

宫颈癌患者血清 FOXQ1 和 CEACAM19 表达水平检测的临床早期诊断价值研究

邹清靖, 陈燕, 吴小玲, 居文惠 (荆州市中心医院妇科, 湖北荆州 434000)

摘要: 目的 探讨血清叉头框蛋白 Q1(fork-head box Q1, FOXQ1) 和癌胚抗原相关细胞黏附分子 19(carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 19, CEACAM19) 联合检测对宫颈癌的早期诊断价值。方法 选取 2019 年 1 月~2022 年 8 月荆州市中心医院收治的 120 例宫颈癌患者、120 例宫颈上皮内瘤变 (cervical intraepithelial neoplasias, CIN) 患者分别为宫颈癌组、CIN 组, 另选取同期 120 例健康体检者为健康组。比较宫颈癌组、CIN 组和健康组血清 FOXQ1, CEACAM19 水平; 分析血清 FOXQ1, CEACAM19 水平与宫颈癌临床病理特征的关系; 受试者工作特征 (receiver operating characteristic, ROC) 曲线分析血清 FOXQ1 和 CEACAM19 对宫颈癌的早期诊断价值; Logistic 回归分析宫颈癌发生的影响因素。结果 与健康组比较, CIN 组和宫颈癌组血清 FOXQ1 (6.48 ± 2.16 ng/ml, 11.21 ± 3.74 ng/ml vs 0.52 ± 0.17 ng/ml) 和 CEACAM19 (54.93 ± 13.75 ng/L, 87.17 ± 21.80 ng/L vs 31.29 ± 7.82 ng/L) 水平升高, 差异有统计学意义 ($t=30.133, 31.279; 16.371, 26.431$, 均 $P < 0.05$); 与 CIN 组比较, 宫颈癌组血清 FOXQ1 和 CEACAM19 水平升高, 差异有统计学意义 ($t=11.997, 13.703$, 均 $P < 0.05$)。与高分化比较, 低、中分化的宫颈癌患者血清 FOXQ1 (14.56 ± 4.85 ng/ml vs 7.38 ± 2.46 ng/ml), CEACAM19 (96.87 ± 32.29 ng/L vs 76.08 ± 25.36 ng/L) 水平升高, 差异有统计学意义 ($t=10.415, 3.945$, 均 $P < 0.05$)。血清 FOXQ1, CEACAM19 诊断宫颈癌的曲线下面积 (area under curve, AUC) 分别为 0.878, 0.887, FOXQ1 和 CEACAM19 联合诊断宫颈癌的 AUC 为 0.942, 其敏感度和特异度分别为 86.7%, 92.1%。血清 FOXQ1 和 CEACAM19 水平升高与宫颈癌发生相关 [OR (95%CI) =2.435(1.545 ~ 3.837), 2.382(1.563 ~ 3.630), $P=0.003$]。结论 宫颈癌患者血清 FOXQ1 和 CEACAM19 水平较高, 二者联合检测有助于宫颈癌的早期诊断及临床筛查。

关键词: 宫颈癌; 叉头框蛋白; 癌胚抗原相关细胞黏附分子 19; 早期诊断

中图分类号: R737.33; R730.43 文献标识码: A 文章编号: 1671-7414 (2023) 03-154-05

doi:10.3969/j.issn.1671-7414.2023.03.028

Study on the Clinical Early Diagnostic Value of Serum FOXQ1 and CEACAM19 Expression Levels in Patients with Cervical Cancer

ZOU Qing-jing, CHEN Yan, WU Xiao-ling, JU Wen-hui

(Department of Gynaecology, Jingzhou Central Hospital, Hubei Jingzhou 434000, China)

