

• 论 著 •

寻常型银屑病患者血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平与疾病活动的相关性^{*}

王艳心, 李凤迪, 王庆谊, 赵 娜

河北省沧州中西医结合医院皮肤科, 河北沧州 061000

摘要:目的 探讨寻常型银屑病患者血清微小 RNA(miR)-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平与疾病活动的相关性。方法 选取 2022 年 1 月至 2024 年 1 月在该院皮肤科就诊的 126 例寻常型银屑病患者作为研究组(进行期 51 例, 静止期 37 例, 退行期 38 例)。根据患者银屑病皮损面积及严重程度(PASI)评分法分为:轻度组 52 例, 中重度组 74 例。另选取同期该院体检健康者 126 例作为对照组。采用荧光定量 PCR 法检测 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平, 对研究组和对照组的一般临床资料进行比较, 比较不同人群血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平, Spearman 法分析寻常型银屑病患者血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 与疾病活动度(PASI 评分)的相关性, 采用受试者工作特征曲线分析血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 对寻常型银屑病患者疾病活动度的诊断价值。结果 与对照组相比, 研究组血清 miR-410 表达水平更低, 血清 miR-17-5p 和 miR-21 表达水平更高($P<0.05$); 不同时期的寻常型银屑病患者血清 miR-410 表达水平与对照组相比呈下降趋势, 血清 miR-17-5p 和 miR-21 表达水平呈上升趋势($P<0.05$); 中重度组血清 miR-410 表达水平低于轻度组, 血清 miR-17-5p 和 miR-21 表达水平高于轻度组($P<0.05$); 寻常型银屑病患者血清 miR-410 与 PASI 评分呈负相关, 血清 miR-17-5p 和 miR-21 与 PASI 评分呈正相关($P<0.05$); 血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 单独诊断及三者联合诊断寻常型银屑病患者疾病活动度的曲线下面积分别为 0.790、0.843、0.795、0.969, 三者联合优于各自单一诊断。结论 寻常型银屑病的发生发展与血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平有关, 三者表达水平变化可以评估寻常型银屑病患者病情的严重程度。

关键词:寻常型银屑病; 微小 RNA-410; 微小 RNA-17-5p; 微小 RNA-21; 疾病活动度

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2025.10.013 **中图法分类号:**R758.63

文章编号:1673-4130(2025)10-1216-05 **文献标志码:**A

Correlation between serum miR-410, miR-17-5p, miR-21 expression levels and disease activity in patients with psoriasis vulgaris^{*}

WANG Yanxin, LI Fengdi, WANG Qingyi, ZHAO Na

Department of Dermatology, Cangzhou Hospital of Traditional Chinese and Western Medicine, Cangzhou, Hebei 061000, China

Abstract: **Objective** To investigate the correlation between serum microRNA(miR)-410, miR-17-5p, and miR-21 expression levels with disease activity in patients with psoriasis vulgaris. **Methods** A total of 126 patients with psoriasis vulgaris who visited Department of Dermatology in the hospital from January 2022 to January 2024 were included as the research group (51 cases in the active phase, 37 cases in the quiescent phase, and 38 cases in the degenerative phase). According to the Psoriasis Area and Severity Index (PASI) scoring method, the patients were assigned into 52 cases of mild psoriasis group and 74 cases of moderate to severe group. 126 healthy individuals who underwent physical examinations at the hospital were included as the control group. Fluorescence quantitative PCR was applied to detect the expression levels of miR-410, miR-17-5p, and miR-21. The general clinical data of the research group and the control group were compared. The expression levels of serum miR-410, miR-17-5p, and miR-21 were compared among different groups. Spearman method was applied to analyze the correlation between serum miR-410, miR-17-5p, miR-21 and disease activity (PASI score) in patients with psoriasis vulgaris. Receiver operating characteristic curve was applied to analyze the diagnostic value of serum miR-410, miR-17-5p, and miR-21 for disease activity in patients with psoriasis vulgaris. **Results** Compared with the control group, the serum miR-410 expression level in the research group

