

• 肺部疾病的实验室检测专题 • DOI:10.3969/j.issn.1672-9455.2025.08.022

血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 对肺炎支原体感染患儿病情严重程度及预后的预测价值*

马亚波¹,高珊¹,董艳菊²

河北省保定市第二中心医院:1.儿二科;2.呼吸二科,河北保定 072750

摘要:目的 探讨血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 对肺炎支原体(MP)感染患儿病情严重程度及预后的预测价值。**方法** 选取 2020 年 6 月至 2023 年 5 月在该院接受治疗的 124 例 MP 感染患儿作为 MP 感染组,另选取同期在该院进行体检的 124 例健康儿童作为对照组。依据 CURB-65 评分系统进行病情严重程度评估,将 MP 感染患儿分为重度组与轻度组。随访 6 个月,根据预后情况将患儿分为预后良好组和预后不良组。采用实时荧光定量聚合酶链反应检测血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 表达水平。采用 Pearson 相关分析 MP 感染患儿血清 lncRNA RPPH1 表达水平与 miR-145-3p 表达水平的相关性。绘制受试者工作特征(ROC)曲线分析血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 对重度 MP 感染的预测效能及对 MP 感染患儿预后不良的预测价值。采用多因素 Logistic 回归分析 MP 感染患儿预后不良的影响因素。**结果** MP 感染组患儿血清 lncRNA RPPH1 表达水平低于对照组,血清 miR-145-3p 表达水平高于对照组,差异均有统计学意义($P<0.05$)。59 例患儿纳入重度组,65 例患儿纳入轻度组。重度组血清 lncRNA RPPH1 表达水平低于轻度组,miR-145-3p 表达水平高于轻度组,差异均有统计学意义($P<0.05$)。TargetScanHuman 网址预测结果显示,lncRNA RPPH1 与 miR-145-3p 间存在结合位点。Pearson 相关分析结果显示,MP 感染患儿血清 lncRNA RPPH1 表达水平与 miR-145-3p 表达水平呈负相关($r=-0.663, P<0.05$)。ROC 曲线分析结果显示,血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 联合预测重度 MP 感染的曲线下面积(AUC)为 0.898,大于血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 单独预测的 AUC($Z=2.065, 2.106, P=0.039, 0.035$)。根据随访结果,76 例患儿纳入预后良好组,48 例患儿纳入预后不良组。预后不良组血清 lncRNA RPPH1 表达水平低于预后良好组,血清 miR-145-3p 表达水平高于预后良好组,差异均有统计学意义($P<0.05$)。ROC 曲线分析结果显示,血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 联合预测 MP 感染患儿预后不良的 AUC 为 0.927,大于血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 单独预测的 AUC($Z=2.590, 2.385, P=0.010, 0.017$)。多因素 Logistic 回归分析结果显示,血清 lncRNA RPPH1 <0.836 ,miR-145-3p ≥ 1.224 是 MP 感染患儿预后不良的危险因素($P<0.05$)。**结论** MP 感染患儿血清 lncRNA RPPH1 水平显著降低,miR-145-3p 水平显著升高,且相比于血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 单独预测,二者联合预测重度 MP 感染及 MP 患儿预后不良的效果更好。

关键词:长链非编码 RNA RPPH1; 微小 RNA-145-3p; 儿童; 肺炎支原体; 病情; 预后

中图法分类号:R725;R512.5

文献标志码:A

文章编号:1672-9455(2025)08-1121-06

Predictive value of serum lncRNA RPPH1 and miR-145-3p for the severity and prognosis of Mycoplasma pneumoniae infection in children*

MA Yabo¹,GAO Shan¹,DONG Yanju²

1. The Second Department of Pediatric; 2. the Second Department of Respiratory, Baoding Second Central Hospital, Baoding, Hebei 072750, China

