

[临床研究]

宫颈癌组织 IGHG1、TRIM14 表达及其临床意义

王 微¹,胡美丽¹,张雪芹²,王红红¹,付琳琳¹,许 辉¹

(1.保定市妇幼保健院,河北 保定 071000;2.青岛市西海岸新区中心医院,山东 青岛 266555)

[摘 要]目的 探究宫颈癌组织免疫球蛋白 G1 重链恒定区(IGHG1)、三结构域蛋白 14(TRIM14)的表达及其临床意义。
方法 收集 2019 年 3 月至 2020 年 3 月于保定市妇幼保健院收治的 82 例宫颈癌患者作为研究对象,术中取其肿瘤组织及癌旁组织,并根据 3 年随访情况分为预后良好组与预后不良组。采用免疫组化法检测宫颈癌肿瘤组织与癌旁组织中 IGHG1 和 TRIM14 的蛋白表达水平。采用多因素 Logistic 回归分析影响宫颈癌患者预后的因素,受试者特征工作(ROC)曲线用于分析宫颈癌患者肿瘤组织中 IGHG1 和 TRIM14 蛋白表达水平对预后的预测价值。**结果** 与癌旁组织相比,宫颈癌肿瘤组织中 IGHG1 和 TRIM14 蛋白表达水平显著升高(t 值分别为 34.193、38.697, $P<0.05$)。IGHG1 和 TRIM14 蛋白表达水平与患者 TNM 分期、肿瘤分化程度、淋巴结转移有关(t 值介于 2.092~20.208 之间, $P<0.05$)。与预后良好组相比,预后不良组宫颈癌患者的肿瘤组织中 IGHG1 和 TRIM14 蛋白表达水平显著升高(t 值分别为 8.708、7.534, $P<0.05$)。多因素 Logistic 回归分析显示,IGHG1、TRIM14 蛋白表达是宫颈癌患者发生不良预后的危险因素,其 OR 值及 95%CI 分别为 3.547(2.364~5.322)、7.218(2.027~25.704)。ROC 分析显示 IGHG1、TRIM14 联合预测宫颈癌患者预后的曲线下面积为 0.957,灵敏度和特异度分别为 78.00%和 98.25%。**结论** 宫颈癌患者肿瘤组织中 IGHG1 和 TRIM14 蛋白水平高表达,与预后有关,可能是宫颈癌预后评估的生物标志物。

[关键词]宫颈癌;免疫球蛋白 G1 重链恒定区;三结构域蛋白 14;预后
Doi:10.3969/j.issn.1673-5293.2024.01.011
[中图分类号]R173 **[文献标识码]**A **[文章编号]**1673-5293(2024)01-0067-07

The expression and clinical significance of IGHG1 and TRIM14 in cervical cancer tissue

WANG Wei¹, HU Meili¹, ZHANG Xueqin², WANG Honghong¹, FU Linlin¹, XU Hui¹

(1.*Baoding Maternal and Child Health Hospital, Hebei Baoding 071000, China*;

2.*Qingdao West Coast New Area Central Hospital, Shandong Qingdao 266555, China*)

[Abstract] **Objective** To investigate the expression and clinical significance of immunoglobulin G1 heavy chain constant region (IGHG1) and tripartite motif-containing 14 (TRIM14) in cervical cancer tissue. **Methods** A total of 82 cervical cancer patients admitted to Baoding Maternal and Child Health Hospital from March 2019 to March 2020 were collected as study subjects, tumor tissues and adjacent tissues were taken during surgery, and they were separated into good prognosis group and poor prognosis group according to the 3-year follow-up. Immunohistochemical method was applied to detect the protein expression levels of IGHG1 and TRIM14 in cervical cancer tumor tissues and adjacent tissues. Multivariate Logistic regression was applied to analyze the factors affecting the prognosis of patients with cervical cancer. Receiver operating characteristic (ROC) curve was applied to analyze the predictive value of IGHG1 and TRIM14 protein expression levels in tumor tissue of cervical cancer patients on prognosis. **Results** Compared with adjacent tissues, the expression levels of IGHG1 and TRIM14 protein in cervical cancer tumor tissues were significantly higher ($t = 34.193$ and 38.697 , respectively, $P < 0.05$). The expression levels of IGHG1 and TRIM14 proteins were related to TNM staging, tumor differentiation degree, and lymph node metastasis in patients (t values ranged from 2.092 to 20.208, $P < 0.05$). Compared with the good prognosis group, the expression levels of IGHG1 and TRIM14 protein in poor prognosis group were obviously increased in the tumor tissue of cervical cancer patients ($t = 8.708$ and 7.534 , respectively, $P < 0.05$). The results of multivariate Logistic regression analysis showed that IGHG1 and TRIM14 protein were risk factors for poor prognosis in cervical cancer patients, the OR and 95%CI were 3.547 (2.364-5.322) and 7.218 (2.027-25.704), respectively. ROC analysis showed that the area under the curve of IGHG1 and TRIM14 combined to predict the prognosis of cervical cancer patients was 0.957, with a

