

糖尿病视网膜病变病人血清微小 RNA-29c、 微小 RNA-194 的表达

伍超, 杨旭, 陈桦, 龚一波

作者单位: 汉中市人民医院眼科, 陕西 汉中 723000

通信作者: 杨旭, 男, 副主任医师, 研究方向为白内障、青光眼及眼底病, E-mail: yangxu1100@126.com

摘要:目的 检测微小 RNA-29c(miR-29c)和微小 RNA-194(miR-194)在糖尿病视网膜病变(DR)病人血清中的表达特点及其临床意义。方法 通过实时荧光定量 PCR(qRT-PCR)检测在汉中市人民医院就诊的 98 例 DR 病人、98 名 II 型糖尿病(T2DM)病人和 98 例同期体检健康者(NC)血清中 miR-29c 和 miR-194 的表达水平,多因素 logistic 回归分析影响 DR 发生的危险因素。Pearson 相关分析 DR 病人血清 miR-29c 和 miR-194 与各生化指标的相关性。结果 DR 组、DM 组和 NC 组总胆固醇(TC)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、三酰甘油(TG)、踝臂指数(ABI)、脉搏波传导速度(PWV)水平比较,差异无统计学意义($P > 0.05$);DR 组和 DM 组血清中糖化血红蛋白(HbA1c)、空腹血糖(FPG)水平及 miR-29c 表达水平分别为 $(9.40 \pm 1.61)\%$ 比 $(8.53 \pm 1.78)\%$ 、 $(9.41 \pm 1.76)\%$ 比 $(8.42 \pm 1.67)\%$ mmol/L、 $(1.29 \pm 0.57)\%$ 比 $(1.12 \pm 0.25)\%$ 明显高于 NC 组: $(7.93 \pm 2.64)\%$ 、 $(6.41 \pm 1.62)\%$ mmol/L、 $(1.01 \pm 0.10)\%$, DR 组明显高于 DM 组,而 DR 组和 DM 组 miR-194 表达水平明显低于 NC 组, DR 组明显低于 DM 组($P < 0.05$);DR 病人血清中 miR-29c 相对表达量与 HbA1c、FPG 水平均呈正相关($P < 0.05$),与血清 miR-194 相对表达量负相关($P < 0.05$);DR 病人 miR-194 与 miR-29c 相对表达量呈负相关($P < 0.05$);多因素 logistic 回归分析发现, FPG 水平高、HbA1c 水平高、miR-29c 水平高是 DR 发生的独立危险因素(均 $P < 0.05$), miR-194 水平高是 DR 发生的保护因素($P < 0.05$)。结论 DR 病人血清中 miR-29c 表达相对 DM 病人和健康者上调, miR-194 表达下调, miR-29c 和 miR-194 与 DR 的发生发展有关。**关键词:**糖尿病视网膜病变/病因学; 微小 RNA-29c; 微小 RNA-194; 血红蛋白 A, 糖基化; 血糖; 血清

Expressions of serum miR-29c and miR-194 in patients with diabetic retinopathy

WU Chao, YANG Xu, CHEN Hua, GONG Yibo

Author Affiliation: Department of Ophthalmology, Hanzhong People's Hospital, Hanzhong, Shaanxi 723000, China

