



doi:10.3978/j.issn.1005-6947.2016.05.026
http://dx.doi.org/10.3978/j.issn.1005-6947.2016.05.026
Chinese Journal of General Surgery, 2016, 25(5):768-772.

· 简要论著 ·

miR-153 在胃癌组织中的表达及其临床意义

周宁, 王薇, 唐勇

(新疆医科大学附属肿瘤医院 消化内科, 新疆 乌鲁木齐 830000)

摘要

目的: 探讨 miR-153 在胃癌中的表达及其临床意义。

方法: 收集 49 例胃癌根治术后组织和配对癌旁正常组织标本, 采用实时荧光定量-聚合酶链反应 (RT-qPCR) 检测 miR-153 的表达水平, 并分析其与胃癌临床 TNM 分期、肿瘤大小、分化程度、淋巴结转移等临床病理参数之间的关系。

结果: miR-153 在胃癌组织中的表达量显著低于相应癌旁正常组织 ($P < 0.01$), miR-153 的表达量与胃癌淋巴结转移有关 ($P < 0.05$), 与民族、性别、年龄、分化程度、肿瘤大小、临床 TNM 分期等病理参数无关 ($P > 0.05$)。

结论: miR-153 在胃癌组织中低表达, 提示 miR-153 可能与胃癌的发生发展有关。

关键词

胃肿瘤 / 病理学; miR-153; RT-qPCR

中图分类号: R735.2

胃癌是世界上发病率最高的恶性肿瘤之一, 且预后较差, 死亡人数占有恶性肿瘤死亡人数的 12%^[1-2]。胃癌发病隐匿, 加上大众防癌意识薄弱, 多数患者就诊时已是中晚期癌症患者。一项荟萃分析^[3]发现早期胃癌如果确诊后尽快行根治手

术, 5年生存率可达90%。

微小RNA (microRNA, miRNA) 是一类由 19~25 个核苷酸组成的非编码单链小RNA。有实验^[4-8]证明 miRNA 的异常表达与肿瘤发生、发展有着密切的联系, 其中 miR-153 与神经母细胞瘤、乳腺癌、肺癌等多种癌症有着密切联系。本实验应用逆转录-聚合酶链 (Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction, RT-qPCR) 技术检测 49 例胃癌患者癌组织及对应癌旁正常组织中 miR-153 的表达水平, 并分析其与胃癌临床病理参数之

收稿日期: 2016-02-26; 修订日期: 2016-04-19。

作者简介: 周宁, 新疆医科大学附属肿瘤医院主治医师, 主要从事消化肿瘤内科方面的研究。

通信作者: 唐勇, Email: tangyon626@163.com

[16] Chen CJ, Zhang Y, Shi XY. Comparison of ultrasonic automated breast volume scanning and ultrasonic elastography in the diagnosis for breast lesion[J]. J Chin Oncol, 2013, 2:122-124.

[17] 程婧, 朱宜春, 左冬梅. 自动乳腺全容积成像系统与乳腺钼靶诊断乳腺肿块对比研究[J]. 安徽医药, 2015, 19(11):2156-2158.

Cheng J, Zhu YC, Zuo DM. Comparative study of breast lump diagnosis between automated breast volume scanner and molybdenum target[J]. Anhui Medical and Pharmaceutical Journal, 2015, 19(11):2156-2158.

[18] Golatta M, Franz D, Harcos A, et al. Interobserver reliability of automated breast volume scanner (ABVS) interpretation and agreement of ABVS findings with hand held breast ultrasound (HHUS), mammography and pathology results[J]. Eur J Radiol, 2013, 82(8):e332-336.

[19] Zheng FY, Yan LX, Huang BJ, et al. Comparison of retraction phenomenon and BI-RADS- US descriptors in differentiating benign and malignant breast masses using an automated breast volume scanner[J]. Eur J Radiol, 2015, 84(11):2123-2129.