[收稿日期]2023-07-03
[作者简介]王 微(1980—),女,副主任医师,主要从事妇科研究。
[通讯作者]胡美丽,副主任医师。

sensitivity and specificity of 78.00% and 98.25%, respectively. **Conclusion** High expression of IGHG1 and TRIM14 protein levels in tumor tissues of cervical cancer patients is related to the prognosis and may be a biomarker for evaluating the prognosis of cervical cancer.

[Key words] cervical cancer; immunoglobulin G1 heavy chain constant region; tripartite motif-containing 14; prognosis

宫颈癌是妇科常见的恶性肿瘤。近年来,宫颈癌发病率和死亡率逐年上升,且患病人群趋于年轻化,直接影响了妇女的身心健康^[1-2]。宫颈癌疫苗的上市一定程度上降低了宫颈癌的发病率,但 HPV 感染筛查率仍然较低,宫颈癌患者存活率没有得到有效提高^[3]。宫颈癌患者预后较差,术后易复发,因此,寻找准确评估宫颈癌患者预后的生物标志物对提高宫颈癌防治能力具有重要意义^[4]。免疫球蛋白 G1 重链恒定区 (immunoglobulin G1 heavy chain constant region, IGHG1) 是免疫球蛋白 IgG 的亚型之一,研究发现其参与多种肿瘤的发生与发展,与肿瘤细胞的增殖、迁移、侵袭和上皮间质转化等过程密切相关,与肿瘤来源的 IgG 呈正相关^[5-6]。三结构域蛋白 14 (tripartite motif-containing 14, TRIM14) 是一种与感染和免疫调节相关的蛋白质,近期研究发现其在多种肿瘤组织中异常表达,参与恶性肿瘤的迁移、侵袭、血管生成等恶性生物学行为^[7-8]。但 IGHG1、TRIM14 蛋白在宫颈癌组织中的表达和临床意义还尚未见相关研究。因此,本研究通过检测宫颈癌组织 IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平,分析两者的临床意义。

1 资料与方法

1.1 研究对象

选取 2019 年 3 月至 2020 年 3 月保定市妇幼保健院收治的新诊断的 82 例宫颈癌患者作为研究对象,患者年龄 25~78 岁,平均 (58.50±5.34) 岁。研究对象纳入标准:①经妇科检查,影像学和宫颈组织病理学检查等初次确诊为宫颈癌;②均拟进行宫颈癌根治性切除术;③外科手术切除前未经过任何形式的抗肿瘤治疗;④根据 FIGO 的分期标准^[9] 显示病情已进入临床分期 I~III 期;⑤有完整的临床病理资料;⑥患者本人及家属知晓并同意,本人自愿签署同意书。排除标准:①伴有其他妇科疾病者;②合并其他恶性肿瘤者;③合并严重感染者;④随访时间不足 1 个月或院内死亡者;⑤妊娠或哺乳期妇女;

⑥伴有心、肝、肾等重要器官严重功能障碍者;⑦精神状态异常者;⑧合并自身免疫性疾病者。本研究符合相应人体实验伦理原则和规范,已得到我院的伦理委员会批准 (2020-A109)。

