



doi:10.7659/j.issn.1005-6947.240500

<http://dx.doi.org/10.7659/j.issn.1005-6947.240500>

China Journal of General Surgery, 2025, 34(8):1795-1800.

· 简要论著 ·

血清 miR-513a-3p、miR-106a-5p 与 miR-767-5p 在乳腺癌中的表达及其预后价值

牛小叶¹, 韩雪冬², 贾立周²

(内蒙古自治区巴彦淖尔市医院 1. 甲乳外科 2. 消化内科, 内蒙古 巴彦淖尔 015000)

摘要

背景与目的: 乳腺癌预后差, 缺乏稳定的分子标志物。本研究旨在探讨血清 miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 在乳腺癌患者中的表达水平及其临床意义。

方法: 纳入 2019—2020 年内蒙古自治区巴彦淖尔市医院收治的乳腺癌患者 100 例 (乳腺癌组) 及乳腺良性疾病患者 113 例 (良性组)。采用 qRT-PCR 检测血清 miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 水平, 分析三者在两组患者间的表达差异, 以及与乳腺癌病理特征及 3 年预后的关系。采用 Kaplan-Meier 方法评估生存情况, 通过 Cox 回归分析确定预后因素。

结果: 乳腺癌组患者血清 miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 水平均明显高于良性组患者 (均 $P < 0.05$)。三者水平与淋巴结转移、TNM 分期有关, miR-513a-3p 和 miR-767-5p 与乳腺癌患者肿瘤分化程度有关, miR-513a-3p 和 miR-106a-5p 还与远处转移有关 (均 $P < 0.05$)。乳腺癌患者中, 死亡组三者水平均明显高于生存组 (均 $P < 0.05$)；Kaplan-Meier 分析显示, 三者高表达患者 3 年生存率均明显低于各自的低表达患者 (均 $P < 0.05$)。Cox 回归提示, miR-513a-3p ($OR=1.160$)、miR-106a-5p ($OR=1.419$) 及 miR-767-5p ($OR=1.327$) 均为独立预后危险因素 (均 $P < 0.05$)。

结论: miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 在乳腺癌患者血清中高表达, 且与病理特征及预后密切相关, 具有作为潜在预后标志物和治疗靶点的价值。

关键词

乳腺肿瘤; 微 RNAs; 预后

中图分类号: R737.9

乳腺癌是由乳腺上皮细胞增殖失控引起的病变, 多发于外上象限乳房, 发病率居女性恶性肿瘤首位, 且全球半数以上的乳腺癌病例发生在发展中国家^[1-2]。乳腺癌的临床表现为肿块、乳头溢液、乳腺皮肤出现“橘皮征”或“酒窝征”等, 易转移到肺、胸膜、肝脏等部位^[3]。随着治疗策略的不断完善, 乳腺癌的预后有所提高, 但在我国内农村地区, 预后改善并不明显^[4]。既往研究^[5]表明, 微小 RNA (miRNA) 参与调控癌细胞增殖等过程, 目前已发现许多 miRNA 与恶性肿瘤的发生发展紧

密相关, 且成为诊疗标志物。通过数据库检索, 从多个与乳腺癌细胞增殖、凋亡等过程密切相关的 miRNA 中挑选除了 miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 这三个基因, 目前, 虽有部分研究^[6-8]证实 miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 能够调控乳腺癌细胞的增殖等过程, 但尚且缺乏临床研究。鉴于此, 本研究检测了乳腺癌患者血清 miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 水平, 分析三者水平与乳腺癌患者病理特征及预后的关系, 为乳腺癌的治疗及预后评估提供参考。

1 资料与方法

1.1 一般资料

选取内蒙古自治区巴彦淖尔市医院 2019—

收稿日期: 2024-09-23; 修订日期: 2025-08-23。

作者简介: 牛小叶, 内蒙古自治区巴彦淖尔市医院副主任医师, 主要从事乳腺外科方面的研究。

通信作者: 贾立周, Email: c10809072021@126.com

2020年收治100例女性乳腺癌患者为乳腺癌组，年龄（ 53.62 ± 6.17 ）岁。纳入标准：(1)确诊为乳腺癌^[9]；(2)病历资料齐全；(3)于本院接受手术或化疗等抗癌治疗；(4)患者签署知情同意书。排除标准：(1)不接受随访；(2)入组前接受抗癌治疗；(3)既往肿瘤史；(4)妊娠/哺乳期；(5)合并自身免疫性疾病；(6)肝肾等器官功能严重受损。另选取同期113例女性乳腺良性疾病患者为良性组，其中35例为乳腺增生、42例为乳腺炎、36例为乳腺囊肿；年龄（ 54.05 ± 6.29 ）岁。纳入标准：(1)既往无肿瘤史；(2)心、肝等器官功能正常。

