

- [10] CHENG Gong, SONG Zheng-shuai, LIU Yue-nan, et al. Long noncoding RNA SNHG12 indicates the prognosis of prostate cancer and accelerates tumorigenesis via sponging miR-133b[J]. *J Cell Physiol*, 2020, 235(2): 1235-1246.
- [11] 国家肿瘤质控中心乳腺癌专家委员会, 中国抗癌协会乳腺癌专业委员会, 中国抗癌协会肿瘤药物临床研究专业委员会, 中国晚期乳腺癌规范诊疗指南(2020 版)[J]. *中华肿瘤杂志*, 2020, 42(10): 781-797.
- [12] 中国抗癌协会乳腺癌专业委员会. 中国抗癌协会乳腺癌诊治指南与规范(2021 年版)[J]. *中国癌症杂志*, 2021, 31(10): 954-1040.
- [13] KAIYIN M, LINGLING T, LEILEI T, et al. Head-to-head comparison of contrast-enhanced mammography and contrast-enhanced MRI for assessing pathological complete response to neoadjuvant therapy in patients with breast cancer: a meta-analysis[J]. *Breast Cancer Res Treat*, 2023, 202(1): 1-9.
- [14] 臧晔, 李小优, 姜藻, 等. 血清 miRNA-429 预测乳腺癌新辅助化疗疗效价值研究[J]. *中华肿瘤防治杂志*, 2020, 27(12): 963-968.
- [15] 独晓燕, 马秀芬, 周海存, 等. 血清 CTC 联合临床特征对乳腺癌新辅助治疗效果的预测价值[J]. *中国现代医学杂志*, 2023, 33(5): 1-8.
- [16] 张羽, 刘强. 液体活检在乳腺癌精准治疗中的应用进展及展望[J]. *中国癌症杂志*, 2022, 32(8): 688-697.
- [17] YUAN J, LI W, HU C, et al. Upregulation of SNHG12 accelerates cell proliferation, migration, invasion and restrain cell apoptosis in breast cancer by enhancing regulating SALL4 expression via sponging miR-15a-5p[J]. *Neoplasma*, 2020, 67(4): 861-870.
- [18] 张延涛, 孙勇, 张远鹏. lncRNA SNHG12 在乳腺癌中的表达水平及临床意义[J]. *河北医药*, 2020, 42(1): 62-65.
- [19] TAN D, WANG S, ZHANG P, et al. LncRNA SNHG12 decreases non-small cell lung cancer cell sensitivity to cisplatin by repressing miR-525-5p and promoting XIAP[J]. *Ann Clin Lab Sci*, 2023, 53(1): 64-75.
- [20] MA M, LI L, LONG F, et al. MiR-133b inhibits colorectal cancer metastasis via lncRNA-LUCAT1[J]. *Future Oncol*, 2021, 7(9): 1013-1023.
- [21] WANG S, DONG L, MA L, et al. SQLE facilitates the pancreatic cancer progression via the lncRNA-TTN-AS1/miR-133b/SQLE axis[J]. *J Cell Mol Med*, 2022, 26(13): 3636-3647.
- [22] WU L, GAO J, LIU S, et al. CircRNA circ_0005273 contributes to the cisplatin resistance of cervical cancer cells by sponging miR-133b[J]. *J Obstet Gynaecol*, 2022, 42(7): 3086-3093.
- [23] LIN Y, LIN F, ANUCHAPREEDA S, et al. Effect of miR-133b on progression and cisplatin resistance of triple-negative breast cancer through FGFR1-Wnt- β -catenin axis[J]. *Am J Transl Res*, 2021, 13(6): 5969-5984.
- (收稿日期: 2024-03-02 修回日期: 2024-07-08)
-
- (上接第 2950 页)
- [10] RIEPLER L, FROMMELT L S, WILMSCHEN-TOBER S, et al. Therapeutic efficacy of a VSV-GP-based human papilloma virus vaccine in a murine cancer model[J]. *J Mol Biol*, 2023, 435(13): 168096.
- [11] SALIMINEJAD K, KHORSHID K H R, FARD S S, et al. An overview of microRNAs: biology, functions, therapeutics, and analysis methods[J]. *J Cell Physiol*, 2019, 234(5): 5451-5465.
- [12] 王君, 俞彩仙, 王侠, 等. miR-144 在宫颈癌中的研究进展[J]. *国际妇产科学杂志*, 2021, 48(3): 328-332.
- [13] 郝艳芳, 刘亚荣, 黄玲玲, 等. miRNA-195 靶向调控 CCND2 和 MYB 抑制宫颈癌细胞增殖、迁移的机制研究[J]. *现代检验医学杂志*, 2022, 37(1): 130-135.
- [14] 廉静, 张露文, 陈勃同. miRNA-612 表达水平对宫颈癌细胞增殖的影响[J]. *中国实验诊断学*, 2021, 25(12): 1762-1764.
- [15] CHEN J, YU Y, CHEN X, et al. MiR-139-5p is associated with poor prognosis and regulates glycolysis by repressing PKM2 in gallbladder carcinoma[J]. *Cell Prolif*, 2018, 51(6): e12510.
- [16] HOU J, ZHUO H, CHEN X, et al. MiR-139-5p negatively regulates PMP22 to repress cell proliferation by targeting the NF- κ B signaling pathway in gastric cancer[J]. *Int J Biol Sci*, 2020, 16(7): 1218-1229.
- [17] HUA S, LEI L, DENG L, et al. miR-139-5p inhibits aerobic glycolysis, cell proliferation, migration, and invasion in hepatocellular carcinoma via a reciprocal regulatory interaction with ETS1[J]. *Oncogene*, 2018, 37(12): 1624-1636.
- [18] JIAO W, ZHANG J, WEI Y, et al. MiR-139-5p regulates VEGFR and downstream signaling pathways to inhibit the development of esophageal cancer[J]. *Dig Liver Dis*, 2019, 51(1): 149-156.
- [19] 李仲均, 黄丽珊, 萧丽娟, 等. microRNA-622 在卵巢上皮性癌中的表达及意义[J]. *中国实用妇科与产科杂志*, 2019, 35(1): 114-116.
- [20] 刘秀敏, 高波, 陈翠, 等. 基于生物信息学分析 miR-622 在甲状腺癌中的表达及预后[J]. *齐齐哈尔医学院学报*, 2023, 44(12): 1186-1190.
- [21] REN J, QING J, LIN L, et al. miR-622 suppresses tumor formation by directly targeting VEGFA in papillary thyroid carcinoma[J]. *Onco Targets Ther*, 2021, 35(14): 3597-3605.
- [22] PAN T, YANYAN S, JIHUI Y, et al. miR-622 induces breast cancer cell MCF-7 proliferation, migration, and invasion by directly negatively targeting EYA1[J]. *J Nanomater*, 2022, 25(20): 689-789.
- (收稿日期: 2024-02-15 修回日期: 2024-07-08)

