·论著·

血清lncRNA SNHG14和miR-150-5p水平对重症肺炎患者预后的预测价值

刘虹,拉周措毛,李国蓉,刘洪千
(青海大学附属医院呼吸与危重症医学科,西宁 810000)

摘要 目的 探讨血清长链非编码RNA(lncRNA)SNHG14和miR-150-5p水平对重症肺炎患者预后的预测价值。**方法** 选取2022年6月至2025年1月本院收治的125例重症肺炎患者,根据28 d预后情况分为死亡组(n = 53)与生存组(n = 72)。采用实时定量PCR检测患者入院时血清lncRNA SNHG14及miR-150-5p表达水平,同时收集入组患者基线临床资料。采用多因素Cox回归分析识别影响重症肺炎患者预后的因素。采用受试者操作特征曲线评估血清lncRNA SNHG14、miR-150-5p对重症肺炎患者预后的预测价值。采用Pearson相关分析血清lncRNA SNHG14和miR-150-5p的相关性。**结果** 死亡组患者血清lncRNA SNHG14水平、序贯器官衰竭评分(SOFA)、急性生理与慢性健康评分系统Ⅱ(APACHE Ⅱ)评分及行有创机械通气方式的患者比例显著高于生存组,血清miR-150-5p水平显著低于生存组($P < 0.05$)。多因素Cox回归分析结果显示,机械通气方式、SOFA评分、APACHE Ⅱ评分及lncRNA SNHG14、miR-150-5p水平均为影响重症肺炎患者预后的因素($P < 0.05$)。血清lncRNA SNHG14、miR-150-5p及其联合预测重症肺炎预后的曲线下面积分别为0.780、0.810、0.876,联合组预测效能显著高于单一指标($Z_{lncRNA\ SNHG14}$=2.836,P = 0.005;$Z_{miR\text{-}150\text{-}5p}$=2.130,$P$ = 0.033)。重症肺炎患者血清lncRNA SNHG14与miR-150-5p呈负相关(r = −0.418,$P < 0.05$),且二者之间有靶向结合位点。**结论** 重症肺炎患者血清中lncRNA SNHG14高表达、miR-150-5p低表达,二者联合检测可为预测重症肺炎患者的预后提供有效参考。

关键词 长链非编码RNA SNHG14;miR-150-5p;重症肺炎;预后
中图分类号 R563.1 **文献标志码** A **文章编号** 0258-4646(2026)04-0354-05
网络出版地址 https://link.cnki.net/urlid/21.1227.R.20260414.1623.006
DOI: 10.12007/j.issn.0258-4646.2026.04.011

Predictive value of serum lncRNA SNHG14 and miR-150-5p levels for the prognosis of patients with severe pneumonia

LIU Hong, LA Zhoucuomao, LI Guorong, LIU Hongqian
(Department of Respiratory and Critical Care Medicine, Qinghai University Affiliated Hospital, Xining 810000, China)

Abstract Objective To evaluate the predictive value of serum long non-coding RNA (lncRNA) SNHG14 and microRNA (miR)-150-5p for the prognosis of patients with severe pneumonia. **Methods** This observational cohort study included 125 patients with severe pneumonia who were admitted to our hospital between June 2022 and January 2025. The patients were classified into two groups based on their 28-day prognosis as the death group (n = 53) and the survival group (n = 72). Real-time quantitative PCR (qRT-PCR) technology was used to measure serum lncRNA SNHG14 and miR-150-5p levels in patients upon admission. Baseline clinical data of enrolled patients were also collected. Cox regression was employed to identify factors influencing the prognosis of patients with severe pneumonia. Receiver operating characteristic (ROC) curves were constructed to evaluate the predictive value of serum lncRNA SNHG14 and miR-150-5p in the prognosis of patients with severe pneumonia. Pearson's method was used to analyze the correlation between serum lncRNA SNHG14 and miR-150-5p. **Results** The death group had significantly higher serum lncRNA SNHG14 levels, a higher Sequential Organ Failure Assessment (SOFA) score, Acute Physiology And Chronic Health Evaluation Ⅱ (APACHE Ⅱ) score, proportion of invasive mechanical ventilation, and conspicuously lower serum miR-150-5p levels than the survival group ($P < 0.05$). The multivariate Cox regression indicated that the mechanical ventilation mode, SOFA score, APACHE Ⅱ score, lncRNA SNHG14, and miR-150-5p were all factors influencing the prognosis of patients with severe pneumonia ($P < 0.05$). The area under the curve (AUC) values of serum lncRNA SNHG14, miR-150-5p, and their combination for predicting the prognosis of severe pneumonia were 0.780, 0.810, and 0.876, respectively. The combination group had significantly higher predictive power than the single indicator group ($Z_{lncRNA\ SNHG14}$=2.836, P = 0.005; $Z_{miR\text{-}150\text{-}5p}$=2.130,