Abstract: Objective To detect the expressions and clinical significances of microRNA-29c (miR-29c) and microRNA-194 (miR-194) in serum of patients with diabetic retinopathy (DR). **Methods** The expression levels of miR-29c and miR-194 in serum of 98 patients with DR, 98 patients with type 2 diabetes mellitus (T2DM) and 98 healthy subjects (NC) in Hanzhong People's Hospital were detected by real-time fluorescence quantitative PCR (qRT-PCR), and the risk factors of DR were analyzed by multivariate logistic regression. Pearson correlation analysis was used to analyze the correlations between serum miR-29c and miR-194 and biochemical parameters in DR patients. **Results** There was no significant difference in total cholesterol (TC), low density lipoprotein cholesterol (LDL-C), high density lipoprotein cholesterol (HDL-C), triglyceride (TG), ankle brachial index (ABI) and pulse wave velocity (PWV) levels among DR, DM and NC groups ($P > 0.05$). The serum levels of glycosylated hemoglobin (HbA1c), fasting plasma glucose (FPG) and miR-29c in DR group and DM group were $(9.40 \pm 1.61)\%$ vs. $(8.53 \pm 1.78)\%$, $(9.41 \pm 1.76)\%$ vs. $(8.42 \pm 1.67)\%$ mmol/L, $(1.29 \pm 0.57)\%$ vs. $(1.12 \pm 0.25)\%$, respectively, which were significantly higher than those in NC group $(7.93 \pm 2.64)\%$, $(6.41 \pm 1.62)\%$ mmol/L, $(1.01 \pm 0.10)\%$, DR group was significantly higher than that in DM group, while the level of miR-194 in DR group and DM group was significantly lower than that in NC group, and that in DR group was significantly lower than that in DM group ($P < 0.05$). The relative expression of miR-29c in serum of DR patients was positively correlated with HbA1c and FPG levels ($P < 0.05$), and negatively correlated with the relative expression of miR-194 in serum ($P < 0.05$). There was a positive correlation between the relative expressions of miR-194 and miR-29c in DR patients ($P < 0.05$). Multivariate logistic regression analysis showed that high levels of FPG, HbA1c and miR-29c were independent risk factors for DR (all $P < 0.05$), high level of miR-194 was protective factor for DR ($P < 0.05$). **Conclusions** The expression of miR-29c in serum of DR patients is up-regulated and the expression of miR-194 is down-regulated compared with that of DM patients and healthy people, the expressions of miR-29c and miR-194 are related to the development of DR. >

Key words: Diabetic retinopathy/ etiology; microRNA-29c; microRNA-194; Hemoglobin A, glycosylated; Blood glucose; Blood serum

糖尿病视网膜病变(DR)是Ⅱ型糖尿病(T2DM)的主要并发症^[1],同时也是最常见的眼底病变^[2],起初形成微血管瘤,后期严重时可导致视网膜脱落而失明。因此,及早发现早期预警标志物并作出诊断对DR防控具有重要意义。miRNA是一类参与到机体细胞增殖、迁移和凋亡过程中的非编码核酸小分子,并且有研究报道,miRNA与眼科疾病的发展有密切联系^[3]。DR后期就伴随有新生血管和纤维增殖,miR-29c是miR-29家族中的一员,已被证实可参与细胞纤维化等病理过程^[4],提示miR-29c可能与DR有关。有研究证明,miR-194在喉癌肾透明细胞癌、小细胞肺癌、胃癌等各种恶性疾病中表达异常^[5],T2DM合并微量蛋白尿病人的尿液外泌体中,miR-194表达量增高,表明miR-94与糖尿病肾脏损伤有关^[6]。但是关于miR-194在糖尿病病人眼底病变中作用尚未见研究,因此本研究从miR-29c、miR-194在DR病人血清中表达特点出发,研究其与病程的关系,现将结果总结如下。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取2015年6至2017年9月汉中市人民医院收治的DR病人98例为DR组,其中男性65例,女性33例,年龄范围35~79岁,年龄 (65.07 ± 7.68) 岁,糖尿病病程范围4~27年,病程 (16.91 ± 6.27) 年。DR病人纳入标准:(1)确诊为糖尿病的病人,经裸眼视力、矫正视力、眼压、裂隙灯显微镜等眼科检查,由眼科专业医生确认为DR病人;(2)年龄>20岁;(3)临床资料完整;(4)入院前未接受过任何治疗。排除标准:(1)合并心、肝、肾等脏器功能严重障碍者;(2)伴有急慢性感染性疾病、恶性肿瘤以及心脑血管疾病者;(3)存在精神疾病或交流沟通障碍者;(4)合并有糖尿病酮症酸中毒、风湿结缔组织病者;(5)合并白内障、青光眼等其他眼部疾病病人。选取同期本医院收治的T2DM 98例为DM组,其中男性68例,女性30例,年龄范围37~78岁,年龄 (65.13 ± 6.26) 岁,糖尿病病程范围4~28年,病程 (16.89 ± 6.17) 年。所有DM病人都按照美国糖尿病学会颁布的糖尿病诊断标准(2010年)诊断糖尿病:(1)空腹血糖(FPG) ≥ 7.0 mmol/L;(2)糖化血红蛋白(HbA1c) $\geq 6.5\%$;(3)口服耐糖实验2 h血糖 ≥ 11.1 mmol/L。另以98例同期在本院体检健康者为空白对照组(NC组)。各组间年龄及性别等一般资料比较差异无统计学意义($P > 0.05$),具有可比性。