子宫肌瘤组织中 miR-203a-3p 及 CBX8 表达水平及其临床意义*

陈小兰,雷霞,皮发利

四川省内江市东兴区人民医院妇产科,四川内江 641100

摘要:目的 探究子宫肌瘤组织中微小 RNA(miR)-203a-3p 及染色体结合蛋白 8(CBX8)表达水平及其临床意义。方法 选取 2019 年 6 月至 2021 年 6 月该院收治的 112 例子宫肌瘤患者作为研究对象,采用实时荧光定量聚合酶链反应检测子宫肌瘤组织与肌瘤旁组织 miR-203a-3p、CBX8 mRNA 表达水平,免疫组织化学法检测 CBX8 蛋白表达。以子宫肌瘤组织中 miR-203a-3p 表达的中位数为界,将子宫肌瘤患者分为 miR-203a-3p 低表达组和 miR-203a-3p 高表达组。以子宫肌瘤组织中 CBX8 蛋白免疫组化染色的评分为界,将子宫肌瘤患者分为 CBX8 蛋白阴性表达组和阳性表达组。在 Targetscan 数据库中进行 miR-203a-3p、CBX8 靶向关系查询。对 112 例子宫肌瘤患者术后进行 2 年随访,根据随访结果将患者分为复发组与未复发组。采用 Pearson 相关分析子宫肌瘤组织 miR-203a-3p 表达水平与 CBX8 mRNA 表达水平的相关性。采用多因素 Logistic 回归分析子宫肌瘤患者术后复发的影响因素。结果 子宫肌瘤组织中 miR-203a-3p 表达水平明显低于肌瘤旁组织,CBX8 mRNA 表达水平明显高于肌瘤旁组织,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。CBX8 蛋白阳性率(45.54%,51/112)明显高于肌瘤旁组织(21.43%,24/112),差异有统计学意义($\chi^2 = 14.613, P < 0.05$)。Pearson 相关分析结果显示,子宫肌瘤组织中 miR-203a-3p 表达水平与 CBX8 mRNA 表达水平呈负相关($r = -0.562, P < 0.05$)。Targetscan 数据库检索结果显示,miR-203a-3p 与 CBX8 存在特异性结合位点。miR-203a-3p 低表达组、高表达组均纳入 56 例患者。miR-203a-3p 低表达组与高表达组肿瘤最大径、肌瘤数目、生殖道炎、月经紊乱情况比较,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。CBX8 蛋白阴性表达组纳入 61 例患者,阳性表达组纳入 51 例患者。CBX8 蛋白阴性表达组、阳性表达组肿瘤最大径、肌瘤数目、生殖道炎、月经紊乱情况比较,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。子宫肌瘤患者随访率为 100%,术后复发组纳入 41 例患者,未复发组纳入 71 例患者,复发率为 36.61%。两组肌瘤最大径、肌瘤数目、生殖道炎、月经紊乱情况及 CBX8 mRNA、miR-203a-3p 水平比较,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。多因素 Logistic 回归分析结果显示,肌瘤最大径 ≥ 3 cm、肌瘤数目多发、CBX8 mRNA 表达水平升高、有生殖道炎、有月经紊乱为子宫肌瘤患者术后复发的危险因素($P < 0.05$),miR-203a-3p 表达水平升高为子宫肌瘤患者术后复发的保护因素($P < 0.05$)。结论 子宫肌瘤组织中 miR-203a-3p 表达水平降低,CBX8 mRNA 表达水平升高,与临床病理特征及复发密切相关,可能作为子宫肌瘤诊断以及预后评估的标志物。