基金项目: 青海省科技计划项目(2022-ZJ-775)
作者简介: 刘虹(1988-),女,主治医师,硕士.
通信作者: 拉周措毛,E-mail:hongl202503@163.com
收稿日期: 2025-05-06
网络出版时间: 2026-04-15 13:57:19

P = 0.033). The serum lncRNA SNHG14 levels in patients with severe pneumonia were negatively correlated with miR-150-5p (r = −0.418, P < 0.05), indicating a potential targeted binding site between the two. **Conclusion** Serum lncRNA SNHG14 was highly expressed, and miR-150-5p was expressed at low levels in patients with severe pneumonia. Therefore, the combined detection of these two can provide an effective reference for predicting the prognosis of patients with severe pneumonia.

Keywords long non-coding RNA SNHG14; miR-150-5p; severe pneumonia; prognosis

重症肺炎是临床常见且危重的疾病，病情进展快、死亡率高，28 d死亡率>40%[1-2]。现有评估工具[如序贯器官衰竭评分（sequential organ failure assessment，SOFA）和急性生理与慢性健康评分Ⅱ（acute physiology and chronic health evaluationⅡ，APACHEⅡ）]主要依赖生理指标，难以捕捉疾病分子机制，且易受干预措施干扰[3-4]。研究[5-6]发现，血清生物标志物能无创动态反映病理变化，其中长链非编码RNA（long non-coding RNA，lncRNA）和微RNA（microRNA，miRNA）在炎症调控中作用突出。lncRNA SNHG14通过激活核因子κB（nuclear factor-κB，NF-κB）通路加重炎症损伤，在肺损伤相关疾病中异常高表达[7-8]；miR-150-5p参与免疫调节，其水平与感染严重程度相关[9]。当前研究多局限于单一标志物，缺乏多维度生物标志物模型的构建。因此，本研究通过分析重症肺炎患者血清中lncRNA SNHG14与miR-150-5p的表达特征，评估其对预后的预测价值，旨在为精准干预提供依据，突破传统评分局限，推动临床决策在分子层面的优化。

1　材料与方法

1.1　研究对象

选取2022年6月至2025年1月本院收治的125例重症肺炎患者。其中，男83例，女42例，平均年龄（67.28 ± 14.56）岁，根据28 d的预后情况分为死亡组（53例）与生存组（72例）。纳入标准：（1）符合重症肺炎诊断标准[10]；（2）年龄≥18岁；（3）重症加强护理病房住院时间>24 h。排除标准：（1）合并恶性肿瘤；（2）存在慢性器官功能衰竭（心脏、肝脏或肾脏终末期）；（3）非感染性肺炎（免疫性、药物性等）；（4）合并肺栓塞或间质性肺病；（5）资料缺失。本研究已获得医院伦理委员会批准（P-SL-2025142）。

