 $\pm$ 72.65	622.34 $\pm$ 103.11
t	6.043	5.185	12.440
P	0.003 6	0.000 6	0.003 8

3 讨 论

抑郁症是一种精神障碍,临床以情绪低落,疲乏无力,消极悲观,睡眠和/或食欲紊乱,思维缓慢并伴有自杀倾向为特征^[1]。抑郁症的不良结局包括了角色转换困难、角色功能下降、自杀及继发性躯体疾病的风险持续性增加,这导致了抑郁症患者早期死亡风险极高^[6]。此外,抑郁症与部分躯体疾病存在相似的

病理机制,并相互影响。例如抑郁症患者患 2 型糖尿病的风险增高约 41%,约 53.8% 的心血管疾病患者同时合并抑郁症^[7-8]。因此无论是原发性抑郁症还是伴有其他躯体疾病,早期发现,积极治疗始终是治疗抑郁症的黄金法则。目前,对于抑郁症的诊断手段主要依赖于经过验证的标准化抑郁症状量表,包括了汉密尔顿抑郁量表(HAMD)和蒙哥马利-艾斯伯格抑郁评分量表,尚缺乏实验室的客观指标。

miR 是一类长度为 19~25 nt 的非编码 RNA,广泛表达于真核生物中。miR 由内含子或者外显子和内含子之间的基因间隔编码,虽然不参与编码蛋白质,但可结合 RNA 诱导沉默复合体后调控靶基因 mRNA 的降解或翻译,是机体基因表达调控的重要表观遗传因子^[9]。研究显示,miR 可能参与多种生物过程,如血管生成、增殖、分化和凋亡等多种生物学行为,参与器官发育及多种病理生理过程,多种 miR 的异常表达与广谱的神经系统疾病有关^[10]。与此同时,由于 miR 较强的稳定性,可游离存在于血液循环中,作为多种疾病的新型诊断和预测生物标志物^[11]。因此,研究 miR 在抑郁症中的作用并筛选其作为生物标志物已成为重要的研究热点。

miR-132 参与神经树突发生和增殖,并有助于记忆过程,同时,其也参与新生神经元向成年齿状回的整合^[12]。此外,miR-132 在介导神经炎症的过程中发挥重要作用,是一类调节神经元和免疫功能的 miR。FANG 等^[3]研究表明血浆 miR-132 水平与 HAMD 评分呈正相关,其在重度抑郁症中表达上调约 2.4 倍,并在西酞普兰治疗后下降。WANG 等^[4]发现 miR-134 通过 BDNF 信号通路调节海马突触可塑性,从而改善了小鼠的抑郁样行为。miR-124 在脑、视网膜和脊髓的神经元中广泛表达,可调节神经细胞再生、调节突触的可塑性^[13]。YANG 等^[14]在抑郁症大鼠模型的海马中 miR-124 表达上调,特异性抑制其表达显著改善大鼠的抑郁样行为。miR-132、miR-134、miR124 均参与调节抑郁症的病程进展,并有望作为诊断抑郁症的血清因子。本研究结果提示抑郁症患者血浆 miR-132、miR-124 水平分别较对照组上调,而抑郁症患者血浆 miR-134 水平则较对照组下调。此外,本研究结果显示,血浆 miR-132 预测抑郁症患者的曲线下面积为 0.858 8(95%CI:0.794~0.923),血浆 miR-134 预测抑郁症患者的曲线下面积为 0.851 9(95%CI:0.790~0.913),血浆 miR-124 预测抑郁症患者的曲线下面积为 0.882 7(95%CI:0.824~0.942),提示血浆 miR-132、miR134、miR-124 水平对于抑郁症患者均具有一定预测价值。进一步通过多元回归分析构建预测模型方程,经联合预测的 ROC 曲线的曲线下面积为 0.971 4(95%CI:0.951~0.992),说明通过血浆 miR-132、miR134、miR-124 联

