

引用本文:何亚丽,刘宏.生长抑制特异性转录本5和微小RNA-142-3p在重症急性胰腺炎并急性呼吸窘迫综合征病人血清中的表达及临床意义[J].安徽医药,2021,25(5):975-979.DOI:10.3969/j.issn.1009-6469.2021.05.032.



◇临床医学◇

生长抑制特异性转录本5和微小RNA-142-3p在重症急性胰腺炎并急性呼吸窘迫综合征病人血清中的表达及临床意义

何亚丽,刘宏

作者单位:平顶山市第一人民医院重症医学科,河南 平顶山 467000

通信作者:刘宏,男,主任医师,研究方向为重症医学,Email:lichungxh@163.com

摘要: **目的** 探讨生长抑制特异性转录本5(GAS5)和微小RNA-142-3p(miR-142-3p)在重症急性胰腺炎(SAP)合并急性呼吸窘迫综合征(ARDS)病人血清中的表达及临床意义。**方法** 选取2017年2月至2018年12月平顶山市第一人民医院SAP病人83例,采用随机数字表法抽样41例并发ARDS者为ARDS组,42例非ARDS组。另选取同时期40例健康体检者作为健康对照组。实时荧光定量PCR(RT-qPCR)检测病人血清GAS5和miR-142-3p表达水平,Pearson相关性分析SAP合并ARDS病人血清GAS5与miR-142-3p表达相关性,受试者工作特征(ROC)曲线分析血清GAS5和miR-142-3p对SAP合并ARDS的诊断价值,logistic回归分析SAP合并ARDS及其预后的影响因素。**结果** 与健康对照组比较,非ARDS组和ARDS组病人血清GAS5表达升高($P<0.05$),miR-142-3p表达水平降低($P<0.05$)。与非ARDS组比较,ARDS组病人血清GAS5表达升高($P<0.05$),miR-142-3p表达水平降低($P<0.05$)。Pearson相关性分析结果显示,SAP合并ARDS病人血清GAS5与miR-142-3p呈负相关($P<0.05$)。GAS5与miR-142-3p联合检测诊断SAP合并ARDS的灵敏度、特异度及曲线下面积(AUC)均高于GAS5、miR-142-3p单独诊断($P<0.05$)。与SAP合并ARDS存活病人比较,死亡病人血清GAS5表达水平升高($P<0.05$),miR-142-3p表达水平降低($P<0.05$)。GAS5和miR-142-3p是SAP病人合并ARDS的显著影响因素($P<0.05$),也是SAP合并ARDS病人预后的显著影响因素($P<0.05$)。**结论** SAP合并ARDS病人血清中GAS5表达升高,miR-142-3p表达降低,可能为SAP合并ARDS的诊断和预后判断提供了新的生物学指标。

关键词: 胰腺炎,急性坏死性; 呼吸窘迫综合征,成人; 生长抑制特异性转录本5(GAS5); 微小RNA-142-3p; 诊断; 预后

Expression and clinical significance of GAS5 and miR-142-3p in serum of patients with SAP and ARDS

HE Yali, LIU Hong

Author Affiliation: Department of Critical Care Medicine, Pingdingshan First People's Hospital, Pingdingshan, Henan 467000, China