Abstract: Objective To explore the predictive value of serum lncRNA RPPH1 and miR-145-3p for the severity and prognosis of Mycoplasma pneumoniae (MP) infection in children. **Methods** A total of 124 children with MP infection who received treatment in the hospital from June 2020 to May 2023 were selected as the MP infection group, and 124 healthy children who underwent physical examination in the hospital during the same period were selected as the control group. According to the CURB-65 scoring system, the severity of MP-infected children was assessed and divided into severe group and mild group. The patients were followed up for 6 months and divided into good prognosis group and poor prognosis group. The expression levels of serum lncRNA RPPH1 and miR-145-3p were detected by real-time fluorescence quantification and polymerase chain re-

* 基金项目:河北省保定市科技计划项目(2041ZF219)。

作者简介:马亚波,女,主治医师,主要从事小儿重症肺炎方向的研究。

action. The correlation between the expression level of serum lncRNA RPPH1 and miR-145-3p in MP infected children was analyzed by Pearson correlation. Receiver operating characteristic (ROC) curve was drawn to analyze the predictive efficacy of serum lncRNA RPPH1 and miR-145-3p in severe MP infection and the predictive value of poor prognosis in children with MP infection. Multivariate Logistic regression was used to analyze the influencing factors of poor prognosis in children with MP infection. **Results** The expression level of serum lncRNA RPPH1 in MP infection group was lower than that in control group, and the expression level of serum miR-145-3p in MP infection group was higher than that in control group, with statistical significance ($P < 0.05$). Fifty-nine children were included in the severe group and 65 children were included in the mild group. The expression level of lncRNA RPPH1 in severe group was lower than that in mild group, and the expression level of miR-145-3p in severe group was higher than that in mild group, with statistical significance ($P < 0.05$). lncRNA RPPH1 and miR-145-3p were predicted to have binding sites. Pearson correlation analysis showed that the expression level of serum lncRNA RPPH1 was negatively correlated with the expression level of miR-145-3p in children with MP infection ($r = -0.663, P < 0.05$). ROC curve analysis results showed that the area under the curve (AUC) of serum lncRNA RPPH1 and miR-145-3p combined to predict severe MP infection was 0.898, which was larger than the AUC predicted by serum lncRNA RPPH1 and miR-145-3p alone ($Z = 2.065, 2.106; P = 0.039, 0.035$). According to the follow-up results, 76 children were included in the good prognosis group and 48 children were included in the poor prognosis group. The expression level of serum lncRNA RPPH1 in the poor prognosis group was lower than that in the good prognosis group, and the expression level of serum miR-145-3p in the poor prognosis group was higher than that in the good prognosis group, with statistical significance ($P < 0.05$). ROC curve analysis results showed that the AUC of serum lncRNA RPPH1 and miR-145-3p combined in predicting poor prognosis of MP-infected children was 0.927, which was larger than the AUC of serum lncRNA RPPH1 and miR-145-3p alone ($Z = 2.590, 2.385, 2.30; P = 0.010, 0.017$). Multivariate Logistic regression analysis showed that serum lncRNA RPPH1 < 0.836 and miR-145-3p ≥ 1.224 were risk factors for poor prognosis in children with MP infection ($P < 0.05$). **Conclusion** The serum lncRNA RPPH1 level in children with MP infection is greatly reduced, while the miR-145-3p level is greatly increased. The combination of the two has a better diagnostic effect on the severity of MP infection and has good prognostic evaluation value.

Key words: long non-coding RNA RPPH1; microRNA-145-3p; children; mycoplasma pneumoniae; disease condition; prognosis

肺炎支原体(MP)感染是一种由细菌感染导致的呼吸道感染疾病,多发生于儿童中,由于儿童的免疫系统未发育成熟,免疫力较弱,更容易发生感染^[1]。MP感染主要通过空气飞沫传播,近年来MP感染率逐渐升高^[2]。MP感染严重时可能损害呼吸系统,继而引发肺炎、支气管炎等呼吸道疾病,并引发免疫系统功能紊乱^[3]。故尽早诊断MP感染并进行及时治疗具有重要意义。目前的MP感染的诊断主要基于临床症状和肺部体征,然而MP感染的早期肺部体征不明显,容易出现漏诊、误诊的情况^[4-6]。因此,需要寻找有效的生物标志物辅助诊断MP感染并进行预后评估。目前,长链非编码RNA(lncRNA)和微小RNA(miRNA)在人类疾病筛查和监测中的临床意义已被广泛关注^[7]。lncRNA RPPH1可参与调控多种疾病的病理过程^[8-9]。lncRNA可通过海绵化miRNA发挥作用。有研究表明,miR-145在炎症性肺疾病中存在异常表达,可调控炎症反应和相关信号通路^[10-11]。目前关于lncRNA RPPH1、miR-145-3p在MP感染患儿病情诊断及预后评估中的作用还尚不清