合检测对于诊断抑郁症具有更好的特异度与灵敏度。

抑郁症患者血浆中的 miR 相对表达水平在经规范化抗抑郁治疗后发生改变,其表达变化可用于检测抗抑郁药物的治疗效果^[15]。如 FANG 等^[3]研究发现艾斯西酞普兰治疗后血清 miR-132 表达下调,而 BDNF 表达上调。本研究结果表明,较治疗 8 周前,治疗 8 周后研究组血浆 miR-132、miR-124、IL-6、IL-18、TNF- α 水平下调;而治疗 8 周后研究组血浆 miR-134、BDNF 水平则较治疗 8 周前上调,这表明血浆 miR 相对表达水平不仅适用于诊断抑郁症,同时也适用于患者经药物治疗后的疗效评估。

综上所述,miR-132、miR-124 在抑郁症患者血浆中高表达,miR-134 在抑郁症患者血浆中低表达,血浆 miR-132、miR134、miR-124 可作为抑郁患者的早期预测、诊断的指标,同时作为药物治疗后的疗效评估指标。但当前研究仍有很多不足之处,如现有研究已经证明了上述 miR 在抑郁症患者中的相对表达水平,然而目前的研究未对不同时期抑郁症患者血浆 miR 相对表达水平进行检测。此外,本研究样本量较小,可能影响统计结果的准确性,研究结论尚需进一步在大样本人群中进行验证。同时课题组将开展进一步的前瞻性研究,通过已构建的多元回归模型用于临床预测诊断抑郁症患者,以期对郁症患者提供早期诊断价值和临床参考价值。

参考文献

- [1] MONROE S M, HARKNESS K L. Major depression and its recurrences: life course matters[J]. Annu Rev Clin Psychol, 2022, 18(1): 329-357.
- [2] VAN DEN BERG M M J, KRAUSKOPF J, RAMAEKERS J G, et al. Circulating microRNAs as potential biomarkers for psychiatric and neurodegenerative disorders[J]. Prog Neurobiol, 2020, 185(1): 101732.
- [3] FANG Y, QIU Q, ZHANG S, et al. Changes in miRNA-132 and miR-124 levels in non-treated and citalopram-treated patients with depression[J]. J Affect Disord, 2018, 227(1): 745-751.
- [4] WANG G, AN T, LEI C, et al. Antidepressant-like effect of ginsenoside Rb1 on potentiating synaptic plasticity via the miR-134-mediated BDNF signaling pathway in a mouse model of chronic stress-induced depression[J]. J Ginseng Res, 2022, 46(3): 376-386.
- [5] KOFOED J, ELFVING B, NIELSEN E H, et al. Depression and inflammation: correlation between changes in inflammatory markers with antidepressant response and long-term prognosis[J]. Eur Neuropsychopharmacol, 2022, 54(1): 116-125.
- [6] AUERBACH R P, SRINIVASAN A, KIRSHENBAUM J S, et al. Geolocation features differentiate healthy from remitted depressed adults[J]. J Psychopathol Clin Sci, 2022, 131(4): 341-349.

(下转第 1972 页)