^{*} 基金项目:河北省中医药管理局资助项目(2022230)。

作者简介:王艳心,女,主治医师,主要从事皮肤免疫及病理方面的研究。

was lower, while the serum miR-17-5p and miR-21 expression levels were higher ($P < 0.05$). The serum miR-410 expression level of patients with psoriasis vulgaris in different periods showed a decreasing trend and serum miR-17-5p and miR-21 expression levels showed increasing trends compared with the control group ($P < 0.05$). The serum miR-410 expression level in the moderate to severe group was lower than that in the mild group, while the serum miR-17-5p and miR-21 expression levels were higher than those in the mild group ($P < 0.05$). Serum miR-410 was negatively correlated with PASI score in patients with psoriasis vulgaris, while serum miR-17-5p and miR-21 were positively correlated with PASI score ($P < 0.05$). The area under the curve of serum miR-410, miR-17-5p, miR-21, and their combined diagnosis for disease activity in patients with psoriasis vulgaris was 0.790, 0.843, 0.795, and 0.969, respectively. The combination of the three was superior to their individual diagnosis. **Conclusion** The occurrence and development of psoriasis vulgaris are related to the expression levels of serum miR-410, miR-17-5p and miR-21, and the changes in the expression levels of three could evaluate the severity of the disease in patients with psoriasis vulgaris.

Key words: psoriasis vulgaris; microRNA-410; microRNA-17-5p; microRNA-21; disease activity

银屑病是一种慢性炎症性皮肤病,其特征是边界清楚的红斑和银色片状鳞屑,可累及皮肤的任何部位,但最常见的是伸肌表面(如肘部、膝盖)和头皮。季节变化、心理压力、饮食、饮酒是导致疾病复发或加重的常见因素^[1-2]。寻常型银屑病是一种慢性免疫介导的皮肤病,炎症、表皮过度增生和血管生成是银屑病皮肤中发生的三个关键病理事件^[3-4]。

最近研究显示,微小 RNA(miR)已被证明在银屑病发病机制中起着重要作用,已确定 2 500 多种 miR 在调节基本生物过程方面发挥关键作用^[5]。miR-410 位于 DLK1-DIO3 簇内的染色体 14q32.31 上,有研究发现,miR-410 在包括系统性红斑狼疮等多种炎症疾病中异常表达,这表明 miR-410 可能参与了寻常型银屑病的发生发展^[6];miR-17-5p 在各种炎症疾病的发生、进展和转移中差异表达,有研究发现,miR-17-5p 参与了银屑病的病程,用于银屑病的诊断、预后和监测治疗^[7]。miR-21 是已知的炎症和免疫调控 miRNA,可能通过调节信号通路,如核转录因子- κ B(NF- κ B)和信号转导和转录激活因子 3(STAT3),影响银屑病炎症反应,miR-21 也是一种致癌因子,参与肿瘤的生长和转移^[8]。目前,寻常型银屑病患者血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 水平与疾病活动度的相关性研究较少,因此,本研究通过检测血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平,进一步分析三者与寻常型银屑病疾病活动度的相关性。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取 2022 年 1 月至 2024 年 1 月在本院皮肤科就诊的 126 例寻常型银屑病患者作为研究组,其中男 85 例、女 41 例,年龄 20~65 岁,平均(38.75±10.98)岁;病程 5 个月至 15 年,平均(4.50±1.96)年,根据病情进展,分为进行期 51 例,静止期 37 例,退行期 38 例;根据患者银屑病皮损面积及严重程度(PASI)评分法(<10 分为轻度、≥10 分为中重度)进行疾病活动度分组,其中轻度组 52 例,

中重度组 74 例。同期选取本院体检健康者 126 例作为对照组,其中男 79 例、女 47 例,年龄 21~65 岁,平均(39.10±9.10)岁。纳入标准:(1)符合中国银屑病诊疗指南中的标准^[9],经病理检查确诊为寻常型银屑病;(2)所有患者近期没有使用糖皮质激素及免疫抑制剂等有影响的药物;(3)入组者病历及体检资料均完整;(4)入组者和家属均签署知情同意书。排除标准:(1)合并急慢性及其他免疫系统等感染性疾病;(2)过敏性哮喘及肝肾功能不全;(3)女性处于哺乳、妊娠期;(4)先天性心脏病。本研究经本院伦理委员会认可并通过审批。

