

DOI: 10.3969/j.issn.1005-8982.2023.06.003  
文章编号: 1005-8982 (2023) 06-0014-06

上消化道疾病专题·论著

## 胃癌组织中PRMT5的表达与临床病理特征和预后的关系\*

曹一鑫, 李峰清, 殷润婷

(江苏大学附属医院 化疗科, 江苏 镇江 212001)

**摘要: 目的** 探讨胃癌组织中蛋白精氨酸甲基转移酶5(PRMT5)的表达与临床病理特征和预后的关系。**方法** 选取2016年7月—2018年12月江苏大学附属医院行根治术治疗的123例胃癌患者的胃组织标本。对比胃癌组织和癌旁组织(距癌组织 $\geq 5$  cm)PRMT5 mRNA表达。分析患者癌组织中PRMT5表达与临床病理特征的关系。术后随访3年,统计患者预后情况,分析影响预后的因素。绘制受试者工作特征(ROC)曲线,以曲线下面积(AUC)评价胃癌组织PRMT5-1 mRNA表达对预后的预测价值。依据癌组织中PRMT5表达对胃癌患者预后的最佳截断点,将患者分为PRMT5高表达( $\geq 0.74$ )和PRMT5低表达( $< 0.74$ ),分析癌组织中PRMT5表达与患者预后的关系。**结果** 胃癌组织PRMT5 mRNA表达高于癌旁组织( $P < 0.05$ )。不同性别、年龄、BMI、肿瘤直径、浸润深度胃癌患者癌组织中PRMT5 mRNA表达比较,差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。不同临床分期、病理类型、分化程度、淋巴结转移、远处转移胃癌患者癌组织中PRMT5 mRNA表达比较,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。123例胃癌患者术后随访3年,共失访4例,剩余119例患者中32例死亡,病死率26.89%(32/119)。单因素Cox回归分析结果显示,临床分期Ⅲ期[ $\hat{HR}=7.012(95\% CI: 3.485, 8.657)$ ]、低分化[ $\hat{HR}=6.285(95\% CI: 3.027, 7.436)$ ]、淋巴结转移[ $\hat{HR}=5.684(95\% CI: 3.165, 8.143)$ ]、远处转移[ $\hat{HR}=6.012(95\% CI: 3.857, 10.245)$ ]、PRMT5表达[ $\hat{HR}=9.436(95\% CI: 3.481, 12.736)$ ]、病理类型[ $\hat{HR}=5.486(95\% CI: 2.108, 5.436)$ ]、浸润深度[ $\hat{HR}=4.857(95\% CI: 2.149, 6.032)$ ]是胃癌患者预后的危险因素( $P < 0.05$ )。多因素Cox回归分析结果显示,临床分期Ⅲ期[ $\hat{HR}=3.031(95\% CI: 1.965, 6.874)$ ]、低分化[ $\hat{HR}=2.838(95\% CI: 1.042, 5.738)$ ]、淋巴结转移[ $\hat{HR}=3.340(95\% CI: 2.051, 8.032)$ ]、远处转移[ $\hat{HR}=3.515(95\% CI: 2.476, 8.543)$ ]、PRMT5表达[ $\hat{HR}=4.035(95\% CI: 3.008, 11.436)$ ]是胃癌患者预后的危险因素( $P < 0.05$ )。ROC曲线分析结果显示,胃癌患者癌组织PRMT5表达预测预后的最佳截断点为0.74,敏感性、特异性及AUC分别为78.13%(95% CI: 59.56, 90.06)、89.66%(95% CI: 80.80, 94.87)、0.893(95% CI: 0.823, 0.942)。PRMT5高表达患者预后较PRMT5低表达患者差( $P < 0.05$ )。**结论** 胃癌组织中PRMT5的表达与临床病理特征和预后有关,PRMT5 mRNA高表达胃癌患者生存率较低。

**关键词:** 胃癌;蛋白精氨酸甲基转移酶5;胃癌根治;临床病理;预后  
**中图分类号:** R735.2 **文献标识码:** A

## Relationship between PRMT5 expression in gastric cancer tissues and clinicopathological features and prognosis\*

Cao Yi-xin, Li Yi-qing, Yin Run-ting

(Department of Chemotherapy, Affiliated Hospital of Jiangsu University, Zhenjiang, Jiangsu 212001, China)