关键词:子宫肌瘤; 微小 RNA-203a-3p; 染色体结合蛋白 8; 预后; 相关性

中图分类号:R737.33;R446.6

文献标志码:A

文章编号:1672-9455(2024)20-2958-07

Expression levels and clinical significance of miR-203a-3p and CBX8 in uterine leiomyoma*

CHEN Xiaolan, LEI Xia, PI Fali

Department of Obstetrics and Gynecology, Dongxing District People's Hospital of Neijiang, Neijiang, Sichuan 641100, China

Abstract: Objective To investigate the expression levels and clinical significance of microRNA (miR)-203a-3p and chromosome binding protein 8 (CBX8) in uterine leiomyoma. **Methods** A total of 112 patients with uterine leiomyoma admitted to the hospital from June 2019 to June 2021 were selected as the research objects. The expression levels of miR-203a-3p and CBX8 in uterine leiomyoma tissues and adjacent leiomyoma tissues were detected by real-time fluorescence quantitative polymerase chain reaction, and the expression of

* 基金项目:四川省卫生健康委员会科研课题(19PJ021)。

作者简介:陈小兰,女,主治医师,主要从事子宫肌瘤方面的研究。

CBX8 protein was detected by immunohistochemistry. According to the median expression of miR-203a-3p in uterine leiomyoma tissues, the patients with uterine leiomyoma were divided into miR-203a-3p low expression group and miR-203a-3p high expression group. According to the score of CBX8 protein immunohistochemical staining in uterine leiomyoma tissues, the patients with uterine fibroids were divided into CBX8 protein negative expression group and CBX8 protein positive expression group. The Targeting relationship between miR-203a-3p and CBX8 mRNA was queried in the Targetscan database. A total of 112 patients with uterine fibroids were followed up for 2 years after operation. According to the follow-up results, the patients were divided into recurrence group and non-recurrence group. Pearson correlation was used to analyze the correlation between the expression levels of miR-203a-3p and CBX8 mRNA in uterine leiomyoma tissue. Multivariate Logistic regression was used to analyze the influencing factors of postoperative recurrence of uterine fibroids.