Abstract: Objective To investigate the value of combined detection of serum fork-head box Q1 (FOXQ1) and carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 19 (CEACAM19) in the early diagnosis of cervical cancer. **Methods** A total of 120 patients with cervical cancer and 120 patients with cervical intraepithelial neoplasias (CIN) treated in Jingzhou Central Hospital from January 2019 to August 2022 were selected as cervical cancer group and CIN group respectively, and 120 healthy people were selected as healthy group in the same period. The levels of serum FOXQ1 and CEACAM19 in cervical cancer group, CIN group and healthy group were compared. The relationship between serum FOXQ1, CEACAM19 levels and clinicopathological characteristics of cervical cancer was analyzed. Receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was used to analyze the value of serum FOXQ1 and CEACAM19 in early diagnosis of cervical cancer, and Logistic regression analysis was used to analyze the influencing factors of cervical cancer. **Results** Compared with the healthy group, the serum FOXQ1 (6.48 ± 2.16 ng/ml, 11.21 ± 3.74 ng/ml vs 0.52 ± 0.17 ng/ml) and CEACAM19 (54.93 ± 13.75 ng/L, 87.17 ± 21.80 ng/L vs 31.29 ± 7.82 ng/L) levels in CIN group and cervical cancer group were significantly higher, and the differences were statistically significant ($t=30.133, 31.279; 16.371, 26.431$, all $P < 0.05$). Compared with CIN group, the levels of serum FOXQ1 and CEACAM19 in cervical cancer group were significantly higher, the differences were statistically significant ($t=11.997, 13.703$, all $P < 0.05$). Compared with well differentiated cervical cancer patients, the levels of serum FOXQ1 (14.56 ± 4.85 ng/ml vs 7.38 ± 2.46 ng/ml) and CEACAM19 (96.87 ± 32.29 ng/L vs 76.08 ± 25.36 ng/L) in patients with poorly and moderately differentiated cervical cancer were significantly higher, and the differences were statistically significant ($t=10.415, 3.945$, all

$P < 0.05$). The area under curve (AUC) of serum FOXQ1 and CEACAM19 in the diagnosis of cervical cancer was 0.878 and 0.887, respectively, the AUC of FOXQ1 combined CEACAM19 in the diagnosis of cervical cancer was 0.942, with a sensitivity and a specificity of 86.7%, 92.1%, respectively. The increases of serum FOXQ1 and CEACAM19 levels were associated with cervical cancer [OR (95%CI)=2.435(1.545 ~ 3.837), 2.382(1.563 ~ 3.630), $P=0.003$]. **Conclusion** The levels of serum FOXQ1 and CEACAM19 in patients with cervical cancer were high. The detection of serum FOXQ1 and CEACAM19 levels is helpful to the diagnosis of early cervical cancer, and the combination of the two is more valuable for the early diagnosis of cervical cancer, which is more helpful for clinical screening of early cervical cancer patients.

Keywords: cervical cancer; fork-head box; carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 19; early diagnosis

宫颈癌(cervical cancer)早期无明显症状,当机体出现明显症状时,病情多已发展至中晚期,患者预后较差^[1-2]。目前,临床仍以病理学检查结果为判定宫颈癌的金标准,但病理学检查有创伤性,患者在早期不易接受该项检查,进而延误宫颈癌的诊断^[3]。传统肿瘤标志物也常用于诊断宫颈癌,但其诊断价值较低,漏诊率较高^[4-5]。因此,寻找可简便、有效诊断早期宫颈癌的方法甚是重要。叉头框蛋白Q1(fork-head box Q1, FOXQ1)可调控癌细胞增殖、侵袭等过程,其在宫颈癌中呈高表达,FOXQ1可能是宫颈癌的治疗靶点^[6]。癌胚抗原相关细胞黏附分子19(carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 19, CEACAM19)属于癌胚抗原家族,其在乳腺癌和卵巢癌中水平较高,CEACAM19可能是治疗乳腺癌和卵巢癌的潜在靶标^[7]。但CEACAM19在宫颈癌患者血清中的水平及其与FOXQ1联合检测对宫颈癌的早期诊断价值尚不明确。基于此,测定血清FOXQ1和CEACAM19在宫颈癌患者血清中的水平,旨在分析二者联合对宫颈癌的早期诊断价值。

1 材料与方法

1.1 研究对象 选取2019年1月~2022年8月荆州市中心医院诊治的早期宫颈癌患者120例为宫颈癌组。纳入标准:①患者符合《宫颈癌及癌前病变规范化诊疗指南》^[8]宫颈癌相关诊断标准,经病理学确诊;②患者未经过放化疗或其他治疗,检查资料完善;③患者对本研究知情同意。排除标准:①并发其他妇科疾病、严重内分泌疾病者;②并发严重心肝肾功能疾病、感染性疾病者;③病理诊断不明确者;④并发胃癌或其他肿瘤者。宫颈癌患者TNM分期为I~II期,年龄45~65(55.64±7.38)岁;<55岁者53例,≥55岁者67例;肿瘤<3cm者80例,肿瘤≥3cm者40例;人乳头瘤病毒(human papilloma virus, HPV)感染者44例,未感染HPV者76例;腺癌患者71例,鳞癌患者49例;低、中分化者64例,高分化者56例。另选取宫颈上皮内瘤变(cervical intraepithelial neoplasias, CIN)患者120例为CIN组,年龄45~65(54.38±7.21)岁。并纳入同期健康体检者120例为健康组,年龄45~65