**Abstract: Objective** To investigate the relationship between the expression of protein arginine methyltransferase 5 (PRMT5) in gastric cancer tissues and clinicopathological features and prognosis. **Methods**

收稿日期: 2022-06-18

\*基金项目:江苏省自然科学基金(No: BK20191223);江苏省科技项目合同(No: BE2017696)

The gastric tissue samples of 123 gastric cancer patients who underwent radical resections in our hospital from July 2016 to December 2018 were collected. The mRNA expressions of PRMT5 in gastric cancer tissues and adjacent tissues ( $\geq 5$  cm from the cancer tissues) were compared. The relationship between PRMT5 expression and clinicopathological features was analyzed. After 3 years of follow-up, the prognosis of patients was observed and the factors affecting the prognosis of patients with gastric cancer were analyzed. The receiver operating characteristic (ROC) curve was plotted, and the area under the ROC curve (AUC) was used to determine the predictive value of PRMT5-1 mRNA expression in gastric cancer tissues for prognosis of patients. According to the optimal cut-off value of PRMT5 expression in cancer tissues for predicting the prognosis of gastric cancer patients, these patients were divided into PRMT5 high-expression group ( $\geq 0.74$ ) and PRMT5 low-expression group ( $< 0.74$ ). The relationship between the expression of PRMT5 in gastric cancer tissues and the prognosis of gastric cancer patients was analyzed. **Results** The mRNA expression of PRMT5 in gastric cancer tissues was higher than that in adjacent tissues ( $P < 0.05$ ). There was no difference in the mRNA expression of PRMT5 in cancer tissues among gastric cancer patients with different gender, age, BMI, tumor diameter, pathological patterns of tumors and depth of invasion of tumors ( $P > 0.05$ ), while the mRNA expression of PRMT5 in cancer tissues was different among patients with different clinical stages and degrees of differentiation of tumors as well as between those with and without lymph node metastasis and distant metastasis ( $P < 0.05$ ). A total of 123 patients were followed up for 3 years, whereas 4 cases were lost to the follow-up. Among the rest 119 patients, 32 were dead, with the mortality rate being 26.89% (32/119). Univariable Cox regression analysis revealed that stage III tumor [ $\hat{H}R = 7.012$  (95% CI: 3.485, 8.657)], poorly-differentiated tumors [ $\hat{H}R = 6.285$  (95% CI: 3.027, 7.436)], lymph node metastasis [ $\hat{H}R = 5.684$  (95% CI: 3.165, 8.143)], distant metastasis [ $\hat{H}R = 6.012$  (95% CI: 3.857, 10.245)], and the expression of PRMT5 [ $\hat{H}R = 9.436$  (95% CI: 3.481, 12.736)] were risk factors for the prognosis of gastric cancer patients ( $P < 0.05$ ). The multivariable Cox regression analysis showed that stage III tumor [ $\hat{H}R = 3.031$  (95% CI: 1.965, 6.874)], poorly-differentiated tumors [ $\hat{H}R = 2.838$  (95% CI: 1.042, 5.738)], lymph node metastasis [ $\hat{H}R = 3.340$  (95% CI: 2.051, 8.032)], distant metastasis [ $\hat{H}R = 3.515$  (95% CI: 2.476, 8.543)], and the expression of PRMT5 [ $\hat{H}R = 4.035$  (95% CI: 3.008, 11.436)] ( $P < 0.05$ ). The ROC curve analysis demonstrated that the optimal cut-off value of the expression of PRMT5 in cancer tissues for predicting the prognosis of gastric cancer patients was 0.74, and the sensitivity, specificity and AUC were 78.13 (95% CI: 59.56, 90.06), 89.66% (95% CI: 80.80, 94.87), and 0.893 (95% CI: 0.823, 0.942), respectively. The prognosis of patients with high expressions of PRMT5 was poorer than that of patients with low expressions of PRMT5 ( $P < 0.05$ ). **Conclusions** The expression of PRMT5 in gastric cancer tissues is related to clinicopathological features and prognosis. The survival rate of gastric cancer patients with high mRNA expressions of PRMT5 is lower.