(本文编辑 姜晖)

本文引用格式: 孔迅, 赵建新, 邵玉红, 等. 自动全容积成像在乳腺疾病诊断中的应用: 附173例报告[J]. 中国普通外科杂志, 2016, 25(5):764-768. doi:10.3978/j.issn.1005-6947.2016.05.025

Cite this article as: Kong X, Zhao JX, Shao YH, et al. Application of automated breast volume scanner in diagnosis of breast diseases: a report of 173 cases[J]. Chin J Gen Surg, 2016, 25(5):764-768. doi:10.3978/j.issn.1005-6947.2016.05.025

间的关系。目的为探讨miR-153在胃癌发生、发展中的作用,为进一步的研究提供一定理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 组织标本 收集2012年4月—2013年5月就诊于新疆医科大学附属肿瘤医院的49例经手术病理确诊的胃癌患者的手术切除新鲜标本,取胃癌组织以及远端对照正常黏膜组织(距癌组织>5 cm)。全部标本手术后30 min内置于-80℃液氮中保存。所有患者术前均未做放疗、化疗及其它针对肿瘤的治疗。汉族标本共41对,其中男29例,女12例;年龄36~77岁,中位年龄59岁。维族标本共8例,其中男5例,女性3例;年龄40~66岁,中位年龄55岁(表1)。所有标本组织性质均经病理专业医师确认,临床病例资料参照医院诊断,肿瘤组织根据美国癌症联合委员会(American Joint Committee on Cancer, AJCC)胃癌TNM分期(2010年第7版)进行病理分期。患者均已签署知情同意书并通过新疆医学院伦理委员会。

1.1.2 主要试剂 Trizol试剂(美国Invitrogen公司), Reverse Transcription System A3500 (Promega公司), PCR扩增试剂盒(Promega公司), 2XEasyTaq PCR SuperMix(北京中山金桥生物技术有限公司), DNA marker(上海生工生物工程有限公司), TBE 5X缓冲液(上海生工生物工程有限公司), 内参U6及miR-153特异RT-PCR引物(华大基因科技有限公司合成)。

1.2 方法

1.2.1 总RNA提取 按照Trizol试剂说明书对49例胃癌组织及相应癌旁正常组织进行总RNA提取。取出液氮中保存的胃癌组织及癌旁组织标本,在液氮中研磨成粉末,加入1 mL Trizol试剂,室温静置5 min,加入0.2 mL氯仿,振荡混匀后室温静置3 min, 4℃, 12 000 r/min,离心15 min,将水相(含RNA)移至新离心管,加入0.5 mL异丙醇,震荡混匀后室温放置10 min, 4℃, 12 000 r/min,离心10 min,弃上清液,加入75%乙醇1 mL,振荡混匀, 4℃, 7 500 r/min,离心5 min,弃上清,吸出乙醇,静置于干燥冰上,

加入ddH₂O水,至完全溶解,用紫外分光光度计(Amersham Uhrospec200)检测RNA的纯度,所有标本RNA₂₆₀/RNA₂₈₀比值均为1.8~2.1之间,可用于后续试验中。

1.2.2 cDNA合成 按One Step PrimeScript miRNA cDNA Synthesis Kit说明书,将RNA浓度调整至100 ng/μL进行逆转录,反应体系(共20 μL)为:5×Reaction buffer 4 μL+10 mM dNTP mix 2 μL+Reverse transcriptase 1 μL+Ribolock RNase inhibitor 1 μL+Total RNA 2 μg+RNase-Free water 10 μL。反应条件为:25℃ 5 min; 42℃ 60 min; 70℃ 5 min。cDNA合成后,用DEPC水将产物按1:5比例稀释,-20℃保存备用。

1.2.3 实时荧光定量PCR miR-153的上游引物序列为:5'-UUGCAUAGUCACAAAAGUGAUC-3'; miR-153的下游引物序列为:5'-TCCACCACCCAGTTGCTGTA-3';内参U6上游引物序列为:5'-CTCGCTTCGGCAGCAC-3'。应用miRcute miRNA荧光定量检测试剂和miR-153及内参U6引物,在荧光定量PCR仪上进行检测。按照试剂说明书配成20 μL反应体系:模板cDNA(10倍稀释)2 μL+2×miRcute miRNA premix 10 μL+miR-153/内参U6引物0.4 μL+Reverse primer 0.4 μL+Rnase-Free water 7.2 μL。反应条件:94℃ 2 min; 94℃ 20 s, 60℃ 34 s, 40个循环。所有反应均设立3个复孔,取平均值。记录每个反应管中的荧光信号到达所设立的阈值时所经历的循环数即Ct值,以U6作内参, $\Delta Ct = [Ct(miRNA-153) - Ct(U6)]$,分别计算胃癌组织及相应癌旁组织中的miR-153的相对表达量。

1.3 统计学处理

采用SPSS 17.0软件对数据进行统计分析,对癌组织和癌旁组织的表达量采用配对t检验,计量数据以均数±标准差($\bar{x} \pm s$)表示,两个样本均数比较采用独立样本t检验,以P<0.05为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 miR-153在胃癌组织中的表达

