

表 5 AS 患者炎症相关因子水平与血清 PGLYRP-1、PTX3 水平的相关性

指标	PGLYRP-1		PTX3	
	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
IL-1β	0.442	<0.001	0.414	<0.001
IL-6	0.675	<0.001	0.664	<0.001
IL-17	0.535	<0.001	0.533	<0.001
IL-18	0.419	<0.001	0.409	<0.001
TNF-α	0.502	<0.001	0.486	<0.001
CRP	0.489	<0.001	0.450	<0.001

表 6 AS 患者血清 PGLYRP-1、PTX3 水平与不同部位处 BMD 的相关性

组别	PGLYRP-1		PTX3	
	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
腰椎	-0.512	<0.001	-0.488	0.003
股骨颈	-0.467	<0.001	-0.438	<0.001
华氏三角	-0.468	<0.001	-0.430	0.003
股骨粗隆	-0.511	<0.001	-0.532	<0.001

表 7 Logistic 回归分析 PGLYRP-1、PTX3 对 AS 发生的影响

因素	β	<i>SE</i>	Wald χ^2	<i>P</i>	<i>OR</i>	<i>OR</i> 的 95% <i>CI</i>
PGLYRP-1	0.680	0.187	13.206	<0.001	1.973	1.368~2.846
PTX3	0.711	0.201	12.529	<0.001	2.037	1.374~3.021

3 讨 论

AS 是慢性进行性脊椎炎症,病变常常起始于骶髋关节,而后逐渐向上蔓延至脊柱,导致骨性或纤维性强直、弯曲或畸形的一种疾病^[9]。该病一般好发于青壮年男性,家族遗传史较为明显,在病情的活动期,会出现红细胞沉降率加快,白细胞增多,部分患者会继发贫血等情况^[10]。根据 BASDAI 评分及 BASFI 评分可判断疾病发展程度,BASDAI<4 分为疾病缓解期,≥4 分为疾病活动期,BASFI 评分越高,功能越差^[11-12]。

PGLYRP-1 是一种具有抗菌活性的先天免疫蛋白,能够识别细菌肽聚多糖和脂多糖,并与其结合来促进炎症反应的发生。相关研究表明,类风湿关节炎患者血清 PGLYRP-1 水平呈高表达,提示其可能作为类风湿关节炎诊断的潜在生物标志物^[4]。张卫华等^[13]在类风湿关节炎诊断机制研究中发现,类风湿患者组血清 PGLYRP-1 水平高于非类风湿患者组 and 对照组。本研究结果显示,AS 组 PGLYRP-1 水平高于非 AS 组,差异有统计学意义($P<0.05$)。提示 PGLYRP-1 也可作为诊断 AS 的潜在生物标志物。PTX3 是一种与急性炎症反应相关的蛋白,由吞噬细胞和基质细胞在炎症部位迅速产生,可作为感染性疾

病的独立预测因子,能够预测疾病严重程度,在调节炎症、组织修复、止血方面具有重要意义^[14]。相关文献报道,PTX3 在类风湿关节炎相关间质性肺疾病患者体内水平呈高表达^[15]。本研究结果显示,AS 组 PTX3 水平高于非 AS 组,差异有统计学意义($P<0.05$)。这与以上研究结果保持一致。由此可见,PGLYRP-1、PTX3 均参与 AS 疾病发生发展过程,可作为新型生物标志物诊断 AS 疾病。