Abstract: **Objective** to investigate the expression and clinical significance of growth suppression-specific transcription 5 (GAS5) and micrنا-142-3p (mir-142-3p) in the serum of patients with severe acute pancreatitis (SAP) combined with acute respiratory distress syndrome (ARDS). **Methods** A total of 41 patients with ARDS were randomly sampled from SAP patients in Pingdingshan First People's Hospital from February 2017 to December 2018, including the ARDS group and the non-ARDS group. In addition, 40 healthy physical examinees were selected as the healthy control group. Real-time fluorescence quantitative PCR (rt-qPCR) was used to detect the expression levels of serum GAS5 and mir-142-3p in patients with SAP combined with ARDS. Pearson correlation was used to analyze the correlation between the expression levels of serum GAS5 and mir-142-3p in patients with SAP combined with ARDS. ROC curve was used to analyze the diagnostic value of serum GAS5 and mir-142-3p in patients with SAP combined with ARDS. **Results** Compared with the healthy control group, the expression of serum GAS5 in the non-ARDS group and ARDS group increased ($P<0.05$), and the expression level of miR-142-3p decreased ($P<0.05$), and the expression level of mir-142-3p was decreased ($P<0.05$). Compared with the non-ARDS group, the expression of serum GAS5 in ARDS group was increased ($P<0.05$), and the expression level of mir-142-3p was decreased ($P<0.05$). Pearson correlation analysis results showed that the serum GAS5 of SAP patients with ARDS was negatively correlated with mir-142-3p ($P<0.05$). The sensitivity, specificity and AUC of both GAS5 and mir-142-3p were higher than that of GAS5 and mir-142-3p alone ($P<0.05$). Compared with the surviving patients with SAP combined with ARDS, the expression level of serum GAS5 in the deceased patients was increased ($P<0.05$), and the expression level of mir-142-3p was decreased ($P<0.05$). GAS5 and mir-142-3p were significant factors affecting ARDS in SAP patients combined with ARDS ($P<0.05$) and the prognosis of SAP patients combined

with ARDS ($P < 0.05$). **Conclusion** The expression of GAS5 in the serum of patients with SAP combined with ARDS is increased, and the expression of miR-142-3p is decreased, which may provide new biological indicators for the diagnosis and prognosis of SAP combined with ARDS.

Key words: Pancreatitis, acute necrotizing; Respiratory distress syndrome, adult; Growth arrest specific transcript 5(GAS5); miR-142-3p; Diagnosis; Prognosis

重症急性胰腺炎(severe acute pancreatitis, SAP)是一种发病快、进展迅速、病死率较高的内科疾病,其可进一步发展为全身炎症反应综合征,导致多个器官和系统功能障碍。急性呼吸窘迫综合征(acute respiratory distress syndrome, ARDS)是SAP的常见且严重的并发症,也是SAP病人死亡的主要原因^[1]。目前,临床ARDS的诊断标准基于柏林定义,但ARDS柏林诊断标准的临床操作较为复杂,因此,急需简便、快捷诊断SAP合并ARDS的生物学指标。长链非编码RNA(long non-coding RNA, lnc RNA)和微小RNA(microRNA, miRNA)是两类小分子非编码RNA,参与调控免疫和炎症反应、细胞凋亡等过程,在炎症性疾病的发生发展过程中起重要作用^[2]。生长抑制特异性转录本5(growth arrest specific transcript 5, GAS5)是一种lnc RNA,研究显示,其在动脉粥样硬化病人斑块和冠状动脉钙化病人外周血中均表达升高,其高表达与IL-6等炎症因子相关,是潜在的诊断和预测血管疾病的生物学指标^[3-4]。miR-142-3p是一种miRNA,参与类风湿性关节炎^[5]、牙周炎^[6]等炎症性疾病的发展。目前,GAS5和miR-142-3p在SAP合并ARDS病人中的表达变化还未知。本研究主要探讨了GAS5和miR-142-3p在SAP合并ARDS病人血清中的表达水平,并分析了其表达对该疾病的诊断价值和预后关系,以期SAP合并ARDS疾病的诊断和预后判断提供新思路。

1 资料与方法

1.1 一般资料 从2017年2月至2018年12月平顶山市第一人民医院就诊的重症急性胰腺炎(SAP)病人中,以随机数字表法,按是否并发ARDS各抽样约40例为研究对象,实抽样共83例,均符合2015中国急性胰腺炎多学科诊治共识意见中SAP的诊断标准^[7]。ARDS则符合2011年柏林标准^[8]。所有被抽样病人既往均无肺部慢性疾病及心功能不全,排除妊娠病人。其中并发ARDS病人构成ARDS组,41例,男27例,女14例,年龄(54.26 ± 7.31)岁;未并发ARDS病人构成非ARDS组,42例,男22例,女20例,年龄(56.81 ± 7.49)岁。另选取同时期40例健康体检者资料作为健康对照组,其中男20例,女20例,年龄(55.84 ± 7.93)岁。三组性别、年龄比较差异无统计学意义($P > 0.05$)。病人或其近亲属自愿签署知情同意书。本研究符合《世界医学协会赫尔辛基