1.2 研究方法

1.2.1 主要试剂与仪器

二步法试剂盒、DAB 显色试剂盒、山羊血清购自北京中杉金桥生物技术有限公司;兔抗人 IGHG1、TRIM14 抗体购自美国 Abcam 公司。

1.2.2 一般资料的收集

收集所有研究对象的临床资料,包括年龄、肿瘤直径、肿瘤病理类型、肿瘤分化程度、TNM 分期、淋巴转移、生育、绝经等资料。

1.2.3 组织样本的采集与储存

所有宫颈癌患者入院后均在术中取部分肿瘤组织与癌旁组织 (≥肿瘤边缘 5cm), 于 -80℃ 冻存,待测。

1.2.4 免疫组化法检测宫颈癌肿瘤组织与癌旁组织 IGHG1、TRIM14 蛋白表达

取样本制备组织切片,之后进行脱蜡、水化、抗原修复,除去内源性过氧化物酶,在室温下用山羊血清封闭 30min。之后加入 IGHG1 (1:200)、TRIM14 (1:200) 一抗孵育过夜。次日加入二抗室温下继续孵育 2h,之后 PBS 洗涤,加入 DAB 显色液显色 3min,加入自来水终止显色。经苏木精复染、脱水、透明,用中性树胶进行封片。显微镜下观察 IGHG1、TRIM14 蛋白的表达情况。若呈阳性表达,则细胞质或细胞核被染成棕黄色,若为阴性表达,则为蓝色。光镜下随机选取 5 个视野,以阳性细胞百分数评价 IGHG1、TRIM14 蛋白的表达情况。

1.2.5 随访

所有宫颈癌患者术后通过电话或门诊接受 3 年的规律随访,每月随访 1 次,统计患者 3 年的生存情况,随访截止到 2023 年 3 月。并依据患者存活情况分为预后良好组 (存活时间 ≥3 年) 与预后不良组 (存

活时间<3 年)^[10]。

1.3 统计学方法

采用 SPSS 25.0 进行数据分析。符合正态分布的计量资料采用均值±标准差($\bar{x} \pm s$)表示。组间比较采用独立样本 t 检验。计量资料以例数 n 表示,组间比较采用 χ^2 检验。多因素 Logistic 回归分析宫颈癌患者预后的影响因素。使用受试者工作特征(ROC)曲线分析肿瘤组织中 IGHG1、TRIM14 水平对宫颈癌预后的预测价值,曲线下面积(AUC)的比较采用 Z 检验。 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 癌旁组织与肿瘤组织 IGHG1、TRIM14 蛋白表达比较

如表 1 和图 1、2 所示,与癌旁组织相比,宫颈癌患者的肿瘤组织中 IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平

均显著升高,且具有显著性差异($P<0.05$)。

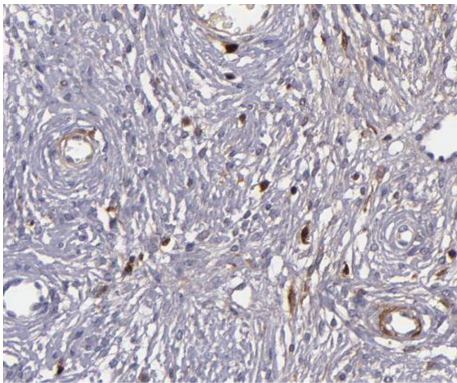
2.2 IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平与患者临床病理特征的关系

如表 2 所示,IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平与患者年龄、肿瘤直径、肿瘤病理类型、绝经、生育情况等无关($P>0.05$);与 TNM 分期、肿瘤分化程度、淋巴转移有关($P<0.05$)。

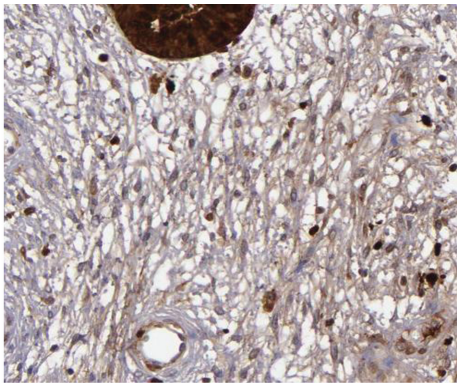
表 1 癌旁组织与肿瘤组织中 IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平比较 ($\bar{x} \pm s$)