IL-1β、TNF-α 是重要的促炎性细胞因子,具有强大的促炎活性,可以促进多种促炎介质的分泌,在 AS、椎间盘退行性疾病中具有重要意义^[16-18]。IL-6 是一种多功能糖蛋白,能够促进肝脏合成急性期蛋白,激活 T 淋巴细胞,诱导 B 淋巴细胞增殖分化,参与炎症反应过程^[19-20]。章良忠^[20]报道显示,老年 AS 患者血清 IL-18、IL-6、TNF-α 水平明显升高,IL-18 水平与 CRP、IL-6、TNF-α 呈正相关。张宇等^[21]发现,IL-17 在 AS 患者体内水平升高,且与红细胞沉降率、CRP 水平及 BASDAI 评分呈正相关。上述均提示 IL-1β、IL-6、IL-17、IL-18、TNF-α、CRP 等作为促炎性细胞因子参与 AS 的发生与发展过程。本研究在分析 AS 患者血清 PGLYRP-1、PTX3 水平与炎症相关因子水平的相关性中发现,AS 患者血清 PGLYRP-1、PTX3 水平与促炎性细胞因子(IL-1β、IL-6、IL-17、IL-18、TNF-α、CRP)水平均呈正相关,提示血清 PGLYRP-1、PTX3 水平随着促炎性细胞因子的增加而升高。

AS 患者还多伴有不同程度的骨量减少,甚至发生骨质疏松。李玉琳等^[22]指出,AS 合并骨质疏松患者存在不同程度的 BMD 降低及骨代谢异常。本研究在此基础上研究发现,AS 患者在不同部位处(腰椎、股骨颈、华氏三角、股骨粗隆)BMD 低于非 AS 组,血清 PGLYRP-1、PTX3 水平与不同部位处(腰椎、股骨颈、华氏三角、股骨粗隆)BMD 均呈负相关,提示 AS 患者血清 PGLYRP-1、PTX3 水平随着 BMD 的降低而增加。另外,本研究采用多因素 Logistic 回归分析时发现,PGLYRP-1、PTX3 水平升高均是 AS 发生的危险因素,提示 PGLYRP-1、PTX3 水平升高可能通过影响 BMD,促进 AS 的发生,但其中具体机制尚需深入研究。

综上所述,AS 患者血清 PGLYRP-1、PTX3 水平升高,与炎症水平的上升有关,与不同部位 BMD 呈负相关,可能成为 AS 病情监测的有效标志物。但本研究样本量有限,后期将继续加大样本量深入研究。

参考文献

[1] 牛敏,杨西超,闫美茜,等.强直性脊柱炎患者肥胖与炎症指标、疾病严重程度指标和心血管疾患危险因素指标相关性分析[J].陕西医学杂志,2021,50(11):1383-1386.

[2] MOHANAKRISHNAN R,BEIER S,DEODHAR A. To-facitinib for the treatment of active ankylosing spondylitis in adults[J]. Expert Rev Clin Immunol,2022,18(3):273-280.

[3] TEIXEIRA MKS,LIRA-JUNIOR R,LOURENÇO E J V,et al. The modulation of the TREM-1/PGLYRP1/MMP-8 axis in peri-implant diseases[J]. Clin Oral Investig,2020,24(5):1837-1844.

[4] LUO Q,LI X,ZHANG L,et al. Serum PGLYRP-1 is a highly discriminatory biomarker for the diagnosis of rheumatoid arthritis[J]. Mol Med Rep,2019,19(1):589-594.

[5] 陈向波,陈斌,李涛,等. 血清正五聚素蛋白-3 在类风湿关节炎患者中的表达及其临床意义[J]. 现代医学,2019,47(11):1305-1309.

[6] 沈斯瑶,刘艳,徐鹏刚. 白芍总苷联合沙利度胺治疗强直性脊柱炎疗效及对患者活动指标、血清炎性因子水平的影响[J]. 陕西医学杂志,2020,49(1):20-23.

[7] 张仲博,史栋梁,杜旭召,等. 加味安肾汤治疗早中期强直性脊柱炎肾虚督寒证的疗效及对患者血清炎性因子、免疫功能、骨代谢指标的影响[J]. 中国实验方剂学杂志,2021,27(3):105-110.

[8] WANG Y,CHE M,XIN J,et al. The role of IL-1 β and TNF- α in intervertebral disc degeneration [J]. Biomed Pharmacother,2020,131:110660.

[9] 时文才,聂晨旭,胡晓龙,等. 黄芪桂枝五物汤合血府逐瘀汤联合针灸治疗早期强直性脊柱炎临床研究[J]. 陕西中医,2020,41(3):315-317.