楚。因此,本研究探讨了血清lncRNA RPPH1、miR-145-3p在MP感染患儿病情诊断及预后评估中的作用,以期MP感染患儿的诊治提供参考依据。现报道如下。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取2020年6月至2023年5月在本院接受治疗的124例MP感染患儿作为MP感染组,另选取同期在本院进行体检的124例健康儿童作为对照组。纳入标准:(1)符合《诸福棠实用儿科学》^[12]中的MP感染的诊断标准;(2)MP培养结果呈阳性;(3)年龄 < 14 岁。排除标准:(1)合并先天性心脏病;(2)合并出血性疾病;(3)合并哮喘、肺结核等慢性肺疾病。MP感染组男63例,女61例;年龄2~13岁,平均 (6.65 ± 2.32) 岁;身高 (103.15 ± 3.84) cm;体质量 (14.54 ± 1.85) kg。对照组男60例,女64例;年龄2~12岁,平均 (6.57 ± 2.46) 岁;身高 (102.86 ± 3.91) cm;体质量 (14.63 ± 1.87) kg。2组性别、年龄、身高等一般资料比较,差异均无统计学意义($P > 0.05$),具有可比性。本研究经本院医学伦理委员会审核批准

(BYLL-2020-KY-040012),且所有 MP 感染患儿和健康体检儿童家属均知情同意并签署知情同意书。

1.2 方法

1.2.1 严重程度评估 依据 CURB-65 评分系统^[13]进行病情严重程度评估,总分为 5 分,将 MP 感染患儿分为重度组(3~5 分)与轻度组(0~2 分)。

1.2.2 血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 表达水平检测 采集患儿入院当天及对照组儿童体检当天清晨空腹外周静脉血 5 mL,以 3 000 r/min 离心 10 min,取上层血清置于-80 ℃冰箱中保存备用。采用 Trizol 试剂提取总 RNA,并测定浓度与纯度;使用反转录试剂盒制备互补 DNA(cDNA);以 cDNA 为模板,经实时荧光定量聚合酶链反应(qRT-PCR)检测血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 表达水平。lncRNA

RPPH1 以 GAPDH 为内参,miR-145-3p 检测以 U6 为内参,反应体系 20 μL: Super SYBR Mix 10 μL,正、反向引物(10 μmol/L)各 1 μL, cDNA 2 μL, ddH₂O 6 μL。qRT-PCR 检测程序: 95 ℃ 预变性 3 min,然后 95 ℃、30 s,58 ℃、30 s,72 ℃、30 s,循环 40 次。以 2^{-ΔΔCt} 法计算 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 相对表达水平。Trizol 试剂盒、反转录试剂盒均购自美国赛默飞公司,操作均严格按照试剂盒说明书进行。引物序见表 1。

1.2.3 随访 所有 MP 感染患儿均在出门诊后 6 个月进行随访。患儿临床症状、体征、CT 检查基本恢复正常或完全恢复正常视为预后良好,患儿临床症状无变化,出现复发,甚至病情恶化则为预后不良。根据预后情况将患儿分为预后良好组和预后不良组。

表 1 引物序列

引物名称	正向引物(5'-3')	反向引物(5'-3')
lncRNA RPPH1	CACTCCACTCCCATGTCCC	GTTCCAAGCTCCGGCAAA
miR-145-3p	CACCATTGGCAATGAGCGGTTTC	CACCATTGGCAATGAGCGGTTTC
GAPDH	CTACCACATCCAAGGAAGCA	TTTTCGTCACACTACCTCCCC
U6	TGGAATCCTGTGGCATCCATGAAAC	TAAACGCAGCTCAGTAACAGTCCG

1.2.4 预测结合位点 采用 lncRNASNP2 网站分析 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 的结合位点。