Table 1 Comparison of protein expression levels of IGHG 1 and TRIM14 in adjacent tissues and tumor tissues ($\bar{x} \pm s$)

组别	例数	IGHG1(%)	TRIM14(%)
癌旁组织	82	23.45±3.14	14.53±1.76
肿瘤组织	82	45.33±4.87	32.62±3.85
t	—	34.193	38.697
P	—	<0.001	<0.001

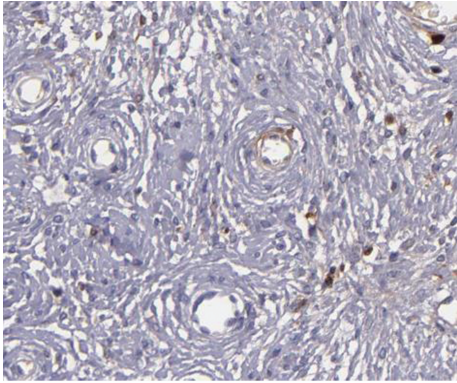


癌旁组织

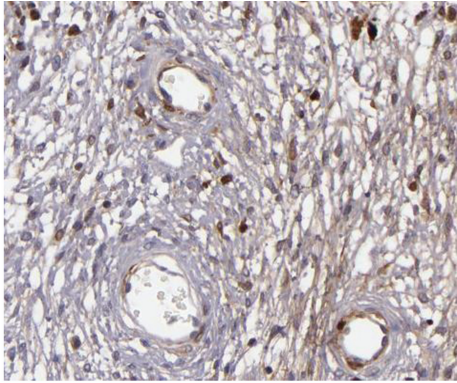


肿瘤组织

图 1 免疫组化法检测癌旁组织与宫颈癌肿瘤组织中 IGHG1 蛋白表达(×400)
Fig.1 Detection of IGHG1 protein expression in adjacent tissues and cervical tumor tissues by immunohistochemical method (×400)



癌旁组织



肿瘤组织

图 2 免疫组化法检测癌旁组织与宫颈癌肿瘤组织中 TRIM14 蛋白表达(×400)
Fig.2 Detection of TRIM14 protein expression in adjacent tissues and cervical tumor tissues by immunohistochemical method (×400)

表 2 IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平与患者临床病理特征的关系 ($\bar{x} \pm s$)

Table 2 Relationship between protein expression levels of IGHG1 and TRIM14 and clinicopathological characteristics of patients ($\bar{x} \pm s$)

临床指标	n	IGHG1(%)	<i>t</i>	<i>P</i>	TRIM14(%)	<i>t</i>	<i>P</i>
年龄(岁)			1.512	0.134		1.765	0.081
≥ 50	63	45.94 $\pm$ 4.92			34.03 $\pm$ 3.89		
< 50	19	43.31 $\pm$ 4.72			32.25 $\pm$ 3.72		
肿瘤直径			0.450	0.654		0.490	0.625
$< 4\text{cm}$	54	45.16 $\pm$ 4.81			32.47 $\pm$ 3.80		
$\geq 4\text{cm}$	28	45.67 $\pm$ 4.98			32.91 $\pm$ 3.96		
肿瘤病理类型			0.129	0.897		0.146	0.885
鳞癌	67	45.30 $\pm$ 4.83			32.59 $\pm$ 3.82		
腺癌	15	45.48 $\pm$ 5.05			32.75 $\pm$ 3.97		
肿瘤分化程度			2.092	0.040		5.420	< 0.001
高分化	32	43.92 $\pm$ 4.54			29.72 $\pm$ 3.27		
中、低分化	50	46.23 $\pm$ 5.08			34.48 $\pm$ 4.22		
淋巴结转移			6.699	< 0.001		14.036	< 0.001
是	36	49.41 $\pm$ 5.26			39.54 $\pm$ 4.87		
否	46	42.13 $\pm$ 4.57			27.20 $\pm$ 3.05		
TNM 分期			11.517	< 0.001		20.208	< 0.001
I ~ II 期	30	37.11 $\pm$ 4.13			21.18 $\pm$ 3.10		
III 期	52	50.07 $\pm$ 5.30			39.22 $\pm$ 4.28		
绝经			1.303	0.196		1.486	0.141
是	45	44.69 $\pm$ 4.70			32.05 $\pm$ 3.74		
否	37	46.10 $\pm$ 5.08			33.32 $\pm$ 3.98		
生育			0.171	0.865		0.241	0.810
是	70	45.29 $\pm$ 4.84			32.58 $\pm$ 3.82		
否	12	45.55 $\pm$ 5.02			32.87 $\pm$ 4.03		