**Keywords:** gastric cancer; protein arginine methyltransferase 5; radical resection of gastric cancer; clinicopathology; prognosis

胃癌是常见的消化道恶性肿瘤,具有发病率高、病死率高等特点,严重危害了患者的生命健康<sup>[1-2]</sup>。胃癌早期以反酸、腹部不适等非特异性症状为主,易与胃炎、胃溃疡等慢性胃疾病混淆,早期检出率较低,多数患者确诊时已为中晚期<sup>[3]</sup>。近年来胃癌的检测和治疗技术虽取得很大改进,但患者生存率较低,约40%<sup>[4]</sup>。通过对胃癌细胞的病理、生理机制进行探讨,对胃癌的防治具有至关重要的意义。

蛋白精氨酸甲基转移酶5 (protein arginine methyltransferase 5, PRMT5)是一种可调控细胞周期的酶,位于哺乳动物细胞的细胞核、细胞质中,在多种肿瘤中均有异常表达,并一定程度上影响患者预

后<sup>[5]</sup>。有关研究表明,PRMT5在结直肠癌、肺癌等恶性肿瘤中呈高表达,并促进肿瘤细胞的增殖、迁移和侵袭<sup>[6-7]</sup>。但目前PRMT5在胃癌中的表达及其与临床病理特征、预后的关系尚不清楚。鉴于此,本研究通过对本院收治的拟行根治术治疗的胃癌患者作为研究对象,探讨胃癌组织中PRMT5的表达与临床病理特征和预后的关系。

## 1 资料与方法

### 1.1 一般资料

选取2016年7月—2018年12月江苏大学附属医院行根治术治疗的123例胃癌患者的胃组织标

本。其中男性73例,女性50例;年龄28~86岁,平均(58.46±12.09)岁;体质指数(body mass index, BMI)19.43~27.64 kg/m<sup>2</sup>,平均(22.32±3.15) kg/m<sup>2</sup>。纳入标准:①术后经病理学证实为胃癌;②临床分期I~III期;③符合手术指征(范围较广的胃表浅淋巴结弥漫型或分布较散在的多灶性I期胃癌,II、III期的上部、中部及下部肿瘤浸润到胃体者)且接受根治性手术治疗;④预计生存期>3个月。排除标准:①术前接受放化疗;②合并血液系统疾病或凝血功能障碍;③有认知功能障碍;④合并其他部位恶性肿瘤;⑤精神疾病;⑥肝、肾等重要器官严重损伤。本研究经医院医学伦理委员会批准同意,患者签署知情同意书。

### 1.2 PRMT5检测

术中对胃癌组织及配对癌旁正常黏膜组织(距癌组织≥5 cm)进行收集,立即放入液氮中保存;采用实时荧光定量聚合酶链反应检测胃癌组织及配对癌旁正常黏膜组织PRMT5 mRNA表达:取胃部组织,使用TRIzol法提取组织RNA,逆转录为cDNA,设计PRMT5和内参基因β-actin上下游引物。PRMT5正向引物:5'-ACTGTCTATGCAGTGCATATGC-3',反向引物:5'-CGTACTAGTCGTA CTGAC TGCA-3',长度均122 bp;β-actin正向引物:5'-ATGCTTAACGTCTGCATAC-3',反向引物:5'-TGTGTGCATGACATCGTAC-3',长度均114 bp。按反应条件进行扩增:93℃预变性4 min,93℃变性12 s,65℃退火28 s,76℃拉伸25 s,共41个循环。根据2<sup>-ΔΔCt</sup>法计算PRMT5 mRNA相对表达量。

### 1.3 随访

术后以电话、门诊复查等方式随访3年,截止时间为2021年12月。术后第1年每3个月随访1次,术后第2年每6个月随访1次,统计胃癌患者预后情况,终点事件为全因病死或随访时间截止。

### 1.4 临床资料收集

收集可能影响胃癌患者预后的相关因素,包括性别、年龄、BMI、肿瘤直径、是否合并基础疾病(糖尿病、高血压及高脂血症)、吸烟史、饮酒史、临床分期、病理类型、分化程度、浸润深度、淋巴结是否转移、是否远处转移、术后治疗(放疗或化疗)及PRMT5 mRNA表达。