1.2 方法

1.2.1 实时荧光定量 PCR 法检测血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平 采集寻常型银屑病患者及对照组清晨空腹静脉血 5 mL,以 3 000 r/min 离心 12 min,取上清液,于-80℃环境下储存待测。用 Trizol 试剂(上海爱必信生物科技有限公司,货号:ab-sin)分离提取总 RNA,按照反转录试剂盒(北京索莱宝科技有限公司,货号:RP1105)使用说明进行逆转录合成 cDNA,采用实时荧光定量 PCR 法扩增,miR-410、miR-17-5p 和 miR-21 内参均选用 U6,每个模版设置 3 个重复,确保结果的准确性,取均值后,使用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 相对定量法计算 miR-410、miR-17-5p 和 miR-21 的相对表达量,引物序列见表 1。

1.2.2 临床资料的收集 收集研究组和对照组的临床资料,包括年龄、性别(男/女)、体重指数(BMI)、高血压史、糖尿病史、饮酒史、吸烟史。

1.3 统计学处理 采用 SPSS25.0 统计学软件进行数据分析。计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,采用 t 检验和单因素方差分析;计数资料以例数或百分率表示,组间比较行 χ^2 检验;Spearman 法分析血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 与疾病活动度(PASI 评分)的相关性;受试者工作特征(ROC)曲线分析血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 对寻常型银屑病患者疾病活

动度的诊断价值,以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

表 1 qRT-PCR 引物序列(5'-3')

基因	上游引物	下游引物
miR-410	CCGCACGATATAACACAGATG	GTGCAGGGTCCGAGGTATTC
miR-17-5p	GAGCCTCAAAGAACTGCAC	AATTGGACAGCACCTTCTGG
miR-21	GGAGGATTTATGGAGAAAT	CAGGTGAAAGAGATGAACCACGAC
U6	TCAACGACCACTTTGTCAAGCTCA	GATGGTGGTCCAGGGGTCTTACT

2 结 果

2.1 研究组和对照组临床资料比较 研究组与对照组临床资料比较,差异均无统计学意义($P>0.05$)。见表 2。

表 2 研究组和对照组临床资料比较
[n/n 或 $\bar{x}\pm s$ 或 $n(\%)$]

临床资料	对照组	研究组	t/χ^2	P
男/女	79/47	85/41	0.629	0.4282
年龄(岁)	39.10 $\pm$ 9.10	38.75 $\pm$ 10.98	0.275	0.783
BMI(kg/m ²)	22.74 $\pm$ 2.45	22.98 $\pm$ 2.76	0.730	0.466
高血压史	20(15.87)	32(25.40)	3.489	0.062
糖尿病史	27(21.43)	40(31.75)	3.436	0.064
吸烟史	31(24.60)	45(35.71)	3.693	0.055
饮酒史	35(27.78)	49(38.89)	3.500	0.061

2.2 血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平比较 与对照组相比,研究组血清 miR-410 表达水平较低,血清 miR-17-5p 和 miR-21 表达水平较高($P<0.05$)。见表 3。

表 3 血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平比较($\bar{x}\pm s$)

组别	n	miR-410	miR-17-5p	miR-21
研究组	126	0.70 $\pm$ 0.15	1.43 $\pm$ 0.26	1.48 $\pm$ 0.29
对照组	126	1.03 $\pm$ 0.16	1.07 $\pm$ 0.21	1.09 $\pm$ 0.23
t		16.890	12.091	11.827
P		<0.001	<0.001	<0.001

2.3 不同时期的寻常型银屑病患者血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平比较 不同时期的寻常型银屑病患者血清 miR-410 表达水平与对照组比较呈下降趋势,血清 miR-17-5p 和 miR-21 表达水平呈上升趋势($P<0.05$)。见表 4。

2.4 不同疾病活动度的寻常型银屑病患者血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平比较 中重度组寻常型银屑病患者血清 miR-410 表达水平低于轻度组,血清 miR-17-5p 和 miR-21 表达水平均高于轻度组($P<0.05$)。见表 5。

2.5 血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平与 PASI 评分的相关性分析 采用 Spearman 法进行相关性分析得出,寻常型银屑病患者血清 miR-410 与 PASI 评分呈负相关,血清 miR-17-5p 和 miR-21 与 PASI 评分呈正相关($P<0.05$)。见表 6。

表 4 不同时期的寻常型银屑病患者血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平比较($\bar{x}\pm s$)