(54.11±7.13)岁;无妇科疾病,不伴有肿瘤,无肝肾功能障碍。宫颈癌组、健康组、CIN组年龄比较,差异无统计学意义($P > 0.05$)。本研究符合《赫尔辛基宣言》,获得荆州市中心医院伦理委员会批准。

1.2 仪器与试剂 酶标仪(赛默飞世尔公司),人FOXQ1酶联免疫吸附法(enzyme linked immunosorbent assay, ELISA)试剂盒(武汉恒意赛生物科技有限公司),人CEACAM19试剂盒(上海恒斐生物科技有限公司)。

1.3 方法 收集宫颈癌组、健康组和CIN组受试对象空腹外周静脉血4~5ml,自然凝固30~35min,5500 r/min离心6min,分离上层血清,采用ELISA方法检测血清FOXQ1,CEACAM19水平,具体步骤按其说明书进行。

1.4 统计学分析 SPSS25.0软件分析数据。计量资料以均数±标准差($\bar{x} \pm s$)表示,多组间比较采用单因素方差分析,进一步两两比较采用SNK- q 检验,两组间比较采用独立样本 t 检验;Logistic回归分析宫颈癌发生的影响因素;绘制受试者工作特征(receiver operating characteristic, ROC)曲线评估血清FOXQ1,CEACAM19对宫颈癌的早期诊断价值。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 各组血清FOXQ1,CEACAM19水平比较 健康组、CIN组和宫颈癌组血清FOXQ1(0.52±0.17 ng/ml, 6.48±2.16 ng/ml, 11.21±3.74 ng/ml),CEACAM19(31.29±7.82 ng/L, 54.93±13.75 ng/L, 87.17±21.80 ng/L)水平依次升高,差异有统计学意义($F=552.948, 390.445$,均 $P < 0.05$);与健康组相比,CIN组和宫颈癌组血清FOXQ1($t=30.133, 31.279$),CEACAM19($t=16.371, 26.431$)水平均升高;与CIN组比较,宫颈癌组FOXQ1($t=11.997$),CEACAM19($t=13.703$)水平均升高,差异具有统计学意义(均 $P < 0.05$)。

2.2 血清FOXQ1,CEACAM19水平与宫颈癌临床病理特征关系 见表1。高分化的宫颈癌患者血清FOXQ1,CEACAM19水平低于低、中分化的宫颈癌患者,差异有统计学意义($P < 0.05$);不同年龄、肿瘤大小、病理分型及是否伴有HPV感染的宫颈

癌患者血清 FOXQ1, CEACAM19 水平比较, 差异 均无统计学意义 (均 $P > 0.05$)。

表 1 血清 FOXQ1, CEACAM19 水平与宫颈癌临床病理特征关系 ($\bar{x} \pm s$)

类别	n	FOXQ1 (ng/ml)	t	P	CEACAM19(ng/L)	t	P	
年龄 (岁)	<55	53	10.47 ± 3.49	1.960	0.052	85.89 ± 28.63	0.430	0.668
	≥ 55	67	11.80 ± 3.93			88.18 ± 29.39		
肿瘤大小 (cm)	<3	80	10.78 ± 3.59	1.751	0.089	86.92 ± 28.97	0.133	0.894
	≥ 3	40	12.07 ± 4.02			87.67 ± 29.22		
HPV 感染	有	44	12.04 ± 4.05	1.647	0.102	88.58 ± 29.53	0.402	0.688
	无	76	10.83 ± 3.56			86.35 ± 28.78		
病理分型	腺癌	71	10.85 ± 3.62	1.249	0.214	86.04 ± 28.68	0.510	0.611
	鳞癌	49	11.73 ± 3.91			88.81 ± 29.60		
分化程度	低、中分化	64	14.56 ± 4.85	10.415	< 0.001	96.87 ± 32.29	3.945	< 0.001
	高分化	56	7.38 ± 2.46			76.08 ± 25.36		