[10] ZHANG J,ZHOU Y,MA Z. Multi-target mechanism of Tripteryguim wilfordii Hook for treatment of ankylosing spondylitis based on network pharmacology and molecular docking[J]. Ann Med,2021,53(1):1090-1098.

[11] ACAR Y,ILÇIN N,GÜRPINAR B,et al. Core stability and balance in patients with ankylosing spondylitis[J]. Rheumatol Int,2019,39(8):1389-1396.

[12] 郭乃亮. 补肾强督治旭汤加减治疗肾虚督寒型强直性脊柱炎疗效及对患者炎症因子的影响[J]. 陕西中医杂志,2019,40(10):1394-1396.

[13] 张卫华,刘才桢,田俊容,等. 血清中 IL-7、PGLYRP-1、SOST 的表达水平对类风湿性关节炎的诊断价值[J]. 转化医学杂志,2021,10(6):362-365.

[14] DONI A,MANTOVANI A,BOTTAZZI B,et al. PTX3 regulation of inflammation, hemostatic response, tissue repair,and resolution of fibrosis favors a role in limiting idiopathic pulmonary fibrosis[J]. Front Immunol,2021,12:676702.

[15] 罗珊,蔡俊玮,李敏,等. 类风湿关节炎相关间质性肺疾病血清 CCL18 及 PTX3 的水平变化及临床意义[J]. 国际检验医学杂志,2022,43(23):2869-2873.

[16] KANG H,DONG Y,PENG R,et al. Inhibition of IRE1 suppresses the catabolic effect of IL-1 β on nucleus pulposus cell and prevents intervertebral disc degeneration in vivo[J]. Biochem Pharmacol,2022,197:114932.

[17] 周锐志,李彦磊,钟鑫,等. 强直性脊柱炎患者 MRI 表现与血清 MMP-3、TNF- α 水平的关系[J]. 中国 CT 和 MRI 杂志,2022,20(3):168-170.

[18] UNVER N,MCALLISTER F. IL-6 family cytokines:key inflammatory mediators as biomarkers and potential therapeutic targets[J]. Cytokine Growth Factor Rev,2018,41:10-17.

[19] 陈国阳,苏松森,张清平,等. 脂肪因子,白细胞介素-6 和肿瘤坏死因子- α 水平与强直性脊柱炎患者骨密度相关性研究[J]. 中国骨质疏松杂志,2020,26(3):398-402.

[20] 章良忠. 老年强直性脊柱炎患者血清 IL-18 和 IL-37 水平及其与疗效和疾病活动度的关系[J]. 中国老年学杂志,2020,40(24):5245-5247.

[21] 张宇,沈雪,吴青青,等. 强直性脊柱炎患者血清 IL-35、IL-17 水平变化及其临床意义[J]. 山东医药,2020,60(9):67-69.

[22] 李玉琳,赵虬. 骨密度和骨代谢指标在强直性脊柱炎合并骨质疏松患者中的水平变化[J]. 重庆医学,2021,50(2):198-201.

(收稿日期:2024-03-18 修回日期:2024-07-28)

(上接第 3062 页)

[16] KUMAGAI K,FUJIMAKI H,YAMADA S,et al. Changes of synovial fluid biomarker levels after opening wedge high tibial osteotomy in patients with knee osteoarthritis [J]. Osteoarthritis Cartilage,2021,29(7):1020-1028.

[17] 刘清峰,吴伟东,古佳升,等. 肿瘤标志物 ESM-1 MMP-2 和 MMP-9 鉴别良恶性胸腔积液的临床意义[J]. 中国临床新医学,2021,14(10):1027-1031.

[18] VIEIRA A R,SCARIOT R,GERBER J T,et al. Bruxism throughout the lifespan and variants in MMP2, MMP9 and COMT[J]. J Pers Med,2020,10(2):44.