组别	n	miR-410	miR-17-5p	miR-21
进行期	51	0.61 $\pm$ 0.12 ^{*#&}	1.56 $\pm$ 0.38 ^{*#&}	1.62 $\pm$ 0.40 ^{*#&}
静止期	37	0.70 $\pm$ 0.18 ^{*#}	1.42 $\pm$ 0.31 ^{*#}	1.49 $\pm$ 0.32 ^{*#}
退行期	38	0.82 $\pm$ 0.25 [*]	1.27 $\pm$ 0.27 [*]	1.28 $\pm$ 0.29 [*]
对照组	126	1.03 $\pm$ 0.16	1.07 $\pm$ 0.21	1.09 $\pm$ 0.23
F		87.49	44.06	46.60
P		<0.001	<0.001	<0.001

注:与对照组比较,^{*} $P<0.05$;与退行期比较,[#] $P<0.05$;与静止期比较,[&] $P<0.05$ 。

表 5 不同疾病活动度的患者血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平比较($\bar{x}\pm s$)

组别	n	miR-410	miR-17-5p	miR-21
轻度组	52	0.82 $\pm$ 0.23	1.25 $\pm$ 0.22	1.29 $\pm$ 0.25
中重度组	74	0.61 $\pm$ 0.16	1.56 $\pm$ 0.36	1.61 $\pm$ 0.33
t		6.047	5.523	5.901
P		<0.001	<0.001	<0.001

表 6 血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 水平与 PASI 评分的相关性分析

变量	PASI 评分	
	r	P
miR-410	-0.489	<0.001
miR-17-5p	0.577	<0.001
miR-21	0.469	<0.001

2.6 血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 对寻常型银屑病患者疾病活动度的诊断价值 血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 及三者联合诊断寻常型银屑病患者疾病活动度的曲线下面积(AUC)分别为 0.790、0.843、0.795、0.969,三者联合优于血清 miR-410、

miR-17-5p、miR-21 各自单一诊断 ($Z_{\text{三者联合-miR-410}} = 3.828$ 、 $Z_{\text{三者联合-miR-17-5p}} = 3.906$ 、 $Z_{\text{三者联合-miR-21}} = 4.657$ ，均 $P < 0.05$)，联合诊断的灵敏度和特异度分别为 91.89%、92.31%。见表 7。

表 7 血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 水平诊断寻常型银屑病患者疾病活动度的价值

变量	AUC	截断值	95%CI	灵敏度(%)	特异度(%)	约登指数
miR-410	0.790	0.75	0.774~0.907	86.49	69.23	0.557
miR-17-5p	0.843	1.43	0.767~0.901	77.03	80.77	0.578
miR-21	0.795	1.49	0.718~0.865	66.22	82.69	0.489
三者联合	0.969	—	0.921~0.992	91.89	92.31	0.842

注：—表示无数据。

3 讨 论

寻常型银屑病是一种常见的慢性自身炎症疾病，主要影响皮肤、心血管系统和关节，其特点是角质形成细胞过度增殖、血管生成和正常免疫反应失调，导致慢性炎症的发生。银屑病不仅仅是一种皮肤病，其发病机制复杂，是由遗传和表观遗传修饰以及多重环境影响共同作用的结果。据报道，该疾病可能伴有多种全身性疾病，73%的银屑病患者至少有一种合并症^[10-11]。寻常型银屑病的特点是持续性炎症，间接导致不受控制的角质形成细胞增殖，是一种慢性复发性疾病，通常需要长期治疗^[12]。目前，大多数患者缺乏长期有效的治疗，因此病情严重且容易复发，影响患者生活质量，并伴有严重的心理合并症^[13]。临床把寻常型银屑病分为进行期、静止期和退行期，又按照患者皮损面积及 PASI 评分法进行疾病活动度的评估，分为轻度和中重度，目前，寻常型银屑病缺乏特异性生物标志物，导致依赖临床评估和影像学检查结果进行诊断。所以，通过研究寻常型银屑病疾病活动度的影响因子，在临床中可对患者采取针对性治疗措施，对临床治疗意义巨大。

miRNA 是小非编码 RNA，以细胞特异性方式控制基因表达，在发育、生长、凋亡、可塑性、激活、存活、增殖和分化等过程中具有广泛的功能意义。调节角质形成细胞和异质性 T 细胞群的 miRNA 在银屑病的病理生理学中尤为重要。目前已经对各种样本类型进行了多项 miRNA 表达分析研究，以潜在诊断银屑病^[14-15]。有研究表明，位于染色体 14q32.31 中的 miR-410 经常失调，miR-410 作为双功能基因并在许多癌症中充当肿瘤抑制因子，例如骨肉瘤、乳腺癌、肝癌、胰腺癌等，先前的一项研究表明，miR-410 表达降低与神经母细胞瘤的无病生存率显著相关^[16]。有研究表明，miR-410 在系统性红斑狼疮患者中的水平显著低于健康者，与疾病发生和活动度有关^[6]；另有研究发现，在类风湿关节炎中，miR-410 低表达，并参与炎症反应和增殖^[17]。而本研究中，miR-410 在寻常型银屑病患者血清中低表达，这可能与寻常型银屑病的炎症反应有关，因为 miR-410 具有调节免疫反应的作