宣言》相关要求。

1.2 实时荧光定量PCR(RT-qPCR)检测血清中GAS5和miR-142-3p表达水平 采集ARDS组、非ARDS组病人确诊后及健康对照组清晨空腹静脉血于抗凝管中,3 500 r/min离心10 min,取上清-80℃保存备用。Trizol试剂提取总RNA,微量核酸仪检测RNA浓度后,逆转录为cDNA。然后以cDNA为模板,进行PCR扩增。PCR扩增程序:95℃预变性5 min,95℃变性10 s,60℃退火30 s,72℃延伸30 s,共35个循环。GAS5以GAPDH为内参,miR-142-3p以U6为内参,采用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 法计算GAS5和miR-142-3p的相对表达水平。引物设计:GAS5正向5'-GCAAGCCTA ACTCAAGCCATT-3',反向5'-CTC CACCATTTCAACTTCCAG-3'; miR-142-3p正向5'-TGT AGTGTTCCTACTTTATGGA-3',反向5'-CCAGTGCAGGGTCCGAGGT-3'; GAPDH正向5'-GTCCGTGACGTCTGAAGTCGT-3',反向5'-CGCAAAGTCGTGCGTGCAGATC-3'; U6正向5'-CTC-GCTTCGGCAGCACA-3',反向5'-AACGCTTCACGAATTTGCGT-3'。

1.3 统计学方法 利用SPSS 22.0软件分析实验数据。计量资料以 $\bar{x} \pm s$ 表示。两组间比较采用独立样本 t 检验。多组间比较采用单因素方差分析,进一步两两比较采用SNK- q 检验。Pearson相关性分析SAP合并ARDS病人血清中GAS5与miR-142-3p相关性,受试者工作特征(ROC)曲线分析GAS5和miR-142-3p对SAP合并ARDS的诊断价值,logistic回归分析SAP合并ARDS的影响因素。以 $P < 0.05$ 表示差异有统计学意义。

2 结果

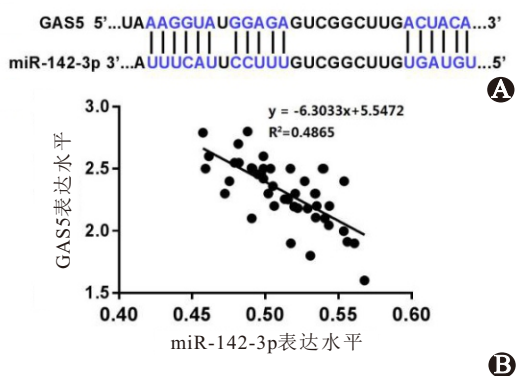
2.1 GAS5和miR-142-3p在SAP合并ARDS病人血清中表达水平 与健康对照组比较,非ARDS组和非ARDS组病人血清GAS5表达升高($P < 0.05$),miR-142-3p表达水平降低($P < 0.05$)。与非ARDS组比较,ARDS组病人血清GAS5表达升高($P < 0.05$),miR-142-3p表达水平降低($P < 0.05$)。见表1。

2.2 SAP合并ARDS病人血清中GAS5与miR-142-3p相关性 LncBase Experimental v.2生物信息学软件显示,GAS5与miR-142-3p的核苷酸序列存在结合位点。Pearson相关性分析结果显示,SAP合并ARDS病人血清GAS5与miR-142-3p呈负相关($r =$

表1 重症急性胰腺炎三组血清生长抑制特异性转录本5 (GAS5)与微小RNA-142-3p(miR-142-3p)表达水平比较 $\bar{x} \pm s$

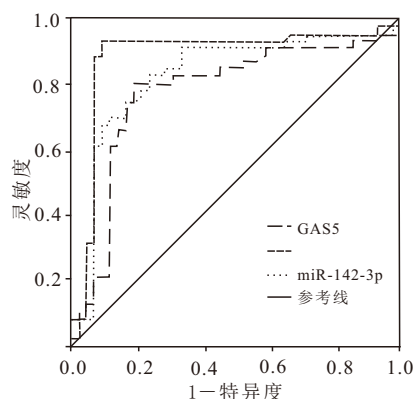
组别	例数	GAS5	miR-142-3p
健康健康对照组	40	1.02±0.09	1.01±0.08
非 ARDS 组	42	1.58±0.12 ^①	0.85±0.06 ^②
ARDS 组	41	2.27±0.23 ^{①②}	0.52±0.03 ^{①②}
F 值		569.747	741.129
P 值		0.000	0.000

