

• 论 著 • DOI:10.3969/j.issn.1672-9455.2025.11.008

多囊卵巢综合征合并代谢综合征患者血清 miR-222-3p 表达水平 及其与糖脂代谢的相关性*

胡 娜¹, 肖莉莎^{1△}, 寇小平², 蔡永胜¹, 张奥雪¹

1. 西安国际医学中心医院妇科, 陕西西安 710100; 2. 西安高新医院生殖科, 陕西西安 710077

摘 要:目的 检测多囊卵巢综合征(PCOS)合并代谢综合征(MS)患者血清 miR-222-3p 的表达水平, 分析其与糖脂代谢指标的相关性。方法 选取西安国际医学中心医院 2020 年 1 月至 2021 年 12 月收治的 160 例 PCOS 患者作为研究对象, 根据是否合并 MS 分为单纯 PCOS 组(105 例)和 PCOS+MS 组(55 例), 比较 2 组空腹胰岛素(FINS)、空腹血糖(FPG)、餐后 2 h 血糖(2 h PG)、甘油三酯(TG)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、总胆固醇(TC)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)水平, 计算胰岛素抵抗指数(HOMA-IR)。采用滚环扩增(RCA)技术检测 2 组患者血清 miR-222-3p 表达水平。采用 Pearson 相关分析 miR-222-3p 表达水平与糖脂代谢指标的相关性。采用受试者工作特征(ROC)曲线分析 miR-222-3p 诊断 PCOS 患者发生 MS 的价值。结果 PCOS+MS 组血清 FPG、2 h PG、FINS、TC、TG、LDL-C 水平及 HOMA-IR 明显高于单纯 PCOS 组($P<0.05$), HDL-C 水平明显低于单纯 PCOS 组($P<0.05$)。与单纯 PCOS 组比较, PCOS+MS 组血清 miR-222-3p 表达水平明显升高($P<0.05$)。PCOS 患者 miR-222-3p 表达水平与 FPG、2 h PG、FINS、HOMA-IR、TC、TG、LDL-C 均呈正相关($P<0.05$), 与 HDL-C 呈负相关($P<0.05$)。ROC 曲线分析结果显示, miR-222-3p 诊断 PCOS 发生 MS 的曲线下面积为 0.806(95%CI: 0.729~0.883), 当截断值为 2.32 时, 约登指数最大(0.526), 此时的灵敏度为 87.62%, 特异度为 65.00%。结论 miR-222-3p 在 PCOS 合并 MS 患者中表达水平较高, 且与患者糖脂代谢紊乱密切相关。

关键词:代谢综合征; 多囊卵巢综合征; 糖脂代谢; 微小 RNA-222-3p; 空腹胰岛素; 甘油三酯
中图法分类号:R711.75;R446.11 **文献标志码:**A **文章编号:**1672-9455(2025)11-1482-05

Serum expression levels of miR-222-3p in patients with polycystic ovary syndrome combined with metabolic syndrome and its correlation with glucose and lipid metabolism*

HU Na¹, XIAO Lisha^{1△}, KOU Xiaoping², CAI Yongsheng¹, ZHANG Aoxue¹

1. Department of Gynecology, Xi'an International Medical Center Hospital, Xi'an, Shaanxi 710100, China; 2. Department of Reproductive Medicine, Xi'an Gaoxin Hospital, Xi'an, Shaanxi 710077, China

Abstract: Objective To detect the serum expression level of miR-222-3p in patients with polycystic ovary syndrome (PCOS) combined with metabolic syndrome (MS) and to explore its correlation with glucose and lipid metabolism indicators. **Methods** A total of 160 patients with PCOS who were admitted to Xi'an International Medical Center Hospital from January 2020 to December 2021 were selected as the study subjects. According to the presence or absence of MS, the patients were divided into the simple PCOS group (105 cases) and PCOS+MS group (55 cases). Fasting insulin (FINS), fasting plasma glucose (FPG), 2-hour postprandial glucose (2 h PG), triglycerides (TG), high-density lipoprotein cholesterol (HDL-C), total cholesterol (TC) and low-density lipoprotein cholesterol (LDL-C) levels were compared between the two groups. The insulin resistance index (HOMA-IR) was calculated. Rolling circle amplification (RCA) technology was used to detect the serum miR-222-3p expression level in both groups. Pearson correlation analysis was performed to assess the correlation between the expression level of miR-222-3p and glucose and lipid metabolism indicators. Receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was used to evaluate the diagnostic value of miR-222-3p for identifying the occurrence of MS in PCOS patients. **Results** The serum levels of FPG, 2 h PG, FINS, TC, TG, LDL-C and HOMA-IR in the PCOS+MS group were significantly higher than those in the simple PCOS group ($P<0.05$). The serum level of HDL-C was significantly lower in the PCOS+MS group ($P<0.05$). Compared with the simple PCOS group, the serum expression level of miR-222-3p was significantly