• 论 著 •

胃癌组织 miR-23a-3p、miR-361-5p 表达与 PI3K/AKT/mTOR 信号通路和预后的关系研究*

储 君, 黄景昊, 杨 剑

中国人民武装警察部队特色医学中心普外科, 天津 300162

摘要:目的 探讨胃癌组织微小核糖核酸(miR)-23a-3p、miR-361-5p 表达与磷脂酰肌醇 3 激酶(PI3K)/蛋白激酶 B(AKT)/哺乳动物雷帕霉素靶蛋白(mTOR)信号通路和预后的关系。方法 采用实时荧光定量聚合酶链反应检测 120 例胃癌患者胃癌组织与癌旁组织中 miR-23a-3p、miR-361-5p、PI3K mRNA、AKT mRNA、mTOR mRNA 表达。Pearson 相关分析胃癌组织中 miR-23a-3p、miR-361-5p 表达与 PI3K mRNA、AKT mRNA、mTOR mRNA 表达的相关性,以及分析 miR-23a-3p、miR-361-5p 表达与胃癌患者临床病理特征的关系。Kaplan-Meier 生存分析胃癌组织中不同 miR-23a-3p、miR-361-5p 表达与胃癌患者生存预后的关系。单因素及多因素 COX 回归分析影响胃癌患者生存预后因素。结果 相比于癌旁组织,胃癌组织中 miR-23a-3p、miR-361-5p 表达明显较低,而 PI3K mRNA、AKT mRNA、mTOR mRNA 表达明显较高,差异有统计学意义(均 $P < 0.05$)。Pearson 相关分析结果显示,胃癌组织中 miR-23a-3p、miR-361-5p 表达与 PI3K mRNA、AKT mRNA、mTOR mRNA 表达呈负相关(均 $P < 0.05$)。不同肿瘤 TNM 分期、肿瘤分化程度、术后辅助化疗及淋巴结转移的胃癌患者胃癌组织中 miR-23a-3p、miR-361-5p 表达比较,差异有统计学意义(均 $P < 0.05$)。miR-23a-3p 低表达胃癌患者 3 年总体生存率为 46.77%(29/62),低于 miR-23a-3p 高表达胃癌患者 3 年总体生存率[81.03%(47/58)],差异有统计学意义(Log-Rank $\chi^2 = 30.243, P < 0.001$)。miR-361-5p 低表达胃癌患者 3 年总体生存率为 50.79%(32/63),低于 miR-361-5p 高表达胃癌患者 3 年总体生存率[77.19%(44/57)],差异有统计学意义(Log-Rank $\chi^2 = 24.932, P < 0.001$)。单因素及多因素 Cox 回归分析结果显示,TNM 分期Ⅲ期、有淋巴结转移、无术后辅助化疗、miR-23a-3p 低表达、miR-361-5p 低表达是影响胃癌患者不良预后的独立危险因素($P < 0.05$)。结论 胃癌患者胃癌组织中 miR-23a-3p、miR-361-5p 表达降低,二者表达与 PI3K/AKT/mTOR 信号通路有关,是潜在的胃癌预后相关的肿瘤标志物。

关键词: 胃癌; 微小核糖核酸-23a-3p; 微小核糖核酸-361-5p; 磷脂酰肌醇 3 激酶/蛋白激酶 B/哺乳动物雷帕霉素靶蛋白信号通路; 预后

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2024.16.010

中图法分类号:R735.2

文章编号:1673-4130(2024)16-1966-07

文献标志码:A

Study on the relationship between the miR-23a-3p, miR-361-5p expression and PI3K/AKT/mTOR signaling pathway and prognosis in gastric cancer tissue*

CHU Jun, HUANG Jinghao, YANG Jian

Department of General Surgery, Chinese People's Armed Police Force

Characteristic Medical Center, Tianjin 300162, China

Abstract: **Objective** To investigate the relationship between the expression of microRNA (miR)-23a-3p and miR-361-5p and the signaling pathway of phosphatidylinositol 3 kinase (PI3K)/protein kinase B (AKT)/mammalian target of rapamycin (mTOR) and prognosis in gastric cancer tissue. **Methods** The expressions of miR-23a-3p, miR-361-5p, PI3K mRNA, AKT mRNA and mTOR mRNA in gastric cancer tissue and adjacent tissue of 120 patients with gastric cancer were detected by real-time fluorescence quantitative polymerase chain reaction. The correlation between the expressions of miR-23a-3p and miR-361-5p and the expressions of PI3K mRNA, AKT mRNA and mTOR mRNA in gastric cancer tissue was analyzed by Pearson correlation analysis, as well as the relationship between the expressions of miR-23a-3p and miR-361-5p and the clinicopathological characteristics of patients with gastric cancer. Kaplan-Meier survival analysis of different expressions of miR-23a-3p and miR-361-5p in gastric cancer tissue and the relationship between survival and prognosis of patients

* 基金项目:2018 年度天津市科技发展指导性计划(TJSW2018079)。

作者简介:储君,男,主治医师,主要从事胃肠甲乳研究。