注: ARDS 为急性呼吸窘迫综合征。

①与健康对照组比较, $P < 0.05$ 。②与非 ARDS 组比较, $P < 0.05$ 。-0.697, $P < 0.001$)。结果如图1所示。**图1** 重症急性胰腺炎合并急性呼吸窘迫综合征病人血清中生长抑制特异性转录本5 (GAS5)与微小RNA-142-3p(miR-142-3p)相关性: A 为 GAS5 与 miR-142-3p 的核苷酸序列存在的结合位点; B 为 GAS5 与 miR-142-3p 相关性

2.3 血清 GAS5 和 miR-142-3p 对 SAP 合并 ARDS 的诊断价值 分别探讨血清 GAS5 和 miR-142-3p 对 SAP 合并 ARDS 的诊断价值, 并采用 SPSS 的联合应用理论模式(LogP 模式), 建立 ROC 分析模型。分析结果: GAS5 与 miR-142-3p 联合检测诊断 SAP 合并 ARDS 的灵敏度、特异度及曲线下面积(area under the curve, AUC)均高于 GAS5、miR-142-3p 的单独应用(Z 分别为 2.938, 2.713, P 分别为 0.003, 0.007)。结果如图2和表2所示。

2.4 SAP 合并 ARDS 组病人的血清 GAS5 和 miR-142-3p 表达水平与预后关系 41 例 SAP 合并 ARDS 组病人, 经治疗后 26 例存活, 15 例死亡。与存活病人比较, 死亡病人 SAP 合并 ARDS 病人血清 GAS5 表达水平升高($P < 0.05$), miR-142-3p 表达水平降低($P < 0.05$)。见表3。

**图2** 生长抑制特异性转录本5(GAS5)、微小RNA-142-3p(miR-142-3p)及二者联合检测诊断重症急性胰腺炎合并急性呼吸窘迫综合征的受试者工作特征曲线(ROC)**表2** 生长抑制特异性转录本5(GAS5)、微小RNA-142-3p(miR-142-3p)及二者联合检测诊断重症急性胰腺炎合并急性呼吸窘迫综合征的受试者工作特征曲线(ROC)分析

组别	灵敏度/%	特异度/%	AUC
GAS5	82.5	82.5	0.805
miR-142-3p	84.4	77.5	0.859
联合检测	95.6	92.5	0.925 ^①

注: ①与 GAS5 或 miR-142-3p 比较, $P < 0.05$ 。**表3** 重症急性胰腺炎合并急性呼吸窘迫综合征存活和死亡病人生长抑制特异性转录本5(GAS5)、微小RNA-142-3p(miR-142-3p)表达水平 $\bar{x} \pm s$

组别	例数	GAS5	miR-142-3p
存活	26	1.94±0.16	0.62±0.08
死亡	15	2.69±0.25	0.31±0.02
t 值		11.736	18.768
P 值		0.000	0.000

2.5 logistic 回归分析 建立非条件 logistic 回归模型: (1) 以 SAP 病人组为样本(83 例); 以是否合并 ARDS 为因变量, 赋值 1=合并, 0=未。以前述各研究过程中 $P < 0.10$ 的指标/因素为自变量, 即 GAS5 和 miR-142-3p 两指标。回归过程采用逐步后退法, 以进行自变量的选择和剔除, 设定 $\alpha_{\text{剔除}} = 0.10$, $\alpha_{\text{入选}} = 0.05$ 。两个指标均为连续变量, 直接输入。回归结果: GAS5 和 miR-142-3p 均被保留入回归模型($P < 0.05$)。提示 GAS5 和 miR-142-3p 是 SAP 合并 ARDS 的显著影响因素($P < 0.05$)。见表4。