1.3 统计学处理 采用 SPSS25.0 统计软件分析数据。计数资料以例数或百分率表示,组间比较采用 χ^2 检验;符合正态分布的计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,2 组间比较采用独立样本 *t* 检验;采用 Pearson 相关分析 MP 感染患儿血清 lncRNA RPPH1 表达水平与 miR-145-3p 表达水平的相关性;绘制受试者工作特征(ROC)曲线分析血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 对重度 MP 感染的预测效能及对 MP 感染患儿预后不良的预测价值;采用多因素 Logistic 回归分析 MP 感染患儿预后不良的影响因素。以 *P* < 0.05 为差异有统计学意义。

2 结 果

2.1 MP 感染组和对照组血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 表达水平比较 MP 感染组患儿血清 lncRNA RPPH1 表达水平低于对照组,血清 miR-145-3p 表达水平高于对照组,差异均有统计学意义(*P* < 0.05)。见表 2。

表 2 MP 感染组和对照组血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 表达水平比较($\bar{x} \pm s$)

组别	<i>n</i>	lncRNA RPPH1	miR-145-3p
MP 感染组	124	0.83±0.14	1.22±0.14
对照组	124	1.01±0.11	1.02±0.08
<i>t</i>		-11.258	13.812
<i>P</i>		<0.001	<0.001

2.2 轻度组和重度组 MP 患儿血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 表达水平比较 59 例患儿纳入重度组,65 例患儿纳入轻度组。重度组血清 lncRNA RPPH1 表达水平低于轻度组,miR-145-3p 表达水平高于轻度组,差异均有统计学意义(*P* < 0.05)。见表 3。

表 3 轻度组和重度组 MP 患儿血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 表达水平比较($\bar{x} \pm s$)

组别	<i>n</i>	lncRNA RPPH1	miR-145-3p
重度组	59	0.74±0.13	1.33±0.16
轻度组	65	0.91±0.15	1.12±0.13
<i>t</i>		-6.712	8.052
<i>P</i>		<0.001	<0.001

2.3 结合位点 TargetScanHuman 网址预测结果显示,lncRNA RPPH1 与 miR-145-3p 间存在结合位点。见图 1。

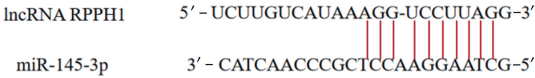


图 1 lncRNA RPPH1 与 miR-145-3p 的结合位点

2.4 MP 感染患儿血清 lncRNA RPPH1 表达水平与 miR-145-3p 表达水平的相关性分析 Pearson 相关分析结果显示,MP 感染患儿血清 lncRNA RPPH1 表达水平与 miR-145-3p 表达水平呈负相关(*r* = -0.663,*P* < 0.05)。

2.5 血清 lncRNA RPPH1 与 miR-145-3p 对重度

MP 感染的预测效能 以重度组为阳性对照,轻度组为阴性对照,进行 ROC 曲线分析,结果显示,血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 及二者联合预测重度 MP 感染的曲线下面积 (AUC) 分别为 0.833、0.847、0.898,血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 联合预测重度 MP 感染的 AUC 大于血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 单独预测的 AUC($Z=2.065、2.106,P=0.039、0.035$)。见图 2、表 4。

2.6 预后不良组、预后良好组血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 表达水平比较 根据随访结果,76 例患儿纳入预后良好组,48 例患儿纳入预后不良组。预后不良组血清 lncRNA RPPH1 表达水平低于预后良好组,血清 miR-145-3p 表达水平高于预后良好组,差异均有统计学意义($P<0.05$)。见表 5。

