

• 短篇论著 •

子宫内膜息肉组织中 miR-152 和 miR-146b-5p 的表达及意义 *

申林林¹, 赵会娟¹, 张亚琴¹, 李晓梅², 王春香²

1. 石家庄市第六医院妇二科, 河北石家庄 050000;

2. 衡水市妇幼保健院, 河北衡水 053000

摘要:目的 探讨微小 RNA(miR)-152 和 miR-146b-5p 在子宫内膜息肉中的表达, 及其对术后复发的预测价值。方法 收集 2021 年 1 月至 2022 年 10 月在石家庄市第六医院接受宫腔镜息肉切除术的 196 例子宫内膜息肉患者作为子宫内膜息肉组, 根据患者术后 6 个月的复发情况分为复发组(53 例)和未复发组(143 例), 另选取同期因不孕症进行宫腔镜检查的 196 例患者作为对照组。采用实时荧光定量聚合酶链式反应(qRT-PCR)检测子宫内膜息肉组织和正常子宫内膜组织中 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平, 并进行组间比较; 采用多因素 Logistic 回归分析子宫内膜息肉患者术后复发的影响因素; 采用受试者工作特征(ROC)曲线分析子宫内膜息肉中 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平对子宫内膜息肉患者术后复发的预测价值。结果 复发组 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平、孕激素受体(PR)水平明显低于未复发组和对照组($P < 0.05$), 血管内皮生长因子(VEGF)、雌激素受体(ER)水平明显高于未复发组和对照组($P < 0.05$); 未复发组 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平、PR 水平明显低于对照组($P < 0.05$), VEGF、ER 水平明显高于对照组($P < 0.05$)。进一步研究显示, miR-152、miR-146b-5p、VEGF、ER、PR 是子宫内膜息肉患者术后复发的影响因素($P < 0.05$)。miR-152、miR-146b-5p 二者联合预测子宫内膜息肉患者术后复发的曲线下面积(AUC)为 0.949, 灵敏度为 96.23%, 特异度为 74.02%, 优于二者各自单独预测($Z_{\text{联合检测-miR-152}} = 4.854, Z_{\text{联合检测-miR-146b-5p}} = 3.431, P < 0.001$)。结论 子宫内膜息肉组织中 miR-152、miR-146b-5p 表达明显下调, 二者联合对预测子宫内膜息肉患者术后复发有较好的参考价值。

关键词:微小 RNA-152; 微小 RNA-146b-5p; 子宫内膜息肉; 复发

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2024.02.023

文章编号:1673-4130(2024)02-0238-05

中图法分类号:R446.1

文献标志码:A

子宫内膜息肉是突入子宫腔的子宫内膜腺体、间质的局部过度生长, 可能出现在整个子宫腔内, 是一种常见的妇科疾病^[1]。子宫内膜息肉常发生于普通女性, 发病率约为 25%, 在所有年龄段都可能被诊断出来, 大多数息肉为良性, 恶变概率为 0%~13%^[2]。子宫内膜息肉患者通常没有明显症状, 最常见的症状是子宫异常出血, 约 1/4 子宫异常出血的育龄妇女检查出在宫腔内有子宫内膜息肉^[3]。对于有症状的患者, 宫腔镜息肉切除术被认为是子宫内膜息肉的标准治疗方法, 对于患者经间期出血有明显改善作用^[4]。但仍然存在患者术后个体差异等因素的影响, 导致复发的情况, 患者病情还可能进一步加重^[5]。因此, 找到合适的生物标志物判断子宫内膜息肉的发生和预后, 对患者的治愈至关重要。微小 RNA(miRNA)可通过结合靶基因的 3'-非翻译区, 进而调控下游靶基因的表达, 其具有多种生理和病理功能^[6]。miR-152 位于 17q21.32, 是一种肿瘤抑制因子, 在多种类型的