2.3 Logistic 回归分析宫颈癌发生的影响因素 见表 2。以 FOXQ1(实测值)、CEACAM19(实测值) 为自变量, 以宫颈癌发生为因变量 (不发生=0, 发生=1), 行多因素 Logistic 回归分析, 结果显

示, 血清 FOXQ1($\beta=0.890$, 95%CI: 1.545~3.837), CEACAM19($\beta=0.868$, 95%CI: 1.563~3.630) 水平升高与宫颈癌发生相关 ($P<0.05$)。

表 2 影响宫颈癌发生的 Logistic 回归分析

项目	β	SE	wald	P	OR	95%CI
FOXQ1	0.890	0.232	14.715	0.003	2.435	1.545 ~ 3.837
CEACAM19	0.868	0.215	16.297	< 0.001	2.382	1.563 ~ 3.630

2.4 血清 FOXQ1, CEACAM19 对宫颈癌的早期诊断价值 见表 3, 图 1。以 FOXQ1, CEACAM19 及二者联合的预测概率 (经 FOXQ1, CEACAM19 二元 Logistic 回归得到) 为自变量, 以宫颈状态为因变量 (CIN 为 0, 宫颈癌为 1), 进行 ROC 曲线分析。结果显示, 血清 FOXQ1, CEACAM19 诊断宫颈癌

的曲线下面积 (area under curve, AUC) 分别为 0.878, 0.887, 二者联合诊断早期宫颈癌的 AUC 为 0.942, 高于 FOXQ1, CEACAM19 单独诊断 ($Z=3.076$, 2.643; $P=0.002$, 0.008), 其敏感度和特异度分别为 86.7%, 92.1%。

表 3 血清 FOXQ1, CEACAM19 对宫颈癌的早期诊断价值

项目	AUC	95%CI	截断值	敏感度 (%)	特异度 (%)	约登指数
FOXQ1	0.878	0.844 ~ 0.912	7.40 ng/ml	88.3	75.4	0.637
CEACAM19	0.887	0.853 ~ 0.921	69.65 ng/L	86.7	74.6	0.613
FOXQ1+CEACAM19	0.942	0.918 ~ 0.967	-	86.7	92.1 ab	0.788

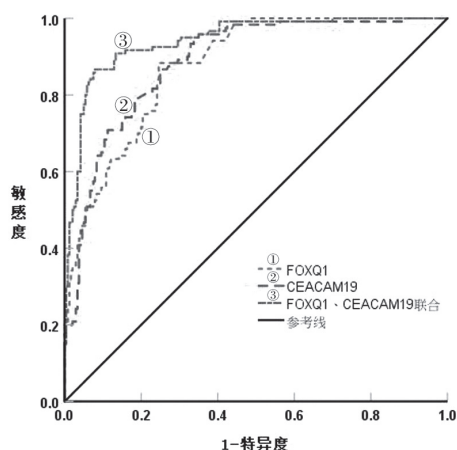


图 1 血清 FOXQ1, CEACAM19 诊断早期宫颈癌的 ROC 曲线

3 讨论

宫颈癌是一种常见的妇科肿瘤, 发病率高且发病趋于年轻化, 其中大部分的新发宫颈癌患者发生在发展中国家^[9]。目前, 对于早期宫颈癌患者, 常采用不同的手术方式切除肿瘤, 预后相对较好, 而中晚期患者, 由于肿瘤较大, 或肿瘤已发生转移, 不适合直接进行手术切除, 常需要联合放化疗综合治疗, 预后相对较差^[10]。但因宫颈癌早期症状不明显, 传统的宫颈细胞学检查、阴道镜检查等方法漏诊率较高, 目前临床仍缺少有效诊断早期宫颈癌的方法, 多数宫颈癌患者确诊时已处于中晚期, 对患者预后产生不利影响^[11-12]。因此, 寻找可靠、有效的血清学指标, 以用于辅助诊断早期宫颈癌, 对给予干预措施, 改善宫颈癌患者生存状况尤其关键。