表4 重症急性胰腺炎合并急性呼吸窘迫综合征(ARDS)logistic 回归分析结果

因变量	自变量	回归系数	标准误差	Wald χ^2 值	P 值	OR 值	OR 95% 置信区间
是否合并 ARDS	miR-142-3p	0.088	0.029	9.344	0.002	1.092	1.032 ~ 1.155
	GAS5	-0.071	0.022	10.694	0.001	0.931	0.892 ~ 0.972
合并病人的预后情况	miR-142-3p	0.100	0.042	5.772	0.016	1.105	1.019 ~ 1.199
	GAS5	-0.113	0.046	6.116	0.013	0.893	0.816 ~ 0.977

(2)以SAP合并ARDS组病人为样本(41例),以预后情况(是否死亡)为应变量,赋值1=死亡,0=存活。以GAS5和miR-142-3p为自变量,仿上行logistic回归。结果:GAS5和miR-142-3p也均被保留入回归模型($P<0.05$)。提示GAS5和miR-142-3p是SAP合并ARDS病人预后的显著影响因素($P<0.05$)。见表4。

3 讨论

ARDS是SAP的严重并发症,严重威胁病人生命健康。目前,ARDS缺乏简便快捷的临床诊断指标,寻找诊断SAP合并ARDS的生物学指标具有重要意义。Lnc RNA是一类长度超过200个核苷酸的小分子非编码RNA,其可在转录、转录后、表观遗传等方面调控基因的表达,影响细胞的增殖、凋亡、分化等生物学行为,与多种疾病的发生发展密切相关^[9]。miRNA是一类长度约为18~25个核苷酸的小分子单链非编码RNA,其也参与调控炎症反应,与炎性疾病的发生发展息息相关。研究表明,lnc RNA和miRNA在血清中具有高度稳定性,且血清作为生物检测样本具有取材方便、无创伤性、可连续体外检测等优点^[10],因此,血清lnc RNA和miRNA可作为疾病诊断和预后判断的生物学指标。

GAS5可参与调控炎症反应,在高血压、动脉粥样硬化等多种炎症性疾病发展进程中起重要作用^[11-12]。李春玲等^[13]研究显示,多发性骨髓瘤病人血清GAS5表达升高,与其诊断多发性骨髓瘤的AUC为0.782,可用于辅助诊断多发性骨髓瘤。陈桐等^[14]研究显示,GAS5在糖尿病病人血清中表达降低,其诊断糖尿病的灵敏度为62.86%,特异度为77.78%,AUC为0.730,可作为诊断糖尿病的生物标志物。但目前,还未见GAS5表达与SAP合并ARDS疾病发生发展关系的相关报道。本研究显示,SAP合并ARDS病人血清中GAS5表达高于单纯SAP病人和健康健康对照组,其诊断SAP合并ARDS的灵敏度、特异度及ACU分别为82.5%、82.5%和0.805,是该疾病的独立影响因素,提示其对该疾病具有较好的诊断价值。本研究还显示,SAP合并ARDS死亡的病人血清GAS5水平明显高于未死亡病人,提示GAS5高表达的病人预后较差,可作为预后判断的生物学指标。

Lnc RNA与miRNA存在调控关系。生物信息学软件预测显示,GAS5与miR-142-3p的核苷酸序列存在结合位点,提示miR-142-3p可能是GAS5靶基因。研究显示,miR-142-3p在骨关节炎小鼠关节软骨组织中表达降低,上调miR-142-3p表达可降低脂多糖处理的软骨细胞凋亡及炎症因子IL-1、IL-6和肿瘤坏死因子 α (TNF- α)生成,是骨关节炎治疗

的潜在分子靶标^[15]。上调miR-142-3p可降低博来霉素诱导的MLE-12细胞凋亡及炎症因子IL-1和TNF- α 表达,为特发性肺纤维化治疗提供了新的治疗策略^[16]。但目前,miR-142-3p在SAP合并ARDS病人血清中的表达及其对该疾病诊断和预后的关系还未知。本研究显示,SAP合并ARDS病人血清中miR-142-3p表达低于单纯SAP病人和健康健康对照组,提示miR-142-3p可能参与SAP合并ARDS疾病的发生发展,分析原因可能为miR-142-3p表达水平降低可参与调控肺泡巨噬细胞凋亡及炎症因子的表达^[17]。提示GAS5可能通过靶向调控miR-142-3p表达从而参与SAP合并ARDS发生过程。ROC曲线分析显示,miR-142-3p诊断SAP合并ARDS的灵敏度、特异度及ACU分别为84.4%、77.5%和0.859,具有较高的诊断价值。本研究还显示,SAP合并ARDS死亡的病人血清miR-142-3p水平明显低于未死亡病人,提示miR-142-3p低表达的病人预后较差。本研究Pearson相关性分析结果显示,SAP合并ARDS病人血清中GAS5与miR-142-3p表达呈负相关,二者联合检测诊断对SAP合并ARDS的灵敏度、特异度及ACU分别为95.6%、92.5%和0.925,均显著高于GAS5或miR-142-3p单独诊断,提示联合检测血清GAS5与miR-142-3p对SAP合并ARDS诊断具有更高价值。