癌症中呈低表达^[7]。miR-146b-5p 位于 10 号染色体, 在大多数人体器官中表达, 并在神经退行性疾病、炎症和肿瘤等疾病中发挥重要作用^[8]。然而, 目前 miR-152 和 miR-146b-5p 在子宫内膜息肉中的表达及意义, 尚不清晰。因此, 本研究通过检测子宫内膜息肉组织中 miR-152 和 miR-146b-5p 相对表达水平, 分析其对术后复发的影响, 为子宫内膜息肉患者的预后改善提供参考依据。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取石家庄市第六医院 2021 年 1 月至 2022 年 10 月接受宫腔镜息肉切除术的 196 例子宫内膜息肉患者作为子宫内膜息肉组, 术中留取子宫内膜息肉组织样本。所有患者术后均进行 6 个月的随访, 患者出现明显且经间期出血、月经量增多、且经期延长等症状, 并且经超声检查确诊(宫腔内异常回声), 则为复发。将子宫内膜息肉患者分为复发组(53 例)和未复发组(143 例)。纳入标准:(1)符合子

* 基金项目: 河北省卫生健康委员会科研计划项目(20231637)。

宫内膜息肉相关诊断标准^[9];(2)符合手术指征,进行宫腔镜息肉切除术;(3)年龄 25~45 岁已婚未绝经女性;(4)研究对象本人自愿签署知情同意书。排除标准:(1)哺乳期或妊娠期女性;(2)入选前 6 个月内使用过激素者;(3)入选前 3 月参加过药物及临床试验者;(4)恶性肿瘤者;(5)自身免疫缺陷者;(6)病例资料不完整者。另选取同期因不孕症(排除因子宫内膜息肉引起)进行宫腔镜检查的 196 例患者作为对照组,宫腔镜检查时收集正常子宫内膜组织。对照组和子宫内膜息肉组一般临床资料比较差异无统计学意义($P>0.05$),具有可比性。

1.2 方法

1.2.1 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平检测

RNA 提取试剂盒提取子宫内膜息肉组织样本和正常子宫内膜组织样本中总 RNA, 使用逆转录试剂盒逆转录合成 cDNA。采用 ChamQ Universal SYBR qPCR Master Mix 试剂盒, 在 ABI 7500 Fast 系统上进行实时荧光定量聚合酶链式反应(qRT-PCR), miR-152、miR-146b-5p 检测以 U6 作为内参, 引物序列: miR-152 上游引物 5'-GAGTGCTCAGTCAT-GACAG-3', 下游引物 5'-GTGCAGGGTCCGAGGT-3'; miR-146b-5p 上游引物 5'-CAACCTTGA GAA CTGAATTCCATA-3', 下游引物 5'-AAAGGTTGA TCTCGTCTCTGTGTC-3'; U6 上游引物 5'-GAC-CTCTATGCCAACACAGT-3', 下游引物 5'-AGTAC TTGCGCTCAGGAGGA-3'。根据 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 计算 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平。

1.2.2 血管内皮生长因子(VEGF)、雌激素受体(ER)、孕激素受体(PR)水平检测 于宫腔镜息肉切除术或宫腔镜检查前, 两组患者经肘采集空腹静脉血 8~10 mL, 采血前嘱患者禁食 12 h, 3 000 r/min 离心 10 min, 分离血清后 -80 °C 冰箱保存备用。采用 Varioskan LUX 多功能酶标仪, VEGF 酶联免疫吸附试验(ELISA)试剂盒(货号: ml064281, 上海酶联生物科技有限公司), ER ELISA 试剂盒(货号: ml061328, 上海酶联生物科技有限公司), PR ELISA 试剂盒(货

号: ml059976, 上海酶联生物科技有限公司), 于 450 nm 波长处, 检测血清 VEGF、ER、PR 水平。

1.3 统计学处理 采用 SPSS25.0 统计学软件进行数据处理及统计分析。符合正态分布的计量资料以 $\bar{x}\pm s$ 表示, 组间比较采用 t 检验, 多组间比较采用单因素方差分析, 进一步两两比较行 SNK-q 检验; 计数资料采用频数或百分率表示, 组间比较采用 χ^2 检验。采用多因素 Logistic 回归分析影响子宫内膜息肉患者术后复发的因素; 采用 medcalc 软件绘制受试者工作特征(ROC)曲线, 分析子宫内膜息肉组织中 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平对子宫内膜息肉患者术后复发的预测价值, $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结 果