FOXQ1 是一种转录因子,其可调节细胞周期,参与细胞增殖及肿瘤血管生成,影响细胞信号转导,改变肿瘤微环境,诱导上皮-间质转化^[13],研究发现 FOXQ1 在乳腺癌中表达上调,其可能是治疗乳腺癌的潜在靶标^[14]。既往报道显示,FOXQ1 在结肠癌中呈高表达,经重楼皂苷 I 治疗后,其表达下调,FOXQ1 可能通过影响上皮-间质转化,进而参与结肠癌发展过程^[15];WANG 等^[16] 研究报道,膀胱癌组织中 FOXQ1 的表达水平较正常组织高,微小 RNA-140-3p 可通过直接降低 FOXQ1 表达来抑制膀胱癌细胞的增殖和侵袭;XU 等^[17] 研究发现,FOXQ1 在胃癌细胞和肿瘤组织中均呈高表达,微小 RNA-519 可通过下调 FOXQ1 来抑制胃癌细胞的上皮间质转化过程;另外,KIM 等^[18] 研究发现,FOXQ1 转录因子是人类乳腺癌细胞中电子运输链复合物 I 亚基的新调节因子,其在乳腺癌进展中发挥重要作用。本研究中宫颈癌组血清 FOXQ1 水平较高,与杨丽菊等^[6] 研究结果类似,提示血清 FOXQ1 水平可能与宫颈病变程度相关,推测 FOXQ1 可能通过促进宫颈细胞异常增殖,参与上皮-间质转化^[6],从而在宫颈癌中发挥促癌作用。进一步研究发现,血清 FOXQ1 水平与宫颈癌患者分化程度相关,表明 FOXQ1 可能参与宫颈癌分化,与宫颈癌病情演变关系密切。经 ROC 曲线分析发现,血清 FOXQ1 诊断宫颈癌的 AUC 为 0.878,提示血清 FOXQ1 水平可能对早期宫颈癌有一定诊断价值,检测血清 FOXQ1 水平可能有利于临床筛查早期宫颈癌。

CEACAM19 是癌胚抗原家族的新成员,其可参与细胞黏附、增殖、转移等过程,CEACAM19 在阴茎癌中表达水平升高,其与阴茎癌淋巴结转移有关,CEACAM19 可能是评估阴茎癌患者预后的标志物^[19]。另有报道显示,CEACAM19 在卵巢癌中呈过表达,其可能与卵巢癌发生发展相关^[7]。以上研究表明,CEACAM19 水平异常可能与多种肿瘤病理发展有关。研究发现,CEACAM19 在胃癌中呈高表达,敲低 CEACAM19 可抑制胃癌细胞增殖、侵袭、迁移,CEACAM19 可能是治疗胃癌的潜在靶点^[20];另外,于秀艳等^[21] 研究发现,CEACAM19 在乳腺癌中呈高水平,与淋巴结转移相关,且 CEACAM19 可辅助诊断早期乳腺癌。目前,CEACAM19 在宫颈病变中的表达情况尚不明确。因此,本文利用 ELISA 法测定 CEACAM19 在宫颈癌、CIN 患者血清中的水平,结果显示,宫颈癌组血清 CEACAM19 水平较高,与其在乳腺癌^[21] 中的趋势一致,提示血清 CEACAM19 水平可能与宫颈癌发生发展有关,推测 CEACAM19 可能通过促

进宫颈癌细胞增殖、迁移、侵袭等过程^[20-21],进而影响宫颈癌发展进程,但其机制有待深入探讨。另外,本文中高分化的宫颈癌患者血清 CEACAM19 水平低于低、中分化的宫颈癌患者,表明血清 CEACAM19 水平与宫颈癌分化程度相关。此外,ROC 曲线分析显示,血清 CEACAM19 诊断宫颈癌的 AUC 为 0.887,当血清 CEACAM19 水平 >69.65 ng/L 时,宫颈癌发生风险较高,提示 CEACAM19 或可成为诊断早期宫颈癌的血清标志物。因血清 FOXQ1,CEACAM19 对宫颈癌的早期诊断价值较高(AUC 均 >0.800),故将二者联合用于诊断宫颈癌,结果显示,FOXQ1,CEACAM19 联合诊断宫颈癌的 AUC 为 0.942,表明二者联合能提高对宫颈癌的早期诊断价值,可能更有益于临床筛查早期宫颈癌患者。Logistic 回归分析显示,血清 FOXQ1,CEACAM19 水平升高者宫颈癌发生几率更高,及时监控血清 FOXQ1,CEACAM19 水平可能有助于临床及早治疗宫颈癌。