[19] NASCIMENTO G C,DE PAULA B B,GERLACH R F,et al. Temporomandibular inflammation regulates the matrix metalloproteinases MMP-2 and MMP-9 in limbic structures[J]. J Cell Physiol,2021,236(9):6571-6580.

[20] 廖小欢. 关节液基质金属蛋白酶-2 和羟脯氨酸水平与 TMD 患者病变程度的关系研究[J]. 海南医学院学报,2016,22(9):886-888.

[21] TAKAHASHI M,FUJIKAWA K,ANGAMMANA R,et al. An in situ hybridization study of MMP-2,-9,-13,-14, TIMP-1,and -2 mRNA in fetal mouse mandibular condylar cartilage as compared with limb bud cartilage [J]. Gene Expr Patterns,2019,32:1-11.

(收稿日期:2024-03-08 修回日期:2024-09-02)

• 论 著 • DOI:10.3969/j.issn.1672-9455.2024.20.025

miR-154、miR-22 与膀胱癌患者病理特征关系及
预测 TURBT 后复发价值*姜崇浩¹, 岳春光², 李 明³, 巴 晓⁴

1. 华北理工大学附属医院泌尿外科, 河北唐山 063000; 2. 河北省唐山市丰润区第二人民医院泌尿外科, 河北唐山 064099; 3. 河北省承德市中心医院全科医学, 河北承德 067000;
4. 河北省邢台市宁晋县医院急诊科, 河北邢台 055550

摘要:目的 探讨微小 RNA-154(miR-154)、微小 RNA-22(miR-22)与膀胱癌患者病理特征关系及预测经尿道膀胱肿瘤电切术(TURBT)后复发价值。方法 选取 2019 年 1 月至 2022 年 12 月华北理工大学附属医院收治的 150 例膀胱癌患者作为研究对象,统计癌组织和癌旁组织、不同病理特征患者 miR-154、miR-22 表达水平,采用 Spearman 相关分析不同病理特征与 miR-154、miR-22 表达水平的相关性。根据患者 TURBT 后复发情况将其分为复发组和未复发组,比较两组 miR-154、miR-22 表达水平。绘制受试者工作特征(ROC)曲线分析 miR-154、miR-22 预测 TURBT 后复发的效能。采用卡普兰-迈耶生存曲线(K-M)进行不同 miR-154、miR-22 表达水平患者生存状况分析。结果 膀胱癌患者癌组织 miR-154、miR-22 表达水平均低于癌旁组织,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。不同临床分期、分化程度、淋巴结转移膀胱癌患者 miR-154、miR-22 表达水平比较,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。Spearman 相关分析结果显示,临床分期、淋巴结转移与 miR-154、miR-22 均呈负相关($P < 0.05$),分化程度与 miR-154、miR-22 呈正相关($P < 0.05$)。150 例膀胱癌患者 TURBT 后共有 15 例失访,32 例复发,103 例未复发,分别纳入复发组和未复发组。复发组 miR-154、miR-22 表达水平均低于未复发组,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。ROC 曲线分析结果显示,miR-154、miR-22 预测 TURBT 后复发的曲线下面积(AUC)分别为 0.823、0.817,当最佳截断值为 0.44、0.71 时,灵敏度为 78.12%、87.50%,特异度为 75.73%、63.11%。miR-154、miR-22 联合预测 TURBT 后复发的 AUC 为 0.854,灵敏度及特异度分别为 90.62%、92.23%。150 例膀胱癌患者 TURBT 后共有 15 例失访,124 例生存,11 例死亡。根据 ROC 曲线中 miR-154、miR-22 最佳截断值为界限, $\leq$ 最佳截断值为低表达, $>$ 最佳截断值为高表达。K-M 曲线分析结果显示,miR-154、miR-22 低表达患者生存率分别为 88.16%(67/76)、88.00%(66/75),低于 miR-154、miR-22 高表达患者的 98.31%(58/59)、98.33%(59/60),差异均有统计学意义($\chi^2 = 55.821, 55.960, P < 0.001$)。结论 膀胱癌患者癌组织 miR-154、miR-22 水平与淋巴结转移、临床分期、分化程度密切相关,二者联合检测有助于提高 TURBT 后复发预测效能,指导临床诊治,改善预后。