## 1.5 统计学方法

数据分析采用SPSS 25.0统计软件。计量资料以均数±标准差( $\bar{x} \pm s$ )表示,比较用 $t$ 检验;计数资料以构成比或率(%)表示,比较用 $\chi^2$ 检验;影响因素的分析采用Cox回归分析;绘制受试者工作特征(receiver operating characteristic curve, ROC)曲线;用Kaplan-Meier法绘制生存曲线,比较用Log-rank  $\chi^2$ 检验。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

## 2 结果

### 2.1 胃癌组织与癌旁组织PRMT5 mRNA表达比较

癌旁组织、胃癌组织中PRMT5 mRNA表达量分别为(0.18±0.05)、(0.62±0.14),经 $t$ 检验,差异有统计学意义( $t=32.825, P=0.000$ ),胃癌组织高于癌旁组织。

### 2.2 不同临床病理特征胃癌患者癌组织中PRMT5 mRNA表达比较

不同性别、年龄、BMI、肿瘤直径、浸润深度胃癌患者癌组织中PRMT5 mRNA表达比较,差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。不同临床分期、病理类型、分化程度、淋巴结转移、远处转移胃癌患者癌组织中PRMT5 mRNA水平比较,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。见表1。

表1 不同临床病理特征胃癌患者癌组织中PRMT5 mRNA表达比较 ( $\bar{x} \pm s$ )

临床病理特征	<i>n</i>	PRMT5 mRNA	<i>t</i> 值	<i>P</i> 值
<b>性别</b>				
男	73	0.64±0.19	1.495	0.137
女	50	0.59±0.17		
<b>年龄</b>				
<60岁	69	0.61±0.16	0.651	0.516
≥60岁	54	0.63±0.18		
<b>BMI</b>				
<24 kg/m <sup>2</sup>	82	0.63±0.18	0.887	0.377
≥24 kg/m <sup>2</sup>	41	0.60±0.17		
<b>肿瘤直径</b>				
<5 cm	65	0.64±0.21	1.227	0.222
≥5 cm	58	0.60±0.14		
<b>临床分期</b>				
I、II期	78	0.49±0.13	9.962	0.000
III期	45	0.85±0.27		

续表 1

临床病理特征	n	PRMT5 mRNA	t 值	P 值
<b>病理类型</b>				
腺癌	91	0.64 ± 0.21	2.478	0.015
其他	32	0.54 ± 0.15		
<b>分化程度</b>				
低分化	54	0.75 ± 0.26	6.519	0.000
中、高分化	69	0.52 ± 0.12		
<b>浸润深度</b>				
黏膜下层	72	0.64 ± 0.23	1.381	0.170
浆膜层	51	0.59 ± 0.14		
<b>淋巴结转移</b>				
是	63	0.82 ± 0.26	11.289	0.000
否	60	0.41 ± 0.11		
<b>远处转移</b>				
是	56	0.88 ± 0.29	12.171	0.000
否	67	0.40 ± 0.13		

### 2.3 影响胃癌患者预后的单因素 Cox 回归分析

123 例胃癌患者术后随访 3 年, 共失访 4 例, 剩余 119 例患者中 32 例病死, 病死率 26.89% (32/119)。单因素 Cox 回归分析结果显示, 临床分期 III 期 [ $\hat{H}R=7.012$  (95% CI: 3.485, 8.657)]、低分化 [ $\hat{H}R=6.285$  (95% CI: 3.027, 7.436)]、淋巴结转移 [ $\hat{H}R=5.684$  (95% CI: 3.165, 8.143)]、远处转移 [ $\hat{H}R=6.012$  (95% CI: 3.857, 10.245)]、PRMT5 表达水平 [ $\hat{H}R=9.436$  (95% CI: 3.481, 12.736)]、病理类型 [ $\hat{H}R=5.486$  (95% CI: 2.108, 5.436)]、浸润深度 [ $\hat{H}R=4.857$  (95% CI: 2.149, 6.032)] 是胃癌患者预后的危险因素 ( $P < 0.05$ )。见表 2。