1.2　临床资料

收集患者临床资料，包括性别、年龄、既往史（糖尿病、高血压、冠状动脉粥样硬化性心脏病、慢性肾脏病）、SOFA评分、APACHEⅡ评分和机械通气方式。

1.3　检测血清lncRNA SNHG14和miR-150-5p水平

患者入院后空腹采集10 mL静脉血，使用促凝真空管保存，室温凝固10 min后，4 ℃、3 000 r/min离心15 min（半径10.5 cm），分离血清分装至无热原EP管，−80 ℃冻存。RNA提取采用TRIzol LS试剂：200 μL血清与1 mL试剂涡旋混匀，静置5 min后加入200 μL氯仿，震荡后4 ℃、12 000 g离心15 min，取上层水相加入等体积异丙醇，−20 ℃静置30 min再离心10 min，沉淀经乙醇洗涤干燥后溶于20 μL无RNase水。NanoDrop检测RNA纯度。逆转录使用PrimeScript RT Master Mix进行，将1 μg RNA与反应体系混合，42 ℃孵育60 min，随后70 ℃灭活5 min，所得cDNA存于−20 ℃冰箱备用。采用SYBR Green法进行实时定量PCR检测SNHG14和miR-150-5p的表达，反应程序为95 ℃预变性30 s，95 ℃ 5 s，60 ℃ 30 s，40个循环。上述试剂均购自美国赛默飞世尔科技公司。以*GAPDH*和*U6*为内参，采用$2^{-\Delta\Delta Ct}$法计算相对表达量，引物序列见表1。

表1　引物序列

Tab.1　Primer sequences

Gene	Primer sequence
SNHG14	Forward：5’-ATGGCTCCTCCACCTGGTAT-3’
	Reverse：5’-AAACCCCCGGGTCATGAAAA-3’
GAPDH	Forward：5’-AATGGGCAGCCGTTAGGAAA-3’
	Reverse：5’-GCGCCCAATACGACCAAATC-3’
miR-150-5p	Forward：5’-CTCCCAACCCTTGTACCA-3’
	Reverse：5’-CCAGTGCGTGTCGT-3’
U6	Forward：5’-CTCGCTTCGGCAGCACA-3’
	Reverse：5’-AACGCTTCACGAATTTGCGT-3’

1.4　统计学分析

采用SPSS 25.0软件进行数据分析。计量资料以$\bar{x} \pm s$表示，组间比较采用独立样本t检验；计数资料

以率(%)表示,组间差异分析采用χ^2检验。采用多因素Cox回归分析影响重症肺炎患者预后的因素。利用受试者操作特征(receiver operating characteristic,ROC)曲线评估血清lncRNA SNHG14、miR-150-5p水平及其联合检测对重症肺炎患者预后的预测价值。Pearson相关分析血清lncRNA SNHG14与miR-150-5p之间的相关性。$P<0.05$为差异有统计学意义。

2　结果

2.1　2组血清lncRNA SNHG14、miR-150-5p水平比较

死亡组血清lncRNA SNHG14水平(1.45 ± 0.48)显著高于生存组(1.03 ± 0.42,$t=5.199$,$P<0.05$),而血清miR-150-5p水平(0.78 ± 0.18)显著低于生存组(0.99 ± 0.24,$t=5.355$,$P<0.05$)。

2.2　2组临床资料比较

2组性别、年龄、既往史比较无统计学差异($P>0.05$),死亡组SOFA评分、APACHE Ⅱ评分及进行机械通气的比例显著高于生存组($P<0.05$),见表2。

2.3　影响重症肺炎患者死亡的多因素分析

以重症肺炎患者预后情况为因变量,将机械通气方式和SOFA评分、APACHE Ⅱ评分、lncRNA SNHG14、miR-150-5p水平的实测值作为自变量,进行Cox回归分析。结果显示,机械通气方式、SOFA评分、APACHE Ⅱ评分、lncRNA SNHG14及miR-150-5p水平是重症肺炎患者死亡的影响因素($P<0.05$),见表3。

2.4　血清lncRNA SNHG14、miR-150-5p水平对重症肺炎患者预后的预测价值

以重症肺炎患者预后情况为状态变量,将血清lncRNA SNHG14、miR-150-5p实测值作为自变量,进行ROC曲线分析。结果显示,lncRNA SNHG14、miR-