2.1 3 组 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平、VEGF、ER、PR 水平比较 复发组 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平、PR 水平低于未复发组和对照组($P<0.05$), VEGF、ER 水平高于未复发组和对照组($P<0.05$); 未复发组 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平、PR 水平低于对照组($P<0.05$), VEGF、ER 水平高于对照组($P<0.05$)。见表 1。

2.2 子宫内膜息肉患者术后复发的影响因素分析 以子宫内膜息肉患者术后是否复发(复发=1, 未复发=0)为因变量, 以 miR-152、miR-146b-5p、VEGF、ER、PR(均为连续变量)为自变量, 进行多因素 Logistic 回归分析, 结果显示, miR-152、miR-146b-5p、VEGF、ER、PR 是子宫内膜息肉患者术后复发的影响因素($P<0.05$)。见表 2。

2.3 miR-152、miR-146b-5p 对子宫内膜息肉患者术后复发的预测价值 子宫内膜息肉中 miR-152 预测子宫内膜息肉患者术后复发的曲线下面积(AUC)为 0.829; 子宫内膜息肉中 miR-146b-5p 预测子宫内膜息肉患者术后复发的 AUC 为 0.883; 二者联合预测子宫内膜息肉患者术后复发的 AUC 为 0.949, 优于 miR-152、miR-146b-5p 各自单独预测($Z_{\text{联合检测-miR-152}}=4.854, Z_{\text{联合检测-miR-146b-5p}}=3.431, P$ 均 <0.001)。见表 3、图 1。

表 1 3 组 miR-152、miR-146b-5p、VEGF、ER、PR 水平比较($\bar{x}\pm s$)

组别	<i>n</i>	miR-152	miR-146b-5p	VEGF(ng/mL)	ER(ng/mL)	PR(ng/mL)
对照组	196	1.05±0.25	1.02±0.31	74.13±10.68	26.47±3.54	24.46±2.69
未复发组	143	0.90±0.23 ^a	0.84±0.26 ^a	99.75±12.58 ^a	32.38±4.17 ^a	20.28±2.53 ^a
复发组	53	0.64±0.19 ^{ab}	0.54±0.17 ^{ab}	154.63±21.71 ^{ab}	43.22±5.64 ^{ab}	14.51±2.09 ^{ab}
<i>F</i>		66.440	66.235	777.987	361.460	344.887
<i>P</i>		<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001

注: 与对照组比较,^a $P<0.05$; 与未复发组比较,^b $P<0.05$ 。

表 2 子宫内膜息肉患者术后复发的影响因素分析

影响因素	β	SE	Wald χ^2	P	OR	95%CI
miR-152	-0.297	0.084	12.506	<0.001	0.743	0.630~0.876
miR-146b-5p	-0.360	0.098	13.460	<0.001	0.698	0.576~0.846
VEGF	0.387	0.154	6.303	0.012	1.472	1.088~1.991
ER	0.720	0.243	8.774	0.003	2.054	1.276~3.307
PR	-0.282	0.096	8.651	0.003	0.754	0.625~0.910

表 3 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平对子宫内膜息肉术后复发的预测价值

变量	AUC	最佳截断值	95%CI	灵敏度(%)	特异度(%)	约登指数
miR-152	0.829	0.79	0.769~0.879	90.57	64.34	0.549
miR-146b-5p	0.883	0.71	0.830~0.925	92.45	74.13	0.666
二者联合	0.949	—	0.908~0.975	96.23	74.02	0.703