本研究所有样品采集均取得病人及家属知情同意并签字,符合《世界医学协会赫尔辛基宣言》的相关要求。

1.2 主要试剂与仪器 RNA提取试剂盒,购自于北京天根生化有限公司;AceQ qPCR SYBR® Green Mix,购自南京 vazyme生物公司;引物,由上海生工生物公司等。qRT-PCR仪,购自美国Bio-Rad公司等。

1.3 研究方法

1.3.1 血样制备 使用无抗凝剂干燥试管采取病人空腹状态静脉血5 mL,4 000 r/min,离心10 min,之后12 000 r/min,离心15 min后取上清液分装于EP管中,-80℃保存备用。

1.3.2 临床一般资料和生化检测 测量病人的血压、身高、体质量、体质量指数(BMI)。空腹10 h后,真空采血管采取肘静脉血,全自动生化分析仪测定病人血液中三酰甘油(TG)、总胆固醇(TC)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)和空腹血糖(FPG)和糖化血红蛋白(HbA1c)。动脉硬化检测装置测踝肱指数(ABI)、脉搏波传导速度(PWV)。

1.3.3 实施荧光定量PCR检测 miR-29c 与 miR-194 表达水平 采用RNA提取试剂盒(天根)提取血清总RNA,反转录得cDNA。采用定量PCR仪(Bio-Rad)对miR-29c和miR-194进行扩增。qRT-PCR反应体系共10 μ L: miScript SYBR® Green Mix 5 μ L, cDNA (50 ng/ μ L) 1 μ L,上下游引物(10 μ M)各0.5 μ L,双蒸水(ddH₂O)3.0 μ L。反应条件:95℃,90 s;95℃,30 s;63℃,30 s;72℃,15 s;40个循环。miR-29c和miR-194及内参U6的引物序列见表1。采用2^{- $\Delta\Delta$ CT}法对血清miR-29c和miR-miR-194表达水平进行定量分析。引物序列如表1所示。

表1 qRT-PCR引物序列

miRNA	正向引物5'-3'	反向引物5'-3'
miR-29c	CCAGCGTGTAGCACCATT	AGCAGGGTCCGAGGTATTC
miR-194	GCCCGCTGTAAACAGCAACTCCAT	GTGCAGGGTCCGAGGT
U6	CTCGCTTCGGAGCACA	AACGCTTCACGAATTTG

1.4 统计学方法 利用SPSS 23.0进行统计学分析,计数资料采用例(%)表示,行 χ^2 检验;计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示,行单因素方差分析;多因素logistic回归分析DR发生的危险因素,相关性分析采用Pearson相关分析。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 三组一般资料比较 DR组、DM组和NC组男女比例、年龄、病程、BMI、收缩压(SBP)和舒张压(DBP)比较,差异无统计学意义($P > 0.05$),见表2。

2.2 三组血糖、血脂指标比较 DR组、DM组和NC组TC、LDL-C、HDL-C、TG、ABI、PWV比较,差异无统计学意义($P > 0.05$);DR组、DM组HbA1c、FPG水平