用，低水平 miR-410 可能导致免疫系统异常活跃，从而加重寻常型银屑病症状。

miR-17-5p 是一种与多种炎症性疾病相关的 miRNA，是 miR-17-92 基因簇的一部分，该基因簇在细胞增殖、分化和凋亡等过程中发挥重要作用，并在多种癌症和炎症性疾病中异常表达，与细胞周期调控和免疫应答密切相关，有研究表明，miR-17-5p 在特异性皮炎中呈高表达，是特异性皮炎患者新的候选标志物^[18]；另有研究表明，miR-17-5p 在红斑狼疮患者早期肾损伤中呈现高表达趋势^[19]，本研究中 miR-17-5p 在寻常型银屑病患者血清中呈高表达，表明 miR-17-5p 可能通过促进炎症介质表达，加重寻常型银屑病严重程度，其高水平表达与寻常型银屑病严重程度密切相关，说明 miR-17-5p 可能通过调节目标基因，影响炎症反应和细胞增殖。这种调控作用可能导致角质形成细胞异常增殖和皮肤炎症的加剧。

miR-21 在多种炎症性和自身免疫性疾病中有异常表达。它主要通过抑制目标基因（如 PTEN、PD-CD4 和 Spry1）来调控细胞凋亡、增殖和免疫反应^[20]。有研究发现，在肺炎支原体肺炎患儿中，重症组血清 miR-21 高于轻症组，且与炎症因子有显著相关性，可以成为诊断疾病严重程度的指标^[21]；另有研究发现，miR-21 在银屑病患者角质形成细胞中差异表达，可能影响细胞的凋亡和增殖^[22]。本研究中，miR-21 在寻常型银屑病患者血清中呈高表达，表明 miR-21 在调节免疫反应和炎症过程中起重要作用，其高表达水平与银屑病的病理生理过程有关，包括角质形成细胞的增殖和炎症反应的激活。

本研究发现，不同时期的寻常型银屑病患者血清 miR-410 表达水平与对照组相比呈下降趋势，血清 miR-17-5p 和 miR-21 表达水平呈上升趋势，血清 miR-410 表达水平与 PASI 评分呈负相关，血清 miR-17-5p 和 miR-21 表达水平与 PASI 评分呈正相关，说明血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 与寻常型银屑病紧密联系，此外，血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 三者联合诊断寻常型银屑病患者疾病活动度的 AUC 为 0.969，灵敏度为 91.89%，特异度为 92.31%，三者联

合优于血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 各自单一诊断。

综上所述,血清 miR-410 在寻常型银屑病患者中呈高表达,血清 miR-17-5p、miR-21 呈低表达,三者均参与寻常型银屑病的发生发展,三者水平变化可以用来评估寻常型银屑病患者疾病活动度。但本研究只针对寻常型银屑病患者血清 miR-410、miR-17-5p、miR-21 表达水平与疾病活动的相关性做了初步研究,由于样本量少等局限性,后续需扩大样本量及增加研究指标进一步分析。

参考文献

[1] ZHANG J, YU Q, PENG L, et al. Cupping for psoriasis vulgaris: a protocol of systematic review and meta-analysis[J]. *Medicine (Baltimore)*, 2020, 99(20): e20348.

[2] LEWIS D J, CHAN W H, HINOJOSA T, et al. Mechanisms of microbial pathogenesis and the role of the skin microbiome in psoriasis: a review [J]. *Clin Dermatol*, 2019, 37(2): 160-166.

[3] ISMAIL A A, DONIA H M, GHATESH H M, et al. CD200/CD200 receptor axis in psoriasis vulgaris [J]. *PLoS One*, 2020, 15(3): e0230621.

[4] YAO X, ZHU Z, MANANDHAR U, et al. RNA-seq reveal RNA binding protein GNL3 as a key mediator in the development of psoriasis vulgaris by regulating the IL23/IL17 axis[J]. *Life Sci*, 2022, 293(1): 119902.