注:—表示无数据。

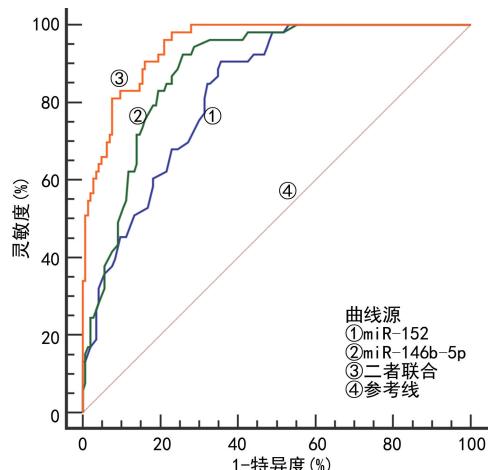


图 1 miR-152、miR-146b-5p 相对表达水平预测子宫内膜息肉术后复发的 ROC 曲线

3 讨 论

子宫内膜息肉是子宫中最常见的病变,其受基因、环境等多种因素共同影响,但目前其发病机制尚不清楚,多数研究认为,雌、孕激素作用失衡在子宫内膜息肉的发生、发展中可能起重要作用^[10-11]。寻找有效的生物标志物,判断患者病情及分析雌、孕激素和病情的关系,对子宫内膜息肉患者的临床治疗和预后改善具有重大的现实意义。

有研究表明,与正常子宫内膜相比,子宫内膜息肉中 ER 水平升高,PR 水平降低,由于子宫内膜对雌、孕激素的反应不一致,患者雌、孕激素紊乱可能会导致子宫内膜部分内膜增生过度,形成息肉^[12]。本研究结果显示,对照组、未复发组、复发组血清 PR 水平依次降低,ER 水平依次升高,提示雌、孕激素受体的异常,可能影响子宫内膜息肉的发生和术后复发。子宫内膜息肉表面覆盖一层上皮组织,并含有大量血管核心,有研究表明,VEGF 与纤维组织伴厚壁血管生

成相关,介导子宫内膜息肉的发展^[13]。本研究结果显示,VEGF 水平在对照组、未复发组、复发组中依次升高,提示 VEGF 可能通过影响血管生成和纤维化来影响子宫内膜息肉的发生和术后复发。

miRNA 参与细胞生物学过程,其表达失调与多种疾病的发生和预后相关^[14]。SONG 等^[15]发现,miR-152 在正常乳腺组织和细胞中的表达明显高于乳腺癌组织,且 miR-152 参与 ER 阳性乳腺癌的耐药性。FENG 等^[16]发现,PR 和 miR-152 在子宫内膜息肉患者中呈低表达,miR-152 通过与上下游基因互作,介导细胞增殖和凋亡,与子宫内膜息肉的发生相关。NIE 等^[17]发现,miR-152 通过下调子宫内膜上皮细胞中的葡萄糖转运蛋白 3,影响子宫液的葡萄糖水平和子宫内膜上皮细胞的葡萄糖摄取,进而影响胚胎早期着床。本研究结果显示,对照组、未复发组、复发组 miR-152 相对表达水平依次降低,提示 miR-152 可能作为子宫内膜息肉发生和术后复发的生物标志物。

miR-146b-5p 作为 miRNA 的一员,在不同的疾病中发挥着不同作用,在甲状腺乳头状癌、神经胶质瘤等癌症中表达上调,而在胰腺癌、肝细胞癌等癌症中表达下调^[18]。GAO 等^[19]发现,在脂多糖诱导的急性肺损伤组织中,miR-146b-5p 相对表达水平明显降低,抑制 miR-146b-5p 表达,可影响中性粒细胞、总细胞、炎症因子的活性和凋亡,增加肺组织损伤和细胞凋亡数量,诱导肺泡上皮细胞损伤和炎症。GU 等^[20]发现,母体表达基因 3 通过海绵化 miR-146b-5p,调节下游基因表达,并抑制乳腺癌细胞上皮-间质转化,进而抑制乳腺癌发展。LI 等^[21]发现,miR-146b-5p 表达抑制上皮-间质转化相关基因的转录和翻译,影响 ER、PR 水平,进而抑制乳腺癌细胞的增殖、迁移。HUANG 等^[22]发现,miR-146b-5p 在子宫内膜癌细胞