综上,宫颈癌患者血清 FOXQ1,CEACAM19 水平较高,二者均可辅助诊断早期宫颈癌,且 FOXQ1,CEACAM19 联合对宫颈癌的早期诊断价值更高,更有利于临床筛查早期宫颈癌患者。本研究样本量小,且其属于一项回顾性研究,结果可能存在一定偏倚,后期将扩大样本量进行多中心前瞻性研究。

参考文献:

- [1] ROSLIND A, PALLE C, JOHANSEN J S, et al. Prognostic utility of serum YKL-40 in patients with cervical cancer[J]. *Scandinavian Journal of Clinical and Laboratory Investigation*, 2020, 80(8): 687-693.
- [2] LIN Feng, ZHENG Ruru, YU Chen, et al. Predictive role of serum cholesterol and triglycerides in cervical cancer survival[J]. *International Journal of Gynecological Cancer*, 2021, 31(2): 171-176.
- [3] WANG Wenrong, GAO Xing, ZHU Yuan, et al. Diagnostic significance of a color Doppler ultrasound combined with serum CXCL16 and E-cad in cervical cancer[J]. *Translational Cancer Research*, 2021, 10(3): 1492-1499.
- [4] 方芳,吴玲,魏善闯,等.宫颈癌患者血清 LCN2 水平表达与 HPV 病毒载量及临床分期的相关研究[J]. *现代检验医学杂志*, 2022, 37(2): 80-84, 99.
- [5] FANG Fang, WU Ling, WEI Shanchuang, et al. Correlation of expression of serum LCN2 level with HPV load and clinical stage in patients with cervical cancer [J]. *Journal of Modern Laboratory Medicine*, 2022, 37(2): 80-84, 99.
- [6] LI Heyue, LI Linxia, SUN Jianming, et al. Value of TCT combined with serum CA153 and CA50 in early diagnosis of cervical cancer and precancerous lesions[J]. *Pakistan Journal of Medical Sciences*, 2022, 38(6): 1471-1476.
- [6] 杨丽菊,于克,朱云芳.宫颈癌组织 miR-124-3p、