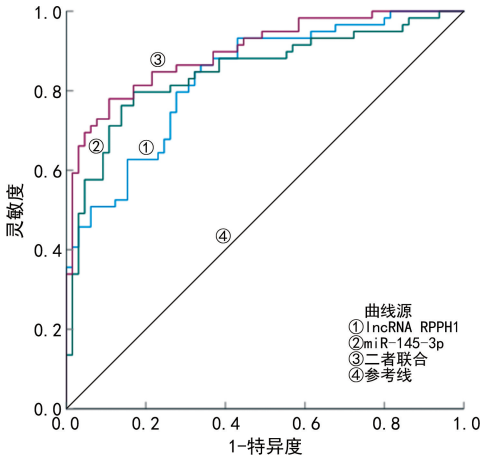


图 2 血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 预测重度 MP 感染的 ROC 曲线

表 4 血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 对重度 MP 感染的预测效能

指标	AUC	最佳截断值	AUC 的 95%CI	灵敏度 (%)	特异度 (%)	约登指数	P
lncRNA RPPH1	0.833	0.869	0.756~0.894	86.40	66.20	0.526	<0.05
miR-145-3p	0.847	1.241	0.772~0.905	79.66	83.08	0.627	<0.05
二者联合	0.898	—	0.831~0.945	77.97	89.23	0.672	<0.05

注:—表示无数据。

表 5 预后不良组、预后良好组血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 表达水平比较($\bar{x}\pm s$)

组别	n	lncRNA RPPH1	miR-145-3p
预后不良组	48	0.75±0.15	1.32±0.16
预后良好组	76	0.88±0.13	1.16±0.13
t		-5.108	6.098
P		<0.001	<0.001

2.7 血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 对 MP 感染患儿预后不良的预测价值 以预后不良组作为阳性对照,预后良好组为阴性对照,进行 ROC 曲线分析,结果显示,血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 单独及二者联合预测 MP 感染患儿预后不良的 AUC 分别为

0.805、0.839、0.927,血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 联合预测 MP 感染患儿预后不良的 AUC 大于血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 单独预测的 AUC ($Z=2.590、2.385,P=0.010、0.017$)。见表 6、图 3。

2.8 MP 感染患儿预后不良的多因素 Logistic 回归分析 以 MP 感染患儿预后情况为因变量(预后不良赋值为 1,预后良好赋值为 0),以血清 lncRNA RPPH1(≥ 0.836 赋值为 1, <0.836 赋值为 0)、miR-145-3p(≥ 1.224 赋值为 1, <1.224 赋值为 0)为自变量,进行多因素 Logistic 回归分析,结果显示,血清 lncRNA RPPH1 <0.836 ,miR-145-3p ≥ 1.224 是 MP 感染患儿预后不良的危险因素($P<0.05$)。见表 7。

表 6 血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 对 MP 感染患儿预后不良的预测价值

指标	AUC	最佳截断值	AUC 的 95%CI	灵敏度 (%)	特异度 (%)	约登指数	P
lncRNA RPPH1	0.805	0.836	0.724~0.871	83.33	75.00	0.583	<0.05
miR-145-3p	0.839	1.224	0.762~0.899	83.33	77.63	0.610	<0.05
二者联合	0.927	—	0.866~0.966	81.25	93.42	0.747	<0.05

注:—表示无数据。

表 7 MP 感染患儿预后不良的多因素 Logistic 回归分析

因素	β	SE	Wald χ^2	P	OR	OR 的 95%CI
lncRNA RPPH1	-0.273	0.105	6.766	0.009	0.761	0.619~0.935
miR-145-3p	1.265	0.432	8.570	0.003	3.542	1.519~8.260

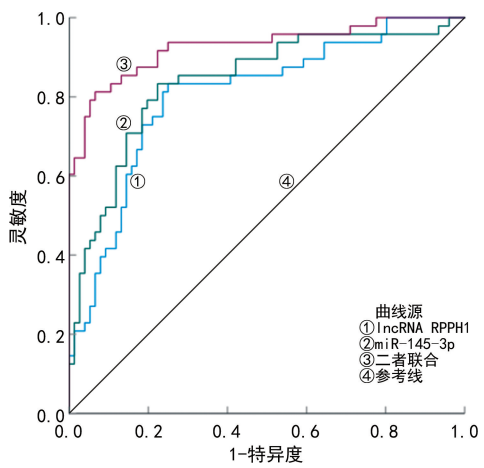


图 3 血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 预测 MP 感染患儿预后不良的 ROC 曲线