Results The expression level of miR-203a-3p in uterine leiomyoma tissues was significantly lower than that in adjacent leiomyoma tissues, and the expression level of CBX8 was significantly higher than that in adjacent leiomyoma tissues, and the differences were statistically significant ($P < 0.05$). The positive rate of protein in CBX8 (45.54%, 51/112) was significantly higher than that in adjacent leiomyoma tissues (21.43%, 24/112), and the difference was statistically significant ($\chi^2 = 14.613, P < 0.05$). Pearson correlation analysis showed that the expression levels of miR-203a-3p and CBX8 mRNA in uterine leiomyoma tissues were negatively correlated ($r = -0.562, P < 0.05$). Targetscan database search results showed that there were specific binding sites between miR-203a-3p and CBX8. Fifty-six patients were included in the miR-203a-3p low expression group and high expression group. There were significant differences between the miR-203a-3p low expression group and the high expression group in the maximum diameter of tumor, the number of fibroids, reproductive tract inflammation, and menstrual disorder ($P < 0.05$). There were 61 patients in the CBX8 protein negative expression group and 51 patients in the CBX8 protein positive expression group. There were significant differences in the maximum diameter of tumor, the number of fibroids, the incidence of genital tract inflammation, and menstrual disorder between CBX8 negative expression group and CBX8 positive expression group ($P < 0.05$). The follow-up rate of patients with uterine fibroids was 100%. There were 41 patients in the postoperative recurrence group and 71 patients in the non-recurrence group, and the recurrence rate was 36.61%. There were significant differences in the maximum diameter of fibroids, the number of fibroids, reproductive tract inflammation, menstrual disorder, the levels of CBX8 mRNA and miR-203a-3p between the two groups ($P < 0.05$). Multivariate Logistic regression analysis showed that the maximum diameter of leiomyoma ≥ 3 cm, multiple leiomyoma, increased expression of CBX8 mRNA, reproductive tract inflammation, and menstrual disorder were risk factors for postoperative recurrence of uterine leiomyoma patients ($P < 0.05$). The increased expression level of miR-203a-3p was a protective factor for postoperative recurrence in patients with uterine leiomyoma ($P < 0.05$).

Conclusion The decreased expression level of miR-203a-3p and increased expression level of CBX8 mRNA in uterine leiomyoma tissues are closely related to the clinicopathological characteristics and recurrence, which may be used as a marker for the diagnosis and prognosis evaluation of uterine leiomyoma.

Key words: uterine fibroid; microRNA-203a-3p; chromosome binding protein 8; prognosis; correlation

子宫肌瘤作为一种育龄期女性生殖系统中常见的良性肿瘤,具有较高的发病率^[1]。目前,对于子宫肌瘤的发病机制并不明确,雌激素水平过高可能是子宫肌瘤发病的主要诱因,过高的雌激素能够促进肿瘤细胞的增殖和侵袭^[2-3],临床治疗主要采用激素疗法,但一般较难根治,且预后较差^[4]。因此,寻找新的发

病影响因素,对于子宫肌瘤诊治及预后评估具有积极意义。微小 RNA(miR)-203a-3p 近年来在多种肿瘤中被研究,既往研究表明,miR-203a-3p 在子宫内膜异位症患者血清中呈高表达,对该疾病具有一定的诊断价值^[5]。染色体结合蛋白 8(CBX8)可以参与染色体重构、调控相关基因表达,从而参与细胞增殖等生物

学过程^[6]。既往研究表明, CBX8 在肝细胞癌、结肠癌、宫颈癌等肿瘤细胞中异常表达, 并且在宫颈癌中高表达, 促进肿瘤的复发、转移, 与患者预后不良密切相关^[7-8]。但目前对于 miR-203a-3p、CBX8 在子宫肌瘤中的表达情况及对预后的影响尚不明确。本研究探究了二者在子宫肌瘤组织中的表达与患者临床病理特征、术后复发的关系, 以期为子宫肌瘤预后评估提供科学参考依据。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取 2019 年 6 月至 2021 年 6 月本院收治的 112 例子子宫肌瘤患者作为研究对象, 年龄 32~62 岁, 平均(43.25±8.61)岁; 平均体质量指数(BMI)为(23.23±2.51)kg/m²; 肿瘤最大径 1~7 cm, 均采用手术方式切下子宫肌瘤组织和肌瘤旁组织。纳入标准:(1)子宫肌瘤诊治符合文献^[9]中相关标准;(2)入组前 3 个月内未进行过重大创伤手术;(3)采用子宫肌瘤切除的方法进行治疗。排除标准:(1)合并卵巢肿瘤等生殖系统肿瘤患者;(2)患有凝血功能障碍;(3)临床资料保存不完整;(4)无法进行正常交流以及存在精神失常者。所有研究对象及其家属均知情同意本研究并签署知情同意书。本研究通过本院医学伦理委员会审核批准(20190316)。

1.2 仪器与试剂 Trizol 试剂(北京凯诗源生物科技有限公司)、RNA 提取试剂盒(北京康润诚业生物科技有限公司)、反转录试剂盒(江西艾博因生物科技有限公司)、超低温冰箱(赛默飞世尔科技); CBX8 蛋白抗体(美国 Sigma 公司)。