- FOXQ1 mRNA 表达变化及其临床意义[J]. 山东医药, 2020, 60(34): 65-67.
- YANG Liju, YU Ke, ZHU Yunfang. Expression of miR-124-3p, FOXQ1 mRNA in cervical carcinoma and its clinical significance[J]. Shandong Medical Journal, 2020, 60(34): 65-67.
- [7] ZISI Z, ADAMOPOULOS P G, KONTOS C K, et al. Identification and expression analysis of novel splice variants of the human carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 19 (CEACAM19) gene using a high-throughput sequencing approach[J]. Genomics, 2020, 112(6): 4268-4276.
- [8] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会. 宫颈癌及癌前病变规范化诊疗指南(试行)[J]. 慢性病学杂志, 2013, 14(6): 401-410.
National Health and Family Planning Commission of the People's Republic of China. Guidelines for standardized diagnosis and treatment of cervical cancer and precancerous lesions(trial)[J]. Chronic Pathematology Journal, 2013, 14(6): 401-410.
- [9] 张军. 宫颈癌治疗的现状及问题: 从临床指南到真实世界研究[J]. 中国全科医学, 2022, 25(3): 259-263.
ZHANG Jun. Current status and challenges of cervical cancer treatment: from clinical guidelines to real-world study[J]. Chinese General Practice, 2022, 25(3): 259-263.
- [10] 李海英, 蔡竞, 朱虹丽. 宫颈癌的临床治疗研究进展[J]. 宁夏医科大学学报, 2020, 42(4): 419-423.
LI Haiying, CAI Jing, ZHU Hongli. Progress in clinical treatment of cervical cancer[J]. Journal of Ningxia Medical University, 2020, 42(4): 419-423.
- [11] SHA Jing, DU Jing, YANG Jianhong, et al. Changes of serum levels of tumor necrosis factor (TNF- α) and soluble interleukin-2 receptor (SIL 2R) in patients with cervical cancer and their clinical significance[J]. American Journal of Translational Research, 2021, 13(6): 6599-6604.
- [12] AFTAB M, POOJARY S S, SESHAN V, et al. Urine miRNA signature as a potential non-invasive diagnostic and prognostic biomarker in cervical cancer[J]. Scientific Reports, 2021, 11(1): 10323.
- [13] LUO Yunfan, WANG Jie, WANG Fan, et al. FOXQ1 promotes metastasis of nasopharyngeal carcinoma by inducing vasculogenic mimicry via the EGFR signaling pathway[J]. Cell Death Dis, 2021, 12(5): 411.
- [14] KIM S H, HAHM E R, SINGH K B, et al. Novel mechanistic targets of forkhead box Q1 transcription factor in human breast cancer cells[J]. Molecular Carcinogenesis, 2020, 59(10): 1116-1128.
- [15] 罗燕, 蒋益兰, 李勇敏, 等. 重楼皂苷 I 对结肠癌 HCT116 细胞 FOXQ1 及上皮间质转化的影响[J]. 中国实验方剂学杂志, 2020, 26(11): 119-123.
LUO Yan, JIANG Yilan, LI Yongmin, et al. Effect of polyphyllin I on transcriptional factor FOXQ1 and epithelial-mesenchymal transition in colorectal cancer cell HCT116[J]. Chinese Journal of Experimental Traditional Medical Formulae, 2020, 26(11): 119-123.
- [16] WANG Yuan, CHEN Junwen, WANG Xia, et al. miR-140-3p inhibits bladder cancer cell proliferation and invasion by targeting FOXQ1[J]. Aging, 2020, 12(20): 20366-20379.
- [17] XU Jiapeng, YOU Qing, WEI Ziran, et al. miR-519 inhibits epithelial-mesenchymal transition and biologic behavior of gastric cancer cells by down-regulating FOXQ1[J]. International Journal of Clinical and Experimental Pathology, 2020, 13(3): 425-436.
- [18] KIM S H, SINGH S V. The FoxQ1 transcription factor is a novel regulator of electron transport chain complex I subunits in human breast cancer cells[J]. Molecular Carcinogenesis, 2022, 61(3): 372-381.
- [19] HU Xiheng, CHEN Mingfeng, LI Yangle, et al. Aberrant CEACAM19 expression is associated with metastatic phenotype in penile cancer[J]. Cancer Management and Research, 2019, 11: 715-725.
- [20] ZHAO Hongying, XU Jianjun, WANG Yu, et al. Knockdown of CEACAM19 suppresses human gastric cancer through inhibition of PI3K/Akt and NF- κ B[J]. Surgical Oncology, 2018, 27(3): 495-502.
- [21] 于秀艳, 田春迎, 张晓伟, 等. 血清 SBEM, hMAM 和 CEACAM19 水平在乳腺癌早期诊断中的临床意义[J]. 吉林大学学报(医学版), 2021, 47(6): 1518-1525.
YU Xiuyan, TIAN Chunying, ZHANG Xiaowei, et al. Clinical significances of serum levels of SBEM, hMAM and CEACAM19 in early diagnosis of breast cancer[J]. Journal of Jilin University(Medicine Edition), 2021, 47(6): 1518-1525.

收稿日期: 2022-11-07

修回日期: 2022-12-15

(上接第122页)

- [16] YAN Li, ZHANG Yu, WANG Mei, et al. Circulating LIPCAR is a potential biomarker of heart failure in patients post-acute myocardial infarction[J]. Experimental Biology and Medicine(Maywood), 2021, 246(24): 2589-2594.
- [17] WANG Haiyan, SONG Tingting, ZHAO Ying, et al. Long non-coding RNA LICPAR regulates atrial fibrosis via TGF- β /Smad pathway in atrial fibrillation[J]. Tissue Cell, 2020, 67: 101440.
- [18] BONGOLO C C, THOKERUNGA E, FIDELE N B, et al. Upregulation of the long non-coding RNA, LIPCAR promotes proliferation, migration, and metastasis of hepatocellular carcinoma [J]. Cancer Biomark, 2022, 35(3): 245-256.
- [19] HEILILAHONG H, JIN Peipei, LEI Hang, et al. Whole transcriptome analysis of platelet concentrates during storage[J]. Blood Transfus, 2023, 21(2): 146-156.
- [20] 李楠, 苑召虎, 陈小洁, 等. 储存血小板差异性长链非编码 RNA 表达谱研究[J]. 中国输血杂志, 2018, 31(1): 27-32.
LI Nan, YUAN Zhaohu, CHEN Xiaojie, et al. Expression profile of the long non-coding RNA in human platelets during apheresis storage[J]. Chinese Journal Blood Transfusion, 2018, 31(1): 27-32.

收稿日期: 2023-03-16

修回日期: 2023-04-15