* 基金项目:国家自然科学基金项目(82202550)。

作者简介:胡娜,女,主治医师,主要从事妇科常见病、妇科内分泌疾病、妇科腔镜及妇科肿瘤方向的研究。△ 通信作者, E-mail: xlsyt-kq@163.com。

higher in the PCOS+MS group ($P<0.05$). The expression level of miR-222-3p in PCOS patients was positively correlated with FPG, 2 h PG, FINS, HOMA-IR, TC, TG and LDL-C ($P<0.05$) and negatively correlated with HDL-C ($P<0.05$). ROC curve analysis showed that the area under the curve (AUC) for miR-222-3p in diagnosing the occurrence of MS in PCOS was 0.806 (95%CI: 0.729–0.883). When the cut-off value was 2.32, the Youden index was maximal (0.526), with a sensitivity of 87.62% and a specificity of 65.00%. **Conclusion** The expression level of miR-222-3p is elevated in PCOS patients with MS and is closely related to dysregulation of glucose and lipid metabolism.

Key words: metabolic syndrome; polycystic ovary syndrome; glucose and lipid metabolism; microRNA-222-3p; fasting insulin; triglycerides

多囊卵巢综合征(PCOS)是一种常见的女性内分泌疾病,其主要特征包括卵巢多囊样改变、月经不规律、排卵障碍等,还可引起胰岛素抵抗(IR)、肥胖及脂代谢异常,不仅导致生殖障碍,还影响患者身体健康,增加 2 型糖尿病(T2DM)、代谢综合征(MS)及癌症的发生风险^[1-2]。MS 是一种复杂的代谢紊乱疾病,主要表现为蛋白质、脂肪及糖类等多种成分异常聚集的病理状态,发病机制较为复杂,且存在较大的个体差异^[3]。目前研究发现,相较于单纯 PCOS,PCOS 合并 MS 患者心血管疾病(CVD)及 T2DM 的发生风险成倍增加,严重影响患者预后^[4],因此,早期筛选 PCOS 合并 MS 患者并及早进行干预对改善预后至关重要。微小 RNA 是一类长度为 18~25 个核苷酸的非编码小 RNA 分子,通过与信使核糖核酸(mRNA)的 3'非翻译区(3'UTR)结合,在转录后调控基因表达,参与细胞增殖、分化、凋亡等多种生物学过程^[5]。近年研究表明微小 RNA 在 PCOS 的发病机制中发挥着重要作用^[6]。其中,miR-222-3p 作为一种与生殖、内分泌和代谢密切相关的微小 RNA,在 PCOS 患者血清中的表达水平及临床意义尚未完全明确。滚环扩增(RCA)技术是一种新型的核酸扩增技术,具有高灵敏度、高特异度、操作简便等优点,已广泛应用于微小 RNA 的检测^[6]。本研究旨在分析 PCOS 合并 MS 患者血清 miR-222-3p 表达水平与糖脂代谢的相关性,现报道如下。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取 2020 年 1 月至 2021 年 12 月西安国际医学中心医院收治的 160 例 PCOS 患者作为研究对象。纳入标准:(1)患者均符合文献^[7]中关于 PCOS 的诊断标准;(2)入组前未进行相关治疗且为首次就诊;(3)临床资料及实验室指标检测资料完整。排除标准:(1)合并甲状腺疾病;(2)合并重要器官严重功能障碍;(3)合并恶性肿瘤;(4)近期服用过激素类药物及避孕药;(5)年龄 ≥ 18 岁且有其他内分泌疾病、卵巢功能低下,以及有卵巢或(和)盆腔子宫内异位症病史的女性患者;(6)原因不明的低卵母细胞回收率、卵母细胞形态异常、低受精率和胚胎形态异常的患者。根据是否合并 MS 分为单纯 PCOS 组(无 MS, 105 例)、PCOS+MS 组(合并 MS, 55 例)。单纯 PCOS 组年龄 20~35 岁,平均(27.86 $\pm$ 2.85)岁。PCOS+MS 组年龄 20~38 岁,平均(27.75 $\pm$