2.3 预后良好组与预后不良组肿瘤组织 IGHG1、TRIM14 蛋白表达的比较

如表 3 和图 3、4 所示,预后不良的发生率为 30.49%(25/82)。与预后良好组相比,预后不良组患者肿瘤组织中 IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平显著升高($P < 0.05$)。

表 3 预后良好组与预后不良组肿瘤组织中 IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平比较 ($\bar{x} \pm s$)

Table 3 Comparison of protein expression levels of IGHG 1 and TRIM14 in tumor tissues of the good and poor prognosis groups ($\bar{x} \pm s$)

组别	例数	IGHG1(%)	TRIM14(%)
预后良好组	57	42.23 $\pm$ 4.75	30.48 $\pm$ 3.50
预后不良组	25	52.41 $\pm$ 5.15	37.50 $\pm$ 4.66
<i>t</i>	—	8.708	7.534
<i>P</i>	—	< 0.001	< 0.001

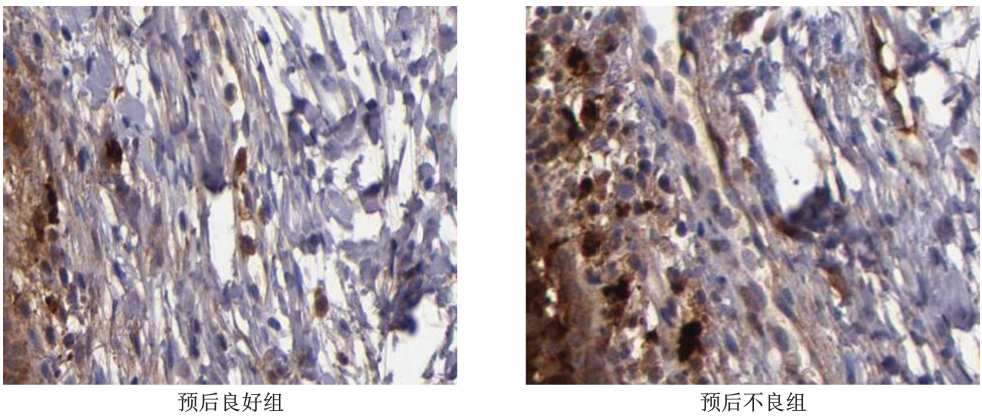


图 3 免疫组化法检测预后良好组与预后不良组肿瘤组织中 IGHG1 蛋白表达(×400)

Fig.3 Detection of IGHG1 protein expression in tumor tissues of good prognosis group and poor prognosis group by immunohistochemical method(×400)

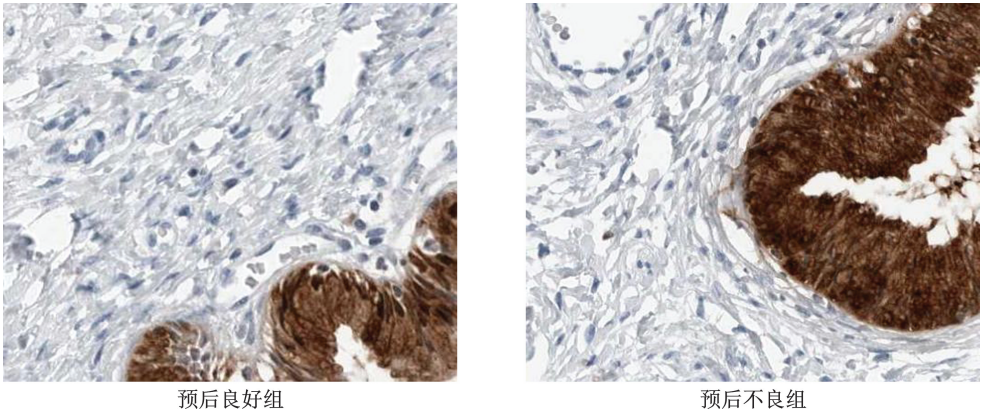


图 4 免疫组化法检测预后良好组与预后不良组肿瘤组织中 TRIM14 蛋白表达(×400)