1.2 方法

1.2.1 血清 miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 水平检测 患者均在手术/化疗开始之前采集肘静脉血3mL，离心后取血清，进行实时荧光定量PCR(qRT-PCR)，仪器使用赛默飞QuantStudio5 PCR仪。Trizol试剂(赛默飞)提取血清总RNA后使用逆转录试剂盒(赛默飞)进行逆转录，以逆转录产物为模板进行扩增，程序：95℃1min，94℃30s、60℃30s，72℃15s，40个循环。以

U6为内源对照， $2^{-\Delta\Delta CT}$ 法计算miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p相对表达水平。

1.2.2 随访 出院后随访3年，随访终点为死亡或失访，记录死亡、失访时间。

1.3 统计学处理

SPSS 25.0处理数据。计数资料用例数(百分比)[n (%)]表示，采用 χ^2 检验。计量资料用($\bar{x} \pm s$)表示，采用t检验。基于随访数据，采用Kaplan-Meier曲线分析血清miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p与乳腺癌预后的关系；乳腺癌预后的影响因素采用Cox回归分析。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 良性组、乳腺癌组血清 miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 水平比较

与良性组比较，乳腺癌组血清miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p水平均明显较高(均 $P < 0.05$) (表1)。

表1 良性组、乳腺癌组血清miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p水平对比($\bar{x} \pm s$)

组别	miR-513a-3p	miR-106a-5p	miR-767-5p
良性组(n=113)	1.05±0.18	0.97±0.15	1.02±0.17
乳腺癌组(n=100)	1.96±0.33	1.64±0.27	1.77±0.29
t	25.363	22.717	23.336
P	<0.001	<0.001	<0.001

2.2 血清 miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 与乳腺癌病理参数的关系

低分化乳腺癌患者血清miR-513a-3p和miR-767-5p表达水平较中高分化患者高(均 $P < 0.05$)，发生淋巴结转移、TNM分期为III~IV期的患者血清miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p表达水平较未发生淋巴结转移、TNM分期为I~II期的患者高($P < 0.05$)；远处转移的患者血清miR-513a-3p和miR-106a-5p表达水平较未发生远处转移的患者高($P < 0.05$)。乳腺癌患者年龄、肿瘤直径、病理类型与三者表达水平均无明显关系(均 $P > 0.05$) (表2)。

2.3 不同预后患者血清 miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 水平比较

随访过程中，3例失访，随访率97.00%，将生

存、死亡的患者分别归为生存组($n=65$)和死亡组($n=32$)。与生存组比较，死亡组血清miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p水平均明显较高(均 $P < 0.05$) (表3)。

2.4 血清 miR-513a-3p、miR-106a-5p 和 miR-767-5p 与乳腺癌预后的关系

以100例患者血清miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p表达均值为临界值，分为高表达(>临界值)及低表达(<临界值)。生存分析显示，miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p低表达患者3年生存率均明显高于各自的高表达患者(80.43% vs. 51.85%， $\chi^2=9.149$ ， $P=0.002$ ；77.55% vs. 52.94%， $\chi^2=9.201$ ， $P=0.002$ ；76.60% vs. 54.72%， $\chi^2=5.274$ ， $P=0.022$) (图1)。

表2 血清miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p与乳腺癌病理特征的关系 ($\bar{x} \pm s$)