1.3 方法

1.3.1 标本采集与保存 术中收集子宫肌瘤组织和肌瘤旁组织样本并将其分为两份, 每份 112 例, 一份在液氮环境下快速冷冻, 放于-80℃冰箱中保存, 用于检测 miR-203a-3p、CBX8 mRNA 表达水平。另一份采用石蜡包埋的方式保存, 用于免疫组化法检测 CBX8 蛋白表达。

1.3.2 子宫肌瘤组织与肌瘤旁组织 miR-203a-3p、CBX8 mRNA 表达水平检测 采用实时荧光定量聚合酶链反应检测子宫肌瘤组织和癌旁组织 miR-203a-3p、CBX8 mRNA 的表达水平, 提取子宫肌瘤组织与肌瘤旁组织总 RNA 并转录成 cDNA, 分别以 U6 和 β -actin 为内参, 使用 2^{- $\Delta\Delta$ Ct} 法计算 miR-203a-3p、CBX8 mRNA 的相对表达水平。以子宫肌瘤组织中 miR-203a-3p 表达的中位数为界, 将子宫肌瘤患者分为 miR-203a-3p(\leq 中位数)低表达组和 miR-203a-3p($>$ 中位数)高表达组。见表 1。

表 1 引物序列

基因	正向引物 5'-3'	反向引物 5'-3'
miR-203a-3p	CTCAGACACCATGGGGAGGTGA	ATGATCTTGAGGCTGTGTCATA
CBX8 mRNA	ATCCTGGATGCTCGCTTGCT	GGCTGAGTCACTTCGAAACTCGT
U6	CTCGCTTCGGCAGCACA	AACGCTTCACGAATTTGCGT
β -actin	CGCAAAGACCTGTATGCCAA	CACACAGAGTACTTGCGCTC

1.3.3 子宫肌瘤组织与肌瘤旁组织 CBX8 蛋白表达检测 将石蜡标本切成 4 μ m 左右的切片, 经脱蜡及高温修复(pH 值为 6.0 的柠檬酸缓冲液)后加入 3% 过氧化氢溶液以阻碍内源性过氧化氢酶活, 加入一抗后于 4℃ 孵育过夜, 将一抗去除后, 加入二抗, 室温下孵育 20 min, 经显色、洗涤脱水、封片处理后在光镜下观察组织细胞染色情况。染色强度评分分为: 无染色(0 分)、淡黄色(1 分)、棕黄色(2 分)和棕褐色(3 分); 阳性细胞个数评分分为: $<10\%$ (0 分)、 $10\% \sim 25\%$ (1 分)、 $>25\% \sim 50\%$ (2 分)、 $>50\% \sim 75\%$ (3 分)和 $>75\%$ (4 分)。根据染色强度评分与阳性细胞个数评分的乘积, 分值 <3 分为阴性表达, ≥ 3 分为阳性表达。以子宫肌瘤组织中 CBX8 蛋白免疫组化染色评分(3 分)为界, 将子宫肌瘤患者分为 CBX8 蛋白阴性表达

组和阳性表达组。

1.3.4 miR-203a-3p、CBX8 生物学信息分析 在 TargetsCan 数据库中进行 miR-203a-3p、CBX8 靶向关系查询。

1.3.5 随访 采用电话咨询和患者门诊复查的方式对 112 例子子宫肌瘤患者术后进行 2 年随访, 随访时间从术后开始至 2023 年 6 月。患者出现复发时, 随访结束。根据是否复发将其分为复发组与未复发组。

1.4 统计学处理 采用 SPSS25.0 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, 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, 组间比较采用 χ^2 检验。采用 Pearson 相关分析子宫肌瘤组织 miR-203a-3p 表达水平与 CBX8 mRNA 表达水平的相关性。采用多因

素 Logistic 回归分析子宫肌瘤患者术后复发的影响因素。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 子宫肌瘤组织与肌瘤旁组织 miR-203a-3p、CBX8 mRNA 表达水平比较 子宫肌瘤组织 miR-203a-3p 表达水平明显低于肌瘤旁组织, CBX8 mRNA 表达水平明显高于肌瘤旁组织, 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。见表 2。

表 2 子宫肌瘤组织与肌瘤旁组织 miR-203a-3p、CBX8 mRNA 表达水平比较 ($\bar{x} \pm s$)

组织	n	miR-203a-3p	CBX8 mRNA
肌瘤旁组织	112	1.04 ± 0.25	1.01 ± 0.12
子宫肌瘤组织	112	0.65 ± 0.14	1.53 ± 0.36
t		14.405	-13.363
P		<0.001	<0.001