表2　2组临床资料比较

Tab.2　Comparison of clinical data between the two groups

Item	Death group (n = 53)	Survival group (n = 72)	t/χ^2	P
Sex [n (%)]			0.005	0.941
Male	35 (66.04)	48 (66.67)		
Female	18 (33.96)	24 (33.33)		
Age (year)	67.31 ± 14.25	67.26 ± 14.67	0.019	0.985
Diabetes [n (%)]	8 (15.09)	10 (13.89)	0.036	0.850
Hypertension [n (%)]	18 (33.96)	26 (36.11)	0.062	0.804
Hyperlipidemia [n (%)]	5 (9.43)	6 (8.33)	0.011	0.917
Coronary heart disease [n (%)]	3 (5.66)	3 (4.17)	0.001	0.970
Chronic kidney disease [n (%)]	2 (3.77)	3 (4.17)	0.123	0.726
SOFA	13.46 ± 3.34	11.34 ± 2.28	4.217	<0.001
APACHE Ⅱ	23.21 ± 4.53	20.14 ± 4.26	3.876	<0.001
Mechanical ventilation mode [n (%)]			7.592	0.006
Non-invasive	11 (20.75)	32 (44.44)		
Invasive	42 (79.25)	40 (55.56)		

表3　影响重症肺炎患者死亡的多因素分析

Tab.3　Multivariate analysis of the factors influencing death in patients with severe pneumonia

Variable	B	SE	Wald χ^2	P	HR	95%CI
Mechanical ventilation mode	0.562	0.245	5.260	0.022	1.754	1.085–2.835
SOFA	0.503	0.232	4.218	0.040	1.654	1.023–2.674
APACHE Ⅱ	0.845	0.317	7.098	0.008	2.327	1.250–4.331
lncRNA SNHG14	1.246	0.457	7.439	0.006	3.478	1.420–8.518
miR-150-5p	–0.648	0.273	5.637	0.018	0.523	0.306–0.893

150-5p单一及联合预测重症肺炎患者预后的AUC分别为0.780、0.810、0.876，联合的预测效能显著优于单一预测（$Z_{\text{lncRNA SNHG14}}$=2.836，P = 0.005；$Z_{\text{miR-150-5p}}$=2.130，P = 0.033），见表4、图1。

表4　血清lncRNA SNHG14、miR-150-5p水平对重症肺炎患者预后的预测价值

Tab. 4　Predictive value of serum lncRNA SNHG14 and miR-150-5p levels for the prognosis of patients with severe pneumonia

Variable	Cut-off value	AUC	Youden index	Sensitivity (%)	Specificity (%)	95%*CI* for AUC
lncRNA SNHG14	1.24	0.780	0.453	71.70	73.61	0.697–0.849
miR-150-5p	1.04	0.810	0.476	69.81	77.78	0.730–0.874
Combination	–	0.876	0.641	84.91	79.17	0.805–0.928

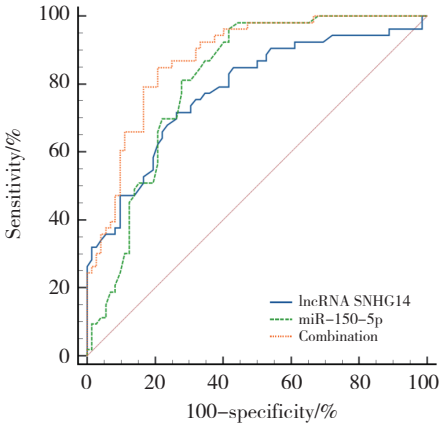


图1　血清lncRNA SNHG14、miR-150-5p水平预测重症肺炎患者预后的ROC曲线

Fig.1　ROC curves of serum lncRNA SNHG14 and miR-150-5p levels for predicting the prognosis of patients with severe pneumonia

2.5　lncRNA SNHG14与miR-150-5p的相关性分析

Starbase（https://starbase.sysu.edu.cn/）分析结果显示，lncRNA SNHG14与miR-150-5p有互补结合序列，见图2。Pearson相关分析结果显示，重症肺炎患者血清lncRNA SNHG14与miR-150-5p水平呈负相关（r = −0.418，P < 0.05）。