3 讨 论

MP 是目前所发现的最小原核微生物,对呼吸道上皮细胞有较强的亲和性。MP 感染不仅会引发呼吸系统疾病,还会诱发心血管、血液及神经系统等肺外系统的损害^[13-14]。因此,寻找与 MP 感染有关的生物标志物,有利于临床诊断病情和改善患儿预后。

相关研究表明,lncRNA 参与调节免疫反应,且多种 lncRNA 在 MP 感染患者血清中表达异常,参与调节巨噬细胞的活化和炎症因子产生,调控细胞凋亡^[15-17]。SU 等^[18]研究表明,与轻度社区获得性肺炎和健康个体相比,重症社区获得性肺炎患者血清中 lncRNA RPPH1 表达显著下调。本研究结果显示,MP 感染组患儿血清 lncRNA RPPH1 表达水平低于对照组,且重度组血清 lncRNA RPPH1 表达水平低于轻度组($P<0.05$),提示血清 lncRNA RPPH1 表达水平降低可能与 MP 感染发生及病情进展有关。另外,预后不良组血清 lncRNA RPPH1 表达水平低于预后良好组($P<0.05$),提示血清 lncRNA RPPH1 呈低表达可能导致 MP 感染患儿预后不良。

miR-145-3p 是一种小分子 RNA,可参与多种生物学反应^[19]。田娇等^[20]研究表明,不同严重程度支气管哮喘患者血清 miR-145 表达水平均高于健康对照组。miR-145 可上调辅助性 T 淋巴细胞 2(Th2)介导的促炎性细胞因子的表达,参与支气管哮喘的发展^[21]。miR-145 参与调节支气管哮喘慢性炎症及气道平滑肌重构^[22]。本研究结果显示,MP 感染组患儿血清 miR-145-3p 表达水平高于对照组,且重度组患儿血清 miR-145-3p 表达水平高于轻度组($P<0.05$),提示 miR-145-3p 与 MP 感染病情严重程度有关,有望成为评估 MP 感染病情严重程度的新型生物标志物。另外,预后不良组血清 miR-145-3p 表达水平高于预后良好组($P<0.05$),提示 miR-145-3p 表达水平升高有可能会致 MP 感染患儿预后不良风险增加。

TargetScanHuman 网址预测结果显示,lncRNA RPPH1 与 miR-145-3p 间存在结合位点。Pearson 相

关分析结果显示,MP 感染患儿血清 lncRNA RPPH1 表达水平与 miR-145-3p 表达水平呈负相关($r=-0.663, P<0.05$),表明血清 lncRNA RPPH1 与 miR-145-3p 间可能存在靶向作用关系共同影响 MP 感染进程。推测其可能的原因是 lncRNA RPPH1 和 miR-145-3p 可能通过靶向免疫细胞的调节因子来影响免疫细胞的功能与炎症反应,从而调控 MP 感染的发生、发展及预后,但具体的作用机制还需要进行深入探讨。多因素 Logistic 回归分析结果显示,血清 lncRNA RPPH1 <0.836 ,miR-145-3p ≥ 1.224 是 MP 感染患儿预后不良的危险因素($P<0.05$),这说明血清 lncRNA RPPH1 与 miR-145-3p 可能在 MP 感染患儿预后中发挥重要调节作用。此外,ROC 曲线分析结果显示,血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 联合预测重度 MP 感染的 AUC 大于血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 单独预测的 AUC($Z=2.065, 2.106, P=0.039, 0.035$),提示血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 联合预测 MP 感染患儿病情严重程度的效能较好,为临床诊治 MP 感染患儿提供了参考。ROC 曲线分析结果显示,血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 联合预测 MP 感染患儿预后不良的 AUC 大于血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 单独预测的 AUC($Z=2.590, 2.385, P=0.010, 0.017$),提示血清 lncRNA RPPH1 联合 miR-145-3p 可更好地预测 MP 感染患儿预后情况,为避免患儿预后不良提供帮助。

综上所述,MP 感染患儿血清 lncRNA RPPH1 表达水平显著降低,miR-145-3p 表达水平显著升高,且二者联合预测 MP 感染病情程度的效果更好,且具有较好的预后评估价值。然而,本研究也存在一些限制,需要进一步的基础研究来探讨血清 lncRNA RPPH1、miR-145-3p 参与 MP 感染病情发展和预后的具体作用机制,加强结果的可靠性。