2.52)岁。2 组年龄比较,差异无统计学意义($P>0.05$),具有可比性。本研究经西安国际医学中心医院医学伦理委员会批准进行(QLY1402K),所有研究对象均签署知情同意书。

1.2 方法 所有患者在入组后次日清晨空腹状态下采集静脉血标本。实验室指标检测:采用全自动生化分析仪检测患者甘油三酯(TG)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、总胆固醇(TC)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)水平;采用电化学发光免疫分析法检测患者空腹胰岛素(FINS)水平;采用葡萄糖氧化酶法检测患者空腹血糖(FPG)、餐后 2 h 血糖(2 h PG)水平,计算胰岛素抵抗指数(HOMA-IR);采用 RCA 技术检测患者 miR-222-3p 表达水平。标本准备:提取患者的 RNA 标本,并通过反转录生成互补脱氧核糖核酸(cDNA)。将 cDNA 进行预处理,加酶切位点或标记以确保其适用于后续的 RCA 反应。模板制备:使用随机引物对 miR-222-3p 的 cDNA 模板进行扩增,形成的环状 DNA(ssDNA)作为 RCA 的底物。确保模板水平为 0.01~40 ng/ μ L,以避免假阳性扩增。引物设计与配制:设计特异性引物,使其能够与 miR-222-3p 的序列互补结合。配制包含 10 $\times$ phi29 缓冲液、10 mmol/L dNTPs、Random Hexamer 和适量的引物体系。退火反应:将上述体系置于 PCR 仪中,进行退火处理,95 $^{\circ}$ C 3 min,然后冷却至 25 $^{\circ}$ C 3 min。连接反应:向退火后的产物中加入 Equi-phi29 DNA 聚合酶(10 U/ μ L),混合均匀。进行变温扩增,设置如下参数:30 $^{\circ}$ C 5 min,42 $^{\circ}$ C 15 s,循环 35 次(约 3 h)或 44 次(约 4 h)。信号放大与检测:RCA 扩增完成后,可以通过多种方法检测信号,例如荧光探针杂交、纳米金标记等。使用实时荧光定量聚合酶链反应(qPCR)进行定量分析。结果分析:根据 qPCR 的结果,计算 miR-222-3p 的相对表达量。

1.3 统计学处理 采用 SPSS20.0 统计软件对本研究数据进行分析。呈正态分布且方差齐性的计量资料以 $\bar{x}\pm s$ 表示,组间比较采用独立样本 t 检验;采用 Pearson 相关分析 miR-222-3p 表达水平与糖脂代谢指标的相关性;采用受试者工作特征(ROC)曲线分析 miR-222-3p 对 PCOS 患者发生 MS 的诊断价值。以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 2 组糖代谢指标比较 与单纯 PCOS 组比较, P -

COS+MS 组血清 FPG、2 h PG、FINS 水平及 HOMA-IR 升高($P<0.05$)。见表 1。

2.2 2 组脂代谢指标比较 与单纯 PCOS 组比较,PCOS+MS 组血清 TC、TG、LDL-C 水平明显升高($P<0.05$),HDL-C 水平明显降低($P<0.05$)。见表 2。

2.3 2 组 miR-222-3p 表达水平比较 与单纯 PCOS 组血清 miR-222-3p 表达水平(1.85 ± 0.38)比较,PCOS+MS 组 miR-222-3p 表达水平(2.79 ± 0.87)明显升高($P<0.05$)。