采用实时荧光定量PCR方法检测49对胃癌患者癌组织及对应癌旁组织中miR-153的表达水

平。经配对t检验显示, 49对胃癌患者miR-153的 ΔCt 值分别为癌组织为 6.27 ± 1.54 , 相应癌旁组织中为 5.41 ± 1.56 , miR-153在胃癌组织中的表达水平明显低于相应癌旁组织, 差异有统计学意义 ($P=0.007$) (图1)。

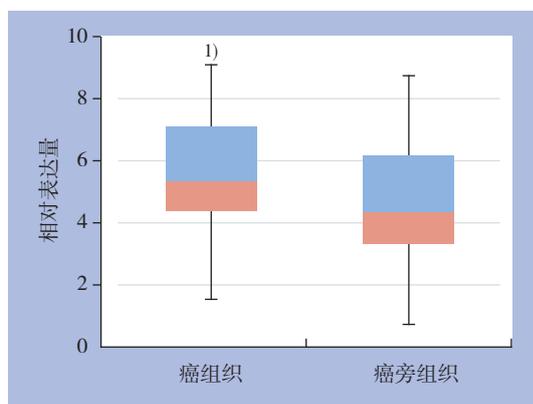


图1 miR-153在胃癌组织及配对癌旁正常组织中的表达
注: 1) $P < 0.01$

2.2 miR-153与胃癌临床病理参数之间的关系

通过统计分析发现, miR-153的表达量与胃癌患者的淋巴结转移有关, 淋巴结转移越多, miR-153的表达量越低 ($P < 0.05$); 而miR-153的表达量与胃癌患者的年龄、性别、民族、肿瘤分化程度、肿瘤大小、临床TNM分期等病理参数均无明显关系 ($P > 0.05$) (表1)。

表1 miR-153的表达量与胃癌临床病理特征的关系

病理特征	n (%)	miR-153 表达量 ($\bar{x} \pm s$)	P
性别			
男	34 (69.4)	6.38 ± 1.60	0.431
女	15 (30.6)	6.00 ± 1.42	
年龄 (岁)			
< 60	29 (59.2)	6.28 ± 1.53	0.949
≥ 60	20 (40.8)	6.25 ± 1.59	
肿瘤直径 (cm)			
< 5	26 (53.0)	6.62 ± 1.51	0.084
≥ 5	23 (47.0)	5.86 ± 1.50	
分化程度			
高分化	4 (0.1)	5.83 ± 1.28	0.526
中-低分化	45 (99.9)	6.34 ± 1.54	
民族			
汉	41 (83.7)	6.20 ± 1.93	0.496
维	8 (16.3)	6.61 ± 0.93	
淋巴结转移			
有	36 (74.5)	6.59 ± 1.52	0.013
无	13 (25.5)	5.37 ± 1.26	
临床分期			
I-II	24 (49.0)	5.86 ± 1.34	0.072
III-IV	25 (51.0)	6.65 ± 1.43	

3 讨论

近些年的研究表明, 基因突变^[9-10]、基因融合^[11-12]、抑癌基因失活^[13-14]等均可导致胃癌的发生, 目前发现与胃癌相关的癌基因多达400多种^[15]。miRNA是一类小分子内源性非编码RNA, 广泛存在于真核细胞中, 它可在转录后水平调控蛋白合成, 经近几年研究证实, 约50%的miRNA基因定位于与肿瘤相关的脆性位点、癌基因或抑癌基因的断裂位区等^[16], 起着类似癌基因或抑癌基因的作用, 参与了肿瘤发生和发展过程。故miRNA在肿瘤的诊断、治疗、预后等方面有着广阔的应用前景^[17]。

miR-153是新近发现的与肿瘤相关密切的miRNA之一^[5]。研究^[18]发现miR-153可直接靶向调控核因子相关因子2 (Nrf2) 表达, 影响胶质母细胞瘤细胞的生长, 发挥抑癌作用。邓一帆等^[19]进一步研究发现, miR-153可以显著地抑制胶质母细胞瘤干细胞的自我更新能力, 并产生抑制增殖和诱导凋亡的作用。有实验^[20]证明miR-153在胰腺导管腺癌 (PDAC) 中表达明显下调, 并通过靶定SNAIL1来抑制细胞侵袭, 同时发现miR-153下调明显与PDAC患者总生存期短明显相关, PDAC中可作为一个独立的预测生存的预后因素。此外, 在乳腺癌^[21]、骨肉瘤^[22]中也发现miR-153表达下调, 可以抑制肿瘤细胞的增殖和侵袭, 发挥抑癌基因作用。但Zhang等^[23]研究发现, miR-153在结直肠癌中高表达, 其可诱导MMP9的产生间接增强肿瘤细胞的侵袭力, 同时可直接抑制叉头转录因子FOXO3a, 产生主要以铂类为基础的化疗耐药, 使疾病进展。