特征	n	miR-513a-3p	t	P	miR-106a-5p	t	P	miR-767-5p	t	P
年龄(岁)										
<50	45	1.90±0.32			1.65±0.28			1.75±0.28		
≥50	55	2.01±0.33	1.681	0.096	1.63±0.26	0.370	0.712	1.79±0.30	0.683	0.496
肿瘤直径(cm)										
<2	42	1.93±0.32			1.59±0.25			1.74±0.30		
≥2	58	1.98±0.33	0.757	0.451	1.68±0.29	1.621	0.108	1.80±0.31	0.968	0.335
病理类型										
浸润癌	87	1.91±0.32			1.57±0.24			1.71±0.28		
非浸润性癌	13	2.00±0.34	0.938	0.350	1.69±0.29	1.636	0.105	1.82±0.30	1.309	0.193
分化程度										
中高分化	53	1.85±0.31			1.61±0.26			1.70±0.25		
低分化	47	2.09±0.35	3.637	<0.001	1.67±0.29	1.091	0.278	1.85±0.34	2.532	0.013
淋巴结转移										
有	40	2.06±0.34			1.73±0.31			1.90±0.36		
无	60	1.90±0.32	2.389	0.019	1.58±0.24	2.721	0.008	1.68±0.24	3.670	<0.001
远处转移										
有	24	2.11±0.35			1.75±0.30			1.83±0.31		
无	76	1.91±0.33	2.551	0.012	1.61±0.26	2.215	0.029	1.75±0.28	1.189	0.237
TNM分期										
I-II	65	1.90±0.30			1.60±0.24			1.72±0.25		
III~IV	35	2.08±0.32	2.796	0.006	1.71±0.28	2.061	0.042	1.87±0.29	2.704	0.008

表3 生存组与死亡组血清miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p水平比较 ($\bar{x} \pm s$)

组别	miR-513a-3p	miR-106a-5p	miR-767-5p
生存组(n=65)	1.76±0.3	1.55±0.25	1.70±0.27
死亡组(n=32)	2.37±0.38	1.85±0.31	1.91±0.34
t	8.605	5.125	3.300
P	<0.001	<0.001	0.001

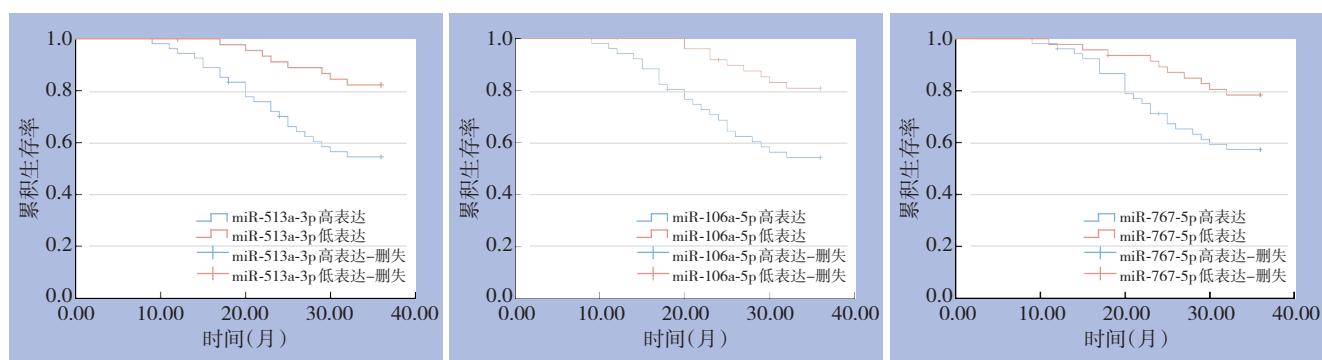


图1 不同血清miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p水平患者的生存曲线

2.5 乳腺癌预后的Cox回归分析

以血清miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p为自变量分析乳腺癌预后的影响因素,结果显示,血清miR-513a-3p($OR=1.160$, 95% CI=1.060~1.269)、

miR-106a-5p($OR=1.419$, 95% CI=1.111~1.813)和miR-767-5p($OR=1.327$, 95% CI=1.011~1.743)均为乳腺癌预后的独立危险因素(均 $P<0.05$)(表4)。

表4 乳腺癌预后的Cox回归分析

变量	β	S.E.	Wald/ χ^2	P	OR	95% CI
miR-513a-3p	0.148	0.046	10.410	0.001	1.160	1.060~1.269
miR-106a-5p	0.350	0.125	7.838	0.005	1.419	1.111~1.813
miR-767-5p	0.283	0.139	4.143	0.042	1.327	1.011~1.743