### 2.4 影响胃癌患者预后的多因素 Cox 回归分析

以临床分期 (III 期 = 1, I、II 期 = 0)、病理类型 (腺癌 = 1, 其他 = 0)、分化程度 (低分化 = 1, 中、高分化 = 0)、浸润深度 (黏膜下层 = 1, 浆膜层 = 0)、淋巴结转移 (是 = 1, 否 = 0)、远处转移 (是 = 1, 否 = 0)、PRMT5 mRNA 表达水平 (取值为实测值) 为自变量, 胃癌患者预后生存情况为因变量 (病死 = 1, 生存 = 0), 进行多因素 Cox 回归分析 (引入水准为 0.05, 排除水准为 0.10), 结果显示: 临床分期 III 期 [ $\hat{H}R=3.031$ , (95% CI: 1.965, 6.874)]、低分化 [ $\hat{H}R=2.838$  (95% CI: 1.042, 5.738)]、淋巴结转移 [ $\hat{H}R=3.340$  (95% CI: 2.051, 8.032)]、远处转移 [ $\hat{H}R=3.515$  (95% CI:

表 2 影响胃癌患者预后的单因素 Cox 回归分析

因素	P 值	$\hat{H}R$	95% CI	
			下限	上限
性别	0.704	1.432	1.085	2.417
年龄	0.253	2.184	1.006	2.749
BMI	0.285	2.014	1.243	3.053
肿瘤直径	0.081	3.275	2.419	5.048
合并糖尿病	0.176	2.149	2.054	4.185
合并高血压	0.213	2.459	2.149	3.875
合并高脂血症	0.284	2.307	1.254	4.032
吸烟	0.137	3.854	1.876	5.039
饮酒	0.125	1.846	1.349	2.257
临床分期 III 期	0.000	7.012	3.485	8.657
病理类型	0.021	5.486	2.108	5.436
低分化	0.000	6.285	3.027	7.436
浸润深度	0.039	4.857	2.149	6.032
淋巴结转移	0.000	5.684	3.165	8.143
远处转移	0.000	6.012	3.857	10.245
术后放疗	0.369	2.148	1.075	3.086
术后化疗	0.287	1.964	1.204	2.967
PRMT5 mRNA	0.000	9.436	3.481	12.736

2.476, 8.543)]、PRMT5 mRNA 表达水平 [ $\hat{H}R=4.035$  (95% CI: 3.008, 11.436)] 是胃癌患者预后的危险因素 ( $P < 0.05$ )。见表 3。

### 2.5 癌组织中 PRMT5 表达对胃癌患者预后的价值

ROC 曲线分析结果显示, 胃癌患者癌组织 PRMT5 表达预后的最佳截断点为 0.74, 敏感性、特异性及 AUC 分别为 78.13% (95% CI: 59.56, 90.06)、89.66% (95% CI: 80.80, 94.87)、0.893 (95% CI: 0.823, 0.942)。见图 1。

### 2.6 癌组织中 PRMT5 表达与胃癌患者预后的关系

依据癌组织中 PRMT5 表达对胃癌患者预后的最佳截断值, 将胃癌患者分为 PRMT5 高表达 ( $\geq 0.74$ ) 和 PRMT5 低表达 ( $< 0.74$ ), 分别有 74 和 49 例。截止到随访结束, PRMT5 高表达胃癌患者失访 3 例, PRMT5 低表达患者失访 1 例, PRMT5 高表达和 PRMT5 低表达总生存率比较, 经 Log-rank  $\chi^2$  检验, 差异有统计学意义 ( $\chi^2=4.895$ ,  $P=0.027$ ), PRMT5 高表达患者预后较差。见图 2。

表 3 影响胃癌患者预后的多因素 Cox 回归分析

自变量	b	S <sub>b</sub>	Wald $\chi^2$	P 值	$\hat{H}R$	95% CI	
						下限	上限
临床分期为Ⅲ期	1.109	0.415	7.141	0.018	3.031	1.965	6.874
低分化	1.043	0.421	6.138	0.023	2.838	1.042	5.738
淋巴结转移	1.206	0.374	10.398	0.012	3.340	2.051	8.032
远处转移	1.257	0.368	11.667	0.009	3.515	2.476	8.543
PRMT5 mRNA	1.395	0.312	19.991	0.000	4.035	3.008	11.436
病理类型	1.023	0.351	8.494	0.210	2.782	0.951	8.138
浸润深度	0.859	0.385	4.978	0.125	2.361	0.807	6.907