[5] ALATAS E T, KARA M, DOGAN G, et al. Blood microRNA expressions in patients with mild to moderate psoriasis and the relationship between microRNAs and psoriasis activity[J]. *An Bras Dermatol*, 2020, 95(6): 702-707.

[6] 黄佩琼, 舒泉. 外周血 miR-410 表达变化与系统性红斑狼疮疾病活动及预后的关系[J]. *现代免疫学*, 2022, 42(4): 292-298.

[7] CHEN L, WANG X, LIU C, et al. Integrative analysis of gene and microRNA expression profiles reveals candidate biomarkers and regulatory networks in psoriasis[J]. *Medicine (Baltimore)*, 2024, 103(29): e39002.

[8] DAN T, SHASTRI A A, PALAGANI A, et al. miR-21 plays a dual role in tumor formation and cytotoxic response in breast tumors[J]. *Cancers (Basel)*, 2021, 13(4): 888.

[9] 史玉玲. 中国银屑病诊疗指南(2018 版)解读[J]. *同济大学学报(医学版)*, 2019, 40(3): 265-267.

[10] BORSKY P, FIALA Z, ANDRYS C, et al. C-reactive protein, chemerin, fetuin-A and osteopontin as predictors of cardiovascular risks in persons with psoriasis vulgaris

[J]. *Physiol Res*, 2021, 70(3): 383-391.

[11] HAMMAD R, HAMDINO M, EL-NASSER A M, et al. Immunoregulatory complement receptor-1 and leukocyte-associated Ig-like receptor-1 expression on leukocytes in Psoriasis vulgaris[J]. *Innate Immun*, 2020, 26(8): 683-692.

[12] RENDON A, SCHÄKEL K. Psoriasis pathogenesis and treatment[J]. *Int J Mol Sci*, 2019, 20(6): 1475.

[13] WANG Q, LI M, HU X, et al. Autologous blood or autologous serum acupoint injection therapy for psoriasis vulgaris: a protocol for a systematic review and meta-analysis[J]. *Medicine (Baltimore)*, 2020, 99(23): e20555.

[14] MIRZAEI R, ZAMANI F, HAJIBABA M, et al. The pathogenic, therapeutic and diagnostic role of exosomal microRNA in the autoimmune diseases[J]. *J Neuroimmunol*, 2021, 358(1): 577640.

[15] MADAAN P, SHARMA U, TYAGI N, et al. A panel of blood-based circulatory miRNAs with diagnostic potential in patients with psoriasis[J]. *Front Med (Lausanne)*, 2023, 10(1): 1207993.

[16] YIN Y, DING L, HOU Y, et al. Correction to: upregulating microRNA-410 or downregulating Wnt-11 increases osteoblasts and reduces osteoclasts to alleviate osteonecrosis of the femoral head[J]. *Nanoscale Res Lett*, 2021, 16(1): 43.

[17] WANG Y, XU N, ZHAO S, et al. miR-410-3p suppresses cytokine release from fibroblast-like synoviocytes by regulating NF-κB signaling in rheumatoid arthritis[J]. *Inflammation*, 2019, 42(1): 331-341.

[18] CHEN L, QI X, WANG J, et al. Identification of novel candidate genes and predicted miRNAs in atopic dermatitis patients by bioinformatic methods[J]. *Sci Rep*, 2022, 12(1): 22067.

[19] 胡平, 刘莉, 秦进. 系统性红斑狼疮患者血清 miR-17-5p、miR-668 水平与早期肾损伤的相关性[J]. *中国老年学杂志*, 2021, 41(22): 5037-5040.

[20] SURINA S, FONTANELLA R A, SCISCIOLA L, et al. miR-21 in human cardiomyopathies[J]. *Front Cardiovasc Med*, 2021, 8(1): 767064.

[21] 翟斌, 韩梅. 肺炎支原体肺炎患儿血清 miR-21、miR-146a 表达变化及其与炎症因子的相关性[J]. *检验医学*, 2024, 39(8): 787-792.

[22] JIA H Y, ZHANG K, LU W J, et al. LncRNA MEG3 influences the proliferation and apoptosis of psoriasis epidermal cells by targeting miR-21/caspase-8[J]. *BMC Mol Cell Biol*, 2019, 20(1): 46.