表2 糖尿病视网膜病变病人、Ⅱ型糖尿病病人、体检健康者各98例一般资料比较

组别	例数	性别(男/女)/例	年龄/(岁, $\bar{x} \pm s$)	糖尿病病程/(年, $\bar{x} \pm s$)	BMI/(kg/m ² , $\bar{x} \pm s$)	SBP/(mmHg, $\bar{x} \pm s$)	DBP/(mmHg, $\bar{x} \pm s$)
NC组	98	55/43	65.32±6.45	—	22.89±4.32	132.12±15.28	81.19±8.92
DR组	98	65/33	65.07±7.68	16.91±6.27	23.65±1.25	135.96±15.64	82.19±9.52
DM组	98	68/30	65.13±6.26	16.89±6.17	22.93±1.41	133.96±14.57	82.21±7.38
$F(\chi^2)$ 值		4.101	0.036	0.023	2.421	1.571	0.445
P 值		0.129	0.965	0.986	0.091	0.210	0.641

注:DR为糖尿病视网膜病变,DM为Ⅱ型糖尿病病人,NC为体检健康,BMI为体质指数,SBP为收缩压,DBP为舒张压,一无数据

表3 糖尿病视网膜病变病人、Ⅱ型糖尿病病人、体检健康者各98例临床生化指标比较/ $\bar{x} \pm s$

组别	NC组	DR组	DM组	F 值	P 值
例数	98	98	98		
FPG/(mmol/L)	6.41±1.62	9.41±1.76	8.42±1.67	242.154	0.000
HbA1c/%	7.93±2.64	9.40±1.61	8.53±1.78	12.617	0.000
TC/(mmol/L)	5.17±0.82	5.35±1.34	5.24±0.25	0.274	0.760
TG/(mmol/L)	2.28±1.39	2.29±1.46	2.27±1.37	0.005	0.995
LDL-C/(mmol/L)	3.44±0.48	2.96±1.58	2.94±1.39	0.539	0.584
HDL-C/(mmol/L)	1.41±0.22	1.39±0.34	1.40±0.28	0.121	0.886
ABI					
左	1.09±0.18	1.11±0.10	1.09±0.16	0.541	0.582
右	1.11±0.12	1.12±0.14	1.10±0.13	0.578	0.562
PWV/(cm/s)					
左	1 589.35±265.31	1 635.24±245.33	1 565.27±242.07	1.964	0.142
右	1 589.20±255.73	1 630.25±238.01	1 595.24±246.34	0.790	0.455

注:DR为糖尿病视网膜病变,T2DM为Ⅱ型糖尿病,NC为体检健康者,BMI为体质指数,FPG为空腹血糖,HbA1c为糖化血红蛋白,TC为总胆固醇,TG为三酰甘油,LDL-C为低密度脂蛋白胆固醇,HDL-C为高密度脂蛋白胆固醇,ABI为踝肱指数,PWV为脉搏波传导速度

显著高于NC组,DR组HbA1c、FPG水平显著高于DM组($P < 0.05$),见表3。

2.3 血清中miR-29c、miR-194表达量比较 DR组和DM组血清中miR-29c表达水平明显高于NC组,DR组血清中miR-29c表达水平明显高于DM组($P < 0.05$);DR组和DM组血清中miR-194表达水平明显低于NC组;DR组血清中miR-194表达水平明显低于DM组($P < 0.05$)。见表4。

表4 糖尿病视网膜病变病人、Ⅱ型糖尿病病人、体检健康者各98例血清中miR-29c、miR-194表达量比较/ $\bar{x} \pm s$

组别	例数	miR-29c	miR-194
NC组	98	1.01±0.10	1.02±0.11
DR组	98	1.29±0.57 ^{ab}	0.67±0.85 ^{ab}
DM组	98	1.12±0.25 ^a	0.75±0.21 ^a
F 值		14.722	12.698
P 值		0.000	0.000

注:DR为糖尿病视网膜病变,T2DM为Ⅱ型糖尿病,NC为体检健康者,miR-29c为微小RNA-29c,miR-194为微小RNA-194;与NC组比较,^a $P < 0.05$;与DM组比较,^b $P < 0.05$

2.4 糖尿病视网膜病变病人血清中miR-29c、miR-

194表达量与血糖、血脂水平相关性分析 糖尿病视网膜病变病人血清中miR-29c、miR-194相对表达量与TG、TC、LDL-C皆无相关性($P > 0.05$),miR-29c相对表达量与FPG和HbA1c值呈正相关($P < 0.05$),与miR-194相对表达量显著负相关($P < 0.05$);miR-194相对表达量与FPG和HbA1c值呈负相关($P < 0.05$)。见表5。