Fig.4 Detection of TRIM14 protein expression in tumor tissues of good prognosis group and poor prognosis group by immunohistochemical method (×400)

2.4 多因素 Logistic 回归分析宫颈癌患者预后的影响因素

以患者 3 年内是否死亡为因变量,以 IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平为自变量进行多因素 Logistic 回归分析,结果显示,IGHG1、TRIM14 是宫颈癌患者发生不良预后的危险因素($P<0.05$),见表 4、5。

表 4 变量赋值方式

Table 4 Variable assignment methods	
变量	赋值方式
患者 3 年内是否死亡	死亡=1;存活=0
IGHG1	实测值
TRIM14	实测值

表 5 多因素 Logistic 回归分析宫颈癌患者预后的影响因素

Table 5 Multivariate Logistic regression analysis of factors affecting the prognosis of patients with cervical cancer						
影响因素	β	S.E.	Wald χ^2	P	OR	95%CI
IGHG1	1.266	0.207	37.411	<0.001	3.547	2.364~5.322
TRIM14	1.977	0.648	9.304	0.002	7.218	2.027~25.704

2.5 IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平对宫颈癌患者预后的价值分析

如表 6 和图 5 所示,IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平与二者联合预测宫颈癌患者预后的 AUC 分别

为 0.947、0.793 与 0.957,二者联合优于 TRIM14 蛋白单独预测($Z_{\text{二者联合-TRIM14}}=2.383, P=0.017$),与 IGHG1 蛋白表达水平单独预测预后的 AUC 相比无显著性差异($Z_{\text{二者联合-IGHG1}}=1.089, P=0.276$)。

表 6 肿瘤组织 IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平对宫颈癌患者预后的价值分析

Table 6 Value analysis of IGHG1 and TRIM14 protein expression levels in tumor tissues for the prognosis of cervical cancer patients

变量	AUC	截断值(%)	95%CI	灵敏度(%)	特异度(%)	Youden 指数
IGHG1	0.947	48.23	0.874~0.984	88.00	86.00	0.740
TRIM14	0.793	32.93	0.689~0.874	80.00	75.44	0.554
二者联合	0.957	—	0.888~0.990	78.00	98.25	0.763

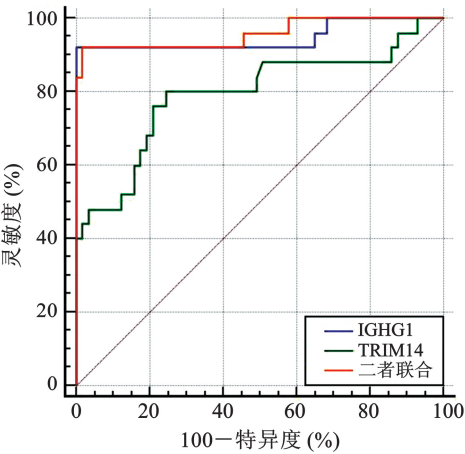


图 5 肿瘤组织 IGHG1、TRIM14 蛋白表达水平预测宫颈癌患者预后的 ROC 曲线

Fig.5 ROC curve of tumor tissue IGHG1 and TRIM14 protein expression levels for predicting the prognosis of cervical cancer patients

3 讨论

宫颈癌是妇科常见的三大恶性肿瘤之一，全球每年的宫颈癌病例高达 50 万，中国确诊人数占全球的 25%，严重威胁着女性的生命健康^[11]。宫颈癌通常在中晚期被确诊，5 年生存率为 66%，晚期的存活率仅为 17%^[12]。宫颈癌患者临床结局差异较大，若不及时进行干预，患者发生不良预后的可能性将会增加，对提高患者存活率带来不利影响。因此，寻找分子标志物来准确评估宫颈癌患者的预后具有重要的临床意义。