关键词:膀胱癌; 微小 RNA-154; 微小 RNA-22; 病理特征; 经尿道膀胱肿瘤电切术; 复发

中图法分类号:R737.14;R699.5

文献标志码:A

文章编号:1672-9455(2024)20-3068-06

Relationship between miR-154 and miR-22 and the pathological characteristics of patients with
bladder cancer and the value of predicting recurrence after TURBT*JIANG Chonghao¹, YUE Chunguang², LI Ming³, BA Xiao⁴

1. Department of Urology, Affiliated Hospital of North China University of Science and Technology, Tangshan, Hebei 063000, China; 2. Department of Urology, the Second People's Hospital of Fengrun District, Tangshan, Hebei 064099, China; 3. Department of General Medicine, Central Hospital of Chengde, Chengde, Hebei 067000, China; 4. Department of Emergency, Ningjin County Hospital, Xingtai, Hebei 055550, China

Abstract: Objective To investigate the relationship between microrna-154 (miR-154) and microrna-22 (miR-22) and the pathological characteristics of patients with bladder cancer and the value of predicting recurrence after transurethral resection of bladder tumor (TURBT). **Methods** A total of 150 patients with bladder cancer admitted to the Affiliated Hospital of North China University of Science and Technology from January 2019 to December 2022 were selected as the research objects. The expression levels of miR-154 and miR-22 in

* 基金项目:河北省医学科学研究课题计划项目(20241331)。

作者简介:姜崇浩,男,主治医师,主要从事泌尿外科方面的研究。

cancer tissues and adjacent tissues and patients with different pathological characteristics were counted. Spearman correlation was used to analyze the correlation between different pathological features and the expression levels of miR-154 and miR-22. According to the recurrence after TURBT, the patients were divided into recurrence group and non-recurrence group, and the expression levels of miR-154 and miR-22 were compared between the two groups. The receiver operating characteristic (ROC) curve was drawn to analyze the efficacy of miR-154 and miR-22 in predicting recurrence after TURBT. Kaplan Meier survival curve (K-M) was used to analyze the survival status of patients with different miR-154 and miR-22 expression levels.

Results The expression levels of miR-154 and miR-22 in bladder cancer tissues were lower than those in adjacent tissues, and the differences were statistically significant ($P < 0.05$). There were significant differences in the expression levels of miR-154 and miR-22 in bladder cancer patients with different clinical stages, differentiation degrees and lymph node metastasis ($P < 0.05$). Spearman correlation analysis showed that clinical stage and lymph node metastasis were negatively correlated with miR-154 and miR-22 ($P < 0.05$), and differentiation degree was positively correlated with miR-154 and miR-22 ($P < 0.05$). Among the 150 patients with bladder cancer after TURBT, 15 cases were lost to follow-up, 32 cases had recurrence, and 103 cases had no recurrence. They were divided into recurrence group and non-recurrence group respectively. The expression levels of miR-154 and miR-22 in the recurrence group were significantly lower than those in the non-recurrence group ($P < 0.05$). ROC curve analysis results showed that the area under the curve (AUC) of miR-154 and miR-22 in predicting recurrence after TURBT was 0.823 and 0.817 respectively. When the optimal cut-off value was 0.44 and 0.71, the sensitivity was 78.12% and 87.50%, and the specificity was 75.73% and 63.11%. The AUC of miR-154 and miR-22 combined to predict recurrence after TURBT was 0.854, and the sensitivity and specificity were 90.62% and 92.23%, respectively. Among the 150 patients with bladder cancer after TURBT, 15 cases were lost to follow-up, 124 cases survived and 11 cases died. According to the cut-off value of miR-154 and miR-22 in ROC curve, the optimal cut-off value $\leq$ was low expression, and the optimal cut-off value $>$ was high expression. The results of K-M curve analysis showed that the survival rates of patients with low expression of miR-154 and miR-22 were 88.16% (67/76) and 88.00% (66/75) respectively, which were lower than 98.31% (58/59) and 98.33% (59/60) of patients with high expression of miR-154 and miR-22. The differences were statistically significant ($\chi^2 = 55.821, 55.960, P < 0.001$). **Conclusion** miR-154 and miR-22 levels are closely related to lymph node metastasis, clinical stage and differentiation degree in bladder cancer patients. Combined detection is helpful to improve the prediction efficiency of recurrence after TURBT, guide clinical diagnosis and treatment, and improve prognosis.