3 讨 论

乳腺癌的发生与多种因素有关，具体发病机制尚不明确^[10]。手术是乳腺癌的有效治疗手段，不能进行手术者可采用靶向治疗、放化疗及内分泌治疗，早期乳腺癌经手术治疗后预后较佳，晚期时癌细胞发生远处转移，导致身体多器官受到影响，治疗效果不佳，预后较差^[11]。分析乳腺癌血清具有重要的临床意义。

作为非编码RNA，miRNA调控着多种基因的表达，参与人类各类疾病的发生发展。研究报道，miR-513a-3p影响着胃癌、肺癌、卵巢癌等癌细胞的生长过程^[12]。Jiang等^[13]发现，miR-513a-3p在鼻咽癌细胞中高表达，且hsa_circ_0000345通过海绵miR-513a-3p抑制鼻咽癌的发生进展。杨林青等^[14]报道，miR-513a-3p有可能通过靶向细胞色素P450家族成员1B1抑制对索拉非尼耐药的肝癌细胞的增殖，促进其凋亡，从而逆转其耐药性，可见miR-513a-3p对耐药肝癌细胞的治疗提供了新方向。本研究结果显示，与良性组相比，乳腺癌组血清miR-513a-3p水平明显较高，提示miR-513a-3p可能参与乳腺癌的发生过程。Fan等^[6]表明，环状RNA NR3C2通过海绵化miR-513a-3p使E3泛素蛋白连接酶对三阴性乳腺癌细胞的抑制作用增强。结合Fan等^[6]的推测，miR-513a-3p可能通过充当其他RNA的海绵调控下游基因表达，从而促进乳腺癌细胞增殖。本研究发现，miR-513a-3p表达水平与乳腺癌分化程度、淋巴结转移和远处转移有关，提示miR-513a-3p与乳腺癌病理特征密切相关。受杨林青等^[14]研究的启发，笔者后续将进行动物及细胞实验，深入分析miR-513a-3p的具体作用机制，为乳腺癌的治疗提供帮助。李红云等^[15]报道，miR-513a-3p水平有望成为评估的胃癌预后的潜在指标。本研究进一步分析发现，与生存组比较，死亡组血清miR-513a-3p明显较高，Cox回归也提示miR-513a-3p是乳腺癌预后的危险因素，且Kaplan-Meier分析表明，miR-513a-3p高表达者3年生存率低于低

表达者，推测miR-513a-3p高表达抑制乳腺癌细胞凋亡，促进其迁移，从而对患者预后造成不利影响^[6]。

研究显示，miR-106a-5p不仅在炎症反应及氧化应激中发挥调控作用，在癌细胞的迁移、凋亡过程及耐药性等方面也发挥重要作用，人miR-106a-5p编码基因位于染色体Xq26.2^[16]。王科等^[17]的研究发现，miR-106a-5p在喉癌组织中的表达低于癌旁组织，而且miR-106a-5p低表达能够促进喉癌细胞上皮间质转化能力、减弱自然杀伤细胞对癌细胞杀伤力。然而，Zheng等^[18]研究表明，miR-106a-5p在卵巢癌组织及细胞中高表达，且miR-106a-5p通过调控Kruppel样因子6等下游蛋白表达促进癌细胞迁移。本研究结果中，乳腺癌组血清miR-106a-5p明显高于良性组，推测miR-106a-5p与乳腺癌的发生有关。Zhang等^[7]的研究中发现，miR-106a-5p通过靶向信号转导和转录激活因子3(STAT3)调控乳腺癌细胞铁死亡。李双健等^[19]研究发现，下调miR-106a-5p表达能够减弱乳腺癌细胞增殖能力，且该基因3'-末端2'-O-甲基化能够进一步促进其促癌作用。结合上述研究^[7,19]推测，miR-106a-5p可能通过调控STAT3表达介导乳腺癌细胞增殖及铁死亡影响乳腺癌发生。本研究对不同病理特征患者血清miR-106a-5p表达进行比较发现，miR-106a-5p表达高低与是否发生淋巴结、远处转移及TNM分期相关，可见miR-106a-5p与乳腺癌进展紧密相关，miR-106a-5p有望成为乳腺癌治疗靶点。本研究还发现，死亡组血清miR-106a-5p水平明显高于生存组，Cox回归也表明患者血清miR-106a-5p水平越高，3年内死亡风险越高。此外，Kaplan-Meier分析也提示，miR-106a-5p高表达者3年生存率低于低表达者，推测miR-106a-5p低表达抑制乳腺癌细胞增殖力、促进铁死亡，对生存率提高具有积极意义。