3.1 IGHG1 在宫颈癌中的表达

IgG 存在于多种上皮来源的肿瘤细胞如肺癌、肝癌、乳腺癌等中，而 IGHG1 是位于 14 号染色体的一种蛋白质编码基因，是 IgG 的一种亚型^[13]。有证据表明，IGHG1 在许多癌细胞中异常表达，且其异常表达与肿瘤的发生发展息息相关^[14]。Li 等^[15]研究发现 IGHG1 在胃癌组织和细胞中表达明显升高，且 IGHG1 能作为癌基因促进胃癌细胞增殖、迁移和

化疗耐药。Jin 等^[16]研究发现沉默 IGHG1 减弱了乳腺癌细胞的活力、侵袭、上皮间质转化，增强了其凋亡的能力，IGHG1 能通过激活 AKT 途径促进乳腺癌的恶性发展。吴遥西等^[17]研究发现沉默 IGHG1 基因后，膀胱癌 EJ 细胞的增殖和迁移水平降低，细胞凋亡率增加。本研究结果显示，与癌旁组织相比，宫颈癌患者肿瘤组织 IGHG1 蛋白表达显著升高；对宫颈癌患者进行预后价值分析结果显示，预后不良组宫颈癌患者肿瘤组织 IGHG1 蛋白表达显著高于预后良好组宫颈癌患者。对临床病理特征进行比较发现，IGHG1 蛋白表达水平与患者与 TNM 分期、肿瘤分化程度、淋巴结转移有关。这些结果提示 IGHG1 可能参与宫颈癌的发生发展，对宫颈癌的进展具有促进作用，且其水平升高可提示患者发生不良预后的风险增加。

3.2 TRIM14 在宫颈癌中的表达水平及临床意义

TRIM14 是 TRIM 的家族成员，位于染色体 9q22，已有大量研究证明其在肝癌、结肠癌、乳腺癌等肿瘤组织中表达上调，促进肿瘤增殖、迁移、侵袭、耐药等一系列恶性生物学行为^[18]。Hu 等^[19]研究发现 TRIM14 在乳腺癌组织和细胞系中表达上调，沉默 TRIM14 的表达可抑制细胞增殖，促进细胞凋亡，说明 TRIM14 能作为乳腺癌癌基因促进肿瘤进展。Chen 等^[20]研究发现 TRIM14 在结直肠癌中表达显著上调，且与患者的不良预后呈正相关，能够促进结直肠癌细胞的增殖、迁移、侵袭等过程。余道武等^[21]研究发现胰腺癌组织中 TRIM14 的表达异常升高，且与患者的临床病理特征与预后相关，可以作为预后的评估指标。本研究结果显示，与癌旁组织相比，宫颈癌患者肿瘤组织 TRIM14 蛋白表达水平显著升高；与预后良好组相比，预后不良组宫颈癌患者肿瘤组织 TRIM14 蛋白表达水平显著升高，且其表达与 TNM 分期、肿瘤分化程度、淋巴结转移有

关。这些结果说明 TRIM14 与宫颈癌的病情进展有密切关系,且水平升高提示病情严重,预后较差。

本研究 ROC 曲线分析显示,肿瘤组织 IGHG1 与 TRIM14 蛋白表达水平联合评估宫颈癌患者预后的 AUC 为 0.957,优于 TRIM14 单独预测宫颈癌患者预后的 AUC。多因素 Logistic 回归分析结果显示,IGHG1 与 TRIM14 是宫颈癌患者发生不良预后的危险因素。这些结果说明 IGHG1 与 TRIM14 蛋白表达水平对宫颈癌患者预后预测具有一定价值。

综上所述,宫颈癌患者肿瘤组织中 IGHG1 和 TRIM14 蛋白高表达,其与宫颈癌患者预后有关,可能是宫颈癌预后评估的生物标志物。然而,本研究还存在不足之处,IGHG1 和 TRIM14 对宫颈癌病情进展的影响机制还尚未明确,还需进一步研究。

[参考文献]

[1]Sung H,Ferlay J,Siegel R L,et al.Global Cancer Statistics 2020:GLOBOCANestimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries[J].CA Cancer J Clin,2021,71(3):209-249.