本研究中采用real-timePCR检测miR-153在胃癌组织中的表达情况, 结果显示, miR-153在胃癌组织中的表达水平显著低于相应癌旁组织 ($P < 0.01$), 进一步分析miR-153与胃癌的临床病理因素^[24]之间的相关性可见, miR-153的表达与胃癌患者的年龄、性别、民族、肿瘤分化程度、肿瘤大小、临床TNM分期均无明显关系 ($P > 0.05$), 但有淋巴结转移的患者低表达miR-153的比例明显高于无淋巴结转移者, 两者比较差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。以上结果提示miR-153可能参与胃癌的发生、发展过程, 并发挥着抑

癌基因样作用,这与miR-153在胶质母细胞瘤、胰腺导管腺癌、乳腺癌、骨肉瘤中的研究结果相吻合。由于本实验样本数量较少,未能就其与胃癌的临床分期及预后情况等进行深入的分析,该实验结果仍有待扩大样本进一步研究加以验证。但本实验结果为胃癌分子研究机制提供了一个潜在的靶点,下一步笔者将进行深入分析和实验验证miR-153与其靶基因在胃癌细胞系中的效应,进一步研究miR-153在胃癌发生、发展过程中的作用机制,为胃癌的早期诊断、治疗及预后评估提供一定的理论依据。