研究^[20]显示，miR-767-5p在多种肿瘤中表达异常，miR-767-5p通过调控靶基因表达影响疾病进展。Lin等^[21]报道，miR-767-5p在结直肠癌组织及细胞中表达下调。目前，miR-767-5p在乳腺癌中发

挥的促癌作用是明确的,刘海英等^[22]发现,抑制miR-767-5p表达后,乳腺癌细胞侵袭、迁移、上皮间充质转化受到抑制,可能与miR-767-5p对胰岛素样生长因子1的调控有关。miRNA是瓦氏效应的关键调节因子,Wang等^[23]发现,miR-767-5p可能通过影响癌细胞的瓦氏效应影响其生长。本研究结果显示,乳腺癌组血清miR-767-5p明显较良性组高,与前人研究结果一致。本研究还显示,低分化、淋巴结转移者血清miR-767-5p明显较高,可见miR-767-5p水平与乳腺癌病理特征有关,miR-767-5p可能通过正向调控胰岛素样生长因子1促进癌细胞迁移及淋巴结转移。本研究进一步分析miR-767-5p与患者预后的关系,结果发现,死亡组血清miR-767-5p水平明显高于生存组,Cox回归也提示,血清miR-767-5p水平越高,预后可能越差,Kaplan-Meier分析显示,miR-767-5p高表达者3年生存率明显较低表达者低,结合前人研究推测,miR-767-5p可能通过影响乳腺癌细胞的瓦氏效应、上皮间充质转化等重要过程影响患者预后。

综上所述,在乳腺癌患者血清miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p水平较高,且三者水平与患者病理特征及预后密切相关。miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p有望成为乳腺癌治疗靶点,检测三者水平也有利于对患者预后进行预测,后续将通过细胞或动物实验探究miR-513a-3p、miR-106a-5p和miR-767-5p在乳腺癌中的具体作用机制。

作者贡献声明:牛小叶负责起草文章、对文章的知识性内容作批评性审阅;贾立周负责统计分析、行政、技术或材料支持;获取研究经费;韩雪冬负责支持性贡献、酝酿和设计实验、实施研究、分析/解释数据。