综上所述,SAP合并ARDS病人血清中GAS5呈高表达,而miR-142-3p呈低表达,且二者间呈负相关,联合检测GAS5与miR-142-3p对该疾病具有较高诊断价值。血清GAS5、miR-142-3p是SAP合并ARDS发生发展的影响因素,可能为该疾病的诊断和预后判断提供了新的生物学指标。

参考文献

- [1] 王首江,邢柏,谭世峰. 体质量指数对重症急性胰腺炎并ARDS患者治疗效果及预后的影响[J]. 山东医药, 2017, 57(41): 12-15.
- [2] 李宏宾,瞿盼盼,石慧娟,等. 长链非编码RNA生长阻滞特异转录物5/微小RNA 200c-3p/血管紧张素转换酶2信号轴参与呼吸窘迫综合征人肺上皮细胞A549的凋亡[J]. 中华医学杂志, 2018, 98(41):3354-3359.
- [3] CHEN L, YAO H, HUI JY, et al. Global transcriptomic study of atherosclerosis development in rats [J]. Gene, 2016, 592(1): 43-48.
- [4] 信满坤,朱小玲,张抒扬,等. 循环长链非编码RNA生长停滞特异性转录本5与冠状动脉钙化的相关性研究[J]. 中国医药, 2017, 12(2):178-181.
- [5] 赵涌,靳慧芳,韦利强,等. 类风湿性关节炎患者外周血单个核细胞中miR-142-3p的表达及临床意义[J]. 中国卫生检验杂志, 2015, 25(20):118-120.
- [6] 呼海燕,王军强. miR-142-3p通过靶向IRAK1抑制LPS诱导人牙周膜细胞的炎症反应[J]. 上海口腔医学, 2016, 25(6):

- 682-687.
- [7] 中国医师协会胰腺病学专业委员会. 中国急性胰腺炎多学科(MDT)诊治共识意见(草案)[J]. 中华胰腺病杂志, 2015, 15(4):217-224.
- [8] 张友健, 王瑶, 陈霞, 等. 重症急性胰腺炎并发急性呼吸窘迫综合征危险因素分析及风险评估模型的建立[J]. 山东医药, 2018, 58(2):1-4.
- [9] 王靖, 张新萍, 金虹, 等. 长链非编码RNA作为竞争性内源RNA调控银屑病发展的机制研究[J]. 中华生物医学工程杂志, 2018, 24(2):77-84.
- [10] 张春妮, 张辰宇. 体液microRNA作为新的无创性生物标志物的意义[J]. 分子诊断与治疗杂志, 2011, 3(3):145-151.
- [11] WANG YN, SHAN K, YAO MD, et al. Long Noncoding RNA-GAS5: a novel regulator of hypertension-induced vascular remodeling[J]. Hypertension, 2016, 68(3):736-748.
- [12] CHEN L, YANG W, GUO Y, et al. Exosomal lncRNA GAS5 regulates the apoptosis of macrophages and vascular endothelial cells in atherosclerosis [J/OL]. PLoS One, 2017, 12(9): e0185406. DOI: 10.1371/journal.pone.0185406.
- [13] 李春玲, 叶龙, 陈林, 等. 血清长链非编码RNA CRNDE-h、GAS5检测诊断多发性骨髓瘤的价值分析[J]. 中国实验诊断学, 2016, 20(11):1844-1848.
- [14] 陈桐, 范秋灵, 崔靖彬, 等. 糖尿病和糖尿病肾病患者血清 lncRNA GAS5/miR-21 的诊断效能[J]. 中华肾脏病杂志, 2017, 33(12):906-913.
- [15] WANG XQ, GUO YQ, WANG CY, et al. MicroRNA-142-3p inhibits chondrocyte apoptosis and inflammation in osteoarthritis by targeting HMGB1[J]. Inflammation, 2016, 39(5):1718-1728.
- [16] GUO F, LIN SC, ZHAO MS, et al. microRNA-142-3p inhibits apoptosis and inflammation induced by bleomycin through down-regulation of Cox-2 in MLE-12 cells[J/OL]. Braz J Med Biol Res, 2017, 50(7):e5974. DOI: 10.1590/1414-431X20175974.
- [17] 江伟伟, 李文放. miRNA-142-3p对肺泡巨噬细胞炎症过程的负向调控及其机制[J]. 第二军医大学学报, 2017, 38(3):339-344.