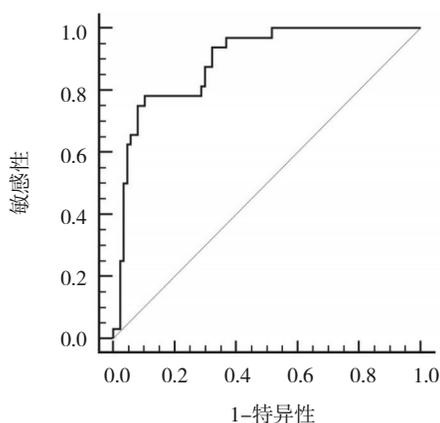


图 1 胃癌组织 PRMT5 表达预测胃癌患者预后的 ROC 曲线

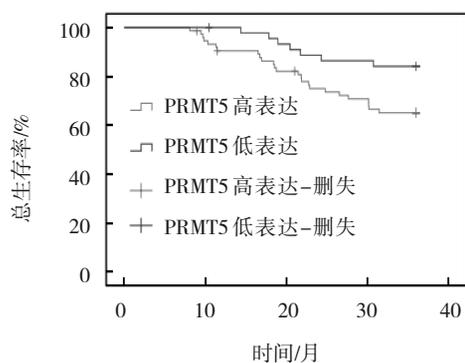


图 2 不同 PRMT5 表达胃癌患者的生存曲线

### 3 讨论

目前胃癌发病机制尚不清楚,可能与遗传、幽门螺杆菌感染等因素有关<sup>[8-9]</sup>。其早期临床症状较为隐匿,确诊时多数患者已是中晚期,寻找有效的生物标志物对胃癌的诊断和治疗、改善患者预后具有重要作用<sup>[10]</sup>。故本研究通过探讨胃癌组织中 PRMT5 的表达与临床病理特征和预后的关系,对改善患者的预后具有重要意义。

本研究结果表明,胃癌患者病死率为 26.89%,表明胃癌患者病死率较高。多因素逐步 Cox 回归分析显示临床分期为Ⅲ期、低分化、淋巴结转移、远处转移、PRMT5 表达是胃癌患者预后的危险因素,分析其原因可能为临床分期与患者的病情密切相关,临床分期为Ⅲ期患者病情较为严重,一定程度上增加患者病死风险<sup>[11]</sup>;低分化胃癌患者由于肿瘤组织成熟度较差、恶性程度高,不利于改善患者预后<sup>[12]</sup>;淋巴结转移、远处转移胃癌患者由于癌细胞发生扩张转移,可一定程度上损伤其他组织,加重患者病情,增加患者病死风险<sup>[13]</sup>;PRMT5 为一种Ⅱ型蛋白精氨酸甲基转移酶,可改变生物的遗传表现特性,阻止抑癌基因的转录,同时还可调控细胞周期,并促进多种肿瘤细胞异常增殖,与肿瘤的浸润、转移密切相关<sup>[14-16]</sup>,故其表达水平过高时,胃癌患者的病死风险越高。ROC 曲线分析结果显示,癌组织 PRMT5 表达对胃癌患者预后预测的最佳截断点为 0.74,敏感性、特异性及 AUC 分别为 78.13%、89.66%、0.893,提示胃癌组织中 PRMT5 的表达对预后评估效能较好。截止随访结束,PRMT5 高表达患者生存率曲线低于 PRMT5 低表达患者,提示胃癌组织中 PRMT5 的表达与预后有关,且 PRMT5-1 mRNA 高表达胃癌患者生存率较低。

综上所述,胃癌组织中 PRMT5 的表达与临床病理特征和预后有关,PRMT5 高表达胃癌患者生存率较低。建议在临床中检测胃癌组织中 PRMT5 表达,以指导临床治疗和改善预后。本研究的不足之处在于所纳入的样本数量较少,且为单中心研究,在后续的研究中还应扩充样本容量,并联合多中心医院共同参与,对 PRMT5-1 在胃癌发病中的具体机制进行深入探讨。