中表达明显下调,孕酮通过调节 miR-146b-5p 介导的 Wnt/β-catenin 信号通路,导致癌细胞周期停滞,抑制子宫内膜癌细胞活力,进而抑制子宫内膜癌发展。本研究结果显示,miR-146b-5p 相对表达水平在对照组、未复发组、复发组中依次降低,提示 miR-146b-5p 可能通过影响炎症因子、ER、PR、上皮-间质转化相关基因的水平,抑制子宫内膜息肉发生和术后复发。ROGUCKI 等^[23]发现,miR-152、miR-146b-5p 在甲状腺乳头状癌患者中表达异常,且联合检测对甲状腺乳头状癌可疑病例的诊断具有较高的灵敏度和特异度,可作为该疾病的生物标志物。本研究 ROC 曲线结果显示,子宫内膜息肉中 miR-152、miR-146b-5p 二者联合预测子宫内膜息肉患者术后复发的 AUC 优于二者各自单独预测,提示 miR-152、miR-146b-5p 可能介导子宫内膜细胞的生物学进程,导致子宫内膜息肉患者的术后复发。进一步研究结果显示,miR-152、miR-146b-5p、VEGF、ER、PR 是子宫内膜息肉术后复发的影响因素,提示 miR-152、miR-146b-5p 可能通过调控子宫内膜息肉患者体内 ER、PR、VEGF 水平,影响子宫内膜息肉的发生和术后复发,临幊上应及时关注上述因素,并及时采取干预措施,对子宫内膜息肉的治愈具有重要意义。

综上所述,子宫内膜息肉患者 miR-152、miR-146b-5p 明显下调,二者联合对预测子宫内膜息肉患者术后复发有较好参考价值。然而,miR-152、miR-146b-5p 参与调控子宫内膜息肉患者体内 ER、PR、VEGF 水平的具体机制仍需进一步研究。

参考文献

[1] NIJKANG N P, ANDERSON L, MARKHAM R, et al. Endometrial polyps: pathogenesis, sequelae and treatment [J]. SAGE Open Med, 2019, 7: 20503121.

[2] NAIR V, NIGAM J S, BHARTI J N, et al. Giant endometrial polyp in a postmenopausal woman [J]. Cureus, 2021, 13(1): e12789.

[3] BERCEANU C, CERNEA N, CÄPITÄNESCU R G, et al. Endometrial polyps [J]. Rom J Morphol Embryol, 2022, 63(2): 323-334.

[4] VAN DEN BOSCH T, VERBAKEL J Y, VALENTIN L, et al. Typical ultrasound features of various endometrial pathologies described using International Endometrial Tumor Analysis (IETA) terminology in women with abnormal uterine bleeding [J]. Ultrasound Obstet Gynecol, 2021, 57(1): 164-172.

[5] MUNRO M G. Uterine polyps, adenomyosis, leiomyomas, and endometrial receptivity [J]. Fertil Steril, 2019, 111(4): 629-640.

[6] LI Y, WANG X, WU Q, et al. miR-152-3p represses the proliferation of the thymic epithelial cells by targeting Smad2 [J]. Genes (Basel), 2022, 13(4): 576.

[7] ZHANG G, ZHENG D, CHEN X, et al. miR-152-mediated MKK7 downregulation is attenuated by MYCNOS in ovarian adenocarcinoma [J]. Oncol Lett, 2021, 22(6): 841.

[8] SHI L, SU Y, ZHENG Z, et al. miR-146b-5p promotes colorectal cancer progression by targeting TRAF6 [J]. Exp Ther Med, 2022, 23(3): 231.

[9] 谢幸, 孔北华, 段涛. 妇产科学 [M]. 9 版. 北京: 人民卫生出版社, 2018: 150-153.