[2]蔡会龙,原伟光.全球及我国宫颈癌流行现状及防治策略[J].临床肿瘤学杂志,2023,28(1):90-93.

[3]汪英,王军,徐源佑,等.江苏省启东市 1977—2016 年宫颈癌生存率趋势分析[J].中国肿瘤,2022,31(10):782-786.

[4]阮俊霞,王成群,杨柏柳.宫颈癌组织中 MiR-1287-5p、HOXA7 表达及临床意义[J].中国计划生育学杂志,2023,31(2):424-428,433.

[5]周阳贞,童伟.IGHG1 在胰腺癌中表达及其对胰腺癌细胞生物学行为的影响[J].中华内分泌外科杂志,2022,16(2):211-215.

[6]Qian J, Ji F, Ye X, et al. IGHG1 promotes motility likely through epithelial-mesenchymal transition in ovarian cancer[J].Chin J Cancer Res,2018,30(2):282-290.

[7]Diao W, Zhu C, Guo Q, et al. Tripartite motif-containing 14 regulates cell proliferation and apoptosis in cervical cancer via the Akt signaling pathway[J].Mol Med Rep, 202,28(5):213.

[8]张军,吴淑宁,陈嘉丽,等.miR-363-5p 靶向 TRIM14 对化疗药物诱导的乳腺癌细胞系凋亡的影响[J].中南医学科学杂志,2022,50(6):823-827.

[9]中国抗癌协会妇科肿瘤专业委员会.子宫颈癌诊断与治疗指南(2021 年版)[J].中国癌症杂志,2021,31(6):474-489.

[10]王秋梅,刘晓庆,孙姗姗,等.血清 HMGB1 和 SAA 对宫颈癌术后发生预后不良的诊断价值[J].检验医学与临床,2023,20(6):797-800,804.

[11]赫捷,魏文强.2019 年中国肿瘤登记年报[M].北京:人民卫生出版社,2021.

[12] American Cancer Society. Survival rate for cervical cancer [EB/OL]. <https://www.cancer.org/cancer/types/cervical-cancer/detection-diagnosis-staging/survival.html>,2023-03-01.

[13]Yang G, Li G, Du X, et al. Down-regulation of IGHG1 enhances protoporphyrin IX accumulation and inhibits heme biosynthesis in colorectal cancer by suppressing the MEK-FECH axis[J].Open Life Sci, 2021, 16(1): 930-936.

[14]Tian Y, Han W, Fu L, et al. Silencing of IGHG1 reverses the resistance of pancreatic cancer to multidrug chemotherapy by modulating autophagy [J]. Environ Toxicol,2023,38(8):1835-1845.

[15]Li X, Chen W, Yang C, et al. IGHG1 upregulation promoted gastric cancer malignancy via AKT/GSK-3 β / β -Catenin pathway[J].Cancer Cell Int,2021,21(1):397.

[16]Jin Y, Qiu L, Bao W, et al. High expression of IGHG1 promotes breast cancer malignant development by activating the AKT pathway[J].Cell Cycle, 2023, 22(6): 718-731.

[17]吴遥西,李浩勇,周治彦,等.IGHG1 基因对膀胱癌细胞增殖凋亡及迁移的影响[J].中国现代医学杂志,2018,28(11):15-21.

[18]Chen J, Huang L, Quan J, et al. TRIM14 regulates melanoma malignancy via PTEN/PI3K/AKT and STAT3 pathways[J].Aging (Albany NY), 2021, 13(9): 13225-13238.

[19]Hu G, Pen W, Wang M. TRIM14 promotes breast cancer cell proliferation by inhibiting apoptosis[J].Oncol Res, 2019,27(4):439-447.

[20]Chen Q, Zhou L, Ma D, et al. LncRNA GAS6-AS1 facilitates tumorigenesis and metastasis of colorectal cancer by regulating TRIM14 through miR-370-3p/miR-1296-5p and FUS[J].J Transl Med,2022,20(1):356.

[21]余道武,余天雾,苟毅,等.胰腺癌组织 ICAM-1、LRG1、TRIM14 的表达及临床意义[J].临床误诊误治,2022,35(3):49-53.

[专业责任编辑:安瑞芳]
[中文编辑:张博星;英文编辑:孙兰迪]