参考文献

- [1] 巴小强,贺生良. NLR、MLR、PLR 对小儿肺炎支原体感染的诊断价值研究[J]. 中国现代药物应用, 2023, 17(16):39-43.
- [2] 彭献华,李冰冰,李晓琳,等. 2021—2022 年某医院呼吸道感染患儿肺炎支原体感染流行特征[J]. 中华医院感染学杂志, 2023, 33(18):2851-2854.
- [3] 李伟玲,唐代伟,陈丽丽,等. 肺炎支原体肺炎患儿血清维生素 A、E 水平及其与肺外并发症的相关性[J]. 广西医学, 2021, 43(14):1695-1699.
- [4] 李莎莎,石云,丁晚玲. 儿童肺炎支原体感染检出情况、特征分析及危险因素调查[J]. 华南预防医学, 2023, 49(5):583-586.
- [5] KAZIANI K, SOTIRIOU A, DIMOPOULOS G. Duration of pneumonia therapy and the role of biomarkers[J]. Curr Opin Infect Dis, 2017, 30(2):221-225.
- [6] MONTULL B, MENÉNDEZ R, TORRES A, et al. Pre-

dictors of severe sepsis among patients hospitalized for community-acquired pneumonia[J]. PLoS One, 2016, 11(1):e0145929.

[7] 郑肖瑾,陈江,卓珠琳,等. 血清 lncRNA GAS5 水平对肺炎支原体肺炎患儿严重程度的预测价值[J]. 临床和实验医学杂志, 2023, 22(18):1983-1987.

[8] 符亮,钟静,邓小康,等. lncRNA RPPH1 通过调控 miR-326/TCF4 信号通路影响胃癌细胞增殖和迁移的机制研究[J]. 国际消化病杂志, 2023, 43(4):234-240.

[9] ZHOU J, SHI K, HUANG W F, et al. LncRNA RPPH1 acts as a molecular sponge for miR-122 to regulate Wnt1/ β -catenin signaling in hepatocellular carcinoma[J]. Int J Med Sci, 2023, 20(1):23-34.

[10] 曾宗鼎,邢崇浩,郑辉才,等. 血浆 miR-145 及 miR-183 对慢性阻塞性肺疾病患者的预后评估价值[J]. 中国免疫学杂志, 2020, 36(10):1246-1250.

[11] 张帅,武雅琴,冯冬杰,等. miR-145 通过下调 OCT4 基因抑制肺腺癌干细胞增殖[J]. 中国肺癌杂志, 2011, 14(4):317-322.

[12] 王天有,申昆玲,沈颖. 诸福棠实用儿科学[M]. 9 版. 北京:人民卫生出版社, 2022:1185-1191.

[13] 何荣香,俞丹,何英,等. CPIS 评分联合 CURB-65 评分系统在医院获得性肺炎评价中的作用及价值研究[J]. 中华医院感染学杂志, 2019, 29(2):300-304.

[14] 杜春艳,张妮妮,江逊. 小剂量与常规剂量糖皮质激素辅助治疗小儿难治性肺炎支原体肺炎合并肺外并发症临床效果及安全性观察[J]. 贵州医药, 2021, 45(7):1097-1098.

[15] 韩晓静,唐竹,陈云华,等. 血清 lncRNA-NEAT1 和 NE-

TA2 在肺结核中的表达水平及诊断意义研究[J]. 现代医药卫生, 2019, 35(16):2444-2445.

[16] 王秋菊. 肺炎支原体肺炎患儿血清长链非编码 RNA MALAT1、微小 RNA-125b 的表达及临床意义[J]. 安徽医药, 2022, 26(3):599-602.

[17] 唐才环,薛芳,陈乙云,等. 肺炎支原体肺炎患儿血清中 lncRNA MALAT1 和 lncRNA GAS5 表达与病情严重程度及预后的相关性分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2022, 17(10):1199-1203.