[10] LEE M M H. Endometrial polyp removed by a manual hysteroscopic tissue removal device [J]. Gynecol Minim Invasive Ther, 2020, 9(1): 34-35.

[11] ULLAH A, JIN Y, OMAR N, et al. Uterine hemangioma presenting as an endometrial polyp in a postmenopausal woman [J]. Curr Health Sci J, 2022, 48(1): 125-127.

[12] 陈舒, 罗新. 子宫内膜息肉宫腔镜手术后孕激素的应用 [J]. 暨南大学学报(自然科学与医学版), 2017, 38(3): 259-263.

[13] LI F, WEI S, YANG S, et al. Post hysteroscopic progestrone hormone therapy in the treatment of endometrial polyps [J]. Pak J Med Sci, 2018, 34(5): 1267-1271.

[14] CHEN X, HUANG F, LIU Y, et al. Exosomal miR-152-5p and miR-3681-5p function as potential biomarkers for ST-segment elevation myocardial infarction [J]. Clinics (Sao Paulo), 2022, 77: 100038.

[15] SONG Y, ZHANG M, LU M M, et al. EPAS1 targeting by miR-152-3p in paclitaxel-resistant breast cancer [J]. J Cancer, 2020, 11(19): 5822-5830.

[16] FENG M, ZHANG T, MA H. Progesterone ameliorates the endometrial polyp by modulating the signaling pathway of Wnt and β-catenin via regulating the expression of H19 and miR-152 [J]. J Cell Biochem, 2019, 120 (6): 10164-10174.

[17] NIE L, ZHAO Y B, ZHAO D, et al. Progesterone-induced miR-152 interferes with embryonic implantation by downregulating GLUT3 in endometrial epithelium [J]. Am J Physiol Endocrinol Metab, 2019, 316(4): 557-567.

[18] MATIS S, GRAZIA RECCCHIA A, COLOMBO M, et al. MiR-146b-5p regulates IL-23 receptor complex expression in chronic lymphocytic leukemia cells [J]. Blood Adv, 2022, 6(20): 5593-5612.

[19] GAO W, ZHANG Y. Depression of lncRNA MINCR antagonizes LPS-evoked acute injury and inflammatory response via miR-146b-5p and the TRAF6-NFkB signaling [J]. Mol Med, 2021, 27(1): 124.

[20] GU X, LI J, ZUO X, et al. The long noncoding RNA MEG3 retains epithelial-mesenchymal transition by sponging miR-146b-5p to regulate SLFN5 expression in breast cancer cells [J]. J Immunol Res, 2022, 18: 1824166.

[21] LI S, HAO J, HONG Y, et al. Long Non-coding RNA NEAT1 promotes the proliferation, migration, and metastasis of human breast-cancer cells by inhibiting miR-146b-5p expression[J]. *Cancer Manag Res*, 2020, 12(1): 6091-6101.

[22] HUANG X, ZHONG R, HE X, et al. Investigations on the mechanism of progesterone in inhibiting endometrial cancer cell cycle and viability via regulation of long non-coding RNA NEAT1/microRNA-146b-5p mediated

• 短篇论著 •

Wnt/β-catenin signaling[J]. *IUBMB Life*, 2019, 71(2): 223-234.

[23] ROGUCKI M, SIDORKIEWICZ I, NIEMIRA M, et al. Expression profile and diagnostic significance of microRNAs in papillary thyroid cancer[J]. *Cancers (Basel)*, 2022, 14(11): 2679.