(收稿日期:2020-01-03,修回日期:2020-03-08)

引用本文:李花,许济,田苗,等.立体定向指导下经颅磁刺激对重型颅脑损伤的治疗价值[J].安徽医药,2021,25(5):979-982.DOI:10.3969/j.issn.1009-6469.2021.05.033.

◇临床医学◇



立体定向指导下经颅磁刺激对重型颅脑损伤的治疗价值

李花^a,许济^b,田苗^b,陈斌^b

作者单位:西安交通大学医学院附属三二〇一医院,^a神经内科,^b康复医学科,陕西 汉中 723000

摘要: **目的** 探讨立体定向指导下的经颅磁刺激方案对重型颅脑损伤昏迷病人的治疗价值。**方法** 选取2017年9月至2019年9月西安交通大学医学院附属三二〇一医院收治的重型颅脑损伤病人90例。采用随机数字表法分为常规治疗组、普通经颅磁刺激(TMS)组与立体定向指导下的经颅磁刺激(sTMS)组,每组各30例。观察三组治疗7d后的有效率,格拉斯哥昏迷评分量表(GCS)评分变化、神经科重症监护室(NICU)住院时间、平均住院时间、癫痫、脑疝发生率及肺部感染等并发症的发生率。**结果** sTMS组治疗有效率(96.7%)明显高于TMS组(80.0%)与常规治疗组(50.0%)($P<0.05$);sTMS组病人NICU住院时间(9.23 ± 2.69)d与平均住院时间(53.70 ± 10.00)d较常规治疗组(27.23 ± 6.63)、(94.40 ± 7.78)d均明显减少($P<0.05$);sTMS组癫痫发生率明显低于TMS组的与常规治疗组(3.3%比40.0%、40.0%, $P<0.05$),而脑疝、肺感染等发生率三组间差异无统计学意义($P>0.05$)。**结论** 立体定向指导下的经颅磁刺激治疗方案有助于促进重型颅脑损伤病人的觉醒,减少了住院时间,并降低了癫痫的发生率,优于普通经颅磁刺激治疗。

关键词: 颅脑损伤; 立体定位技术; 经颅磁刺激; 癫痫; 格拉斯哥昏迷评分量表

The value of transcranial magnetic stimulation under the guidance of stereotactic in treatment of severe cranial-cerebral injury

LI Hua^a, XU Ji^b, TIAN Miao^b, CHEN Bin^b

Author Affiliation:^aDepartment of Neurology,^bDepartment of Rehabilitation, 3201 Hospital Affiliated to Medical College, Xi'an Jiaotong University, Hanzhong, Shaanxi 723000, China

Abstract: **Objective** To explore whether stereotactic guided transcranial magnetic stimulation (TMS) has an advantage on comatose patients with severe cranial-cerebral injury. **Methods** 90 patients with severe cranial-cerebral injury were admitted to 3201 Hospital Affiliated to Xi'an Jiaotong University from September 2017 to September 2019. Using random number table method, they were divided into conventional treatment group, ordinary transcranial magnetic stimulation (TMS) group and stereotactically guided transcranial magnetic stimulation (sTMS) group, with 30 cases in each group. Observe the effective rate of the three groups after 7 days of treatment, the changes in the Glasgow Coma Score Scale (GCS) score, the length of stay in the Neurological Intensive Care Unit (NICU), the