利益冲突:所有作者均声明不存在利益冲突。

参考文献

- [1] Parsamand T, Zarani F, Panaghi L, et al. Conceptualization of breast cancer and attitudes toward breast cancer screening: a qualitative study on Iranian and Australian women[J]. *Cancer Invest*, 2024, 42(1):34–43. doi:[10.1080/07357907.2023.2283866](https://doi.org/10.1080/07357907.2023.2283866).
- [2] McVicker L, Cardwell CR, McIntosh SA, et al. Cancer-specific mortality in breast cancer patients with hypothyroidism: a UK population-based study[J]. *Breast Cancer Res Treat*, 2022, 195(2): 209–221. doi:[10.1007/s10549-022-06674-5](https://doi.org/10.1007/s10549-022-06674-5).
- [3] Le Scodan R, Ghannam Y, Kirova Y, et al. Radiation therapy of the primary tumour and oligometastatic sites in patients with breast cancer with synchronous metastases: a literature review[J]. *Cancer Radiother*, 2024, 28(1):3–14. doi:[10.1016/j.canrad.2023.08.007](https://doi.org/10.1016/j.canrad.2023.08.007).
- [4] Wang Y, Lv W, Yi Y, et al. A novel signature based on cancer-associated fibroblast genes to predict prognosis, immune feature, and therapeutic response in breast cancer[J]. *Aging (Albany NY)*, 2023, 15(9):3480–3497. doi:[10.18632/aging.204685](https://doi.org/10.18632/aging.204685).
- [5] Chhichholiya Y, Singh HV, Singh S, et al. Genetic variations in tumor-suppressor miRNA-encoding genes and their target genes: focus on breast cancer development and possible therapeutic strategies[J]. *Clin Transl Oncol*, 2024, 26(1): 1–15. doi: [10.1007/s12094-023-03176-8](https://doi.org/10.1007/s12094-023-03176-8).
- [6] Fan Y, Wang J, Jin W, et al. CircNR3C2 promotes HRD1-mediated tumor-suppressive effect via sponging miR-513a-3p in triple-negative breast cancer[J]. *Mol Cancer*, 2021, 20(1):25. doi:[10.1186/s12943-021-01321-x](https://doi.org/10.1186/s12943-021-01321-x).
- [7] Zhang H, Ge Z, Wang Z, et al. Circular RNA RHOT1 promotes progression and inhibits ferroptosis via mir-106a-5p/STAT3 axis in breast cancer[J]. *Aging (Albany NY)*, 2021, 13(6):8115–8126. doi: [10.18632/aging.202608](https://doi.org/10.18632/aging.202608).
- [8] 刘海英,陈峰,姚嘉. miR-767-5p抑制剂对乳腺癌细胞增殖、凋亡影响[J]. 生物技术, 2023, 33(5): 599–603. doi: [10.16519/j.cnki.1004-311x.2023.05.0090](https://doi.org/10.16519/j.cnki.1004-311x.2023.05.0090).
- [9] Liu HY, Chen F, Yao J. Effects of miR-767-5p inhibitors on proliferation and promote apoptosis of breast cancer cells[J]. *Biotechnology*, 2023, 33(5): 599–603. doi: [10.16519/j.cnki.1004-311x.2023.05.0090](https://doi.org/10.16519/j.cnki.1004-311x.2023.05.0090).
- [10] 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(2015版)[J]. 中国癌症杂志, 2015, 25(9):692–754. doi: [10.3969/j.issn.1007-3969.2015.09.010](https://doi.org/10.3969/j.issn.1007-3969.2015.09.010).
The Society of Breast Cancer China Anti-Cancer Association. Guidelines for breast cancer diagnosis and treatment by China Anti-cancer Association (2015 edition)[J]. *China Oncology*, 2015, 25(9): 692–754. doi:[10.3969/j.issn.1007-3969.2015.09.010](https://doi.org/10.3969/j.issn.1007-3969.2015.09.010).
- [11] Namba T, Matsuda N, Rahman M, et al. Association between mammographic breast composition and breast cancer risk among Japanese women: a retrospective cohort study[J]. *Breast Cancer*, 2022, 29(6):978–984. doi:[10.1007/s12282-022-01376-8](https://doi.org/10.1007/s12282-022-01376-8).
- [12] Go J, Ahn JH, Park JM, et al. Distinct prognosis of minimal residual disease according to breast cancer subtype in patients with breast or nodal pathologic complete response after neoadjuvant chemotherapy[J]. *Ann Surg Oncol*, 2023, 30(12): 7060–7068. doi: [10.1245/s10434-023-13938-x](https://doi.org/10.1245/s10434-023-13938-x).
- [13] Zhou H, Yao B, Qian L, et al. miR-513a-3p promotes radiation-induced apoptosis of human lung cells by inhibiting glutathione S-