表5 糖尿病视网膜病变98例血清miR-29c、miR-194相对表达量与生化指标相关性分析

变量	miR-29c		miR-194	
	r 值	P 值	r 值	P 值
TG	0.059	0.687	-0.064	0.854
TC	0.064	0.346	-0.057	0.698
LDL-C	0.087	0.954	-0.036	0.715
HDL-C	0.029	0.432	-0.018	0.689
HbA1c	0.568	0.000	-0.644	0.000
FPG	0.645	0.000	-0.617	0.000
miR-29c	—	—	-0.579	0.000

注:TG为三酰甘油,TC为总胆固醇,LDL-C为低密度脂蛋白胆固醇,HDL-C为高密度脂蛋白胆固醇,HbA1c为糖化血红蛋白,FPG为空腹血糖,miR-29c为微小RNA-29c

表6 糖尿病视网膜病变98例多因素logistic回归分析

影响因素	偏回归系数	标准误	Wald χ^2 值	OR值	P值	95%CI
FPG	0.553	0.215	6.616	1.738	0.000	1.377~2.194
HbA1c	0.735	0.321	5.243	2.086	0.000	1.531~2.842
miR-29c	0.937	0.326	8.261	2.551	0.000	1.378~4.724
miR-194	-0.668	0.235	8.080	0.513	0.000	0.307~0.856

注:FPG为空腹血糖,HbA1c为糖化血红蛋白,miR-29c为微小RNA-29c,miR-194为微小RNA-194

2.5 糖尿病视网膜病变发生的多因素logistic回归分析 对DR组和DM组的FPG、HbA1c、miR-29c和miR-194水平作为自变量,纳入多因素logistic回归分析发现(表6),FPG水平高、HbA1c水平高、miR-29c水平高是DR发生的独立危险因素(均 $P < 0.05$),miR-194水平高是DR发生的保护因素($P < 0.05$)。

3 讨论

DR是糖尿病常见并发症中严重的致盲眼底病变^[7],DR在初次确诊T2DM中发生率为12%左右,在糖尿病病人中占50%,糖尿病的病程越长越容易发展为DR^[8],在发达国家已成为有劳动力人群致盲的首要原因。临床上根据眼底是否有新生视网膜出现,将DR分为增殖性视网膜病变和非增殖性视网膜病变^[9],一旦进入增殖期,即使进行冷凝、光凝、玻璃体切割等治疗,视网膜依旧受损且视力受损不可逆,严重影响病人生活质量^[10]。故尽早发现并确诊十分重要,深入了解与DR相关的因子及其在DR中的变化特点可以协助控制DR病情的发展。

miRNA通过诱导细胞分化、触发及调节炎症反应参与DR发生发展^[11-12]。有研究表明,miRNA可通过抑制多个靶基因表达,调控糖尿病中多条相关信号通路,在糖尿病及其并发症发展过程中起着重要作用。近几年,研究报道miRNA与增生型DR病人增生膜活力存在明显相关性,由此说明miRNA在DR的发生发展中扮演重要角色,但是miRNA参与DR的具体发病机制和生物学功能尚未明确。随后,研究发现糖尿病病人血清中miR-29表达紊乱,说明miR-29可能与糖尿病及其多种并发症发病过程有关^[13];吴心池等^[14]研究证明在非增殖DR病人血清miR-29c表达上调;伍仙凤等^[15]研究证实,糖尿病大鼠视网膜组织中miR-29c表达量升高,并推测其与新生血管有关。本研究发现,DR病人血清中miR-29c表达水平显著高于DM组、NC组,DR组病人血清中miR-29c水平显著高于DM组,与上述研究结果一致,提示miR-29c可能与DR有关。进一步分析发现,DR病人血清中miR-29c相对表达量与HbA1c、FPG值呈正相关,提示DR病人miR-29c相对表达量可能通过影响DR病人血糖