2.4 相关性分析 Pearson 相关性分析结果显示,PCOS+MS 患者 miR-222-3p 表达水平与 FPG、2 h

PG、FINS、HOMA-IR、TC、TG、LDL-C 均呈正相关($P<0.01$),与 HDL-C 呈负相关($P<0.05$)。见表 3。

2.5 ROC 曲线分析 miR-222-3p 诊断 PCOS 患者发生 MS 的价值 以 PCOS 患者是否发生 MS 为检验变量(发生=1,未发生=0),以 miR-222-3p 为状态变量,ROC 曲线分析结果显示,miR-222-3p 诊断 PCOS 患者发生 MS 的曲线下面积(AUC)为 0.806(95%CI:0.729~0.883),当截断值为 2.32 时,约登指数最大,为 0.526,此时的灵敏度为 87.62%,特异度为 65.00%。见图 1。

表 1 2 组糖代谢指标比较($\bar{x}\pm s$)

组别	<i>n</i>	FPG(mmol/L)	2 h PG(mmol/L)	FINS(μ U/mL)	HOMA-IR
单纯 PCOS 组	105	4.39±0.26	6.58±1.24	10.38±4.96	3.35±0.50
PCOS+MS 组	55	5.18±0.45	9.23±2.37	17.52±6.34	5.38±1.07
<i>t</i>		-14.075	-9.298	-7.841	-16.358
<i>P</i>		<0.001	<0.001	<0.001	<0.001

表 2 2 组脂代谢指标比较($\bar{x}\pm s$,mmol/L)

组别	<i>n</i>	TC	TG	HDL-C	LDL-C
单纯 PCOS 组	105	0.84±0.21	1.32±0.31	1.52±0.29	2.49±0.25
PCOS+MS 组	55	1.23±0.19	2.26±0.56	1.30±0.34	3.06±0.34
<i>t</i>		-11.520	-13.679	4.291	-12.059
<i>P</i>		<0.001	<0.001	<0.001	<0.001

表 3 PCOS+MS 患者 miR-222-3p 表达水平与脂代谢指标的相关性

脂代谢指标	miR-222-3p	
	<i>r</i>	<i>P</i>
FPG	0.521	<0.001
2 h PG	0.368	<0.001
FINS	0.274	0.001
HOMA-IR	0.698	<0.001
TC	0.554	<0.001
TG	0.525	<0.001
HDL-C	-0.184	0.026
LDL-C	0.408	<0.001

3 讨 论

PCOS 是绝经前女性最常见的内分泌疾病,全球范围内发病率为 6%~20%,多见于超重或肥胖女性和特定种族^[8]。PCOS 主要表现为高雄激素血症、卵巢功能障碍和多囊卵巢形态,还可损伤机体代谢功能,导致肥胖、IR、脂代谢异常等,而高雄激素血症及 IR 又可增加 MS 的发生风险^[9-10]。本研究 160 例 PCOS 患者中,55 例合并 MS,占 34.38%,说明 PCOS 患者合并 MS 风险较高,低于姚守润等^[11]的研究结果,该项研究显示,110 例 PCOS 患者中合并 MS 患者有 57 例,占 51.82%,可能与地域差异、饮食习惯差异有关。有研究证明,PCOS 合并 MS 可大大增加患者各种心脑血管疾病及 T2DM 等发生风险,因此早期分析 PCOS 合并 MS 患者机体指标改变情况并予以有效干预,有助于降低相关疾病的发生风险,改善患者预后。

既往研究认为,PCOS 合并 MS 患者血脂异常比例高达 70%,主要表现为 TG 水平升高、HDL-C 水平降低^[12-13]。本研究中,PCOS+MS 组血清 TC、TG、LDL-C 水平明显高于单纯 PCOS 组,HDL-C 水平明显低于单纯 PCOS 组,与阎恺等^[14]研究结果相近。HDL-C 水平升高是心脑血管疾病的重要保护因素,具有抗炎、抗凋亡及抗氧化等作用,既往研究认为,HDL-C 水平<1.94 mmol/L 可导致心血管事件,而 HDL-C>3.33 mmol/L 则具有保护作用,显著降低心血管事件发生风险。LDL-C 是主要导致动脉粥样硬