## 参 考 文 献 :

- [1] ALIPOUR M. Molecular mechanism of Helicobacter pylori-induced gastric cancer[J]. *J Gastrointest Cancer*, 2021, 52(1): 23-30.
- [2] MACHLOWSKA J, BAJ J, SITARZ M, et al. Gastric cancer: epidemiology, risk factors, classification, genomic characteristics and treatment strategies[J]. *Int J Mol Sci*, 2020, 21(11): 4012.
- [3] 李丽萍, 贾筠. 幽门螺杆菌感染性胃癌组织 microRNA-17、microRNA-490-3p 的表达及其与临床病理特征和预后的关系[J]. *中国现代医学杂志*, 2021, 31(13): 23-29.
- [4] KAWAZOE A, SHITARA K, BOKU N, et al. Current status of immunotherapy for advanced gastric cancer[J]. *Jpn J Clin Oncol*, 2021, 51(1): 20-27.
- [5] SAPIR T, SHIFTEH D, PAHMER M, et al. Protein arginine methyltransferase 5 (PRMT5) and the ERK1/2 & PI3K pathways: a case for PRMT5 inhibition and combination therapies in cancer[J]. *Mol Cancer Res*, 2021, 19(3): 388-394.
- [6] 周冰倩, 韩丽, 陈哲逸, 等. 蛋白精氨酸甲基转移酶5在肺癌中的表达及其促进肺癌的作用机制[J]. *上海交通大学学报(医学版)*, 2021, 41(8): 1009-1016.
- [7] 徐永成, 王楨玮, 陈曼, 等. 蛋白质精氨酸甲基转移酶5和驱动蛋白超家族23在结直肠癌组织中的表达及其意义[J]. *中华实验外科杂志*, 2021, 38(2): 253-255.
- [8] USUI G, MATSUSAKA K, MANO Y, et al. DNA methylation and genetic aberrations in gastric cancer[J]. *Digestion*, 2021, 102(1): 25-32.
- [9] ITO M, TANAKA S, CHAYAMA K. Characteristics and early diagnosis of gastric cancer discovered after Helicobacter pylori eradication[J]. *Gut Liver*, 2021, 15(3): 338-345.
- [10] 郭青, 赵艳争, 季艳霞, 等. 胃癌组织中 miR-200a、miR-92a 表达变化与患者临床病理参数和预后的关系[J]. *山东医药*, 2022, 62(10): 1-5.
- [11] GULLO I, GRILLO F, MASTRACCI L, et al. Precancerous lesions of the stomach, gastric cancer and hereditary gastric cancer syndromes[J]. *Pathologica*, 2020, 112(3): 166-185.
- [12] MARTE G, TUFO A, STECCANELLA F, et al. Efficacy of surgery for the treatment of gastric cancer liver metastases: a systematic review of the literature and meta-analysis of prognostic factors[J]. *J Clin Med*, 2021, 10(5): 1141.
- [13] FATTAHI S, KOSARI-MONFARED M, GOLPOUR M, et al. LncRNAs as potential diagnostic and prognostic biomarkers in gastric cancer: a novel approach to personalized medicine[J]. *J Cell Physiol*, 2020, 235(4): 3189-3206.
- [14] 沈昊, 张玲, 刘修恒. PRMTs在肿瘤发生、发展中的作用及机制[J]. *中国现代医学杂志*, 2020, 30(1): 45-51.
- [15] ABUMUSTAFA W, ZAMER B A, KHALIL B A, et al. Protein arginine N-methyltransferase 5 in colorectal carcinoma: insights into mechanisms of pathogenesis and therapeutic strategies[J]. *Biomed Pharmacother*, 2022, 145: 112368.
- [16] 吴晓斌, 王双双, 唐福婷. PRMT5在结直肠癌中的表达及其对结直肠癌细胞增殖能力的影响[J]. *临床与病理杂志*, 2019, 39(1): 44-50.

(李科 编辑)

**本文引用格式:** 曹一鑫, 李峰清, 殷润婷. 胃癌组织中PRMT5的表达与临床病理特征和预后的关系[J]. *中国现代医学杂志*, 2023, 33(6): 14-19.

**Cite this article as:** CAO Y X, LI Y Q, YIN R T. Relationship between PRMT5 expression in gastric cancer tissues and clinicopathological features and prognosis[J]. *China Journal of Modern Medicine*, 2023, 33(6): 14-19.