代谢影响疾病严重程度。

有研究证实miR-194可作为糖尿病发生的潜在生物标志物^[16]。本研究发现,DR组和DM组血清中miR-194表达水平明显低于NC组,且DR组血清中miR-194表达水平明显低于DM组,与上述研究结果一致,提示miR-194可能通过调控下游基因表达,调控DR疾病发生与发展。赵旭东等^[17]在其研究中发现DR病人体内出现明显糖脂代谢紊乱现象。本研究发现DR病人血清中miR-194相对表达量与HbA1c、FPG值呈负相关,且与miR-29c表达量显著负相关,提示miR-194、miR-29c可能共同参与调解DR病人血糖代谢。糖代谢紊乱是DR发生的根本原因,吴心池等^[18]研究发现,HbA1c是DR发病的独立危险因子,靶基因预测也提示miR-29c可靶向调控胰岛素信号通路等参与血糖代谢。本研究通过多因素logistic回归分析发现,FPG水平高、HbA1c水平高、miR-29c水平高是DR发生的独立危险因素,miR-194水平高是DR发生的保护因素,提示miR-29c和miR-194可能通过调控糖代谢等途径参与DR病程。

但是,本研究样本量较小,今后研究将扩大样本量进一步确认,并通过生物信息学预测可能作用靶基因,进一步分析miR-29c和miR-194在DR疾病中具体作用机制。

参考文献

- [1] ZHOU L, ZHAO Y, YANG J, et al. Deep multiple instance learning for automatic detection of diabetic retinopathy in retinal images[J]. *Let Image Process*, 2018, 12(4): 563-571.
- [2] YANG X, HUO F, LIU B, et al. Crocin inhibits oxidative stress and pro-inflammatory response of microglial cells associated with diabetic retinopathy through the activation of PI3K/Akt signaling pathway[J]. *J Mol Neurosci*, 2017, 61(4): 581-589.
- [3] 王晓媛,李志坚,白洁,等. MicroRNA在眼部疾病中的研究进展[J]. *国际遗传学杂志*, 2017, 40(5): 318-322.
- [4] 张连峰. miRNA-29靶基因[J]. *中国比较医学杂志*, 2014, 24(5): 插页.
- [5] 滕浩,薛一雪,王萍,等. miR-194对人脑胶质瘤U87细胞恶性生物学行为的影响[J]. *中国医科大学学报*, 2018, 47(8): 673-677.
- [6] 杨烽,张倩,郑宗基,等. MicroRNA在糖尿病肾病临床诊断中的

- 应用与进展[J].现代诊断与治疗, 2018, 29(4): 529-531.
- [7] DOW C, MANCINI F, RAJAABELINA K, et al. Diet and risk of diabetic retinopathy: a systematic review[J]. Eur J Epidemiol, 2018, 33(2): 141-156.
- [8] LGN M, MORALES PH, KRG D, et al. Current epidemiology of diabetic retinopathy in patients with type 1 diabetes: a national multicenter study in Brazil[J]. BMC Public Health, 2018, 18(1): 989.
- [9] 华绒利, 陈辉. 全视网膜光凝术对重度NPDR与早期PDR患者视盘周围视网膜RNFL厚度的影响[J]. 国际眼科杂志, 2016, 16(12): 2261-2263.
- [10] MANCINO R, DI PD, VARESI C, et al. Lipid peroxidation and total antioxidant capacity in vitreous, aqueous humor, and blood samples from patients with diabetic retinopathy [J]. Mol Vis, 2011, 17: 1298-1304.
- [11] 桂丽, 宋启琴, 黄加权. MicroRNA-29在纤维化相关疾病中的调控作用[J]. 中西医结合肝病杂志, 2019, 29(1): 92-96.
- [12] 张惠, 张眉花. miRNA-106通过调控内质网蛋白44调节妊娠期糖尿病内质网应激诱导的滋养细胞凋亡[J]. 中国药物与临床, 2017, 17(11): 1589-1591.
- [13] 罗艳, 胡桂英, 李长勇. 糖尿病患者miRNA-29水平与胰岛素抵抗的相关性[J]. 中国老年学杂志, 2018, 38(5): 1036-1039.
- [14] 吴心池, 王尧, 唐伟, 等. 非增殖期糖尿病视网膜病变患者血清microRNA表达谱的分析[J]. 中国糖尿病杂志, 2015, 23(11): 982-986.
- [15] 伍仙凤, 李书国, 盛德乔. miRNA与糖尿病及其并发症的研究进展[J]. 实用医学杂志, 2014, 30(7): 1036-1038.
- [16] JAEGER A, ZOLLINGER L, SAELY CH, et al. Circulating microRNAs-192 and-194 are associated with the presence and incidence of diabetes mellitus[J]. Sci Rep, 2018, 8(1): 14274.
- [17] 赵旭东, 顾永欣, 王炜, 等. CTRP3和svacm-1在糖尿病视网膜病变患者血清中的表达水平和临床意义[J]. 武警后勤学院学报(医学版), 2018, 27(2): 102-106.
- [18] 吴心池, 王尧, 唐伟, 等. 非增殖性糖尿病视网膜病变患者血清miR-29c的表达及相关分析[J]. 南京医科大学学报(自然科学版), 2015, 26(10): 1401-1404.
- (收稿日期: 2019-08-13, 修回日期: 2019-09-26)