[18] SU P T, HU P B, XU L, et al. Diagnostic and prognostic value of deregulated long non-coding RNA RPPH1 in patients with severe community-acquired pneumonia: a retrospective cohort study[J]. BMC Pulm Med, 2023, 23(1):201.

[19] HUANG S N, ZHANG J H, WAN H, et al. Plasma extracellular vesicles microRNA-208b-3p and microRNA-143-3p as novel biomarkers for sudden cardiac death prediction in acute coronary syndrome[J]. Mol Omics, 2023, 19(3):262-273.

[20] 田娇,宁静,徐勇胜. 微小 RNA(microRNA)与儿童支气管哮喘关系的研究进展[J]. 细胞与分子免疫学杂志, 2021, 37(5):460-466.

[21] 刘兰英. 微 RNA 在支气管哮喘中与 Th2 相关促炎因子的研究进展[J]. 医学综述, 2015, 21(23):4252-4255.

[22] 李颖,任炳臣,韩晓庆,等. 支气管哮喘患者血清 MicroRNA-145 水平表达与肺功能、气道重塑及 Th1/Th2 平衡的关系分析[J]. 现代检验医学杂志, 2021, 36(5):133-137.

(收稿日期:2024-08-22 修回日期:2024-11-22)

(上接第 1120 页)

[14] 刘洋,董毅龙. miRNA 在乳腺癌中作用的研究进展[J]. 实用肿瘤杂志, 2017, 32(4):300-303.

[15] 万雪,叶婷,李婧媛,等. 外泌体 miRNAs 及 lncRNAs 在乳腺癌中的作用研究进展[J]. 解放军医学杂志, 2021, 46(12):1245-1250.

[16] HUMPHRIES B, WANG Z, YANG C. MicroRNA regulation of breast cancer stemness[J]. Int J Mol Sci, 2021, 22(7):3756.

[17] 周丹丹,王玉,张立英,等. miR-216b-5p 靶向调控 BTN3A2 促进胶质瘤细胞 LN-229 的迁移及侵袭能力[J]. 中国生物化学与分子生物学报, 2021, 37(1):109-117.

[18] 于宗男,崔颖. miR-216b-5p 对喉癌 TU686 细胞增殖、迁移和侵袭的影响及其机制[J]. 吉林大学学报(医学版), 2023, 49(1):116-121.

[19] MENBARI M N, RAHIMI K, AHMADI A, et al. MiR-216b-5p inhibits cell proliferation in human breast cancer by down-regulating HDAC8 expression [J]. Life Sci, 2019, 237(9):116945-116948.

[20] JI L, JIANG X, MAO F, et al. MiR-589-5p is downregulated in prostate cancer and regulates tumor cell viability and metastasis by targeting CCL5 [J]. Mol Med Rep, 2019, 20(2):1373-1382.

[21] ZHANG X, JIANG P, SHUAI L, et al. MiR-589-5p inhibits MAP3K8 and suppresses CD90⁺ cancer stem cells in hepatocellular carcinoma[J]. J Exp Clin Cancer Res, 2016, 35(1):176.

[22] RAHBARI R, RAHIMI K, RASMI Y, et al. MiR-589-5p inhibits cell proliferation by targeting histone deacetylase 3 in triple negative breast cancer [J]. Arch Med Res, 2022, 53(5):483-491.

[23] 翟媛媛,柴丽君,梁冰,等. LncRNA MRCCAT1 在乳腺癌组织中的表达及对细胞增殖和侵袭的影响[J]. 现代肿瘤医学, 2021, 29(24):4333-4337.

[24] 胡丽梅. 癌基因 YAP1 促进三阴性乳腺癌细胞生长迁移和肿瘤形成[J]. 中国实验诊断学, 2016, 20(12):1995-1998.

[25] ZHANG H, REN Y, XU H, et al. The expression of stem cell protein Piwil2 and piR-932 in breast cancer[J]. Surg Oncol, 2013, 22(4):217-223.

[26] 段学军,宋庆宏,郭俊龙. 乳腺癌组织 lncRNA TUG1、EZH2 表达变化及其临床意义[J]. 山东医药, 2020, 60(22):10-13.

(收稿日期:2024-08-22 修回日期:2024-11-28)