Key words: bladder cancer; microRNA-154; microRNA-22; pathological feature; transurethral resection of bladder tumor; relapse

膀胱癌可发生于任何年龄段,但以 50 岁以上男性居多,其发病率随年龄增长而升高,一旦发现应立即采取治疗^[1]。经尿道膀胱肿瘤电切术(TURBT)治疗膀胱癌具有微创、切除效果较好等优点,但临床实践发现,TURBT 后复发率达 45%~80%,预后普遍较差^[2-3]。因此,探索可靠有效的膀胱癌预后指标对确定后续治疗方案,降低复发风险具有显著临床意义。微小 RNA(miRNA)属内源性非编码小分子 RNA,可参与细胞增殖、分化、新陈代谢等过程,在恶性肿瘤早期鉴别诊治方面具有巨大潜力^[4]。有研究表明,miRNAs 参与膀胱癌增殖、侵袭、迁移等病理过程^[5]。微小 RNA-154(miR-154)、微小 RNA-22(miR-22)作为 miRNA 的一员,在肾癌、子宫颈癌等泌尿系统肿瘤中均有表达^[6-8],但其在膀胱癌中表达的相关研究较少,且预后意义尚不明确。本研究分析了

miR-154、miR-22 与膀胱癌患者病理特征间关系及对 TURBT 后复发的预测效能,以期为临床诊断、治疗膀胱癌提供参考依据。

1 资料与方法

1.1 临床资料 选取 2019 年 1 月至 2022 年 12 月华北理工大学附属医院收治的 150 例膀胱癌患者作为研究对象,其中男 94 例,女 56 例;平均年龄为 (60.62 ± 4.11) 岁。纳入标准:(1)符合膀胱癌诊断标准^[9],且经病理学检查确诊;(2)具备 TURBT 手术指征。排除标准:(1)伴严重心脑血管疾病;(2)伴肾癌、肝癌、胃癌等恶性肿瘤;(3)有膀胱治疗史及手术史;(4)伴其他泌尿系统疾病(泌尿系统梗阻、上下尿路感染、肾结石等);(5)术前接受放化疗;(6)围术期出现严重并发症。所有研究对象及其亲属均知情同意本研究并签署知情同意书。本研究通过华北理工大学

附属医院医学伦理委员会审核批准(20230718007)。

1.2 方法

1.2.1 miR-154、miR-22 检测 取膀胱癌手术切除的癌组织和癌旁组织,制成匀浆,提取组织总 RNA,反转录为 cDNA 模板,采用 Applied Biosystems 公司生产的 ABI 7500 型实时荧光定量聚合酶链反应(PCR)仪扩增进行检测。miR-154 正向引物序列:5'-CTGGATCGATTTCGGCTAAAC-3',反向引物序列:5'-TAGGCTAGGCTTAGCTAACG-3';miR-22 正向引物序列:5'-TAGCAATAGTCTAGTTAGC-3',反向引物序列:5'-TAGCTATAGCTAGCTAGCT-3';U6 正向引物序列:5'-GCTGGACTCTAGGGTG-CAAG-3',反向引物序列:5'-GAGCATAACCAGGTG-GTAGTAG-3'。94 ℃预变性 2 min,1 个循环,94 ℃变性 30 s,55 ℃退火 30 s,72 ℃延伸 2 min,共 35 个循环,72 ℃总延伸 6 min,取 6 μL PCR 扩增产物进行琼脂糖凝胶电泳,紫外线投射仪下观察电泳条带,以 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 法计算 miR-154、miR-22 相对表达水平。