3　讨论

lncRNA SNHG14在炎症相关疾病中的作用已受到广泛关注。既往研究[11]表明，lncRNA SNHG14在脓毒症、急性呼吸窘迫综合征等疾病中显著高表达，并通过激活NF-κB通路促进促炎细胞因子的释放，加重组织损伤。研究[6]发现，抑制lncRNA SNHG14表达可显著减轻脓毒症小鼠的肺水肿和炎症细胞浸润，提示其作为炎症反应的潜在治疗靶点。

本研究进一步验证了lncRNA SNHG14在重症肺炎中的病理意义。结果显示，死亡组患者血清lncRNA SNHG14水平显著高于生存组，且多因素Cox回归分析结果显示，lncRNA SNHG14高表达是影响患者死亡的危险因素（*HR*=3.478），提示SNHG14可能通过调控类似机制（如NF-κB通路激活）驱动重症肺炎的炎症失控。未来研究可通过动物模型或细胞实验，进一步解析lncRNA SNHG14是否通过调控巨噬细胞活化或内皮屏障破坏等途径加剧肺损伤，从而为靶向干预提供理论支持。

miRNA	Gene name	Gene type	Targe site	Alignment
hsa-miR-150-5p	SNHG14	lncRNA	chr15:25032184-25032205[+]	Target: 5' UUGUUGUGUGUAUUUUGGGAGG 3' miRNA : 3' GUGACCAUGUUCCCAACCCUCU 5'

图2　lncRNA SNHG14与miR-150-5p的结合位点

Fig.2　Binding sites of lncRNA SNHG14 and miR-150-5p

miR-150-5p是免疫调控网络中的关键分子，其功能在感染性疾病中具有双重性。邢佳等[12]研究发现，革兰氏阴性杆菌感染肺炎患者经治疗后，miR-150-5p相对表达量显著降低，且细菌清除率升高；而杨惠安等[13]研究则表明，miR-150-5p低表达是脓毒症患者并发急性肺损伤的危险因素。本研究在重症肺炎患者中系统分析了miR-150-5p与其预后的关系。结果显示，死亡组患者miR-150-5p水平显著低于

生存组，且多因素Cox回归分析证实，其高表达是降低死亡风险的保护因素（*HR*=0.523）。该发现与杨惠安等[13]在脓毒症并发急性肺损伤中的研究结果一致，且miR-150-5p可联合lncRNA XIST早期预测脓毒症患者并发急性肺损伤的风险。结合上述结果，本研究推测miR-150-5p在重症肺炎中可能通过抑制炎性细胞因子风暴和调节免疫细胞功能的方式，减轻肺损伤和维持免疫稳态，进而影响重症肺炎患者预后。然而，本研究未动态监测miR-150-5p的表达趋势，未来需通过连续采样明确其在疾病不同阶段的变化规律，优化其作为预警标志物的临床应用价值。

ROC曲线分析结果显示，lncRNA SNHG14与miR-150-5p联合预测重症肺炎预后的AUC显著高于单一指标，提示联合评估可有效提升预测效能。生物信息学分析与表达相关性结果进一步表明，SNHG14与miR-150-5p之间存在互补结合位点及负相关关系，提示二者可能存在直接的相互作用。基于此，本研究提出以下机制假说：在重症肺炎中，高表达的SNHG14通过吸附miR-150-5p，削弱其对促炎细胞因子的抑制作用，从而加剧“促炎–免疫抑制”恶性循环。这一互补关系为临床预后评估提供了更全面的视角[14]。

综上所述，血清lncRNA SNHG14和miR-150-5p联合检测可显著提升重症肺炎患者预后的预测效能。SNHG14作为促炎细胞因子，其高表达与不良预后密切相关；而miR-150-5p则通过抑制炎症反应发挥保护作用。二者的靶向调控关系为揭示重症肺炎的分子机制提供了新视角。但本研究样本量较小，可能限制结果的普适性；且未纳入其他潜在标志物进行多模型比较。后续研究可聚焦于开展大样本研究，同时可以增加与重症肺炎预后相关的标志物进行联合比较，以期为临床提供更精准的参考。

参考文献：

[1] 苗磊，申潇竹，杜志强，等. 老年重症肺炎有创机械通气患者营养不良与谵妄的发生相关[J]. 中华危重病急救医学，2023，35（10）：1053-1057. DOI：10.3760/cma.j.cn121430-20230303-00140.