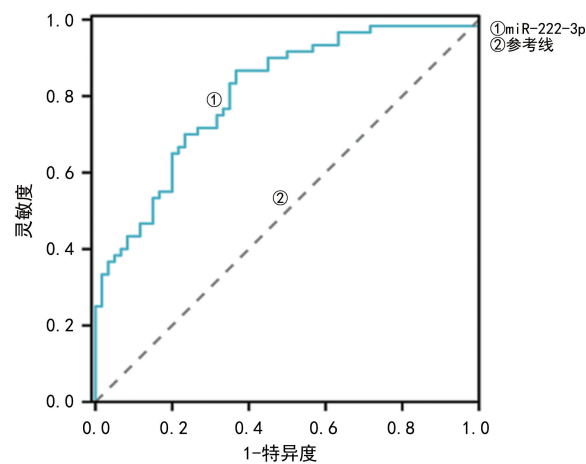


图 1 miR-222-3p 诊断 PCOS 患者发生 MS 的 ROC 曲线

化的脂蛋白,一方面,其可将胆固醇转运到周围动脉壁等肝外组织,另一方面,小分子 LDL-C 在动脉壁内可被氧化,共同诱导动脉粥样硬化的形成。LDL-C 水平升高可增加脑卒中、心肌梗死等各种心脑血管疾病的发生风险,而 TC、TG 具有诱导 LDL-C 水平升高,拮抗 HDL-C 表达的作用,进而发挥促动脉粥样硬化作用^[15]。因此,调节 PCOS 合并 MS 患者脂代谢指标,可减少动脉粥样硬化风险,从而降低心脑血管事件发生率,改善患者预后。同时,MS 与 IR 也存在密切联系,本研究中,PCOS+MS 组血清 FPG、2 h PG、FINS 水平及 HOMA-IR 明显高于单纯 PCOS 组,说明 PCOS+MS 患者糖代谢紊乱情况更为严重,HOMA-IR 越高反映机体 IR 情况越严重,IR 可导致机体消耗葡萄糖的能力下降,机体血糖长期处于高水平,诱导 T2DM、高血压等疾病的发生。因此,控制 PCOS 合并 MS 患者血糖、改善 IR 有助于降低 T2DM 等疾病的发生风险。

miR-222 位于人类基因组的 X 染色体 p11.3 上,是一种高度保守的微小 RNA,主要表达于膀胱、前列腺、肺、卵巢、脂肪、甲状腺、支气管、胰岛、皮肤等器官或组织中。已有研究发现 T2DM、肥胖症、PCOS、妊娠期糖尿病患者的外周血中 miR-222-3p 表达水平升高^[16]。一项队列研究显示,外周血单核细胞中 miR-222-3p 过度表达会增加患 T2DM 的风险^[17]。此外,miR-222-3p 高表达会影响亚临床甲状腺功能减退症患者的动脉粥样硬化进展^[18]。之前的研究表明,miR-222-3p 不仅可以靶向和调节 PI3K-Akt 通路中与糖代谢密切相关的基因表达,还可以调节与胆固醇代谢相关的基因(如 MYLIP),从而影响糖脂代谢^[19]。本研究结果显示,PCOS+MS 组血清 miR-222-3p 表达水平明显高于单纯 PCOS 组,且 miR-222-3p 表达水平与糖脂代谢各指标均具有相关性,这一结果提示,血清 miR-222-3p 可能参与了 PCOS 患者 MS 的发生、发展及糖脂代谢调控过程。

本研究 ROC 曲线分析结果显示,miR-222-3p 诊断 PCOS 患者发生 MS 的 AUC 为 0.806(95%CI: 0.729~0.883),提示 miR-222-3p 对 PCOS 发生 MS 具有一定诊断价值,但其特异度仅为 65.00%,可能导致将单纯 PCOS 患者误诊为 MS。现有研究表明,miR-222-3p 可能通过调节其下游靶基因的表达,影响糖脂代谢相关酶的活性,进而影响糖脂代谢^[20]。例如,miR-222-3p 可能通过调节脂肪细胞分化相关的基因,影响脂肪细胞的数量和功能,从而影响血脂水平。同时,miR-222-3p 也可能通过调节胰岛素信号通路相关基因的表达,影响胰岛素的敏感性,进而影响血糖水平^[21]。ROCHA 等^[22]研究显示,HOMA-IR 预测 PCOS 患者发生 MS 的灵敏度仅为 49.5%,低于本研究结果。