(收稿日期:2023-04-10 修回日期:2023-10-10)

糖尿病足感染患者血清 presepsin 水平与感染程度的相关性*

王军锋¹, 阴兆辉¹, 王俊利¹, 白磊², 苏丽梅¹, 王红梅¹, 乔钦增^{1△}, 郭菁菁¹

1. 河北省退役军人总医院内分泌科, 河北邢台 054000; 2. 河北医科大学第四医院内分泌科, 河北石家庄 050011

摘要:目的 探讨糖尿病足感染患者血清 presepsin 水平与感染程度的相关性。**方法** 选取在河北省退役军人总医院 2020 年 1 月至 2021 年 1 月住院治疗的 64 例糖尿病足感染患者(感染组)为研究对象, 根据患者感染程度分为轻度组(19 例)、中度组(24 例)和重度组(21 例), 根据患者预后情况分为预后良好组(41 例)和预后不良组(23 例), 另选取同期 64 例糖尿病足患者(未发生感染)为未感染组及 40 例门诊体检健康者为对照组。检测各组血清 presepsin 水平, 采用 Pearson 法分析 presepsin 水平与临床指标的相关性, 采用多因素 Logistic 回归分析糖尿病足感染患者预后的影响因素, 采用受试者工作特征(ROC)曲线分析血清 presepsin 水平对糖尿病足感染患者预后的预测价值。**结果** 感染组血清 presepsin 水平高于未感染组及对照组($P < 0.05$), 且轻度组、中度组、重度组患者血清 presepsin 水平逐次升高($P < 0.05$); 预后不良组血清 presepsin 水平高于预后良好组($P < 0.05$)。糖尿病足感染患者血清 presepsin 水平与感染程度、糖化血红蛋白(HbA1c)均呈正相关($r = 0.664, 0.546, P = 0.001, 0.012$), 与空腹胰岛素(FINS)、胰岛素抵抗指数(HOMA-IR)均呈负相关($r = -0.692, -0.479, P < 0.05$)。多因素 Logistic 回归分析显示, presepsin、HbA1c、HOMA-IR 是糖尿病足感染患者预后不良的影响因素($P < 0.05$)。ROC 曲线结果显示, 血清 presepsin 水平评估糖尿病足感染患者预后不良的曲线下面积为 0.911, 灵敏度为 78.05%, 特异度为 91.30%。**结论** presepsin 在糖尿病足感染患者血清中高表达, 且与患者感染程度和预后密切相关, 对患者预后具有较高的预测效能。

关键词: 糖尿病足; 感染; presepsin; 感染程度

DOI: 10.3969/j.issn.1673-4130.2024.02.024

文章编号: 1673-4130(2024)02-0242-05

中图法分类号: R446.1

文献标志码: A

糖尿病是一种影响全球 4 亿多人的慢性疾病, 且发病率呈逐渐增加的趋势^[1]。糖尿病足是由糖尿病患者神经病变、血管病变、免疫病变、足部生物力学等多种因素导致的, 是糖尿病的严重并发症^[2]。糖尿病足感染是患者病情恶化的重要危险因素, 是指糖尿病患者踝部以下软组织或骨骼受到感染, 严重时可能发展为足部坏疽, 甚至导致患者截肢^[3]。因此, 找到糖尿病足感染的新型生物标志物, 对该疾病的病情早期控制、临床治疗和预后改善等具有重要意义。血清学指标短期内可反复测量, 且检测方便、快速, 在感染性疾病的临床治疗和预后评估方面起着重要的作用^[4]。

presepsin 又被称为 sCD14-ST, 是分化标记蛋白 CD14 的可溶性 N 端片段, 相对分子质量为 13×10^3 ^[5]。presepsin 是一种位于巨噬细胞/单核细胞中的糖蛋白, 其水平在细菌感染时升高, 在愈合或有效治疗后降低^[6]。presepsin 对感染性疾病的诊断具有高灵敏度和高特异度, 可以很好区分正常和病理状况, 有助于判断疾病严重程度, 在临床治疗和预后预测方面都发挥着重要的作用^[7]。然而, 目前关于 presepsin 在糖尿病足感染患者血清中的表达及其与感染程度、预后的关系鲜见报道。因此, 本研究通过检测糖尿病足感染患者血清 presepsin 水平, 分析其与

* 基金项目: 邢台市重点研发计划项目(2020ZC195)。

△ 通信作者, E-mail: maopeiig4888@163.com。