[2] 李志澎，林新锋，罗苑苑. 解脲支原体致重症社区获得性肺炎：1例报道[J]. 中国医科大学学报，2025，54（9）：855-858. DOI：10.12007/j.issn.0258-4646.2025.09.017.

[3] 张康，姬文帅，孔欣欣，等. 序贯性脏器功能衰竭评分和CURB-65评分及肺炎严重指数评分对重症肺炎患者28天死亡的预测效能比较研究[J]. 中国全科医学，2023，26（18）：2217-2222，2226. DOI：10.12114/j.issn.1007-9572.2022.0880.

[4] 沈思梅，蒋文燕，王鹏，等. 血清CHE、LDH及APACHEⅡ评分与重症肺炎患者病情变化的关系及其在临床预后中的价值[J]. 现代生物医学进展，2023，23（6）：1190-1195. DOI：10.13241/j.cnki.pmb.2023.06.038.

[5] 肖志辉，陈曦，吴刚，等. 非编码RNA在脓毒症发病中的研究进展[J]. 微生物与感染，2023，18（3）：176-192. DOI：10.3969/j.issn.1673-6184.2023.03.008.

[6] 高炜，张莉，金培田. 长链非编码RNA脑源性神经营养因子反义RNA靶向微小RNA-495-3p调控脂多糖诱导的大鼠肺泡巨噬细胞凋亡和炎症反应[J]. 安徽医药，2022，26（6）：1235-1239. DOI：10.3969/j.issn.1009-6469.2022.06.042.

[7] 李莹，肖文彪，林晓. LncRNA SNHG14调控miR-223-3p减轻大鼠脓毒症相关性肺损伤的机制探讨[J]. 中国呼吸与危重监护杂志，2025，24（1）：18-25. DOI：10.7507/1671-6205.202405026.

[8] 谭清亚，牟方红，卿瑞. lncRNA SNHG14调控肺炎链球菌感染的肺泡上皮细胞损伤的机制研究[J]. 国际检验医学杂志，2025，46（1）：91-95. DOI：10.3969/j.issn.1673-4130.2025.01.019.

[9] 扶剑，潘征夏，吴春，等. 天麻素通过调控miR-150-5p/NDRG2通路对肺炎链球菌感染的肺泡上皮细胞损伤的保护作用研究[J]. 毒理学杂志，2021，35（2）：128-134，139. DOI：10.16421/j.cnki.1002-3127.2021.02.008.

[10] 中华医学会呼吸病学分会. 中国成人社区获得性肺炎诊断和治疗指南（2016年版）[J]. 中华结核和呼吸杂志，2016，39（4）：253-279. DOI：10.3760/cma.j.issn.1001-0939.2016.04.005.

[11] 毕威娜，蒲燕，苗云凤. 急性呼吸窘迫综合征患者血清lncRNA SNHG14、miR-124-3p表达变化及其与预后的关系[J]. 山东医药，2024，64（23）：70-72. DOI：10.3969/j.issn.1002-266X.2024.23.016.

[12] 邢佳，宋雅妹，宋竹翠，等. 多黏菌素治疗多药耐药革兰阴性杆菌感染肺炎的效果[J]. 中华医院感染学杂志，2021，31（21）：3264-3268. DOI：10.11816/cn.ni.2021-203653.

[13] 杨惠安，黄水文，原津津，等. 血清长链非编码RNA XIST联合miR-150-5p早期预测脓毒症并发急性肺损伤的价值[J]. 福建医科大学学报，2024，58（3）：175-181. DOI：10.3969/j.issn.1672-4194.2024.03.006.

[14] HUANG GQ，ZHAO X，BAI Y，et al. Regulation of mitochondrial autophagy by lncRNA MALAT1 in sepsis-induced myocardial injury[J]. Eur J Med Res，2024，29（1）：524. DOI：10.1186/s40001-024-02098-7.

（编辑　于　溪）