参考文献

- [1] Knight G, Earle CC, Cosby R, et al. Neoadjuvant or adjuvant therapy for resectable gastric cancer: a systematic review and practice guideline for North America[J]. *Gastric Cancer*, 2013, 16(1):28-40.
- [2] 幸茂晖,陈典. 联合检测肿瘤标志物对胃癌进行早期诊断的临床研究[J]. *河北医药*, 2011, 33(2):193-194.
Xing MH, Chen D. Combined tumor marker determination for early diagnosis of gastric cancer[J]. *Hebei Medical Journal*, 2011, 33(2):193-194.
- [3] Chen C, Yang JM, Hu TT, et al. Prognostic role of human epidermal growth factor receptor in gastric cancer: a systematic review and meta-analysis[J]. *Arch Med Res*, 2013, 44(5):380-389.
- [4] Patil KS, Basak I, Pal R, et al. A Proteomics Approach to Investigate miR-153-3p and miR-205-5p Targets in Neuroblastoma Cells[J]. *PLoS One*, 2015, 10(12):e0143969. doi: 10.1371/journal.pone.0143969.
- [5] Fkih M'hamed I, Privat M, Ponelle F, et al. Identification of miR-10b, miR-26a, miR-146a and miR-153 as potential triple-negative breast cancer biomarkers[J]. *Cell Oncol (Dordr)*, 2015, 38(6):433-442.
- [6] Shan N, Shen L, Wang J, et al. MiR-153 inhibits migration and invasion of human non-small-cell lung cancer by targeting ADAM19[J]. *Biochem Biophys Res Commun*, 2014, 456(1):385-391.
- [7] 韩小妮,周静,孙玉芳,等. miR-153在卵巢癌中的表达及其生物学功能[J]. *中华临床医师杂志:电子版*, 2015, 9(18):56-58.
Han XN, Zhou J, Sun YF, et al. Expression and biological function of miR-153 in ovarian cancer[J]. *Chinese Journal of Clinicians: Electronic Version*, 2015, 9(18):56-58.
- [8] 林立国,汤兰花,吴国忠,等. MicroRNA-153在膀胱癌组织中的表达及对膀胱癌细胞生物学特性的影响[J]. *临床和实验医学杂志*, 2016, 15(6):533-536.
Lin LG, Tang LH, Wu GZ, et al. MicroRNA-153 expression in bladder cancer tissues and the impact on the biological characteristics of bladder cancer cells[J]. *Journal of Clinical and Experimental Medicine*, 2016, 15(6):533-536.
- [9] 李亮,陈锐,刘俊松,等. 突变型p53与Namp1在胃癌组织中的表达及其与预后的关系[J]. *中国普通外科杂志*, 2015, 24(4):505-510.
Li L, Chen R, Liu JS, et al. Expressions of mutant p53 and Namp1 in gastric cancer tissue and their relations with prognosis[J]. *Chinese Journal of General Surgery*, 2015, 24(4):505-510.
- [10] 郝兰香,潘超,蔡建春. 胃癌组织中PIK3CA基因热点突变筛查及临床意义[J]. *基础医学与临床*, 2014, 34(12):1671-1675.
Hao LX, Pan C, Cai JC. Screening for mutation in the hotspot mutation regions of PIK3 CA gene in gastric cancer and clinical value[J]. *Basic Medical Sciences and Clinics*, 2014, 34(12):1671-1675.
- [11] 徐晓凤,王建江,叶金松,等. 高通量测序法检测胃癌患者融合基因LRP5-LITAF[J]. *临床检验杂志*, 2014, 32(11):828-830.
Xu XF, Wang JJ, Ye JS, et al. Determination of LRP5.LITAF fusion gene in gastric cancer by transcriptome analysis[J]. *Chinese Journal of Clinical Laboratory Science*, 2014, 32(11):828-830.
- [12] 朱垒,郭宇星. ROS1融合基因在恶性肿瘤中表达及研究现状[J]. *中国普通外科杂志*, 2016, 25(2):281-285.
Zhu L, Guo YX. ROS1 fusion gene expression in cancer and current research status[J]. *Chinese Journal of General Surgery*, 2016, 25(2):281-285.
- [13] 游焜,张谢夫,赵春临,等. 抑癌基因CHD5在胃癌中的表达及临床意义[J]. *世界华人消化杂志*, 2012(34):3317-3322.
You K, Zhang XF, Zhao CL, et al. Clinical significance of expression of CHD5 in gastric carcinoma[J]. *World Chinese Journal of Digestology*, 2012, 20(24):3317-3322.
- [14] 杨蔚,张毅,钟玲,等. 抑癌基因WTX对胃癌SGC-7901细胞增殖、凋亡及细胞周期的影响[J]. *中国普通外科杂志*, 2015, 24(4):511-516.
Yang W, Zhang Y, Zhong L, et al. Influence of tumor suppressor WTX gene on proliferation, apoptosis and cell cycle of human gastric cancer SGC-7901 cells[J]. *Chinese Journal of General Surgery*, 2015, 24(4):511-516.
- [15] 郭波,王文静,赵凌宇,等. Hsa-miR-106a在胃癌组织中的表达及其临床意义[J]. *山西医科大学学报*, 2014, 45(1):12-15.
Guo B, Wang WJ, Zhao LY, et al. Expression of hsa-miR-106a in gastric carcinoma and its clinical significance[J]. *Journal of Shanxi Medical University*, 2014, 45(1):12-15.
- [16] Farazi TA, Hoell JI, Morozov P, et al. MicroRNAs in Human Cancer[J]. *Adv Exp Med Biol*, 2013, 774:1-20. doi: 10.1007/978-94-007-5590-1_1.
- [17] 时姗姗,王建东. miRNA在肿瘤分子病理学研究中的应用[J]. *临床与实验病理学杂志*, 2011, 27(10):1111-1113.
Shi SS, Wang JD. Application of miRNA in tumor molecular pathological research[J]. *Chinese Journal of Clinical and Experimental Pathology*, 2011, 27(10):1111-1113.