1.2.2 TURBT 操作步骤 所有研究对象均采取蛛网膜下腔阻滞,取截石位,Wolf 电镜下查看肿瘤位置、数目、大小等,切除瘤体、基底部及蒂部,电切基底部 1~2 cm 正常组织,汽化功率 180 W,电凝功率 60 W。

1.2.3 复发判定标准及分组^[10] 术后通过电话或门诊形式随访,随访截至 2024 年 3 月,共随访 16 个月,以膀胱镜发现原发灶或提示新发病灶判定为复发。根据膀胱癌患者 TURBT 后复发情况将其分为复发组和未复发组。

1.3 观察指标 (1)癌组织和癌旁组织 miR-154、miR-22 表达水平。(2)不同病理特征患者 miR-154、miR-22 表达水平及相关性。(3)复发组和未复发组 miR-154、miR-22 表达水平。(4)miR-154、miR-22 单一及联合检测膀胱癌 TURBT 后复发的预测效能。

(5)不同 miR-154、miR-22 表达水平患者生存状况。

1.4 统计学处理 采用 SPSS26.0 统计软件进行数据处理与统计分析。符合正态分布的计量资料以 $\bar{x}\pm s$ 表示,多组间比较采用单因素方差分析,两组间比较采用独立样本 t 检验。计数资料以例数或百分率表示,两组间比较采用 χ^2 检验。采用 Spearman 相关分析不同病理特征与 miR-154、miR-22 表达水平的相关性。绘制受试者工作特征(ROC)曲线分析 miR-154、miR-22 预测 TURBT 后复发的效能。采用卡普兰-迈耶(K-M)生存曲线进行不同 miR-154、miR-22 表达水平患者生存状况分析,检验水准 $\alpha=0.05$ 。以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 癌组织和癌旁组织 miR-154、miR-22 表达水平比较 膀胱癌患者癌组织 miR-154、miR-22 表达水平均低于癌旁组织,差异均有统计学意义($P<0.05$)。见表 1。

表 1 癌组织和癌旁组织 miR-154、miR-22 表达水平比较($\bar{x}\pm s$)

组织类型	<i>n</i>	miR-154	miR-22
癌组织	150	0.51±0.15	0.61±0.18
癌旁组织	150	1.00±0.44	1.00±0.41
<i>t</i>		-12.910	-10.667
<i>P</i>		<0.001	<0.001

2.2 不同病理特征患者 miR-154、miR-22 表达水平比较及相关性分析 不同临床分期、分化程度、淋巴结转移膀胱癌患者 miR-154、miR-22 表达水平比较,差异均有统计学意义($P<0.05$)。见表 2。Spearman 相关分析结果显示,临床分期、淋巴结转移与 miR-154、miR-22 呈负相关($P<0.05$),分化程度与 miR-154、miR-22 呈正相关($P<0.05$)。见表 3。

表 2 不同病理特征患者 miR-154、miR-22 表达水平比较($\bar{x}\pm s$)

病理特征	<i>n</i>	miR-154			miR-22		
		$\bar{x}\pm s$	<i>t/F</i>	<i>P</i>	$\bar{x}\pm s$	<i>t/F</i>	<i>P</i>
性别			1.028	0.306		1.114	0.267
女	56	0.53±0.16			0.63±0.14		
男	94	0.50±0.18			0.60±0.17		
年龄(岁)			1.076	0.284		1.192	0.235
≥60	97	0.50±0.17			0.62±0.14		
<60	53	0.53±0.15			0.59±0.16		
病变位置			0.379	0.685		1.652	0.195
三角区	37	0.53±0.15			0.54±0.10		
膀胱底	63	0.50±0.18			0.51±0.13		
膀胱体	50	0.51±0.16			0.49±0.14		