综上所述,PCOS 合并 MS 的比例较高,约为 34.38%,miR-222-3p 在 PCOS 合并 MS 患者中表达

水平较高,且与患者糖脂代谢紊乱密切相关。本研究结果有望用于临床实践中的病情评估和干预策略制订。然而,本研究仅为初步探讨,未来需开展更大样本、长期随访的研究,以验证血清 miR-222-3p 在 PCOS 合并 MS 中的确切作用及机制。

参考文献

[1] 阮祥燕,谷牧青.多囊卵巢综合征的诊断治疗与管理[J].中国临床医生杂志,2021,49(1):3-7.

[2] KUMARIYA S,UBBA V,JHA R K,et al. Autophagy in o-vary and polycystic ovary syndrome; role, dispute and future perspective[J]. Autophagy, 2021, 17(10): 2706-2733.

[3] 贺玲,黄永汉.多囊卵巢综合征合并代谢综合征患者发生边缘性空卵泡综合征 1 例[J].中国计划生育和妇产科,2021,13(8):87-89.

[4] AL WATTAR B H, FISHER M, BEVINGTON L, et al. Clinical practice guidelines on the diagnosis and management of polycystic ovary syndrome: a systematic review and quality assessment study [J]. J Clin Endocrinol Metab, 2021, 106(8): 2436-2446.

[5] 苗婧,康志媛,郭森.基于卵泡液 miRNA 探讨多囊卵巢综合征特点及发病机制[J].医学综述,2023,29(20):4191-4196.

[6] 陈艳琳,王颖芳. microRNA 定量检测方法研究现状[J].广东药学院学报,2016,32(5):666-670.

[7] 中华医学会妇产科学分会内分泌学组及指南专家组.多囊卵巢综合征中国诊疗指南[J].中华妇产科杂志,2018,53(1):2-6.

[8] STENER-VICTORIN E, DENG Q L. Epigenetic inheritance of polycystic ovary syndrome; challenges and opportunities for treatment[J]. Nat Rev Endocrinol, 2021, 17(9): 521-533.

[9] 杨曙晖,谢培文,唐小玲,等.亚临床甲状腺功能异常与代谢综合征发病因素的关系[J].广东医学,2014,52(7):1009-1011.

[10] MANIQUE M E S, FERREIRA A M A P. Polycystic ovary syndrome in adolescence; challenges in diagnosis and management[J]. Rev Bras Ginecol Obstet, 2022, 44(4): 425-433.

[11] 姚守润,崔海斌,孔令丹.多囊卵巢综合征患者血清抗苗勒氏激素与代谢综合征的关系[J].海南医学,2020,31(16):2079-2081.

[12] ELKIND-HIRSCH K E, CHAPPELL N, SHALER D, et al. Liraglutide 3 mg on weight, body composition, and hormonal and metabolic parameters in women with obesity and polycystic ovary syndrome; a randomized placebo-controlled-phase 3 study[J]. Fertil Steril, 2022, 118(2): 371-381.

[13] ZENG X, XIE Y J, LIU Y T, et al. Polycystic ovarian syndrome; correlation between hyperandrogenism, insulin resistance and obesity[J]. Clin Chim Acta, 2020, 502: 214-221.

[14] 阎恺,陈小琳,王萍,等.多囊卵巢综合征患者血清甲状腺激素和抗苗勒管激素水平及与代谢综合征的相关性[J].中国妇幼保健,2022,37(24):4656-4660. (下转第 1491 页)

• 论 著 • DOI:10.3969/j.issn.1672-9455.2025.11.009

血清 S100A12、GMP140 及 HSP47 对 STEMI 患者 PCI 术后 ST 段回落的预测价值*

王 璇,周巧瑞,张伟强,马国锋[△]