2.2 子宫肌瘤组织与肌瘤旁组织 CBX8 蛋白表达比较 子宫肌瘤组织中 CBX8 蛋白阳性率 (45.54%, 51/112) 明显高于肌瘤旁组织 (21.43%, 24/112), 差异有统计学意义 ($\chi^2 = 14.613, P < 0.05$)。

2.3 子宫肌瘤组织 miR-203a-3p、CBX8 mRNA 的相关性 Pearson 相关分析结果显示, 子宫肌瘤组织中 miR-203a-3p 表达水平与 CBX8 mRNA 表达水平呈负相关 ($r = -0.562, P < 0.05$)。

2.4 miR-203a-3p、CBX8 靶向关系预测 Targetscan 数据库检索结果显示, miR-203a-3p 与 CBX8 存在特异性结合位点。见图 1。

2.5 miR-203a-3p 低表达组与高表达组临床病理特征比较 miR-203a-3p 低表达组、高表达组均纳入 56 例患者。miR-203a-3p 低表达组与高表达组肿瘤最大

径、肌瘤数目、生殖道炎、月经紊乱情况比较, 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。见表 3。

2.6 CBX8 蛋白阴性表达组、阳性表达组临床病理特征比较 CBX8 蛋白阴性表达组纳入 61 例患者, 阳性表达组纳入 51 例患者。CBX8 蛋白阴性表达组、阳性表达组肿瘤最大径、肌瘤数目、生殖道炎、月经紊乱情况比较, 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。见表 4。

2.7 复发组与未复发组临床病理特征及 miR-203a-3p、CBX8 mRNA 表达水平比较 子宫肌瘤患者随访率为 100%, 术后复发组纳入 41 例患者, 未复发组纳入 71 例患者, 复发率为 36.61%。两组肌瘤最大径、肌瘤数目、生殖道炎、月经紊乱情况及 CBX8 mRNA、miR-203a-3p 水平比较, 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。见表 5。

2.8 多因素 Logistic 回归分析子宫肌瘤患者术后复发的影响因素 以子宫肌瘤患者术后是否复发 (是 = 1, 否 = 0) 为因变量, 以肌瘤最大径 ($< 3 \text{ cm} = 1, \geq 3 \text{ cm} = 0$)、肌瘤数目 (多发 = 1, 单发 = 0)、生殖道炎 (有 = 1, 无 = 0)、月经紊乱 (有 = 1, 无 = 0)、miR-203a-3p (实测值)、CBX8 mRNA (实测值) 为自变量, 采用逐步回归法进行多因素 Logistic 回归分析。结果显示, 肌瘤最大径 $\geq 3 \text{ cm}$ 、肌瘤数目多发、有生殖道炎、有月经紊乱、CBX8 mRNA 表达水平升高为子宫肌瘤患者术后复发的危险因素 ($P < 0.05$), miR-203a-3p 表达水平升高为子宫肌瘤患者术后复发的保护因素 ($P < 0.05$)。见表 6。

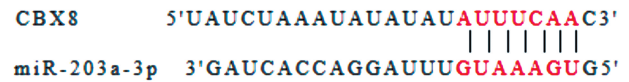


图 1 miR-203a-3p、CBX8 靶向结合位点预测

表 3 miR-203a-3p 低表达组与高表达组临床病理特征比较 [n (%) 或 $\bar{x} \pm s$]

组别	n	年龄(岁)		BMI(kg/m ²)	肌瘤最大径(cm)	
		<45	≥45		<3	≥3
miR-203a-3p 低表达组	56	24(42.86)	32(57.14)	23.54 ± 6.78	19(33.93)	37(66.07)
miR-203a-3p 高表达组	56	34(60.71)	22(39.29)	22.92 ± 5.69	33(58.93)	23(41.07)
χ^2/t		3.576		0.524	7.036	
P		0.059		0.601	0.008	

组别	n	肌瘤数目		肌瘤部位		分娩史	
		单发	多发	浆膜下	肌壁间	有	无
miR-203a-3p 低表达组	56	16(28.57)	40(71.43)	22(39.29)	34(60.71)	50(89.29)	6(10.71)
miR-203a-3p 高表达组	56	33(58.93)	23(41.07)	18(32.14)	38(67.86)	46(82.14)	10(17.86)
χ^2/t		10.485		0.622		1.167	
P		0.001		0.430		0.280	