- transferase P1[J]. *Pharmazie*, 2022, 77(3): 121–124. doi: 10.1691/ph.2022.1872.
- [13] Jiang C, Li H, Liu F, et al. Hsa_circ_0000345 inhibits cell proliferation, migration and invasion of nasopharyngeal carcinoma cells via miR-513a-3p/PTEN axis[J]. *J Physiol Sci*, 2022, 72(1):10. doi:10.1186/s12576-022-00834-4.
- [14] 杨林青, 田红卫, 任松. miR-513a-3p 调控CYP1B1逆转肝癌细胞索拉菲尼耐药的作用[J]. 现代消化及介入诊疗, 2022, 27(7):840–846. doi:10.3969/j.issn.1672-2159.2022.07.008.
Yang LQ, Tian HW, Ren S. MiR-513a-3p reverse sorafenib resistance in hepatocellular carcinoma by regulating CYP1B1[J]. *Modern Digestion & Intervention*, 2022, 27(7): 840–846. doi: 10.3969/j.issn.1672-2159.2022.07.008.
- [15] 李红云, 徐阳. 胃癌组织miR-513a-3p、RNF6表达及其与患者预后的关系[J]. 胃肠病学和肝病学杂志, 2022, 31(11):1249–1254. doi:10.3969/j.issn.1006-5709.2022.11.009.
Li HY, Xu Y. The expression of miR-513a-3p and RNF6 in gastric cancer tissues and its relationship with the prognosis of patients[J]. *Chinese Journal of Gastroenterology and Hepatology*, 2022, 31(11): 1249–1254. doi:10.3969/j.issn.1006-5709.2022.11.009.
- [16] Ranjbaran J, Safarpour H, Nomiri S, et al. Experimental validation of in silico analysis estimated the reverse effect of upregulated hsa-miR-106a-5p and hsa-miR-223-3p on SLC4A4 gene expression in Iranian patients with colorectal adenocarcinoma by RT-qPCR[J]. *Cancer Med*, 2023, 12(6):7005–7018. doi:10.1002/cam4.5499.
- [17] 王科, 蒋晋安, 张海鹏. 微小RNA-106a-5p/E2F3/β-catenin轴增加NK细胞对喉癌细胞的杀伤作用[J]. 中国耳鼻咽喉头颈外科, 2022, 29(8):477–482. doi:10.16066/j.1672-7002.2022.08.001.
Wang K, Jiang JA, Zhang HP. miR-106a-5p/E2F3/β-catenin axis increases the killing effect of NK cells on laryngeal cancer cells[J]. *Chinese Archives of Otolaryngology-Head and Neck Surgery*, 2022, 29(8):477–482. doi:10.16066/j.1672-7002.2022.08.001.
- [18] Zheng Y, Zhu K, Wang G. miR-106a-5p carried by tumor-derived extracellular vesicles promotes the invasion and metastasis of ovarian cancer by targeting KLF6[J]. *Clin Exp Metastasis*, 2022, 39 (4):603–621. doi:10.1007/s10585-022-10165-8.
- [19] 李双健, 李丹, 丰锦春, 等. miR-106b-5p 3'-末端2'-O-甲基化对乳腺癌细胞的影响[J]. 生物技术, 2023, 33(5): 586–591. doi: 10.16519/j.cnki.1004-311x.2023.05.0088.
Li SJ, Li D, Feng JC, et al. Effect of 3'-terminal 2'-O-methylation of miR-106b-5p on breast cancer cells[J]. *Biotechnology*, 2023, 33 (5):586–591. doi:10.16519/j.cnki.1004-311x.2023.05.0088.
- [20] Xiang Y, Xu X, Yang B, et al. Circular RNA_0000190 and its target microRNA-767-5p are dysregulated, and they are related to risk stratification as well as prognosis in multiple myeloma patients[J]. *Ir J Med Sci*, 2022, 191(2): 671–679. doi: 10.1007/s11845-021-02586-3.
- [21] Lin P, Qin X, Yi C, et al. Clinical value and regulatory mechanism of miR-767-5p in colorectal cancer[J]. *Folia Biol (Praha)*, 2025, 71 (1):18–28. doi:10.14712/fb2025071010018.
- [22] 刘海英, 陈峰, 姚嘉. 下调胰岛素样生长因子抑制miR-767-5p的表达对乳腺癌细胞增殖、迁移、侵袭及上皮间充质转化的影响[J]. 实用医学杂志, 2023, 39(22):2878–2884. doi:10.3969/j.issn.1006-5725.2023.22.004.
Liu HY, Chen F, Yao J. Suppression of miR-767-5p expression of inhibits breast cancer cell proliferation, migration, invasion and EMT through down-regulating IGF1[J]. *The Journal of Practical Medicine*, 2023, 39(22): 2878–2884. doi: 10.3969/j. issn. 1006-5725.2023.22.004.
- [23] Wang X, Liu Z, Chu A, et al. Hsa_circ_0052611 and mir-767-5p guide the Warburg effect, migration, and invasion of BRCA cells through modulating SCAI[J]. *J Bioenerg Biomembr*, 2023, 55(5): 381–396. doi:10.1007/s10863-023-09985-4.

(本文编辑 姜晖)

本文引用格式:牛小叶, 韩雪冬, 贾立周. 血清miR-513a-3p、miR-106a-5p与miR-767-5p在乳腺癌中的表达及其预后价值[J]. 中国普通外科杂志, 2025, 34(8): 1795–1800. doi: 10.7659/j.issn.1005-6947.240500

Cite this article as: Niu XY, Han XD, Jia LZ. Expression and prognostic value of serum miR-513a-3p, miR-106a-5p, and miR-767-5p in breast cancer[J]. *Chin J Gen Surg*, 2025, 34(8):1795–1800. doi: 10.7659/j.issn.1005-6947.240500