延安大学咸阳医院心内科,陕西咸阳 712000

摘 要:目的 探讨血清 S100 钙结合蛋白 A12(S100A12)、血小板 α 颗粒膜蛋白 140(GMP140)及热休克蛋白 47(HSP47)对急性 ST 段抬高型心肌梗死(STEMI)患者经皮冠状动脉介入术(PCI)后 ST 段回落(STR)的预测价值。**方法** 选取 2019 年 12 月至 2024 年 1 月该院收治的 120 例 STEMI 患者作为观察组,采用 1:1 配对方案,另选取同期体检健康的志愿者 120 例作为对照组。比较 2 组血清 S100A12、GMP140 及 HSP47 水平。比较 STR 不良患者与 STR 良好患者临床资料及各指标水平,采用 Logistic 回归分析 PCI 术后 STR 不良的影响因素,采用受试者工作特征(ROC)曲线分析各指标对 STR 不良的预测价值。**结果** 观察组血清 S100A12、GMP140 及 HSP47 水平均高于对照组,差异均有统计学意义($P<0.05$)。STR 不良患者术前 Killip 分级 $\geq$ II 级占比,以及血清 S100A12、GMP140、HSP47 水平均高于 STR 良好患者,差异均有统计学意义($P<0.05$)。Logistic 回归分析结果显示,调整其他变量前后,血清 S100A12、GMP140 及 HSP47 均为 PCI 术后 STR 不良的影响因素($P<0.05$)。ROC 曲线分析结果显示,S100A12、GMP140 及 HSP47 联合预测 STR 不良的曲线下面积(AUC)最大,为 0.910(95%CI:0.844~0.954),大于各指标单独预测的 AUC。**结论** 血清 S100A12、GMP140、HSP47 与 STEMI 患者 PCI 术后 STR 不良密切相关,联合检测对 PCI 术后 STR 不良具有一定预测价值,三者可作为临床预测 STR 不良的辅助指标。

关键词:S100 钙结合蛋白 A12; 血小板 α 颗粒膜蛋白 140; 热休克蛋白 47; 急性 ST 段抬高型心肌梗死; 经皮冠状动脉介入术; 预测

中图法分类号:R542.2+2;R446.1

文献标志码:A

文章编号:1672-9455(2025)11-1486-06

Predictive value of serum S100A12, GMP140 and HSP47 for ST-segment resolution in STEMI patients after percutaneous coronary intervention*

WANG Xuan, ZHOU Qiaorui, ZHANG Weiqiang, MA Guofeng[△]Department of Cardiology, Xianyang Hospital, Yan'an University,
Xianyang, Shaanxi 712000, China

Abstract: Objective To investigate the predictive value of serum S100 calcium-binding protein A12 (S100A12), platelet α -granule membrane protein 140 (GMP140) and heat shock protein 47 (HSP47) for ST-segment resolution (STR) in patients with ST-segment elevation myocardial infarction (STEMI) after percutaneous coronary intervention (PCI). **Methods** A total of 120 STEMI patients admitted to the hospital from December 2019 to January 2024 were enrolled in the observation group. Using a 1:1 matching method, 120 healthy volunteers from the same period were selected as the control group. Serum levels of S100A12, GMP140 and HSP47 were compared between the two groups. Clinical data and biomarker levels were further compared between patients with poor STR and those with good STR. Logistic regression analysis was performed to identify independent predictors of poor STR after PCI, and receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was used to evaluate the predictive value of each biomarker for poor STR. **Results** Serum levels of S100A12, GMP140 and HSP47 in the observation group were significantly higher compared with those in the control group, with statistically significant differences ($P<0.05$). The percentage of preoperative Killip class $\geq$ II and the levels of serum S100A12, GMP140 and HSP47 were significantly higher in patients with poor STR than those with good STR, with statistically significant differences ($P<0.05$). Logistic regression analysis revealed that serum S100A12, GMP140 and HSP47 were independent predictors of poor STR after PCI, both before and after adjustment for other variables ($P<0.05$). ROC curve analysis demonstrated that the combination of S100A12, GMP140 and HSP47 achieved the highest area under the curve (AUC) of 0.910

* 基金项目:陕西省重点研发计划项目(2021SF-771)。

作者简介:王璇,女,主治医师,主要从事冠心病与心脏康复方向的研究。 [△] 通信作者, E-mail:1965310333@qq.com。