doi: 10.3969/j.issn.1009-6469.2020.10.031

◇临床医学◇

能谱CT平扫单能量成像不同能量值对肝脏图像质量影响的初步研究

王利, 邱晓晖, 吴志军, 邱明涛

作者单位: 亳州市人民医院影像中心, 安徽 亳州 236800

摘要: **目的** 探讨能谱CT平扫单能量成像不同能量值对肝脏图像质量的影响, 以选择最佳能量值来提高图像质量。 **方法** 收集亳州市人民医院2018年1月至2019年5月期间发现有肝脏病变患者36例, 行腹部CT平扫和三期增强检查, 平扫采用GSI能谱扫描, 分别测量CT平扫不同KeV值下病灶与正常肝脏的CT值、SD值(分别用CT_病、SD_病、CT_肝、SD_肝表示), 计算出SNR_病、CNR_病、SNR_肝, 并进行统计学分析。 **结果** 随着能量值逐渐升高, CT_病、SD_病、CT_肝、SD_肝逐渐降低, SNR_病、CNR_病、SNR_肝逐渐升高, 差异有统计学意义($P < 0.001$)。在40 KeV时CT_病、SD_病、CT_肝、SD_肝值[分别为(39.56±26.27)HU、(43.69±12.15)、(78.50±9.44)HU、(41.96±11.89)]明显高于140KeV时[分别为(27.07±11.23)HU、(11.09±2.96)、(50.94±7.36)HU、(10.62±2.93)], SNR_病、CNR_病、SNR_肝值在40KeV[分别为(1.07±0.62)、(1.08±0.97)、(2.06±0.83)]明显低于140 KeV[分别为(2.64±1.41)、(2.65±1.84)、(5.32±2.18)]。与此同时, 图像主观质量评分也随能量值逐渐升高而逐渐升高($P < 0.001$)。40 KeV时两位医师图像主观质量评分(2.58±0.77)、(2.56±0.73)分明显低于140 KeV时评分(4.42±0.65)、(4.50±0.61)分。 **结论** 腹部能谱CT平扫检查肝脏, 选择合适的能量值能有效提高图像质量。

关键词: 肝/放射摄影术; 能谱; 体层摄影术, X线计算机; 单能量

Preliminary study on the effect of different energy values on spectral CT plain scanning monochromatic imaging on the quality of hepatic image

WANG Li, QIU Xiaohui, WU Zhijun, QIU Mingtao

Author Affiliation: Department of Radiology, Bozhou People's Hospital, Bozhou, Anhui 236800, China

Abstract: **Objective** To investigate the effect of different energy values of single-energy CT scan on hepatic image quality, so as to select the best energy values to improve image quality. **Methods** Thirty-six patients with liver lesions in Bozhou People's Hospi-