- Experimental Pathology, 2011, 27(10):1111-1113.
- [18] 黄龙, 王汉东, 朱林, 等. miR-153靶向Nrf2对胶质母细胞瘤细胞株U251凋亡的影响[J]. 中国实用神经疾病杂志, 2013, 16(19):1-3.
- Huang L, Wang HD, Zhu L, et al. Effect of microRNA-153 targeting transcription factor Nrf2 on apoptosis of glioblastoma U251 cells[J]. Chinese Journal of Practical Nervous Diseases, 2013, 16(19):1-3.
- [19] 邓一帆, 祝刚, 罗洪海, 等. MiR-153对胶质母细胞瘤干细胞生物学特性的影响[J]. 中华神经医学杂志, 2015, 14(3):233-238.
- Deng YF, Zhu G, Luo HH, et al. Effect of microRNA-153 on biological characteristics of glioblastoma stem cells[J]. Chinese Journal of Neuromedicine, 2015, 14(3):233-238.
- [20] Bai Z, Sun J, Wang X, et al. MicroRNA-153 is a prognostic marker and inhibits cell migration and invasion by targeting SNAIL in human pancreatic ductal adenocarcinoma[J]. Oncol Rep, 2015, 34(2):595-602.
- [21] Anaya-Ruiz M, Cebada J, Delgado-López G, et al. miR-153 silencing induces apoptosis in the MDA-MB-231 breast cancer cell line[J]. Asian Pac J Cancer Prev, 2013, 14(5):2983-2986.
- [22] Niu G, Li B, Sun L, et al. MicroRNA-153 inhibits osteosarcoma cells proliferation and invasion by targeting TGF- β 2[J]. PLoS One, 2015, 10(3):e0119225. doi: 10.1371/journal.pone.0119225.
- [23] Zhang L, Pickard K, Jenei V, et al. miR-153 supports colorectal cancer progression via pleiotropic effects that enhance invasion and chemotherapeutic resistance[J]. Cancer Res, 2013, 73(21):6435-6447.
- [24] 李小宝, 梅乐园, 车向明. 影响胃癌预后因素的研究进展[J]. 中国普通外科杂志, 2013, 22(4):494-497.
- Li XB, Mei LY, Che XM. Prognostic factors for gastric cancer[J]. Chinese Journal of General Surgery, 2013, 22(4):494-497.

(本文编辑 姜晖)

本文引用格式: 周宁, 王薇, 唐勇. miR-153在胃癌组织中的表达及其临床意义[J]. 中国普通外科杂志, 2016, 25(5):768-772. doi:10.3978/j.issn.1005-6947.2016.05.026

Cite this article as: Zhou N, Wang W, Tang Y. Expression of miR-153 in gastric cancer and its clinical significance[J]. Chin J Gen Surg, 2016, 25(5):768-772. doi:10.3978/j.issn.1005-6947.2016.05.026

本刊对来稿中统计学处理的有关要求

1. 统计研究设计: 应交代统计研究设计的名称和主要做法。如调查设计 (分为前瞻性、回顾性或横断面调查研究); 实验设计 (应交代具体的设计类型, 如自身配对设计、成组设计、交叉设计、正交设计等); 临床试验设计 (应交代属于第几期临床试验, 采用了何种盲法措施等)。主要做法应围绕 4 个基本原则 (随机、对照、重复、均衡) 概要说明, 尤其要交代如何控制重要非试验因素的干扰和影响。

2. 资料的表达与描述: 用 $\bar{x} \pm s$ 表达近似服从正态分布的定量资料, 用 $M(QR)$ 表达呈偏态分布的定量资料; 用统计表时, 要合理安排纵横标目, 并将数据的含义表达清楚; 用统计图时, 所用统计图的类型应与资料性质相匹配, 并使数轴上刻度值的标法符合数学原则; 用相对数时, 分母不宜小于 20, 要注意区分百分率与百分比。

3. 统计分析方法的选择: 对于定量资料, 应根据所采用的设计类型、资料所具备的条件和分析目的, 选用合适的统计分析方法, 不应盲目套用 t 检验和单因素方差分析; 对于定性资料, 应根据所采用的设计类型、定性变量的性质和频数所具备条件以分析目的, 选用合适的统计分析方法, 不应盲目套用 χ^2 检验。对于回归分析, 应结合专业知识和散布图, 选用合适的回归类型, 不应盲目套用简单直线回归分析, 对具有重复实验数据的回归分析资料, 不应简单化处理; 对于多因素、多指标资料, 要在一元分析的基础上, 尽可能运用多元统计分析方法, 以便对因素之间的交互作用和多指标之间的内在联系进行全面、合理的解释和评价。

4. 统计结果的解释和表达: 当 $P < 0.05$ (或 $P < 0.01$) 时, 应说明对比组之间的差异有统计学意义, 而不应说对比组之间具有显著性 (或非常显著性) 的差别; 应写明所用统计分析方法的具体名称 (如: 成组设计资料的 t 检验、两因素析因设计资料的方差分析、多个均数之间两两比较的 q 检验等), 统计量的具体值 (如 $t=3.45$, $\chi^2=4.68$, $F=6.79$ 等) 应可能给出具体的 P 值 (如 $P=0.0238$); 当涉及到总体参数 (如总体均数、总体率等) 时, 在给出显著性检验结果的同时, 再给出 95% 置信区间。

中国普通外科杂志编辑部